

Magdalena Szczepaniak

**BIOSYSTEMATYKA *ELYMUS REPENS* (L.) GOULD
I *ELYMUS HISPIDUS* (OPIZ) MELDERIS W POLSCE**

Praca doktorska wykonana
w Zakładzie Systematyki
Roślin Naczyniowych
pod kierunkiem
doc. dr hab. Marty Mizianty,

częściowo finansowana
w ramach grantu KBN
nr 6 P04C 076 19

**Instytut Botaniki im. Władysława Szafera, Polska Akademia Nauk
Kraków 2002**



95942

14. 11. 2002

Podziękowania:

Na ostateczny kształt mojej pracy miało wpływ wiele osób, którym chciałam serdecznie podziękować.

Jestem wdzięczna Pani promotor doc. dr hab. Marcie Miziany za kierowanie, pomoc i twórczą inspirację w trakcie badań.

Panu profesorowi Jerzemu Staszkiwiczowi i dr Janowi J. Wójcickiemu za naukowe i nienaukowe rozmowy, które zawsze wносиły coś nowego i okazywały się potrzebne. Panu doc. dr hab. Ludwikowi Freyowi za wspieranie na naukowej drodze.

Dziękuję Panu dr Piotrowi Bednarkowi za przybliżenie mi świata badań molekularnych i udostępnienie laboratorium. Mgr Gosi Zawadzie i mgr Reni Lewandowskiej jestem bardzo wdzięczna za pomoc i wspólnie spędzony czas w laboratorium.

Wszystkim Koleżankom i Kolegom z Zakładu Systematyki Roślin Naczyniowych IB PAN, a w szczególności mgr Beacie Paszko, dr Eli Cieślak, dr Wojtkowi Paulowi oraz mgr Michałowi Ronikierowi dziękuję za pomoc, owocne dyskusje i wspólne rozwiązywanie problemów taksonomicznych i nie tylko.

Mojej Rodzinie – Robertowi i Pawełkowi dziękuję za cierpliwość i wsparcie. Reni oraz Teściom za pomoc, na którą zawsze mogłam liczyć.



Motto:

„Niestęła Pani Natura ma w swym założeniu zupełnie inne cele niż tworzenie prostych hierarchii gatunków i rodzajów, które przyrodnicy mogliby z możliwie najmniejszym trudem wykrywać pracując w swoich gabinetach.”

G. L. Stebbins (1956)

Nieugięci

Nie daje się perz!

Ja też!

J. I. Sztudynger

Elymus repens (L.) Gould var. *aristatus*
(Schreb. ex Baumg.) Melderis & D.C. McClint.

SPIS TREŚCI

1. WSTĘP	1
1.1. Uwagi ogólne	1
1.2. Rys historyczny statusu taksonomicznego <i>Elymus repens</i> i <i>Elymus hispidus</i>	3
1.3. Rozmieszczenie i ekologia	9
1.4. Znaczenie i praktyczne wykorzystanie <i>Elymus repens</i> i <i>Elymus hispidus</i>	13
1.5. Zastosowanie markerów molekularnych w biosystematyce traw	14
1.6. Cel i zakres pracy	16
2. MATERIAŁ I METODY	17
2.1. Materiał	17
2.1.1. Stanowiska zbioru prób populacji	17
2.1.2. Kultury eksperymentalne	22
2.1.3. Materiały zielnikowe	23
2.2. Wykaz cech morfologicznych i sposób ich pomiaru	25
2.3. Analiza statystyczna danych morfologicznych	30
2.4. Występowanie, zmienność morfologiczna a położenie geograficzne	32
2.5. Analiza zmienności genetycznej	33
2.6. Analiza zmienności anatomicznej	36
2.7. Analiza zmienności chemotaksonomicznej	37
2.8. Badania cytologiczne	37
3. WYNIKI	39
3.1. Zmienność cech morfologicznych	39
3.1.1. Zróżnicowanie międzygatunkowe <i>Elymus repens</i> i <i>Elymus hispidus</i>	39
3.1.2. Zmienność wewnątrzgatunkowa <i>Elymus repens</i>	45
3.1.3. Zmienność wewnątrzpopulacyjna <i>Elymus repens</i>	58
3.1.4. Zmienność wewnątrzgatunkowa <i>Elymus hispidus</i>	65
3.1.5. Zmienność wewnątrzpopulacyjna <i>Elymus hispidus</i>	71
3.1.5.1. Mieszzańce <i>Elymus repens</i> × <i>Elymus hispidus</i>	71
3.2. Zmienność genetyczna	80
3.2.1. Międzygatunkowe zróżnicowanie genetyczne <i>Elymus repens</i> i <i>Elymus hispidus</i> ..	81
3.2.2. Wewnątrzgatunkowa zmienność genetyczna <i>Elymus repens</i>	86
3.2.3. Wewnątrzgatunkowa zmienność genetyczna <i>Elymus hispidus</i>	88
3.2.4. Wzór zmienności mieszańców	90
3.3. Zmienność chemotaksonomiczna	92
3.4. Zmienność anatomiczna <i>Elymus repens</i> , <i>Elymus hispidus</i> oraz mieszańców	93
3.4.1. Anatomia liści	93
3.4.2. Anatomia plew	97
3.5. Badania cytologiczne	100
3.5.1. Liczby chromosomów	100
3.5.2. Kariotyp	102
3.6. Rozmieszczenie wyróżnionych jednostek taksonomicznych	105
4. DYSKUSJA	108
5. PODSUMOWANIE I WNIOSKI	118
6. KLUCZ DO OZNACZANIA GATUNKÓW, ODMIAN ORAZ MIESZAŃCÓW	121
7. OPISY TAKSONÓW	122
8. LITERATURA	135
ZAŁĄCZNIKI	146
Załącznik 1	147
Załącznik 2	158
Załącznik 3	170
Załącznik 4	171
Załącznik 5	172
Załącznik 6	174
SPIS RYCIN	177
SPIS TABEL	180

Wkładka ułatwiająca czytanie pracy, zawierająca numery i skróty cech morfologicznych, uwzględnionych w analizach statystycznych.

Numer cechy	Cecha	Skrót
1	długość źdźbła wraz z kłosem	DŻ
2	liczba węzłów źdźbła	
4	długość kłosa	DK
5	owłosienie osi kłosa	
7	woskowy nalot na osi kłosa	
8	liczba węzłów kłosa	LWK
12	długość międzywęzła powyżej środkowego kłoska	DM
13	stosunek: długość kłoska środkowego do długości międzywęzła powyżej kłoska środkowego	DKI/DM
15	długość kłoska drugiego od góry	WKI
17	liczba kwiatków w kłosku drugim od góry	
19	długość kłoska środkowego	DKI
21	liczba kwiatków w kłosku środkowym	LKwi
23	długość kłoska najniższego	NKI
25	liczba kwiatków w kłosku najniższym	
27	długość plewy dolnej	DPD
28	szerokość plewy dolnej	SzPD
29	stosunek: długość do szerokości plewy dolnej („kształt”)	DPD/SzPD
30	długość osi na plewie dolnej	DOPD
31	stosunek: długość plewy dolnej do długości kłoska środkowego	DPD/DKI
32	liczba nerwów plewy dolnej	
33	kształt szczytu plew	SzczPD
34	pokrycie górnej powierzchni plew	OwlPD
35	długość plewy górnej	DPG
36	szerokość plewy górnej	
37	długość osi na plewie górnej	DOPG
38	stosunek: długość plewy górnej do długości plewy dolnej	DPG/DPD
39	stosunek: długość plewy górnej do długości kłoska	
40	liczba nerwów plewy górnej	
41	długość plewki dolnej	DLeM
42	szerokość plewki dolnej	SzLeM
43	stosunek: długość do szerokości plewki dolnej	DLeM/SzLe
44	długość osi na plewce dolnej	DOLeM
45	stosunek: długość osi do długości plewki dolnej	
46	liczba nerwów plewki dolnej	
47	kształt szczytu plewki dolnej	SzczLeM
48	długość plewki górnej	DPal
49	szerokość plewki górnej	SzPal
50	stosunek: długość do szerokości plewki górnej	DPal/SzPal
51	kształt szczytu plewki górnej	
52	stosunek: długość plewki dolnej do długości plewki górnej	DLeM/DPal
53	długość liścia	DLiś
54	szerokość liścia	SzLiś
55	owłosienie górnej pow. liścia	
56	owłosienie dolnej pow. liścia	
57	owłosienie pochwy liściowej	
58	rzęski na brzegu pochwy liściowej	
59	zachodzenie ostróg	
60	długość jęczyczka	
61	brzeg jęczyczka	

1. WSTĘP

1.1. Uwagi ogólne

Przedmiotem przeprowadzonych badań biosystematycznych były dwa gatunki perzu: *Elymus repens* (L.) Gould [= *Agropyron repens* (L.) P.Beauv.] – perz właściwy, pospolity i bardzo uciążliwy chwast, dobrze znany rolnikom i działkowiczom oraz spokrewniony z nim *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis [= *Agropyron intermedium* (Host) P.Beauv.] – perz siny, rzadszy na terenie Polski, ze względu na specyficzne wymagania siedliskowe. Oba gatunki są włączane do kompleksu *Agropyron-Elymus*, należącego do plemienia *Triticeae* (Mizianty i in. 2001).

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 (1956) i Löve (1984, 1986) 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, analizy DNA, jak i elektroforezy białek (Baum i in. 1987, 1990; West i in. 1988; Kellog 1989; Seberg 1989; Assadi & Runemark 1995; Barkworth 2000).

Szczególnie kontrowersyjny jest taksonomiczny status takich wieloletnich rodzajów jak: *Agropyron* Gaertn., *Elymus* L., *Hordelymus* (Jess.) Jess. ex Harz, *Leymus* Hochst., *Roegneria* Koch oraz *Elytrigia* Desv., które często określane są jako kompleks *Agropyron-Elymus*. Było wiele koncepcji systematyki tych rodzajów, a co się z tym wiąże ich nomenklatura jest wyjątkowo skomplikowana, ponieważ każdy takson ma bardzo wiele synonimów. Dwa gatunki będące przedmiotem badań (*Elymus repens* i *E. hispidus*) są doskonałym tego przykładem.

Melderis (1978), aby uniknąć sztucznego podziału kompleksu *Agropyron-Elymus*, połączył rodzaje *Elytrigia* Desv., *Roegneria* Koch, *Aneurolepidium* Nevski, *Clinelymus* Nevski, *Terrela* Nevski, *Hystrix* Moench i *Sitanion* Raf., uznane przez Nevskiego (1933, 1936), w jeden duży rodzaj *Elymus* L. sensu Melderis, obejmujący wieloletnie gatunki, u

których plewy nie są połączone u podstawy. Jednocześnie gatunki jednoroczne, z plewami połączonymi u podstawy włączył do odrębnego rodzaju *Eremopyrum* (Ledeb.) Jaub. et Spach. Skutkiem tego w rodzaju *Agropyron* pozostał tylko *Agropyron cristatum* (L.) Gaertn. i gatunki ściśle pokrewne, a *Agropyron* stał się małym, dobrze zdefiniowanym rodzajem. Powyższe ujęcie rodzaju *Elymus* zostało przyjęte we Flora Europaea (Melderis 1980), w Illustrierte Flora von Mitteleuropa (Conert 1998) oraz w Pflanzensociologische Excursionsflora für Deutschland (Oberdorfer 2001).

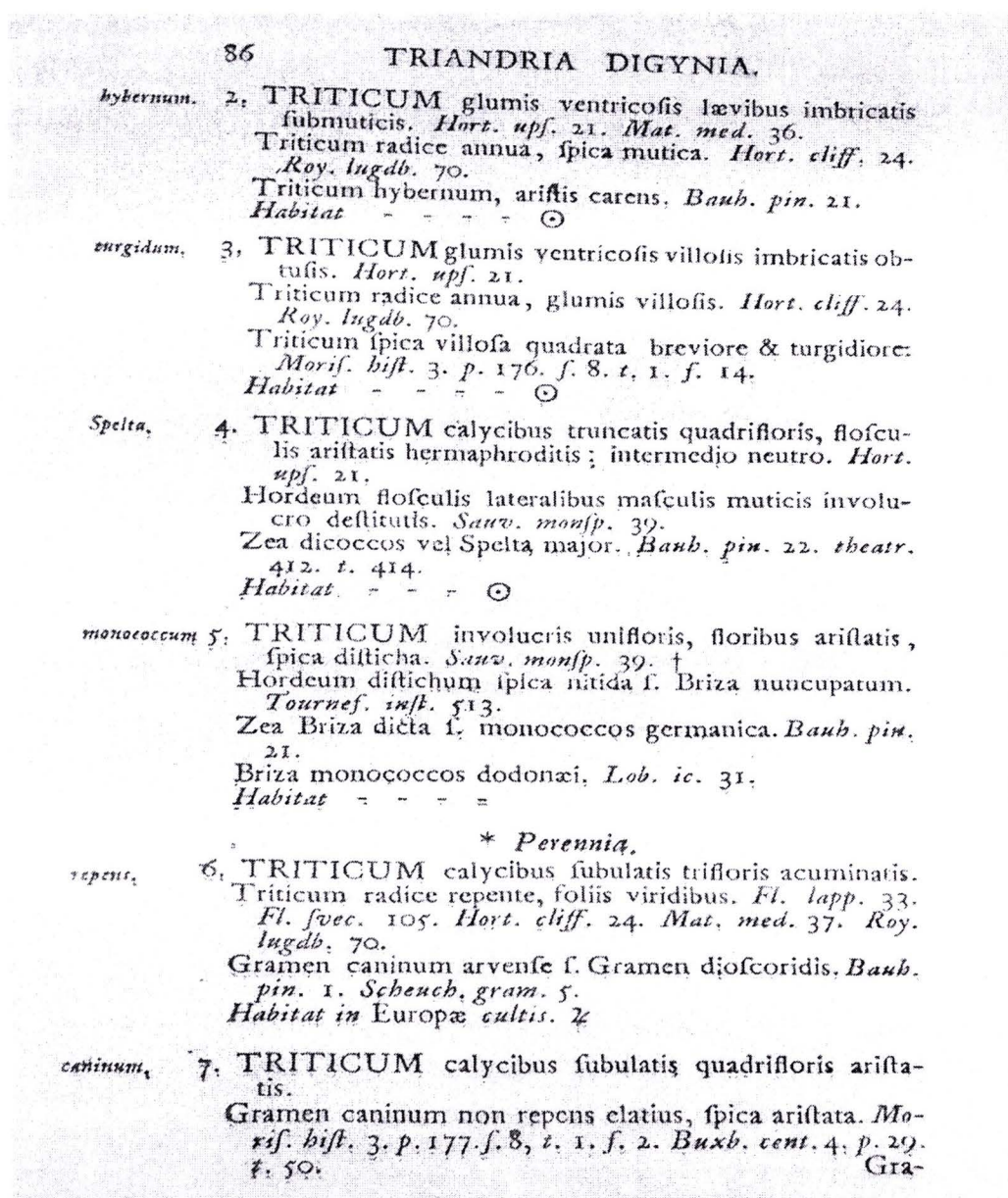
Cechy anatomiczne traw, a zwłaszcza dotyczące liści, są od dawna używane w taksonomii rodziny *Poaceae* i często stanowią ważną podstawę do odróżniania gatunków, taksonów wewnątrzgatunkowych bądź mieszańców (Hansen 1959; Metcalfe 1960; Ellis 1986). Nieco mniej prac traktuje o zróżnicowaniu anatomicznym w plemienu *Triticeae*. Runemark & Heneen (1968) wyróżnili trzy typy anatomiczne liści w kompleksie *Agropyron-Elymus*, wśród których gatunki rodzajów *Elytrigia* i *Elymus* posiadały taki sam typ liścia. Jarvie & Barkworth (1992 a) wykazali wysoki poziom korelacji pomiędzy zróżnicowaniem anatomicznym a budową genomu (opartą na kombinacji haploidalnych genomów **E**, **J** i **S**) wieloletnich przedstawicieli *Triticeae*. Przedmiotem analiz anatomicznych była również struktura i funkcja jęczyczka liściowego u różnych gatunków traw, w tym również u *Elymus repens* (Chaffey 1994). Wspomniane badania przeprowadzone zostały jednak głównie na poziomie rodzaju i dotąd brak było prac dotyczących zmienności anatomicznej gatunków *Elymus repens* i *E. hispidus*.

1.2. Rys historyczny statusu taksonomicznego *Elymus repens* i *Elymus hispidus*

Elymus repens (L.) Gould

[=*Triticum repens* L., *Agropyron repens* (L.) P.Beauv., *Elytrigia repens* (L.) Nevski]

Elymus repens po raz pierwszy został opisany przez Linneusza pod nazwą gatunkową *Triticum repens* L. („Species Plantarum” 1: 86, 1753) (Ryc. 1, 2).



Ryc. 1. Oryginalny opis *Triticum repens* L. autorstwa Linneusza, pochodzący ze „Species Plantarum” 1: 86, 1753.

Lektotyp gatunku znajduje się w zielniku linneuszowskim w Londynie (LINN¹, numer arkusza zielnikowego:104/7).



Ryc. 2. Arkusz zielnikowy z *Triticum repens* L. (syntyp), pochodzący z drugiej części zielnika Linneusza, znajdujący się w Szwedzkim Muzeum Historii Naturalnej (Department of Phanerogamic Botany Swedish Museum of Natural History, S-LINN², numer mikrofiszy: IDC 48.7).

Gaertner (1770) tworząc rodzaj *Agropyron*, wyłączył z niego dobrze znany gatunek *Triticum repens* L. Typem rodzaju *Agropyron* został *Agropyron cristatum* (L.) Gaertn. (Britton & Brown 1913). W następnym wieku Palisot de Beauvois (1812) po raz drugi opisał rodzaj *Agropyron*, włączając do niego między innymi *Triticum repens* L. i *T. caninum* L. oraz szereg innych gatunków tzw. „dzikich pszenic” (nie uprawnych), które wydzielił z rodzaju *Triticum*. Z kolei Desvaux (1810) włączył *Triticum repens* do rodzaju *Elytrigia*, a Nevski (1933, 1936) uzupełnił opis rodzaju *Elytrigia* o diagnozę. Ostatecznie do rodzaju *Elymus* perz właściwy przeniósł Gould (1947).

¹ LINN – zielnik Linnean Society of London, skrót nazwy zielnika za Holmgrenem i in. (1990).

² S-LINN – skrót nazwy zielnika za Holmgrenem i in. (1990).

W dwudziestowiecznych ujęciach taksonomicznych *Elymus repens* zaliczany był do rodzajów *Agropyron* Gaertn., *Elytrigia* Desv. oraz *Elymus* L. (Tab. 1).

Tabela 1. Porównanie przynależności taksonomicznej *Elymus repens* i jednostek wewnątrzgatunkowych występujących w Polsce.

Szafer i in. (1953)	Tsvelev (1976)	Löve (1984)	Melderis (1978)	Conert (1998)	Rutkowski (1998)
<i>Agropyron</i>	<i>Elytrigia</i>	<i>Elytrigia</i>	<i>Elymus</i>	<i>Elymus</i>	<i>Elymus</i>
<i>repens</i>	<i>repens</i>	<i>repens</i>	<i>repens</i>	<i>repens</i>	<i>repens</i>
–	subsp. <i>repens</i>	subsp. <i>repens</i>	subsp. <i>repens</i>	subsp. <i>repens</i>	
				subsp. <i>littoreus</i> ³	

W polskiej literaturze botanicznej perz właściwy znajduje się najczęściej pod nazwą *Agropyron repens* (L.) P.Beauv. (Szafer i in. 1953; Falkowski 1982; Mirek i in. 1995), rzadziej jako *Elytrigia repens* (L.) Desv. ex Nevski (Kosina 1995 a, b). Jako *Elymus repens* znalazł się w opracowaniach dotyczących przedstawicieli kompleksu *Agropyron-Elymus* występujących w Polsce (Mizianty & Szczepaniak 1997; Mizianty i in. 1999, 2001).

Elymus hispidus (Opiz) Melderis

[=*Triticum intermedium* Host, *Agropyron intermedium* (Host) P.Beauv., *Elytrigia intermedia* (Host) Nevski, *Trichopyrum intermedium* (Host) Á. Löve, *Thinopyrum intermedium* (Host) Barkworth & D.R. Dewey]

Kompleks *Elymus hispidus* sensu lato jest grupą taksonów, charakteryzującą się dużym polimorfizmem morfologicznym, w związku z czym w różnych florach i opracowaniach taksonomicznych wyróżniano w tej grupie taksony o różnej randze taksonomicznej. Zwykle rozdziela się ten takson na 3–5 gatunków, podgatunków, odmian lub form (Dubovik 1976; Prokudin & Druleva 1977; Melderis 1980; Löve 1984, 1986; Jarvie 1992; Assadi 1996, 1998; Conert 1998). Z różnorodnymi ujęciami taksonomicznymi taksonu w obrębie plemienia *Triticeae*, związana jest równocześnie różnorodna i często pogmatwana nomenklatura *E. hispidus* (Mizianty i in. 1999).

³ Conert (1998) podaje rozmieszczenie tego podgatunku na wybrzeżu Morza Śródziemnego i Bałtyku. Jednak w czasie badań terenowych nie odnaleziono go na polskim wybrzeżu Bałtyku, chociaż jego występowanie jest prawdopodobne.

Zaistnienie *Elymus hispidus*, jako taksonu opisanego w literaturze botanicznej, od początku związane jest z pewnymi pomyłkami bądź nieścisłościami. *Elymus hispidus* subsp. *hispidus* pojawia się po raz pierwszy w literaturze pod nazwą *Triticum glaucum* Desf. w pracy R. L. Desfontaines „Tableau de l'école de botanique” du Muséum d'histoire naturelle, Paris z 1804 r. (Kerguelen 1975). Nazwa ta jest jednak uznana za nomen nudum, zgodnie z zaleceniem art. 50 B.1 International Code of Botanical Nomenclature (Greuter i in. 1994), ponieważ podana została bez opisu i bez diagnozy.

W 1805 r. N. T. Host zamieścił opis i rycinę *Triticum junceum* L. w dziele „Icones et descriptiones graminum austriacorum”, tom 2, tablica 22, i jako siedlisko podał: „na piaszczystych wzniesieniach przy drogach”. Natomiast w pracy „Flora austriaca” z 1827 roku, opisał ponownie *Triticum junceum* L., który został przedstawiony na rycinie 33. Tym razem jako miejsce występowania podał: „na Istrii, w Dalmacji, na wyspach Adriatyku” i zaznaczył, że opisany gatunek może być właściwym *Triticum junceum* L., a takson opisany wcześniej (w 1805 roku) pod tą samą nazwą jest właściwym *Triticum intermedium* Host. Prawdopodobnie błąd ten powstał w wyniku dwukrotnego opisania *T. junceum* przez Linneusza (Linnaeus 1755, 1771; Mizianty i in. 1999). Ostatecznie w pracy Hosta z 1827 r. pomyłka została poprawiona i znajdują się w niej oba opisane gatunki: *T. intermedium* Host i *T. junceum* L, a nazwę *Triticum junceum* L. z 1805 r. należy traktować jako synonim *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis (Ryc. 3).



Ryc. 3. Rycina podpisana: *Triticum junceum* L., pochodząca z dzieła Hosta (N. T. Host „Icones et descriptiones graminum austriacorum”, 1805), jednak opis gatunku, odnoszący się to tej ryciny, odpowiada opisowi *Triticum intermedium* Host.

Tak jak zmieniały się koncepcje taksonomicznego ujęcia rodzajów w obrębie plemienia *Triticeae*, tak również *Elymus hispidus* zaliczany był do różnych rodzajów: *Agropyron* Gaertn., *Elytrigia* Desv., *Elymus* L., *Thinopyrum* Á. Löve emend. Dewey oraz do *Trichopyrum* Á. Löve (Tab. 2).

Tabela 2. Porównanie przynależności taksonomicznej *Elymus hispidus* i taksonów wewnątrzgatunkowych występujących w Polsce.

Szafer i in. (1953)	Tsvelev (1976)	Dubovik (1976)	Jarvie (1992)	Melderis (1978)	Assadi (1996)	Barkworth & Dewey (1985) ⁴	Löve (1986)
<i>Agropyron</i> <i>intermedium</i>	<i>Elytrigia</i> <i>intermedia</i> subsp. <i>intermedia</i>	<i>Elytrigia</i> <i>intermedia</i>	<i>Elytrigia</i> <i>intermedia</i> subsp. <i>intermedia</i> glabrous form (f. nieowłosiona)	<i>Elymus</i> <i>hispidus</i> subsp. <i>hispidus</i>	<i>Elymus</i> <i>hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	<i>Thinopyrum</i> <i>intermedium</i> subsp. <i>intermedium</i>	<i>Trichopyrum</i> <i>intermedium</i> subsp. <i>intermedium</i>
<i>trichophorum</i>	<i>intermedia</i> subsp. <i>trichophora</i>	<i>trichophora</i>	<i>intermedia</i> subsp. <i>intermedia</i> hirsute form (f. owłosiona)	<i>hispidus</i> subsp. <i>barbulatus</i>	<i>hispidus</i> var. <i>villosus</i>	<i>intermedium</i> subsp. <i>trichophorum</i>	<i>intermedium</i> subsp. <i>barbulatum</i>

Skrajne podejścia w sposobie potraktowania zróżnicowania wewnątrzgatunkowego *Elymus hispidus*, reprezentowane są przez ujęcie morfotypu nieowłosionego i owłosionego jako dwóch odrębnych, różnych wiekowo gatunków (Dubovik 1976), a z drugiej strony uznanie ich jedynie za formy *E. hispidus* (Jarvie 1992).

Jarvie (1992) obniżył radykalnie status owłosionych okazów *Elymus hispidus*, nadając im jedynie rangę formy owłosionej w odróżnieniu od formy nieowłosionej. Swoje stanowisko uzasadnia tym, że owłosione i nieowłosione źdźbła często spotykał na tej samej roślinie.

Löve (1986) określił strukturę genomową *Elymus hispidus* jako EES, i na tej podstawie utworzył nowy rodzaj *Trichopyrum* Á. Löve, do którego włączył *Trichopyrum intermedium* (Host) Á. Löve subsp. *intermedium*, *Tr. intermedium* subsp. *barbulatum* (Schur) Á. Löve i pozostałych siedem podgatunków. W niektórych nowszych pracach dotyczących tego kompleksu traw używane są powyższe nazwy rodzajowe (Jarvie & Barkworth 1992 a, b; Assadi & Runemark 1995).

W polskich opracowaniach florystycznych *Elymus hispidus* subsp. *hispidus* oraz *E. hispidus* subsp. *barbulatus* traktowane są jako dwa gatunki: *Agropyron intermedium* i *A. trichophorum* (Szafer i in. 1953), albo również jako dwa podgatunki, ale rodzaju *Agropyron*: *Agropyron intermedium* subsp. *intermedium* i subsp. *trichophorum* (Mirek i in.

⁴ Barkworth & Dewey (1985) do rodzaju *Thinopyrum* Löve włączyli *Thinopyrum intermedium* (Host) Barkw. & D. R. Dewey oraz *Th. intermedium* subsp. *barbulatum* (Schur) Barkw. & D. R. Dewey, czyniąc w ten sposób sporo zamieszania, ponieważ Löve (1980, 1984) utworzył ten rodzaj dla *Thinopyrum junceum* (gatunek – typ) i gatunków pokrewnych.

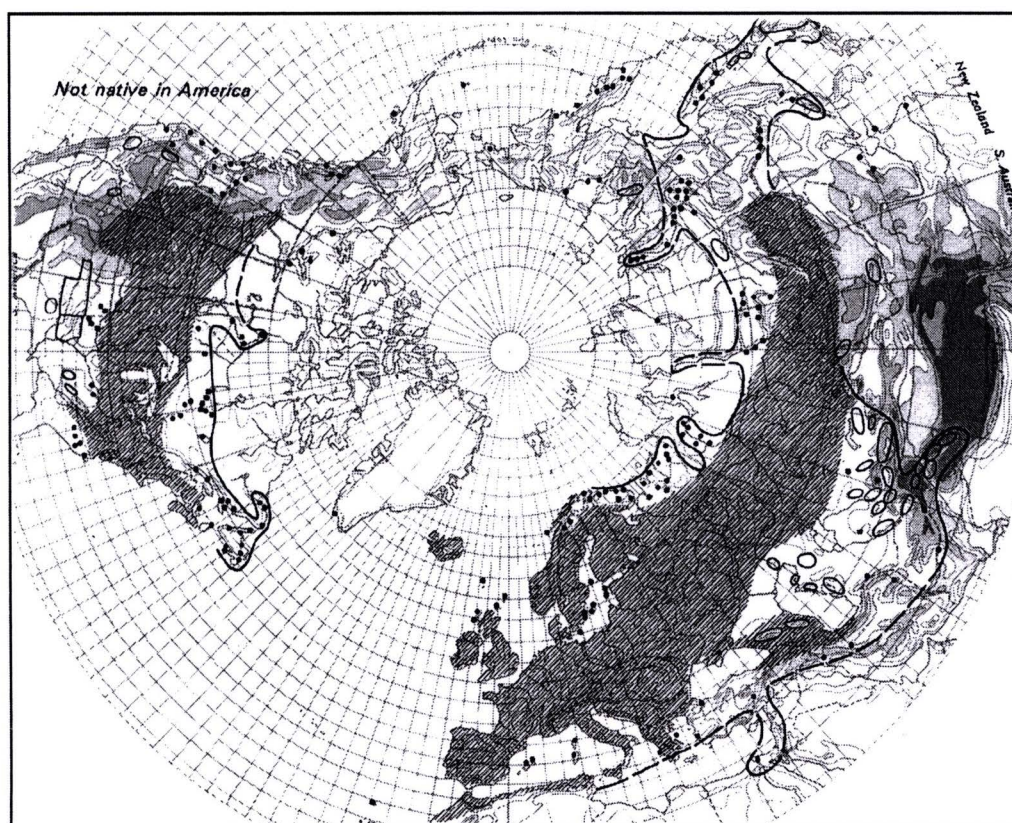
1995). Coraz częściej jednak w nowszych opracowaniach można je znaleźć jako taksony ujęte w obrębie *Elymus hispidus* (Towpasz i in. 1999; Mizianty i in. 2001; Towpasz i in. 2001; Towpasz & Mitka 2001).

W Polsce nie było prowadzonych szczegółowych badań biosystematycznych *Elymus repens* oraz *E. hispidus*. Analizowana była struktura morfologiczna kłosa i budowa zarodków obu gatunków (Kosina 1995 a, b). Przeprowadzone w ostatnich latach studia (Mizianty i in. 1999; 2001) dotyczyły nomenklatury oraz biosystematyki kompleksu *Agropyron-Elymus*, bez szczegółowej analizy zmienności wewnątrzgatunkowej.

1.3. Rozmieszczenie i ekologia

Elymus repens

Elymus repens w podgatunku typowym jest taksonem kosmopolitycznym, występującym prawie na całej kuli ziemskiej i charakteryzującym się bardzo szeroką skalą fitocenotyczną (Ryc. 4). Jest obecny w całej Europie oraz Azji (Melderis 1980; Hulten & Fries 1986). Został wprowadzony do Ameryki Północnej i Południowej (Bowden 1965; Tsvelev 1976). W Afryce Południowej rośnie poza strefą tropików (Tsvelev 1976).



Ryc. 4. Zasięg występowania *Elymus repens* (L.) Gould według Hultena & Friesa (1986).

W Polsce *Elymus repens* jest gatunkiem rodzimym, rośliną pierwotnie rosnącą na wilgotnych brzegach jezior, rzek i potoków oraz na skrajach leśnych dróg (Nowiński 1967). Perz właściwy jest szeroko rozpowszechniony na niżu jak i w niższych położeniach górskich (Piękoś-Mirkowa & Mirek 1978). Rośnie w bardzo różnych warunkach ekologicznych; od miejsc suchych, piaszczystych, poprzez nawożone łąki, pola uprawne, siedliska ruderalne, zarośla, aż po miejsca okresowo zalewane wodą; jednocześnie dobrze znosi zasolenie gleb (Czarnocki 1950; Schwarz & Szober 1960; Falkowski 1982). *E. repens* to gatunek charakterystyczny dla klasy *Rudereto-Secalinetea* (Br.-Bl. 1936) i związku *Agropyro-Rumicion crispi* (Nordhagen 1940) (Medwecka-Kornaś i in. 1972).

Z pięciu podgatunków podanych we Flora Europaea dla Polski jest wymieniany jedynie podgatunek typowy *Elymus repens* subsp. *repens* (Melderis 1980).

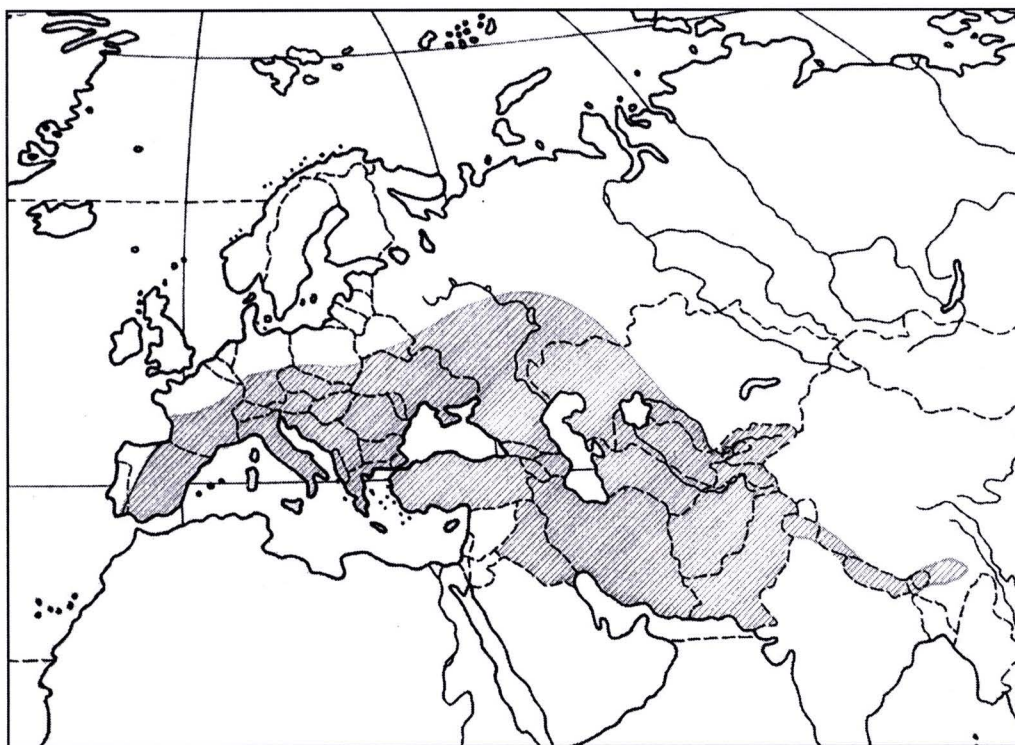
Elymus repens jest gatunkiem intensywnie rozprzestrzeniającym się wegetatywnie za pomocą kłączy i wykazującym możliwości zmiany typu wzrostu, jako przystosowanie do trudnych warunków siedliskowych (Brej 2000). Przestrzenne rozmieszczenie roślin w populacji u gatunków klonalnych zależy od strategii wzrostu wegetatywnego, który może być typu „phalanx” (falangowy) lub „querilla” (zwiadowczy) (Harper 1977). Wzrost populacji typu „phalanx” zapewnia większe skupianie się roślin i wzrost lateralny klonów perzu, co prowadzi do powstania struktury kępowej, zapewniającej lepszą odporność na stresowe czynniki środowiska (Brej 1998, 2000, 2001). Natomiast strategia typu „querilla” jest stosowana w dogodnych warunkach wzrostowych, wytwarzane są wtedy kłącza o długich międzywęzłach, z małą liczbą pączków bocznych, opanowujące większy obszar występowania. Zmiana strategii wzrostu u perzu jest prawdopodobnie cechą fenotypową, utrwaloną jedynie np. przez długi okres oddziaływania niekorzystnych czynników (Brej 2000). Rośliny rozmnażające się wegetatywnie są genetycznie identyczne z formami rodzicielskim, a nowy pęd powtarza określony genotyp, sprawdzony w określonych warunkach siedliskowych, co decyduje o tym, że taki sposób reprodukcji zwiększa możliwości adaptacyjne i zapewnia prawie pełny sukces rozrodczy (Tripathi & Harper 1973). Dobrze przystosowane genety, pomnażając wielokrotnie w cyklu życiowym ramety, mają szansę utrzymać się w warunkach w których jest niska reprodukcja generatywna (wytwarzana jest mała liczba nasion albo siewki są mało żywotne) (Falińska 1997). Rośliny klonalne wytwarzając liczne rozgałęzienia mogą lepiej wykorzystywać zasoby środowiska niż rośliny nieklonalne (Falińska 1997).

Elymus repens rozmnaża się również przez nasiona, które szybko dojrzewają i są zdolne do kiełkowania w tym samym roku (Conert 1998; Prokudin 1982). W warunkach niestabilnych, kiedy korzystniejsza jest wymiana materiału genetycznego, *E. repens* wytwarza więcej nasion w stosunku do nowych kłaczy (Reekie 1991). W naturalnych populacjach perzu tworzy często jednogatunkowe skupienia, ponieważ w stosunku do sympatrycznych gatunków wykazuje bardzo dużą konkurencję, wypierając je ze wspólnego siedliska (Tripathi & Harper 1973). Wykazano również, że kłacze perzu wytwarza toksyczne związki, szkodliwe dla innych gatunków (Le Tourneau & Heggeness 1957; Welbank 1963). W siedliskach segetalnych i ruderalnych ten uciążliwy chwast rozmnaża się nawet z najmniejszych fragmentów kłaczy. Populacja lokalna perzu może być często jednym klonem, w której produkcja nasion zredukowana została do minimum (Palmer & Sagar 1963).

Elymus hispidus

Ogólny zasięg *Elymus hispidus* nie jest podawany w atlasach rozmieszczenia roślin w Europie, opublikowanych przez Hultena i Friesa (1986) oraz Meusela i in. (1965). Jego występowanie można jednak stwierdzić na podstawie flor lokalnych. Ogólnie rzecz ujmując przedstawiciele *E. hispidus* obejmują swoim zasięgiem Azję Środkową oraz wschód, południe i zachód Europy (Ryc. 5; Ehrendorfer 1973; Fedorov 1974; Horvat i in. 1974; Tsvelev 1976). W USA omawiany gatunek uznawany jest za zawleczony z Europy lub Azji (Bowden 1965).

Elymus hispidus reprezentuje grupę taksonów tworzących Mediterańsko-Irano-Turański element łącznikowy, których występowanie rozciąga się od terenów Azji Centralnej do obszaru śródziemnomorskiego (Meusel i in. 1965; Tsvelev 1976). Kozłowska (1927) zalicza *Elymus hispidus* do taksonów środkowo-azjatyckich, występujących w Europie południowej i dochodzących na zachodzie do Francji i Hiszpanii. Gatunki te z reguły występują wąskim pasem na terenach polodowcowych i zasięg ich występowania generalnie wyznaczony jest północną granicą występowania lessu. We wschodniej części zasięgu *E. hispidus* rośnie głównie w zbiorowiskach stepowych.



Ryc. 5. Zasięg występowania *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis; zestawienie na podstawie różnych źródeł (Ehrendorfer 1973; Fedorov 1974; Horvat i in. 1974; Tsvelev 1976; Jarvie 1992).

W obrębie *Elymus hispidus* Melderis (1980) wyróżnia 5 podgatunków, z których w Polsce występują *E. hispidus* subsp. *hispidus* i *E. hispidus* subsp. *barbulatus*. Oba omawiane taksony są najbardziej rozpowszechnione i mają najszersze zasięgi, podczas gdy występowanie pozostałych jest ograniczone do niewielkich obszarów Europy.

Elymus hispidus należy do grupy traw z rozległymi kłęczami, które nie tworzą gęstszych kęp. Posiada pewne określone wymagania siedliskowe, ponieważ przywiązany jest do gleb lessowych bądź wapiennych, często o słabo wykształconym profilu glebowym. Występuje w murawach kserotermicznych, na suchych i słonecznych zboczach, wychodniach skał gipsowych, na terenach nieczynnych kamieniołomów, bardzo często na kamienistej glebie wapiennej lub kredowej, wytworzonej z gipsów oraz lessów. Rzadziej jest spotykany wśród ciepłych zarośli oraz na skarpach śródpolnych lub przydrożnych. Lokalnie w Polsce południowej i wschodniej jest gatunkiem częstym, opanowującym, przy pomocy rozległych kłęczów, rozległe obszary skrajów pól i dróg, gdzie często tworzy mieszańce z *E. repens* (Falkowski 1982; własne obserwacje terenowe).

Elymus hispidus jest gatunkiem charakterystycznym dla muraw kserotermicznych ze związku *Cirsio-Brachypodium pinnati* Hadac et Klika 1944 *emend.* Krausch 1961 i dla

zespołu *Thalictro-salvietum pratensis* Medw.-Korn. 1959 (Falkowski 1982; Matuszkiewicz 1984). Zespół ten, przypominający tzw. kwietny step łąkowy, jest przede wszystkim rozpowszechniony w Polsce południowej na glebach typu czarnoziem i na rędzinach, a w postaci typowej występuje na Wyżynie Małopolskiej i Wyżynie Zachodniowołyńskiej (Matuszkiewicz 1984). *Elymus hispidus* w obu podgatunkach rośnie także w zespołach *Adonio-Brachypodietum pinnati* (Libb. 1933) Krausch 1960 (Łuszczynska 1998), uboższym florystycznie niż *Thalictro-salvietum pratensis*, oraz w *Inuletum ensifoliae* Kozł. 1925, który rozwija się na płytkich rędzinach wytworzonych z margli kredowych w Niece Nidziańskiej, na Wyżynie Lubelskiej i Wyżynie Zachodniowołyńskiej (Kimsa & Sokołowska 1973; Głazek 1995; Łuszczynska 1998).

1.4. Znaczenie i praktyczne wykorzystanie *Elymus repens* i *Elymus hispidus*

Elymus repens jest wykorzystywany jako roślina lecznicza, ponieważ jego kłocze zawiera wiele cennych składników. Najważniejsze, oprócz cukrów, olejku eterycznego o działaniu antybiotycznym, witaminy C, soli potasu i żelaza, to krzemionka i inozyt (Mazerant-Leszkowska 1990). Inozyt ma właściwości oczyszczające organizm, reguluje czynności metaboliczne oraz funkcjonowanie przewodu pokarmowego, obniża poziom tłuszczów i cholesterolu we krwi. Będąc środkiem metabolicznym perz ma silne działanie moczopędne i jako składnik mieszanek ziołowych, polecany jest przy usuwaniu trucizn z organizmu. Przed wielu laty, kiedy na wsi panował głód, zmielone kłocze perzu dodawano do mąki, co z pewnością poprawiało zdrowie, chociaż z pewnością nikt wtedy nie zastanawiał się nad tym.

Elymus repens posiada znaczną wartość pastewną i traktowany jest jako wartościowy komponent pastwisk (Falkowski 1982). Może być również z powodzeniem wykorzystywany do utrwalaania piasków i hałd przemysłowych oraz jako gatunek rekultywacyjny miejsc zdegradowanych i zanieczyszczonych.

Elymus hispidus w niektórych krajach traktowany jest jako roślina pastewna (Prokudin & Druleva 1977), jednak w Polsce nie ma on takiego znaczenia (Falkowski 1982).

1.5. Zastosowanie markerów molekularnych w biosystematyce traw

Zmienność organizmów żywych jest obecnie coraz częściej rozpatrywana na poziomie molekularnym, jako podstawa innych rodzajów zmienności (np. morfologicznej, anatomicznej czy cytologicznej). Przez zmienność genetyczną rozumie się całokształt różnic występujących między gatunkami, odmianami, osobnikami czy komórkami pojedynczego organizmu, które mogą być potencjalnie identyfikowane za pomocą odpowiednich znaczników, zwanych markerami molekularnymi (Bednarek & Chwedorzewska 2001). Populacje roślinne nie są zbiorem przypadkowych genotypów, ale ich struktura genetyczna jest tworzona w przestrzeni i w czasie (Allard 1975; Brown i in. 1978; Hamrick & Holden 1979; Linhart i in. 1981). Organizacja genetyczna stanowi wspólny wynik oddziaływania mutacji, migracji, selekcji oraz dryftu genetycznego, na które z kolei wpływają procesy historyczne i biologiczne danego gatunku (Loveless & Hamrick 1984).

Markerowe techniki molekularne stanowią podstawę badań genetycznych. Cechy używane jako markery genetyczne w analizie taksonomicznej i filogenetycznej muszą być polimorficzne. Zasadniczą ich zaletą jest eliminacja trudności związanych z analizą morfologiczną, bazującą na cechach fenotypowych, na które niewątpliwie wpływają czynniki środowiskowe, dziedziczenie poligenowe oraz częściowa lub całkowita dominacja, zakłócająca ekspresję danego genu.

Pomimo bogactwa istniejących metod molekularnych, dających potencjalne markery, dziś tylko kilka z nich ma zastosowanie praktyczne; najczęściej wykorzystuje się RFLP, RAPD, AFLP i SSR (Karp i in. 1996; Ratkiewicz & Borkowska 2002). Wybór określonej techniki zależy od rodzaju badanego genomu, rodzaju i poziomu oczekiwanej zmienności oraz możliwości finansowych (Bednarek & Chwedorzewska 2001).

Plemię *Triticeae*, które jest ważne z punktu widzenia gospodarczego i ekonomicznego, jest już stosunkowo dobrze poznane pod względem genetycznym. Dokonujący się rozwój metod molekularnych spowodował, że powszechne stają się analizy DNA, które są z powodzeniem wykorzystywane w taksonomii i filogenezie traw. Molekularne analizy oparte na występowaniu sekwencji ITS, pochodzących z jądrowego rDNA, wskazują na istnienie siostrzanych grup pomiędzy *Poeae* i *Aveneae* oraz między *Bromeae* i *Triticeae* (Hsiao i in. 1995). Analizy DNA dostarczają także informacji o powiązaniach filogenetycznych w obrębie rodzajów (Chen i in. 1997). Natomiast zmienność genetyczną w obrębie gatunków oraz w obrębie populacji bada się przy pomocy

analizowania zróżnicowania markerów RAPD (Brunell & Whitkus 1997) oraz AFLP (Le Thierry d'Ennequin i in. 2000; Vaz Patto i in. 2001). Wyniki tych badań są znaczące dla systematyki i studiów ekologicznych, zwłaszcza wtedy, gdy cechy morfologiczne nie są jednoznaczne dla określonego taksonu.

Struktura genetyczna *Elymus repens* była w ostatnich latach badana przy użyciu tandemowo powtarzalnych sekwencji DNA (Vershinin i in. 1994) oraz sztucznej hybrydyzacji (Assadi & Runemark 1995). Wykazano także duży polimorfizm białek zapasowych nasion oraz histonu H1 w euroazjatyckich populacjach *E. repens* (Kostina & Agafonov 2002).

Wiadomo również, że *Elymus hispidus* posiada geny odporności na choroby wirusowe występujące u uprawianych zbóż (Stoddard i in. 1987; Brettell i in. 1988; Xin i in. 1988; Larkin i in. 1995) oraz patogeny grzybowe (Sharma & Knott 1966). Jest także gatunkiem dobrze znoszącym niskie temperatury (Fedak 1985) oraz stres solny (Dewey 1960; Dvorak 1981). Wszystkie te właściwości czynią ten gatunek potencjalnym źródłem pożądaných genów w celu przeniesienia ich do uprawianých odmian. W tym też kierunku prowadzone są badania nad tym taksonem (Cauderon & Rhind 1976; Hsam & Zeller 1982; Friebe i in. 1992; Chen i in. 1999; Khan 1999, 2000).

Stwierdzono także, że wśród przedstawicieli kompleksu *Agropyron-Elymus* istnieją korelacje pomiędzy cechami morfologicznymi, anatomicznymi, występowaniem izoenzymów a budową genomu (Sharma & Gill 1982; Jarvie & Barkworth 1990, 1992 a, b; Salomon & Lu 1992). Ciągłe jednak mało wiadomo o genetycznej podstawie struktur morfologicznych i anatomicznych. Dlatego też w niniejszej pracy zaplanowano badania nad różnymi poziomami zmienności *Elymus repens* i *E. hispidus*, w tym również analizę AFLP. Dotychczasowe bowiem analizy molekularne (Baum & Bailey 1991; Pillay & Hilu 1995; Hsiao i in. 1995), wykonane w innych grupach traw, wskazywały na ogromne możliwości zastosowania tych metod dla wyjaśnienia charakteru zmienności w obrębie *Elymus repens* i *E. hispidus*.

1.6. Cel i zakres pracy

Głównym celem badań była szczegółowa rewizja systematyczna polskich przedstawicieli *Elymus repens* oraz *Elymus hispidus*, dokonana głównie na podstawie analizy cech morfologicznych jak również struktury DNA (metodą AFLP), a uzupełniająco na podstawie badań anatomicznych (anatomia liści i plew), cytologicznych (liczba chromosomów i kariotyp) i chemotaksonomicznych. Celem pracy było również ustalenie rozmieszczenia w Polsce taksonów wyróżnionych w czasie badań.

Pełny zakres problemowy niniejszej pracy obejmowały następujące cele cząstkowe:

- ▶ wybór morfologicznych cech diagnostycznych, istotnych dla opisanie zmienności i taksonomicznego zróżnicowania międzygatunkowego *Elymus repens* i *E. hispidus*,
- ▶ analiza cech morfologicznych przy pomocy różnych metod numerycznych oraz opisanie zróżnicowania wewnątrzgatunkowego *E. repens* i *E. hispidus* na terenie Polski,
- ▶ oszacowanie poziomu zróżnicowania genetycznego na poziomie międzygatunkowym oraz wewnątrzgatunkowym w odniesieniu do zmienności morfologicznej, anatomicznej oraz cytologicznej,
- ▶ na podstawie powyższych wyników ustalenie relacji taksonomicznych między *E. repens* i *E. hispidus* oraz wyróżnienie jednostek wewnątrzgatunkowych w obrębie każdego z nich,
- ▶ opisanie mieszańców międzygatunkowych,
- ▶ analiza rozmieszczenia geograficznego i siedliskowego wyróżnionych jednostek,
- ▶ ustalenie użyteczności dla systematyki wyników uzyskanych różnymi metodami.

2. MATERIAŁ I METODY

2.1. Materiał

2.1.1. Stanowiska zbioru prób populacji

Punktem wyjścia do badań terenowych (rozmieszczenie i zbiór prób populacji), a następnie badań biosystematycznych, było przyjęcie taksonomicznego ujęcia *Elymus repens* i *Elymus hispidus* za Melderisem (1978), zastosowanego we Flora Europaea (Melderis 1980). Zgodnie z nim, założono, że *Elymus hispidus* występuje w Polsce w dwóch podgatunkach: *E. hispidus* (Opiz) Melderis subsp. *hispidus* oraz *E. hispidus* (Opiz) Melderis subsp. *barbulatus* (Schur) Melderis. Przyjęto również, że z pięciu wyróżnionych przez Melderisa podgatunków w obrębie *Elymus repens* (L.) Gould, w Polsce obecny jest jedynie podgatunek typowy – *E. repens* subsp. *repens*. Badaniami objęto powyższe gatunki oraz przypuszczalne mieszańce pomiędzy nimi.

Materiał do badań zróżnicowania morfologicznego *Elymus repens* (L.) Gould i *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis został zebrany w latach 1996–2000 z obszaru całej Polski, odpowiednio z 44 i 24 stanowisk (Tab. 3, Ryc. 6 i 7). Próby *E. repens* zebrano ze zróżnicowanych ekologicznie siedlisk, począwszy od miejsc wilgotnych nad rzekami, poprzez skraje lasów sosnowych i mieszanych, wydmy nadmorskie aż po siedliska ruderalne. *E. hispidus* zebrano w miejscach jego naturalnego występowania na glebach wapiennych oraz na obrzeżach pastwisk i pól, gdzie istniało prawdopodobieństwo występowania mieszańców międzygatunkowych. Zbioru dokonywano w pełni sezonu wegetacyjnego od początku lipca do końca sierpnia, co zapewniało w pełni rozwinięte źdźbła i kłosa.

Oba badane gatunki perzu rozmnażają się intensywnie wegetatywnie przez kłącza, które czasem mogą na przestrzeni kilku kilometrów podziemnie 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 (Rabotnov 1969). Taki sposób podejścia został zastosowany również w innych pracach dotyczących gatunków kłączowych (Klimko 1992; Corradini i in. 2002).

Na każdym stanowisku zebrano losowo po 25–30 pędów generatywnych, w odległości co najmniej 5–6 metrów, w celu zminimalizowania prawdopodobieństwa zebrania ramet pochodzących z tego samego kłącza, a więc nie różniących się genetycznie.

Tabela 3. Wykaz stanowisk zbioru prób populacji *Elymus repens* i *E. hispidus*. Numery kwadratów ATPOL podano według Zajac (1978) oraz Zajac & Zajac (2001).

Skrót i numer populacji	Stanowisko	kwadrat ATPOL
<i>Elymus repens</i>		
R-1	Michałowice koło Krakowa, nad rzeką Dłubnią, zarośla nadrzeczne, 03.07.1996, leg. M. Szczepaniak	DF 58
R-7	Sandomierz, wał wiślany u podnóża Gór Pieprzowych, na glebie suchej i piaszczystej, 04.07.1996, leg. M. Szczepaniak	FE 92
R-8	Góry Pieprzowe koło Sandomierza, na zboczach, 04.07.1996, leg. M. Szczepaniak	FE 92
R-10	Siołkowa, okolice Grybowa, przy drodze Nowy Sącz – Grybów, zarośla nad potokiem Strzylawka, 21.06.1996, leg. M. Mizianty	EG 16
R-10*	Prawiedniki koło Lublina, nad rzeką Bystrzycą, zarośla z <i>Elymus caninus</i> , 04.07.1996, leg. M. Szczepaniak	FE 37
R-11	Głębokie koło Chełma, suchy, lessowy nieużytek, 05.07.1996, leg. M. Szczepaniak	GE 21
R-13	Werbkowice koło Hrubieszowa, nad rzeką Huczwą, 05.07.1996, leg. M. Szczepaniak	GE 76
R-14	Księżpol koło Biłgoraja, nad rzeką Tanew, 05.07.1996, leg. M. Szczepaniak	FF 19
R-16	Ropczyce, wzdłuż pola z pszenicą, 06.07.1996, leg. M. Szczepaniak	FF 61
R-31	Czaple Wolne koło Kluczborka, przy drodze, wzdłuż pola ze zbożem, 19.08.1996, leg. M. Szczepaniak	CE 66
R-32	Mazurowice koło Środy Śląskiej, przy polu z pszenicą, graniczącym z lasem liściastym, 20.08.1996, leg. M. Szczepaniak	BE 35
R-33	Ługów koło Świebodzina, skraj lasu sosnowego, na piasku, 20.08.1996, leg. M. Szczepaniak	AD 19
R-35	Szczecin, 2 km na południe od miasta, skraj lasu mieszanego, 20.08.1996, leg. M. Szczepaniak	AB 83

R-43	Chłapowo koło Władysławowa, stromy, kamienisty brzeg nadmorski, porośnięty przez sosny, <i>Rosa</i> sp. i <i>Salix</i> sp., 22.08.1996, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	CA 38
R-46	Rzucewo nad Zatoką Pucką, brzeg lasu liściastego graniczący z plażą nadmorską, 23.08.1996, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	CA 49
R-47	Dolna Grupa koło Grudziądz, skraj podrostu sosnowego z brzożami i klonami, na piasku, 23.08.1996, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	DB 80
R-48	Toruń, skraj lasu sosnowego z dębami i brzożami, 24.08.1996, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	DC 30
R-49	Szczepanowice koło Słomnik, przy polu z lucerną, razem z <i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i> i <i>E. h.</i> var. <i>villosus</i> , 01.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EF 30
R-55	Smyków koło Chmielnika, brzeg lasu sosnowego, na piasku, 02.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EE 86
R-56	Suchedniów, skraj lasu liściastego, na glebie brunatno-czerwonej, zasobnej w związku żelaza, 03.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EE 55
R-57	Mniszew nad Pilicą (w widłach Pilicy i Wisły), skraj pola z ziemniakami, przy drodze, na piasku, 03.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	ED 68
R-60	Błonie koło Łęczycy, byłe torfowisko zagospodarowane na łąki, przy drodze, skraj pasa trzciny, 05.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	DD 43
R-61	Raciażek koło Torunia, sterta popiołu, skraj lasu sosnowo-liściastego z akacjami, stanowisko ruderalne, 06.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	DC 51
R-63	nad jeziorem Szelaż Wielki, zejście przy drodze do Starych Jabłonek koło Ostródy, na piasku, teren odsłonięty, z brzożami, dębami, jarzębinami, 07.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EB 50
R-64	Dylewska Góra, 312 m n. p. m., najwyższy szczyt na Pojezierzu Mazurskim, koło Ostródy, nadleśnictwo Olsztynek, przy ścieżce przyrodniczej, 8.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	DB 79
R-65	Krąg koło Starogardu Gdańskiego, zarośla z wierzbami, olchami na prawym brzegu rzeki Wierzycy, łanowo, 09.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	CB 29
R-67	Gorzędziej koło Tczewa, Żuławy Wiślane, nad Wisłą na odsłoniętym piasku, 09.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	DB 21
R-69	przy drodze między Jastarnią a Chałupami, nad Zatoką Pucką, Półwysep Hel, na piasku, z <i>Rosa</i> sp., 12.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	DA 51
R-70	Maszewo Lęborskie, skraj lasu mieszanego, przy drodze, 13.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	CA 74
R-71	Gąski koło Mielna, na piasku, zarośla na granicy plaży i wydm, skupisko bardzo różnych form morfologicznych, 14.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	BA 92

R-72	Łomczewo koło Szczecinka, skraj lasu mieszanego, 14.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	BB 78
R-73	Mieszków koło Jarocina, nastawnia kolejowa, stanowisko ruderalne, 15.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	CD 42
R-75	Józefów koło Zamościa, kopalnia piasku i kamienia, na suchym podłożu, razem z <i>E. hispidus</i> var. <i>hispidus</i> , 13.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	GF 11
R-78	Udrysze koło Zamościa, przy polnej drodze, wzdłuż pola z owsem, na glebie ilastej, 14.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	GF 33
R-81	Gródek nad Bugiem, wzdłuż pól przy drodze polnej ze wsi nad rzekę, razem z <i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i> , 15.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	GE 77
R-86	Dubiny koło Hajnówki, zarośla przy drodze, w rowie na granicy z pastwiskiem, 20.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	GC 53
R-88	Stary Folwark nad Jeziorem Wigry, zarośla z jeżynami nad brzegiem, 21.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	FB 19
R-89	Grajewo, przy polu z ziemniakami, 21.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	FB 65
R-91	Głuchów koło Grójca, na miejscu zasypanego stawu hodowlanego, wśród trzciny, 22.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	ED 55
R-94	Gipsowa Góra, rezerwat stepowy koło Dzierżysławia, 13.07.1998, leg. <i>B. Paszko</i>	CF 65
R-95	koło schroniska „Andrzejówka”, 799 m n.p.m., Góry Kamienne, Sudety, 15.07.1998, leg. <i>B. Paszko</i>	BE 93
R-99	Dolina Strążyska, Tatry, wzdłuż szlaku turystycznego, 04.08.1999, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	DG 59
R-101	Cedynia, przy szosie Cedynia – Osinów, ok. 1 km za Cedynią, skraj lasu, 03.07.1998, leg. <i>M. Mizianty</i>	AC 40
R-106	Smoniewice koło Miechowa, lessowa skarpa wzdłuż drogi granicząca z polem uprawnym, 06.07.2000, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EF 41

Elymus hispidus

H-8	Góry Pieprzowe koło Sandomierza, na zboczach, 04.07.1996, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	FE 92
H-49	Szczepanowice koło Słomnik, zbocza ilaste i wapienne, razem z <i>Elymus repens</i> i <i>E. hispidus</i> var. <i>villosus</i> , 01.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EF 30
H-50	Raławice, rezerwat gipsowy, na glebie kamienistej, wapiennej, 01.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EF 31
H-53	Skorocice, rezerwat stepowy, razem z <i>E. hispidus</i> var. <i>villosus</i> , 02.07.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EF 24

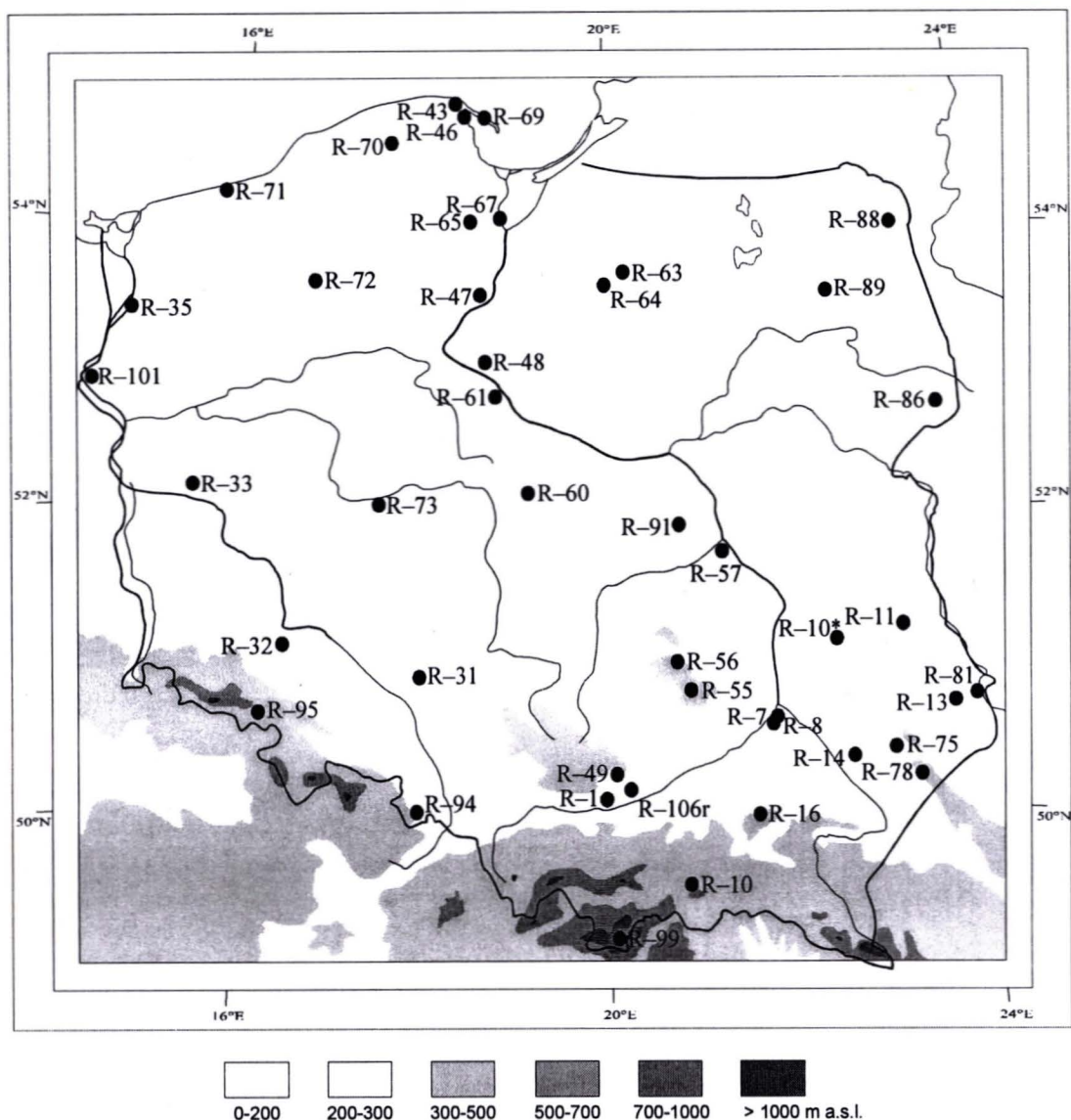
H-76	Józefów koło Zamościa, plac budowy, na glebie lessowej, razem z <i>E. repens</i> 13.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	GF 11
H-77	Dobużek koło Hrubieszowa, skarpa przy drodze, na glebie lessowej, 14.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	GE 96
H-79	Skomorochy Małe koło Hrubieszowa, przy polu z pszenicą wzdłuż polnej drogi, łąnowo, i w zaroślach na skraju pola, 15.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	GE 64
H-80	Gródek nad Bugiem, wysoki brzeg Bugu oraz wzdłuż pól przy drodze polnej ze wsi nad rzekę, występował łąnowo razem z <i>E. repens</i> , 15.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	GE 77
H-82	Rożdżałów, przy granicy z Sielcem, w zaroślach na poboczu drogi, niezbyt licznie, 16.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	GE 44
H-85	Kazimierz Dolny nad Wisłą, stoki Góry Trzech Krzyży, łąnowo na szczycie i w zaroślach z <i>Prunus fruticosa</i> , 18.08.1997, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	FE 23
H-104	Prandocin, przy polu z ziemniakami, 06.07.2000, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EF 40
H-106	Smoniewice koło Miechowa, lessowa skarpa wzdłuż drogi, granicząca z polem uprawnym, razem z <i>E. repens</i> , <i>E. hispidus</i> var. <i>villosus</i> , <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i> i <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i> , 06.07.2000, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EF 41
H-108	rezerwat stepowy „Prześlin”, Chotel Czerwony koło Buska Zdroju, razem z <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i> , 06.07.2000, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EF 35
H-110	Kopiec Kościuszki, Wrocimowice koło Miechowa, 11.07.2001, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EF 31
H-111	Kielce, wyrobisko po starym kamieniołomie, na glebie wapiennej, kamienistej, razem z <i>E. hispidus</i> var. <i>villosus</i> i <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i> , 10.07.2001, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EE 74
106ir	Smoniewice koło Miechowa, lessowa skarpa wzdłuż drogi, granicząca z polem uprawnym, razem z <i>E. repens</i> , <i>E. hispidus</i> var. <i>hispidus</i> , <i>E. hispidus</i> var. <i>villosus</i> i <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i> , 06.07.2000, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EF 41
V-3	Tokarnia koło Kielc, murawa kserotermiczna na nasypie wzdłuż drogi w kierunku Kielc, na glebie wapiennej, kamienistej, 03.07.1996, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EE 83
V-6	Kielce, wyrobisko po starym kamieniołomie, na glebie wapiennej, kamienistej, razem z <i>E. hispidus</i> var. <i>hispidus</i> i <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i> , 04.07.1996, leg. <i>M. Szczepaniak</i>	EE 74

V-49	Szczepanowice koło Słomnik, zbocza ilaste i wapienne, razem z <i>E. repens</i> , <i>E. hispidus</i> var. <i>hispidus</i> , 01.07.1997, leg. M. Szczepaniak	EF 30
V-51	Młodzawy koło Pińczowa, pobocze drogi, 01.07.1997, leg. M. Szczepaniak	EF 13
V-52	Mozgawa koło Pińczowa, wzgórze kserotermiczne przy drodze do Mozgawy, 01.07.1997, leg. M. Szczepaniak	EF 23
V-53	Skorocice, rezerwat stepowy, razem z <i>E. hispidus</i> var. <i>hispidus</i> , 02.07.1997, leg. M. Szczepaniak	EF 24
V-54	Śladków Mały koło Pińczowa, wychodnie skał wapiennych przy drodze do Chmielnika, 02.07.1997, leg. M. Szczepaniak	EF 05
V-106	Smoniewice koło Miechowa, lessowa skarpa wzdłuż drogi, granicząca z polem uprawnym, razem z <i>E. repens</i> , <i>E. hispidus</i> var. <i>hispidus</i> , <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i> i <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i> , 06.07.2000, leg. M. Szczepaniak	EF 41
V-108	rezerwat stepowy „Przęślin”, Chotel Czerwony koło Buska Zdroju, 06.07.2000, leg. M. Szczepaniak	EF 35

2.1.2. Kultury eksperymentalne

Dla większości populacji (Tab. 3), a zwłaszcza dla tych, które znacząco wyróżniały się morfologicznie i siedliskowo w zakresie całego zaobserwowanego zróżnicowania wewnątrzgatunkowego, założono w 1997 r. kultury eksperymentalne w Ogrodzie Botanicznym Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie. Z pięciu do dziesięciu miejsc z populacji lokalnej (ze skrajów i z centrum, w odległości co najmniej 5–6 metrów) zostały pobrane fragmenty kłaczy, które następnie posadzono w Ogrodzie Botanicznym, w doniczkach z otwartym dnem, umieszczonych w glebie, każda w odległości co 2 m. Pędy, które wyrastały pomiędzy doniczkami były regularnie usuwane. Analizowano tylko te okazy, które wyrastały dokładnie w granicach wyraźnie opisanej doniczki. Obserwacje cech morfologicznych w wyrównanych warunkach siedliskowych prowadzono przez cztery kolejne sezony wegetacyjne (1998, 1999, 2000 i 2001).

Materiał z kultur eksperymentalnych posłużył do obserwacji stałości bądź zmienności cech morfologicznych w jednorodnych warunkach siedliskowych, oraz do badań zmienności genetycznej, anatomicznej, chemotaksonomicznej oraz do badań cytologicznych.

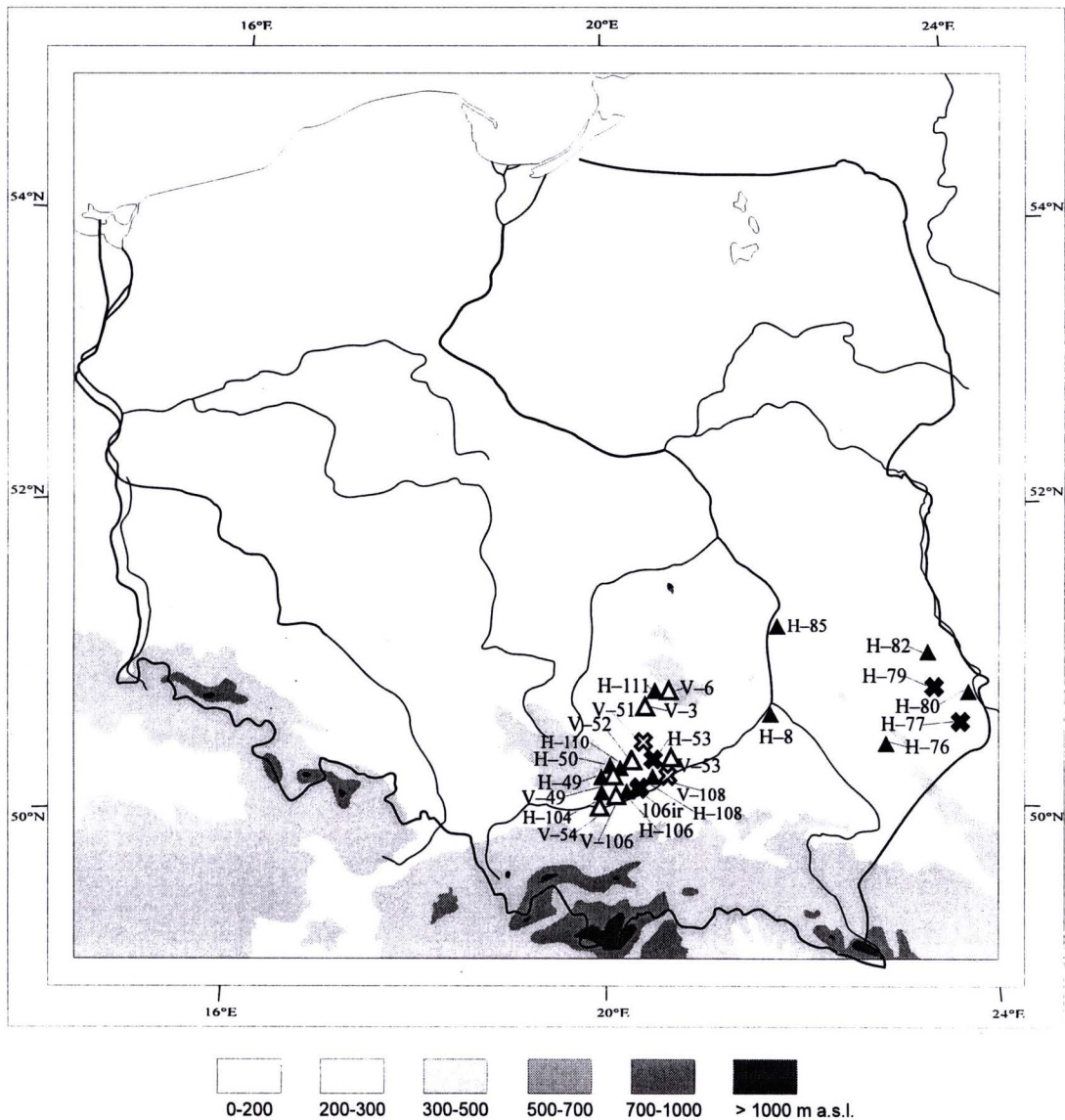


Ryc. 6. Rozmieszczenie stanowisk badanych prób populacji *Elymus repens* (L.) Gould. Opis stanowisk w tabeli (Tab. 3) na stronie 18.

2.1.3. Materiały zielnikowe

Zbiory zielnikowe pochodzące ze wszystkich ważniejszych zielników Polski (BIL, BSG, BYDG, GDMA, KRA, KRAM, KTC, KTU, LBLM, LOD, OLSZ, POZ, SLTC, SZCZ, TRN, UGDA, WA, WRSL, WSRP oraz zielnik Pani Dr. Bożeny Łuszczynskiej (Akademia Świętokrzyska im. Jana Kochanowskiego) – akronimy zielników przyjęto według Mirka i in. (1997) oraz Holmgrena i in. (1990) stanowiły materiał uzupełniający w badaniach taksonomicznych i chorologicznych. Jednocześnie zrewidowano materiały zielnikowe zebrane poza Polską i znajdujące się w polskich zielnikach KRA i KRAM oraz w zielniku Muzeum Historii Naturalnej w Wiedniu (W). Ponadto przeanalizowano próby populacji z

Ukrainy (Podole), zebrane przez mgr Beatę Paszko, w celu odniesienia zmienności *Elymus repens* i *E. hispidus*, stwierdzonej na terenie Polski, do zmienności na szerszym zasięgu, obejmującym obszar Ukrainy.



Ryc. 7. Rozmieszczenie stanowisk badanych prób populacji *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis; ▲ – *E. hispidus* var. *hispidus*, △ – *E. hispidus* var. *villosus*, ✱ – *E. x mucronatus* nothovar. *mucronatus*, ⊠ – *E. x mucronatus* nothovar. *tesquicolus*. Próby H-85 nie badano biometrycznie, była analizowana metodą AFLP. Opis stanowisk w tabeli (Tab. 3) na stronie 18.

2.2. Wykaz cech morfologicznych i sposób ich pomiaru

Podstawą do badań zmienności morfologicznej była analiza prób populacji zebranych w terenie. Natomiast okazy z hodowli stanowiły punkt odniesienia w celu określenia stałości bądź zmienności poszczególnych cech morfologicznych.

Każdy okaz z populacji lokalnej został szczegółowo scharakteryzowany na podstawie 41 cech ilościowych i 20 jakościowych. 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. Wszystkie analizowane cechy zamieszczono w tabeli (Tab. 4). Mierzone i oceniane cechy dotyczyły budowy części wegetatywnych i generatywnych poszczególnych okazów. Sposób wykonania pomiarów cech kłosa i kłoska przedstawiono na rycinie (Ryc. 8). Do analizy włączono okazy w pełni rozwinięte i nie zniszczone. Okazy z 44 prób populacji *Elymus repens* i 24 prób *E. hispidus* zostały przeanalizowane biometrycznie pod kątem powyższych cech makro-morfologicznych i były następnie przedmiotem analiz statystycznych. Ogółem zmierzono i oceniono 1181 okazów *E. repens* i 627 okazów *E. hispidus*.

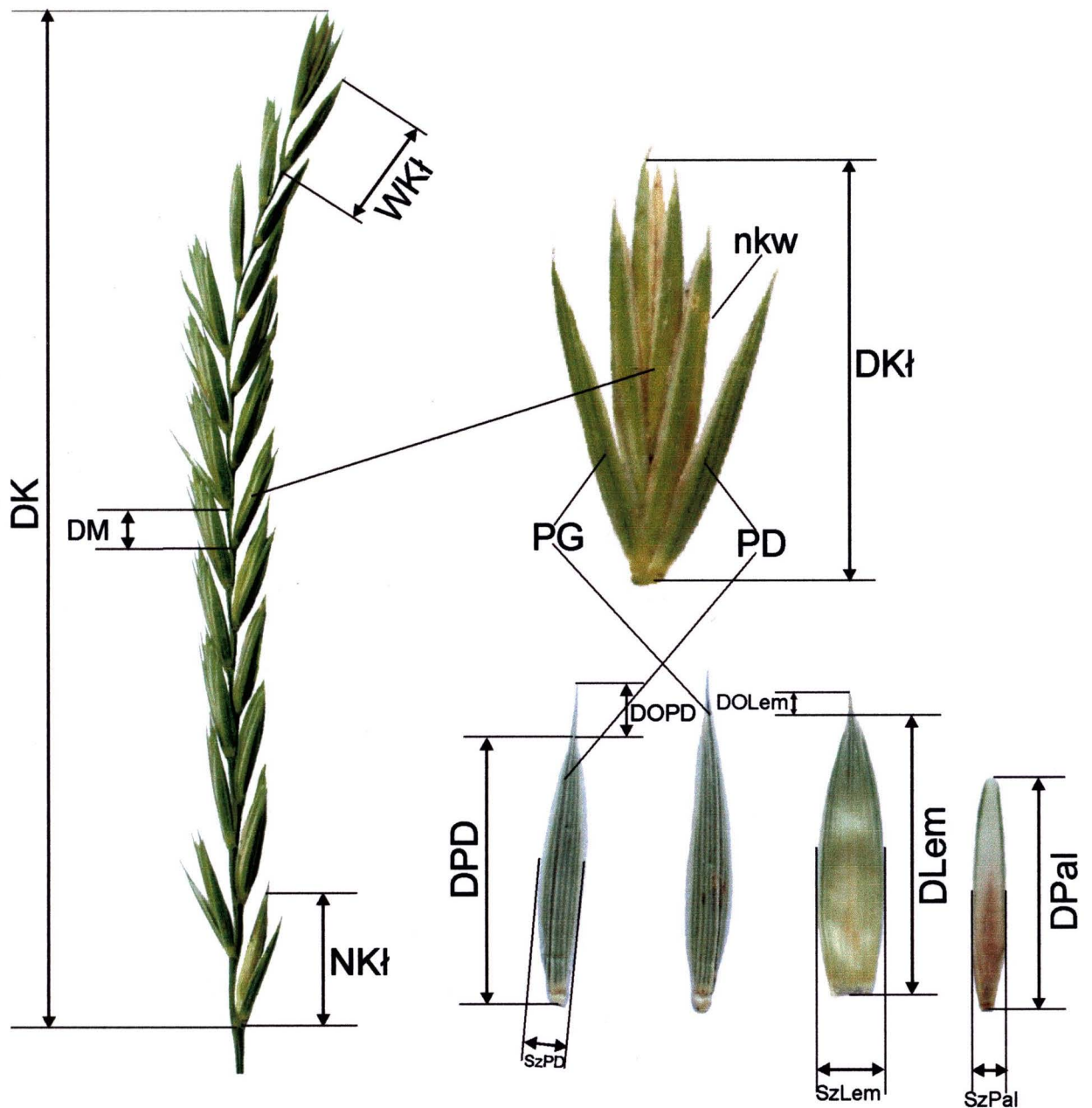
Pomiary części wegetatywnych roślin wykonywane były przy użyciu linijki z dokładnością do 0,5 mm, natomiast kłoski, kwiatki plewy i plewki mierzone przy użyciu mikroskopu binokularnego firmy Nikon, z dokładnością do 0,01 mm. Liście i kłoski rozmiękczano w gorącej wodzie, a następnie plewy i plewki naklejano na szkiełka podstawowe w celu ułatwienia pomiarów oraz dla ewentualnego porównania z innymi próbami oraz wykonania rysunków i zdjęć.

Tabela 4. Wykaz analizowanych cech ilościowych i jakościowych; **pogrubioną czcionką** zaznaczono cechy odróżniające *Elymus repens* od *E. hispidus*; *kursywą* – cechy wyróżniające odmiany i formy w obrębie *E. repens*; podkreśloną czcionką – cechy wyróżniające odmiany w obrębie *E. hispidus* oraz mieszańce.

Numer cechy	Cecha	Skrót
	ŻDŹBŁO	
1	długość źdźbła wraz z kłosem [cm]	<u>DŻ</u>
2	liczba węzłów	
3	długość najwyższego międzywęźla: wyraźnie najdłuższe w porównaniu z pozostałymi – 1, równe lub nieznacznie dłuższe – 0	
	KŁOS	
4	<u>długość kłosa [cm]</u>	<u>DK</u>
5	oś kłosa: gęsto owłosiona – 2, owłosiona pojedynczymi włoskami – 1, nieowłosiona – 0	
6	oś kłosa: szorstka na krawędziach – 1, gładka na krawędziach – 0	
7	woskowy nalot na osi kłosa: obecny – 1, nieobecny – 0	
8	<u>liczba węzłów kłosa</u>	<u>LWK</u>
9	liczba kłosek na drugim węźle od góry kłosa	
10	liczba kłosek na środkowym węźle kłosa	
11	liczba kłosek na najniższym węźle kłosa	
12	<i>długość międzywęźla powyżej środkowego kłoska [mm]</i>	<i>DM</i>
13	stosunek: długość kłoska środkowego do długości międzywęźla powyżej kłoska środkowego, cechy 19/12	DKI/DM
14	sposób rozpadu kłosa po dojrzaniu: powyżej plew (plewy pozostają na osi kłosa) – 1, poniżej plew (oś kłosa nie rozpada się, kłoski odpadają w całości) – 2, oś kłosa rozpada się poniżej każdego kłoska, kłosek odpada w fragmentem osi – 3	
	KŁOSEK	
	na drugim węźle od szczytu kłosa	
15	długość kłoska mierzona bez ości [mm]	WKI
16	osadzenie kłosek: na trzoneczkach – 1, siedzące – 0	
17	liczba kwiatków w kłosku	
18	oś kłoska: owłosiona – 1, nieowłosiona – 0	
	na środkowym węźle kłosa	
19	<i>długość kłoska mierzona bez ości [mm]</i>	<i>DKI</i>
20	osadzenie kłosek: na trzoneczkach – 1, siedzące – 0	

21	<i>liczba kwiatków w kłosku</i>	LKwi
22	oś kłoska: owłosiona – 1, nieowłosiona – 0 na najniższym węźle kłosa	
23	długość kłoska mierzona bez ości [mm]	NKł
24	osadzenie kłosek: na trzoneczkach – 1, siedzące – 0	
25	liczba kwiatków w kłosku	
26	oś kłoska: owłosiona – 1, nieowłosiona – 0 PLEWY PLEWA DOLNA – w kłosku ze środka kłosa	
27	<u>długość plewy dolnej [mm]</u>	<u>DPD</u>
28	<u>szerokość plewy dolnej [mm]</u>	<u>SzPD</u>
29	<u>stosunek: długość do szerokości plewy dolnej („kształt”); 27/28</u>	<u>DPD/SzPD</u>
30	<u>długość ości na plewie dolnej [mm]</u>	<u>DOPD</u>
31	<u>stosunek: długość plewy dolnej do długości kłoska środkowego; 27/19</u>	<u>DPD/DKł</u>
32	liczba nerwów	
33	kształt szczytu plew: ostro zakończone z ością – 3, ostro zakończone bez ości – 2, ścięte albo tępo zakończone – 1,	SzczPD
34	<u>pokrycie górnej powierzchni plew: cała powierzchnia gęsto owłosiona – 2, owłosiona w górnej części – 1, nieowłosiona – 0</u> PLEWA GÓRNA – w kłosku ze środka kłosa	<u>OwłPD</u>
35	<u>długość plewy górnej [mm]</u>	<u>DPG</u>
36	szerokość plewy górnej [mm]	
37	<u>długość ości na plewie górnej [mm]</u>	<u>DOPG</u>
38	<u>stosunek: długość plewy górnej do długości plewy dolnej; 35/27</u>	<u>DPG/DPD</u>
39	stosunek: długość plewy górnej do długości kłoska środkowego; 35/19	
40	liczba nerwów PLEWKA DOLNA – w najniższym kwiatku kłoska środkowego	
41	<u>długość plewki dolnej [mm]</u>	<u>DLem</u>
42	szerokość plewki dolnej [mm]	SzLem
43	<u>stosunek: długość do szerokości plewki dolnej; 41/42</u>	<u>DLem/SzLem</u>
44	<u>długość ości na plewce dolnej [mm]</u>	<u>DOLEm</u>
45	stosunek: długość ości do długości plewki dolnej; 44/41	
46	liczba nerwów	
47	<u>kształt szczytu plewki dolnej: ostry z ością – 3, ostry bez ości lub z krótką ostką (mucro) – 2, tępy lub ścięty – 1</u>	<u>SzczLem</u>

	PLEWKA GÓRNA – w najniższym kwiatku kłoska środkowego	
48	<u>długość plewki górnej [mm]</u>	<u>DPal</u>
49	szerokość plewki górnej [mm]	SzPal
50	<u>stosunek: długość do szerokości plewki górnej; 48/49</u>	<u>DPal/SzPal</u>
51	kształt szczytu plewki górnej: wyraźnie wcięta na szczycie – 2, zaokrąglona lub bardzo lekko wcięta na szczycie – 1	
52	stosunek: długość plewki dolnej do długości plewki górnej; 41/48	DLem/DPal
	LIŚĆ – drugi od góry źdźbła	
53	długość [cm]	DLiś
54	szerokość [mm]	SzLiś
55	górną powierzchnią liścia: gęsto owłosiona – 2, owłosiona rzadko rozrzuconymi włoskami – 1, nieowłosiona – 0	
56	dolną powierzchnią liścia: gęsto owłosiona – 2, owłosiona rzadko rozrzuconymi włoskami – 1, nieowłosiona – 0	
	POCHWA LIŚCIOWA – drugiego liścia od góry źdźbła	
57	owłosiona na powierzchni – 1, nieowłosiona na powierzchni – 0	
58	na brzegu orzęsiona – 1, nie orzęsiona – 0	
59	ostrogi: zachodzące na siebie – 1, nie zachodzące – 0	
	JĘZYCZEK – drugiego liścia od góry źdźbła	
60	długość [mm]	
61	brzeg języczka: tępy – 2, ząbkowany – 1	



Ryc. 8. Sposób wykonywania pomiarów cech morfologicznych budowy kłosa i kłoska okazów *Elymus* sp., z dokładnością do 0,01 mm; PG – plewa górna, PD – plewa dolna, nkw – najniższy kwiatek w kłosku środkowym. Plewę górną (PG) mierzono analogicznie jak plewę dolną (PD). Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

2.3. Analiza statystyczna danych morfologicznych

Zgodnie z założeniami taksonomii numerycznej (Sneath & Sokal 1973), punktem wyjścia do stworzenia klasyfikacji w obrębie badanych gatunków był zbiór dużej liczby cech morfologicznych, bez ich wstępnego wartościowania i wyróżniania „lepszyc” i „gorszych” cech (Tab. 4). 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.

Każdy okaz z populacji stanowił roboczą jednostkę taksonomiczną (*Operational Taxonomic Unit* – OTU) (Stace 1993).

Poszczególne próby populacji *Elymus repens* oraz *E. hispidus* scharakteryzowano w oparciu o wybrane cechy, dla których obliczono statystyki podstawowe: średnią arytmetyczną (\bar{X}), odchylenie standardowe (SD), błąd standardowy średniej (SE) oraz podano wartości minimalne (MIN) i maksymalne (MAX). Wartości przedstawiono w załączniku 1 i 2.

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 (Shapiro i in. 1968; Royston 1982). Cechy, odbiegające od rozkładu normalnego transformowano logarytmicznie, w celu spełnienia założeń zastosowanych następnie analiz wielowymiarowych (Sneath & Sokal 1973).

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 średnie różnych cech mogą być ze sobą porównywane (Stanisz 1998).

Wielowymiarową analizę statystyczną przeprowadzono w następującej kolejności:

Cechy ilościowe

(1) Dla cech morfologicznych zbadano wzajemne korelacje Pearsona (dla zmiennych o skalach interwałowych) (Stanisz 1998) oraz nieparametryczne korelacje Tau Kendall’a (dla zmiennych o skalach nominalnych i porządkowych) (Kendall 1975; Everitt 1977).

- Z dalszych analiz wyeliminowano jedną z pary cech ściśle ze sobą skorelowanych ($r \geq 0,90$) (Sneath & Sokal 1973; Marhold 1996).
- (2) Analizę składowych głównych (*Principal Component Analysis – PCA*) przeprowadzono wstępnie dla wszystkich cech ilościowych i oparto na macierzy korelacji tych cech (Sneath & Sokal 1973, Abbott i in. 1985). Metoda ta została zastosowana w celu stwierdzenia związków międzygatunkowych i wewnątrzgatunkowych *E. repens* i *E. hispidus*, ich wzajemnego uporządkowania 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 najpełniej wyjaśniały istniejącą zmienność, niezależnie od klasyfikacji taksonomicznej. Okazy z poszczególnych prób populacji stanowiły OTUs (Stace 1993). Dla czytelności wykresów pokazano również rozrzut wartości średnich z poszczególnych prób populacji *E. repens* i *E. hispidus* w układzie głównych składowych – w tym przypadku jako OTUs potraktowano populacje. Zastosowano rotację czynników *varimax*, aby otrzymać najprostszą i czytelną strukturę czynników (Kaiser 1958; StatSoft Inc. 1984–1995).
- (3) W PCA próby populacji *E. repens* i *E. hispidus* 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 gatunkami *E. repens* i *E. hispidus*, pomiędzy taksonomicznymi jednostkami wewnątrzgatunkowymi oraz przypuszczalnymi mieszańcami międzygatunkowymi (Sokal & Rohlf 1981). Poziom istotności zmierzono testem najmniejszych istotnych różnic (NIR) (Stanisz 1998; StatSoft Inc. 1984–1995) oraz testem Tukeya (Tukey 1949; Oktaba 1976).
- (4) Cechy ilościowe, które istotnie różniły *E. repens* i *E. hispidus*, wewnątrzgatunkowe jednostki taksonomiczne oraz mieszańce, zostały w następnym etapie analizy statystycznej wprowadzone do kanonicznej analizy dyskryminacyjnej (*Canonical Discriminant Analysis – CDA*) (Sneath & Sokal 1973). CDA (z użyciem procedury posępującej krokowej) przeprowadzono dla poszczególnych okazów jako OTUs, w celu sprawdzenia mocy dyskryminacyjnej i przydatności taksonomicznej zbioru cech wybranych w poprzednich analizach, do odróżniania predefiniowanych grup (gatunków, jednostek wewnątrzgatunkowych oraz mieszańców). Rozrzut w układzie kanonicznych funkcji dyskryminacyjnych oparty jest na maksymalizowaniu zmienności

międzygrupowej do zmienności wewnątrzgrupowej i oparty jest na statystyce F (Fishera-Snedecora) (Snedecor 1956). Oprócz uporządkowania użyto analizy dyskryminacyjnej również jako metody klasyfikującej, pozwalającej ocenić procent poprawnych klasyfikacji indywidualnych okazów do wyróżnionych taksonów (Sneath & Sokal 1973).

Cechy jakościowe

W celu przedstawienia zróżnicowania międzypopulacyjnego i wewnątrzpopulacyjnego *E. repens*, *E. hispidus* oraz mieszańców wykonano diagramy rozrzutu okazów w układzie głównych składowych (PCA) i w układach par cech ilościowych, gdzie zmiennymi grupującymi były diagnostyczne cechy jakościowe.

Analizy numeryczne cech biometrycznych wykonano przy użyciu pakietu programów STATISTICA PL, wersja 5.1 (StatSoft Inc. 1984–1995).

2.4. Występowanie, zmienność morfologiczna a położenie geograficzne

Mapy rozmieszczenia odmian *Elymus hispidus* oraz taksonów mieszańcowych wykonano na podstawie własnych badań terenowych, materiałów zielnikowych, danych z literatury oraz danych niepublikowanych. Jest to gatunek o określonym obszarze występowania na terenie południowej i południowo-wschodniej Polski, stąd nie było potrzeby potwierdzania jego geografizmu (porównaj rozdział 1.3.).

W przypadku *Elymus repens* chciano sprawdzić, czy wyróżnione w jego obrębie odmiany są rasami geograficznymi. W tym celu wykonano kolorowe mapy rozmieszczenia badanych 44 prób populacji. Podstawą do wykreślenia map była analiza PCA, oparta na macierzy korelacji 10 cech morfologicznych i zmiennej odpowiadającej współrzędnym geograficznym zbioru prób populacji (Cieślak niepublikowane). Kolejne mapy odpowiadały kolejnym trzem głównym składowym, z którymi skorelowane były odpowiednie cechy, wyodrębnione na podstawie PCA i odróżniające odmiany *E. repens* (por. rozdz. 3.1.2.). Podobne kolory odpowiadają podobnym morfotypom *E. repens*.

Ponieważ nie stwierdzono geografizmu w występowaniu odmian *Elymus repens* nie wykonywano mapy ogólnego rozmieszczenia perzu właściwego, która znajduje się w „Atlasie rozmieszczenia roślin naczyniowych w Polsce” (Zajac & Zajac 2001). Na jej

podstawie można stwierdzić, że *E. repens* jest na terenie kraju pospolity, a nieliczne puste kwadraty świadczą jedynie o braku danych, ale nie o jego nieobecności w tych miejscach.

2.5. Analiza zmienności genetycznej

Jako materiał do zbadania zróżnicowania genetycznego posłużyły młode liście, zebrane z założonych kultur eksperymentalnych, które wyrosły wiosną w drugim roku prowadzenia hodowli. Analizę przeprowadzono łącznie dla 130 roślin, w tym dla 10 roślin pochodzących z 7 wybranych populacji *Elymus repens* (R-56, R-60, R-67, R-63, R-65, R-69, R-86) oraz 6 populacji *E. hispidus* (H-50, H-80, H-85, V-49, V-53, V-54) (Tab. 3 i 6). Populacje wytypowane do zbadania zróżnicowania genetycznego znacznie różniły się morfologicznie oraz zostały zebrane z różnych siedlisk, skąd przeniesiono kłącza do Ogrodu Botanicznego.

W celu porównania i uzupełnienia wyników uzyskanych z analizy DNA z kultur eksperymentalnych, zebrano dodatkowo z dwóch naturalnych stanowisk (Smoniewice i Kielce; Tab. 5) odpowiednio 33 i 15 roślin (prawdopodobnych rodziców i mieszańce) i wykonano dodatkowe badania zmienności genetycznej metodą AFLP.

Tabela 5. Stanowiska zbioru okazów rodzicielskich *Elymus repens* i *E. hispidus* oraz mieszańców do uzupełniających badań genetycznych metodą AFLP; **R** – *Elymus repens*, **H** – *E. hispidus* var. *hispidus*, **V** – *E. hispidus* var. *villosus*, **M** – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus*, **Te** – *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*.

Skrót i numer populacji	Takson	Stanowisko
R1	<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	Smoniewice, lessowa skarpa wzdłuż drogi, 11.07.2001, leg. M. Szczepaniak;
R2	<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	Smoniewice, lessowa skarpa wzdłuż drogi, 11.07.2001, leg. M. Szczepaniak;
R3	<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	Kielce, wyrobisko po starym kamieniołomie, 10.07.2001, leg. M. Szczepaniak;
M1	<i>Elymus ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i> długościsty	Smoniewice, lessowa skarpa wzdłuż drogi, 06.07.2000, leg. M. Szczepaniak;
M2	<i>Elymus ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i> krótkoościsty	Smoniewice, lessowa skarpa wzdłuż drogi, 06.07.2000, leg. M. Szczepaniak

M3	<i>Elymus ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i> krótkooszczysty	Kielce, wyrobisko po starym kamieniołomie, 04.07.1996, leg. M. Szczepaniak
Te	<i>Elymus ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	Smoniewice, lessowa skarpa wzdłuż drogi, 06.07.2000, leg. M. Szczepaniak
V	<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	Smoniewice, lessowa skarpa wzdłuż drogi, 06.07.2000, leg. M. Szczepaniak
V3	<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	Kielce, wyrobisko po starym kamieniołomie, 04.07.1996, leg. M. Szczepaniak
H	<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	Smoniewice, lessowa skarpa wzdłuż drogi, 06.07.2000, leg. M. Szczepaniak
H3	<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	Kielce, wyrobisko po starym kamieniołomie, 04.07.1996, leg. M. Szczepaniak

Poziom zmienności genetycznej został oszacowany za pomocą Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP; Vos i in 1995; Mueller & Wolfenbarger 1999). W metodzie tej wykorzystuje się enzymy restrykcyjne, które tną DNA i powodują powstawanie lepkich końców, do których dołączają się specjalne adaptory. Następnie w reakcji PCR wykorzystuje się startery homologiczne do adapterów (Mueller & Wolfenbarger 1999). Metoda AFLP umożliwia identyfikację bardzo dużej liczby loci w jednym cyklu badań (Marczewski 1997). Markery AFLP są markerami dominującymi (Ratkiewicz & Borkowska 2002).

Izolacja DNA

Genomowe DNA było izolowane z 50–100 mg tkanki liściowej, przy użyciu DNeasy Plant Kit (firmy Qiagen), według zamieszczonego przez producenta protokołu.

Procedura AFLP

Procedurę AFLP zastosowano według Bednarka i in. (1999). Wstępne badania zostały wykonane w celu przetestowania kombinacji enzymów i starterów EcoRI + (AAC, AAG, ACC, ACT, AGA, AGG, AGT oraz ATC) ze wszystkimi MseI + C starterami (z trzema selektywnymi nukleotydami na końcu 3'). Genomowe DNA z jednej rośliny z próby R-56 zostało przeanalizowane w układach wszystkich par starterów. W następnym etapie, wybrano 4 pary starterów: E + ACC/M + CCA, E + ACT/M + CCG, E + AGG/M + CAG oraz E + AGT/M + CTT, przy użyciu których otrzymano największą liczbę polimorficznych,

dobrze oddzielonych i powtarzalnych prążków dla 10 roślin z różnych populacji (Tab. 5 i 6). Po rozdiale elektroforetycznym, żele poliakrylamidowe eksponowane były na klisze fotograficzne (Kodak) i zamrażane w temperaturze -30° na 1–2 dni. Prążki na audioradiogramie oceniano jako obecny (1) i nieobecny (0) dla każdej indywidualnej rośliny.

Analiza danych AFLP

Międzypopulacyjne związki pomiędzy wszystkimi parami fenotypów AFLP badano na podstawie analizy skupień, opartej na macierzy podobieństw Nei & Li (1979) z zastosowaniem metody średnich połączeń (UPGMA).

Analiza wariancji molekularnej (AMOVA) posłużyła do oceny zmienności genetycznej w obrębie *Elymus repens*, *E. hispidus* oraz w grupie mieszańców, a także pomiędzy badanymi taksonami. Dane 0 – 1 zostały użyte do stworzenia macierzy odległości pomiędzy próbkami w celu oceny struktury genetycznej populacji, z której została pobrana próba. W terminologii statystycznej, AMOVA jest procedurą testującą, opartą na analizie permutacji. AMOVA różni się od analizy wariancji, tym, że można na podstawie otrzymanych wyników wysnuwać przypuszczenia ewolucyjne, bez modyfikowania podstawowej struktury analizy. Jednocześnie dla hipotez testowanych metodą permutacji nie jest wymagany rozkład normalny zmiennych.

Proporcja wyróżnialnych genet została obliczona jako G/N , gdzie G – liczba fenotypów AFLP, N – liczba analizowanych indywidualów.

Współczynnik zróżnicowania (D) został obliczony dla każdej populacji w celu oszacowania stopnia klonalnego zróżnicowania pomiędzy i w obrębie populacji według wzoru (Pielou 1969; Ellstrand & Roose 1987):

$$D = 1 - \frac{\sum n_i(n_i - 1)}{N(N - 1)}$$

gdzie n_i – liczba okazów o fenotypie i , N – liczba analizowanych okazów z populacji. $D = 0$ oznacza, że wszystkie rośliny w populacji to jeden klon, natomiast $D = 1$, wskazuje, że każda roślina posiada odrębny genotyp.

Korelacje pomiędzy macierzami odległości morfologicznych i genetycznych zostały obliczone i przetestowane za pomocą testu Mantela (Mantel 1967). Celem analizy było oszacowanie siły związku pomiędzy strukturą genetyczną i morfologiczną *Elymus repens* oraz *E. hispidus*.

Analizy statystyczne zmienności genetycznej przeprowadzono przy pomocy programów: ARLEQUIN wersja 2.0 (Schneider i in. 2000, program jest udostępniony w Internecie na stronie <http://lgb.unige.ch/arlequin/>), NTSYSpC wersja 2.02j oraz programu MANTEL wersja 2.0 (Liedloff 1999, program udostępniony w Internecie na stronie <http://www.sci.qut.edu.au/nrs/mantel.htm>).

2.6. Analiza zmienności anatomicznej

Analiza cech anatomicznych miała charakter jedynie uzupełniający badania zróżnicowania morfologicznego i genetycznego *Elymus repens*.

Analizę budowy anatomicznej liści i plew przeprowadzono dla 1 rośliny z 10 wybranych populacji *Elymus repens* (R-49, R-56, R-60, R-63, R-65, R-67, R-69, 69, 71, R-75, R-78) oraz z 10 populacji *E. hispidus* (H-50, H-53, H-80, H-82, H-85, V-49, V-53, V-54, V-106, V-108), reprezentujących różne, często skrajne morfotypy i pochodzące z różnych siedlisk (Tab. 3 i 6).

Przekroje wykonano z części środkowej z drugiego liścia od góry źdźbła oraz z plewy dolnej z kłosa ze środka kłosa. Liście i plewy zebrano z kultur eksperymentalnych.

Zebrany materiał roślinny utrwalono w alkoholu 70%. Przekroje wykonywano żyłką w rdzeniu bzu czarnego, a uzyskane skrawki umieszczano na szkiełku zegarkowym w kropli wody. Następnie odciągano wodę i wlewano karmin ałunowy na około 10–20 minut. Po tym czasie odciągano karmin pipetą, dwukrotnie płukano skrawki wodą oraz wlewano zieleń jodową na około 1 minutę. Płukano jeszcze dwukrotnie wodą, którą następnie dokładnie odciągano. Wybarwiony materiał przekładano na szkiełka podstawowe do kropli glicero-żelatyny, i przykrywano szkiełkiem nakrywkowym. Tak przygotowane półtrwałe preparaty analizowano pod mikroskopem Nikon E600.

2.7. Analiza zmienności chemotaksonomicznej

Uzupełniające badania chemotaksonomiczne fenoli pochodzących z liści przeprowadzono dla 10 wybranych populacji *Elymus repens* i 6 populacji *E. hispidus*, reprezentujących różne morfotypy oraz pochodzące ze zróżnicowanych siedlisk (Tab. 3 i 6). W celu ograniczenia wpływów środowiskowych, liście zostały zebrane z założonych kultur eksperymentalnych.

Badania przeprowadzono – z małymi modyfikacjami – według metodyki Taylor & McCoy (1973). Analizę przeprowadzono w oparciu o metodę chromatografii cienkowarstwowej, dwukierunkowej, na płytach plastikowych, o wymiarach 20 x 20 cm i grubości warstwy celulozy 0,1 mm. Flawonoidy ekstrahowano za pomocą metanolu, i następnie rozwijano w BAW (mieszanka butanolu, kwasu octowego i wody w proporcji 4:5:1 odpowiednio) oraz w kwasie octowym 2%, 15% i 30%. Chromatogramy były rozwijane w BAW przez około 3 godziny, a w kwasie octowym przez około 1,5 godziny. Po wysuszeniu były one analizowane w świetle UV. Na chromatogramach występowały plamy żółte i niebieskie, których wzajemny układ był analizowany. Uwzględniano tylko dobrze widoczne plamy lub ich brak we wszystkich otrzymanych chromatogramach. Każda próba składała się z kilku (3–5) powtórzeń.

2.8. Badania cytologiczne

Liczby chromosomów zostały obliczone w komórkach merystematycznych stożków wzrostu korzeni, pobranych z wybranych populacji z kultur eksperymentalnych (R–33, R–49, R–56, R–69, R–78, H–80, H–82, H–85, V–49, V–52; Tab. 3 i 6). Szczytowe fragmenty korzeni umieszczono w nasyconym roztworze α -bromonaftalenu przez 2 do 4 godzin, a następnie utrwalono w mieszaninie kwasu octowego i etanolu w stosunku 1:3. Stożki wzrostu korzeni barwiono *in toto* w orceinie octowej przez 2 tygodnie i rozgniatano w 45% kwasie octowym. Obliczenia liczb chromosomów przeprowadzono na 5 płytkach metafazowych jednego osobnika z każdej populacji.

Dla *Elymus hispidus* var. *hispidus* oraz *E. hispidus* var. *villosus* przeprowadzono analizę kariotypu. Pomiar chromosomów oraz idiogramy wykonano przy pomocy programu MR Karyo wer. 7.0

Materiał dokumentacyjny znajduje się w zielniku Instytutu Botaniki PAN w Krakowie (KRAM).

Aby ułatwić orientację w stosunkowo szerokim materiale, będącym podstawą dla wykonanych prac, wszystkie badane próby populacji za pomocą różnych metod zostały zestawione w tabeli (Tab. 6).

Tabela 6. Zestawienie prób populacji objętych różnymi badaniami. Opis stanowisk w tabeli (Tab. 3) na stronie 18 oraz w tabeli (Tab. 5) na stronie 33.

Populacja	Biometria	AFLP	Anatomia	Cytologia	Chemotaksonomia	Populacja	Biometria	AFLP	Anatomia	Cytologia	Chemotaksonomia
R-1	+					R-95	+				
R-7	+					R-99	+				
R-8	+					R-101	+				
R-10	+					R-106	+				
R-10*	+					H-8	+				
R-11	+					H-49	+				
R-13	+					H-50	+	+	+		
R-14	+					H-53	+		+		+
R-16	+					H-76	+				
R-31	+					H-77	+				
R-32	+					H-79	+				
R-33	+			+	+	H-80	+	+	+	+	+
R-35	+					H-82	+		+	+	+
R-43	+					H-85	+	+	+	+	+
R-46	+					H-104	+				
R-47	+					H-106	+				
R-48	+					H-108	+				
R-49	+		+	+	+	H-110	+				
R-55	+					H-111	+				
R-56	+	+	+	+	+	106ir	+				
R-57	+					V-3	+				
R-60	+	+	+		+	V-6	+				+
R-61	+					V-49	+	+	+	+	+
R-63	+	+	+			V-51	+				+
R-64	+					V-52	+			+	
R-65	+	+	+			V-53	+	+	+		+
R-67	+	+	+		+	V-54	+	+	+		
R-69	+	+	+	+	+	V-106	+		+		
R-70	+					V-108	+		+		
R-71	+		+		+	R1		+			
R-72	+					R2		+			
R-73	+					R3		+			
R-75	+		+			M1		+			
R-78	+		+	+	+	M2		+			
R-81	+				+	M3		+			
R-86	+	+				T		+			
R-88	+				+	V		+			
R-89	+					V3		+			
R-91	+					H		+			
R-94	+					H3		+			

3. WYNIKI

3.1. Zmienność cech morfologicznych

3.1.1. Zróżnicowanie międzygatunkowe *Elymus repens* i *Elymus hispidus*

Analizę PCA zastosowano w celu przedstawienia wzajemnego położenia względem siebie prób populacji *Elymus repens* i *E. hispidus* w 9-cio wymiarowej przestrzeni zdefiniowanej przez cechy ilościowe, bez żadnych wstępnych założeń klasyfikacyjnych. Dziewięć wybranych na podstawie analizy cech morfologicznych, było istotnie skorelowanych z trzema pierwszymi czynnikami. W celu przedstawienia przejrzystego obrazu grupowania się populacji, PCA przeprowadzono dla wartości średnich cech w populacji.

Z czynnikiem 1 skorelowane były cztery cechy: stosunek długości plewy dolnej do długości kłosa (**DPD/DKl**), kształt plewki górnej (**DPal/SzPal**), kształt plewy dolnej (**DPD/SzPD**) oraz stosunek długości plewki dolnej do długości plewki górnej (**DLem/DPal**) (Tab. 7), które pozwalają na odróżnienie populacji *Elymus hispidus* i *E. repens* (Ryc. 9 i 10).

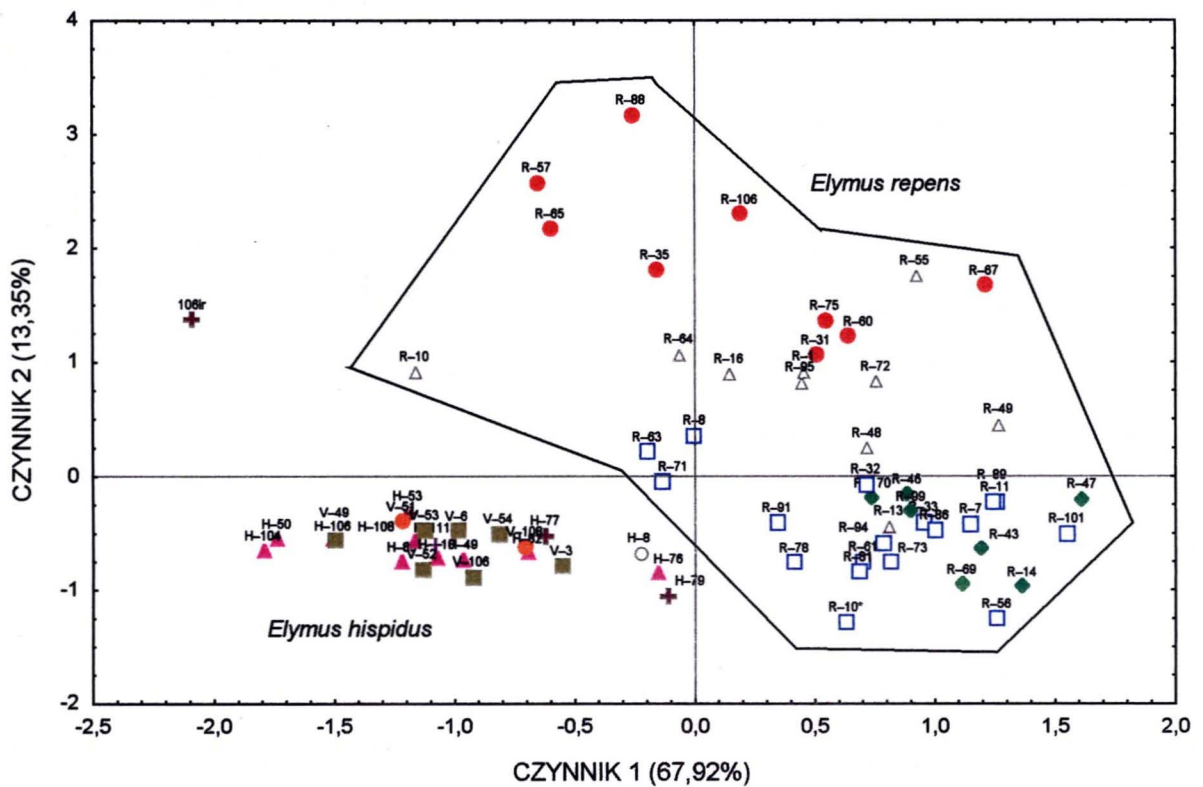
Tabela 7. Wyniki analizy składowych głównych (PCA) dla populacji *Elymus repens* i *E. hispidus* – wyjaśniana wariancja oraz ładunki czynnikowe dla 9 cech i 3 czynników. Pogrubioną czcionką zaznaczono wartości korelacji cech z czynnikami o $r \geq 0,60$. Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

		Czynnik 1	Czynnik 2	Czynnik 3
Wyjaśniana wariancja (%)		67,92	13,35	8,65
Cecha (nr)		Ładunki czynnikowe		
DPD/SzPD	(29)	0,77	0,17	0,52
DPG	(35)	0,54	0,11	0,79
DOPG	(37)	0,46	0,81	0,21
DPD/DKł	(31)	0,92	0,16	0,22
DLem	(41)	0,16	0,16	0,96
DOLEm	(44)	0,10	0,96	0,13
DLem/SzLem	(43)	0,59	0,26	0,66
DPal/SzPal	(50)	0,82	0,33	0,24
DLem/DPal	(52)	0,64	0,29	0,55

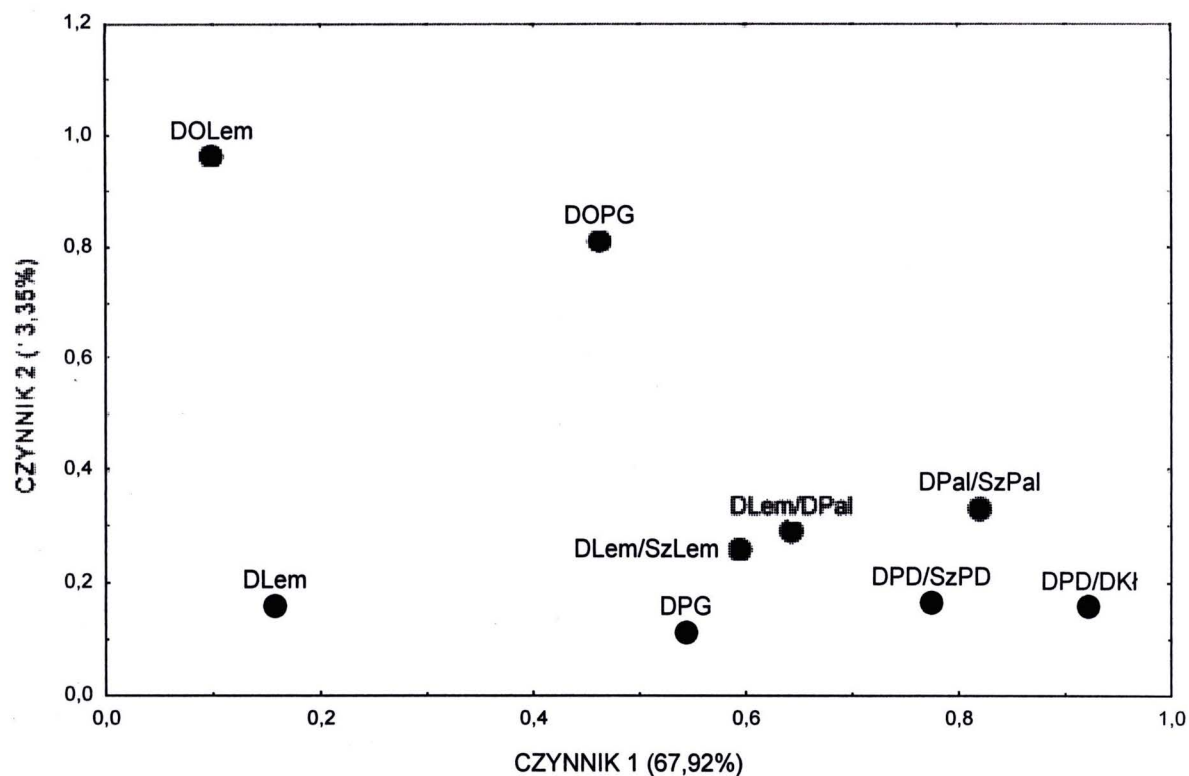
Elymus repens w odróżnieniu od *E. hispidus* ma plewy wyżej obejmujące kłosek, plewy i plewki górne węższe i bardziej wydłużone oraz wyraźnie krótsze plewki górne od plewek dolnych. Jedynie populacje R-57 i R-65 pod względem tych cech wchodzą w

zakres zmienności *E. hispidus*, są jednak oddzielone na podstawie cech skorelowanych z czynnikiem 2 – długością ości na plewie górnej (**DOPG**) i plewce dolnej (**DOLeM**) (Ryc. 9 i 10).

Elymus repens posiada ostro zakończone, często przechodzące w ość różnej długości, plewy i plewki dolne, natomiast u *E. hispidus* charakteryzują się one ściętym zakończeniem. Na diagramie oddzielają się niektóre populacje mieszańcowe: H-8, H-79 oraz 106ir, które morfologicznie są pośrednie pomiędzy *E. hispidus* i *E. repens*, natomiast pozostałe mieszańce w analizowanym układzie cech wchodzą w zakres zmienności *E. hispidus* (Ryc. 9). Udział poszczególnych czynników opisujących zmienność *E. repens* oraz *E. hispidus* wynosi 67,92% w przypadku czynnika 1, 13,35% w przypadku czynnika 2 i 8,63% w przypadku czynnika 3. Łącznie 9 wybranych cech opisuje 89,89% całkowitego morfologicznego zróżnicowania pomiędzy gatunkami.



Ryc. 9. Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu 44 populacji *Elymus repens* (L.) Gould i 24 populacji *E. hispidus* (Opiz) Melderis względem czynnika 1 i 2; □ – *E. repens* var. *repens*, ● – *E. repens* var. *aristatus*, ◆ – *E. repens* var. *subulatus*, ▲ – *E. hispidus* var. *hispidus*, ■ – *E. hispidus* var. *villosus*, + – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus*, ● – *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*, △ – populacje mieszane *E. repens*, ○ – populacje mieszane *E. hispidus*.



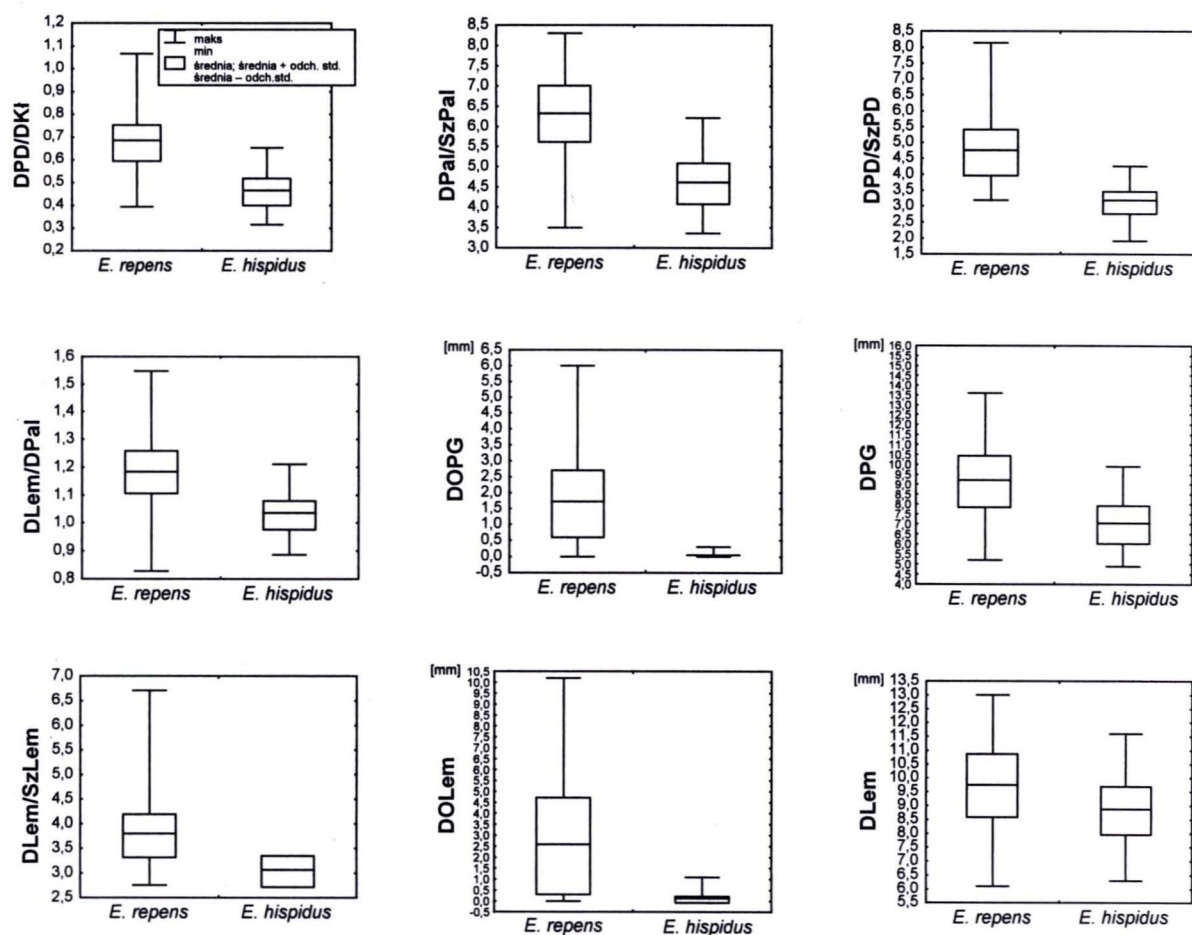
Ryc. 10. Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu 9 cech ilościowych względem czynnika 1 i 2, na podstawie zmierzonych 1181 okazów *Elymus repens* i 627 okazów *E. hispidus*. Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Wyniki analizy wariancji potwierdziły, że *Elymus repens* i *E. hispidus* różniły się istotnie pod względem wszystkich 9 cech ilościowych, wybranych na podstawie analizy PCA. Wyliczone wartości statystyki F dla tych cech były znacząco większe od rozkładu F krytycznego, przy przyjętym poziomie ufności $p = 0,05$ (Tab. 8).

Tabela 8. Wyniki jednoczynnikowej analizy wariancji przeprowadzonej dla *Elymus repens* i *E. hispidus*; wartość F dla 2 grup ($df = 1$) i 1623 okazów ($df = 1621$). Różnice są istotne z $p < 0,05$. Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Cecha (nr)	F	$F_{0,05}$
DPD/DKł (31)	2 461,92	6,64
DPal/SzPal (50)	2 271,42	6,64
DPD/SzPD (29)	1 957,01	6,64
DLem/DPal (52)	1 452,17	6,64
DOPG (37)	1 023,95	6,64
DPG (35)	987,97	6,64
DLem/SzLem (43)	964,23	6,64
DO Lem (44)	528,36	6,64
DLem (41)	245,26	6,64

Elymus repens różni się zatem istotnie od *E. hispidus* kształtem plewy dolnej (DPD/SzPD) oraz kształtem plewki dolnej i górnej (DLem/SzLem, DPal/SzPal), które u pierwszego z gatunków są wydłużone i węższe (Ryc. 11 i 12). Natomiast cechą charakterystyczną *E. hispidus* są ścięte, bezostne plewy (DOPG), sięgające najwyżej do połowy długości kłosa (DPD/DKl) oraz prawie równej długości plewka dolna i górna (DLem/DPal) (Ryc. 11). Cechą wyróżniającą *E. repens* jest także ostry szczyt plewki dolnej, przechodzący w ośc różnej długości (DOLEm), natomiast u *E. hispidus* jest ona tępą, bezostną lub z krótką ostką (mucro). Długość plewki dolnej (DLem) okazała się cechą o najniższej wartości statystyki *F* (Tab. 8) i stąd najmniej różnicującą oba badane gatunki (Ryc. 11), chociaż istotną statystycznie.

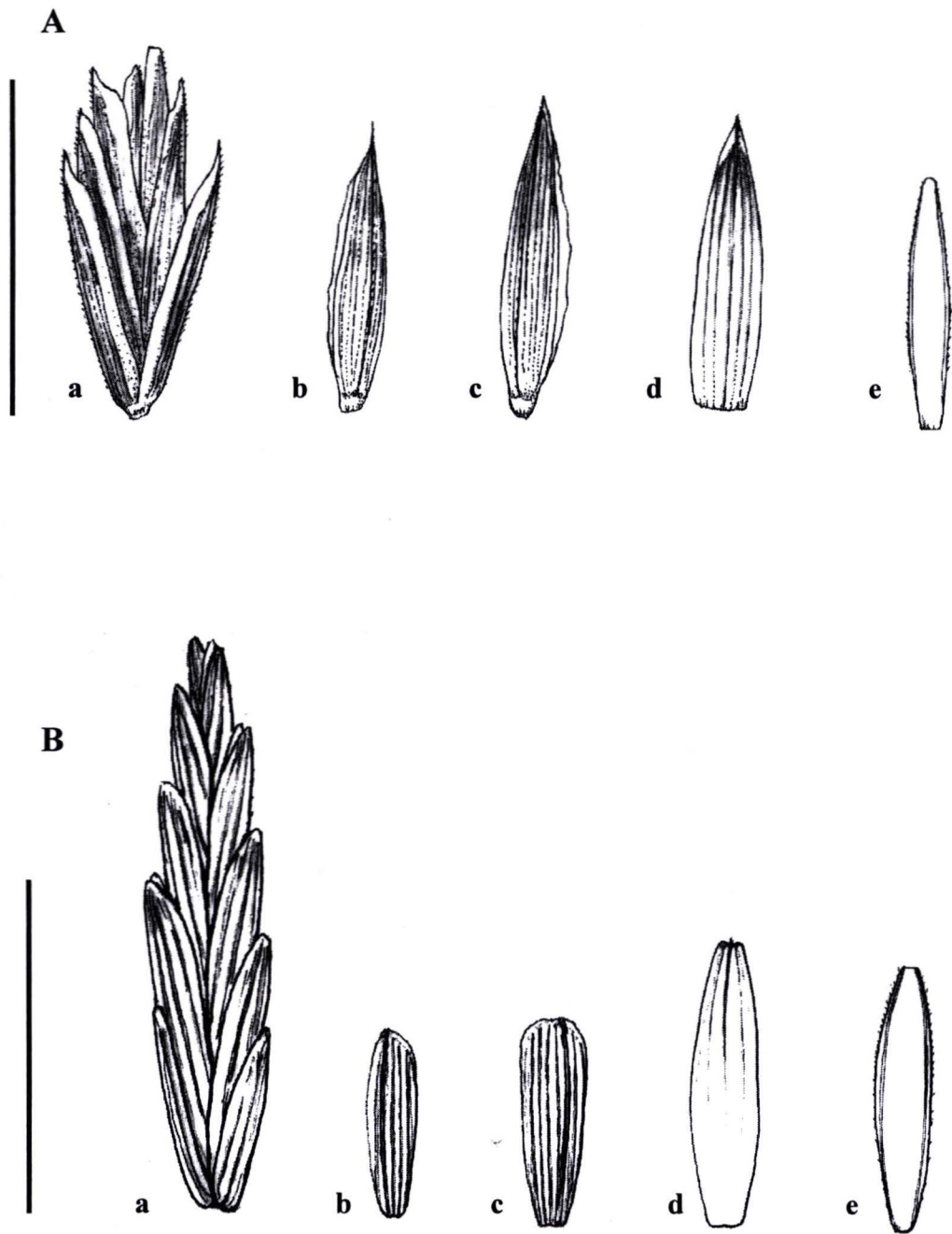


Ryc. 11. Średnie arytmetyczne, odchylenia standardowe, minimum i maksimum dla 9 cech (DPD/DKl, DPal/SzPal, DPD/SzPD, DLem/DPal, DOPG, DPG, DLem/SzLem, DOLEm, DLem), odróżniających gatunki *Elymus repens* i *E. hispidus*. Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Analizę funkcji dyskryminacyjnej przeprowadzono z wyłączeniem populacji mieszańcowych i z wprowadzeniem do modelu cech ilościowych opisujących łącznie 1623 okazy obu gatunków; w tym 1181 okazów *Elymus repens* oraz 442 typowe okazy *E. hispidus*. Celem analizy było potwierdzenie i oszacowanie mocy dyskryminacyjnej cech ilościowych różniących oba taksony. Jako zmienne grupujące wybrano gatunki. Wartości cząstkowej λ Wilksa dla 9 wybranych w poprzednich analizach cech (w PCA i ANOVA), były mniejsze od 1, co potwierdza ich przydatność w identyfikacji obu gatunków (Tab. 9). Jednocześnie klasyfikacja okazów do odpowiednich gatunków, na podstawie cech użytych w modelu, wskazuje na fakt, że są one dobrze odróżnialne morfologicznie – 442 okazy (100%) *E. hispidus* i 1 175 (99,49%) okazów *E. repens* zostało poprawnie oznaczonych. Stwierdzono, że dyskryminacja obu badanych gatunków jest istotna statystycznie (λ Wilksa = 0,16; $F = 964,89$; $p < 0,00001$).

Tabela 9. Wyniki analizy funkcji dyskryminacyjnej dla okazów *Elymus repens* i *E. hispidus* jako OTUs; wartości mocy dyskryminacyjnej dla 9 wybranych cech ilościowych odróżniających gatunki, $p < 0,05$. Skróty nazw cech znajdują się w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Cecha (nr)	λ Wilksa	cząstkowa λ Wilksa
DPD/DKł (31)	0,17	0,93
DPal/SzPal (50)	0,20	0,80
DLem/DPal (52)	0,20	0,79
DOPG (37)	0,16	0,95
DLem (41)	0,17	0,90
DPG (35)	0,17	0,92
DPD/SzPD (29)	0,16	0,95
DLem/SzLem (43)	0,16	0,95
DO Lem (44)	0,16	0,95



Ryc. 12. Budowa kłosek: A – *Elymus repens*, B – *E. hispidus*; a – kłosek, b – plewa dolna, c – plewa górna, d – plewka dolna, e – plewka górna. Skala równa 10 mm.

3.1.2. Zmienność wewnątrzgatunkowa *Elymus repens*

Dla wszystkich cech morfologicznych zbadano korelacje na bazie wyjściowego zbioru danych biometrycznych, opisujących budowę źdźbła, kłosa i kłosek *Elymus repens*. Ścisłe i wysoko skorelowane ($r = 0,94$) okazały się cechy rozwojowo blisko ze sobą związane – długość plewy dolnej (DPD) i długość plewy górnej (DPG) (załącznik 3). Wartość korelacji pozwoliła na rezygnację z cechy długości plewy górnej (DPG) i włączenie do dalszych analiz długości plewy dolnej (DPD). Długość plewy dolnej (DPD) jednocześnie posiadała wyższą wartość różnicującą badane populacje otrzymaną w analizie wariancji.

Wysoko istotnie skorelowane ($r \geq 0,60$) okazały się cechy generatywne kłosa i kłosek (załącznik 3), natomiast niższe wartości osiągały korelacje pomiędzy cechami generatywnymi i wegetatywnymi.

Większość analizowanych cech wykazało nikłą korelację z określonym typem siedliska ($r < 0,1$) lub jej brak. Natomiast długość źdźbła (DŻ), cechy związane z budową kłosa (długość kłosa (DK), liczba węzłów kłosa (LWK), długość międzywęzła (DM)) oraz długość i szerokość liścia (DLiś, SzLiś) okazały się słabo, ale istotnie skorelowane ($0,1 \leq r < 0,3$) z siedliskiem (załącznik 5). Na tej podstawie można stwierdzić, że rośliny o długich źdźbłach, kłosach oraz szerokich i długich liściach („dorodne”) można częściej spotkać w wilgotnych zaroślach nad rzekami i potokami, co jest faktem zupełnie oczywistym.

PCA stanowiła kolejny etap badań, porządkujący okazy z poszczególnych prób populacji *Elymus repens*. Wyodrębnione cechy z całego zbioru danych biometrycznych, pozwoliły na wyróżnienie poszczególnych grup populacji *E. repens* oraz umożliwiły określenie wzajemnych relacji (podobieństw bądź różnic) pomiędzy nimi.

PCA została wstępnie przeprowadzona dla całkowitej macierzy korelacji wszystkich cech. Następnie wybrano te cechy, które były wysoko skorelowane z trzema pierwszymi czynnikami ($r \geq 0,6$), ponieważ wyjaśniały one w najwyższym procencie całkowite zróżnicowanie pomiędzy naturalnie wyodrębniającymi się grupami populacji *Elymus repens*.

W następnym etapie do analizy włączono 11 generatywnych cech morfologicznych budowy źdźbła: DK, DM, DKl, LKwi, DPD, SzPD, DPD/SzPD, DOPD, DLeM, DOLeM i DPal. Cechy te były wysoko skorelowane z trzema czynnikami, z których pierwszy wyjaśniał 46,93%, drugi – 16,29%, a trzeci – 14,40% całkowitej wariancji cech (łącznie – 77,62%; Tab. 10).

Tabela 10. Wyniki analizy składowych głównych (PCA) dla okazów *Elymus repens* – wyjaśniana wariancja oraz ładunki czynnikowe dla 11 cech i 3 czynników. Pogrubiona czcionką zaznaczono wartości korelacji cech z czynnikami o $r \geq 0,60$. Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

		Czynnik 1	Czynnik 2	Czynnik 3
Wyjaśniana wariancja (%)		46,93	16,29	14,40
Cecha (nr)		Ładunki czynnikowe		
DK	(4)	0,76	– 0,06	0,01
DM	(12)	0,74	0,13	0,01
DKł	(19)	0,89	0,08	– 0,12
LKwi	(21)	0,74	0,04	– 0,34
DPD	(27)	0,88	– 0,16	0,10
SzPD	(28)	0,47	– 0,09	– 0,81
DPD/SzPD	(29)	0,42	– 0,08	0,88
DOPD	(30)	0,10	0,92	0,05
DLem	(41)	0,90	0,08	0,09
DOLeM	(44)	– 0,01	0,93	– 0,06
DPal	(48)	0,84	0,08	0,04

Na diagramie rozrzutu 1181 okazów *Elymus repens*, reprezentowanych przez 44 próby populacji, w układzie trzech pierwszych czynników (Ryc. 13 A i B, 14 A i B) nie wyróżniają się wyraźnie oddzielone grupy. Jednak analiza położenia poszczególnych prób populacji i okazów wykazała pewien trend określony przez cechy związane z poszczególnymi czynnikami.

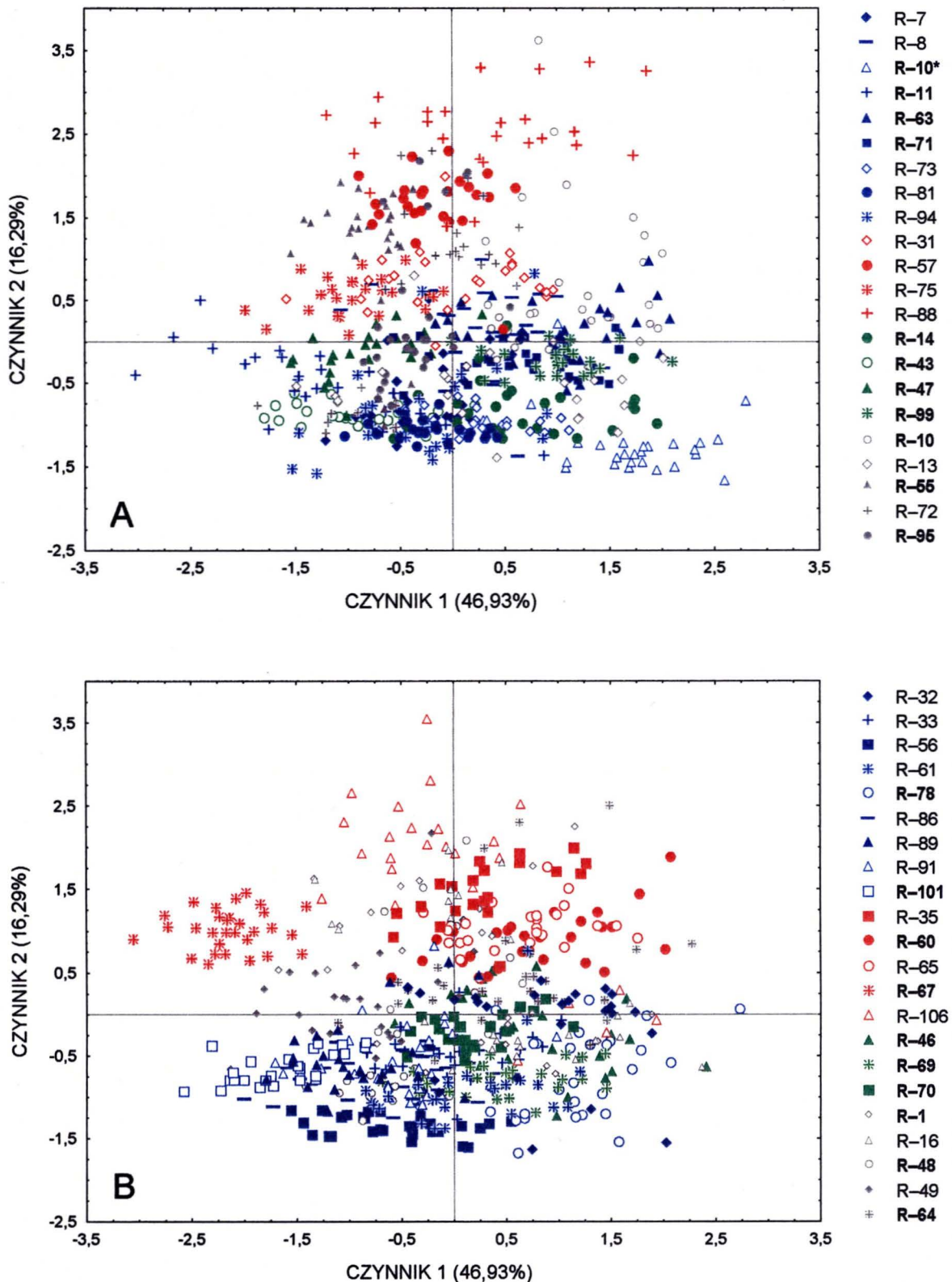
Z czynnikiem 1 wysoko skorelowane są cechy wielkości budowy kłosa i kłosek (Tab. 10) i względem niego odróżnić można populacje o „dorodnych” i dużych kłosach i kłoskach (np. R–10*, R–63 (Ryc. 13A), R–78 (Ryc. 13B)) od „drobnych” populacji, o krótkim źdźble i małych kłoskach (np. R–11 (Ryc. 13A), R–67, R–101 (Ryc. 13B)).

Z czynnikiem 2 związana jest cecha długości ości na plewach i plewce dolnej, które to cechy wyodrębniają okazy bezostne i ościste oraz wszystkie morfotypy przejściowe istniejące pomiędzy nimi (Tab. 10; Ryc. 13 A i B). Okazy ościste mogą być zarówno „drobne” (np. R–67 (Ryc. 13B)) jak i „dorodne” (np. R–60 (Ryc. 13B)). Natomiast okazy bezostne lub krótkościste rozmieszczone są u dołu wykresu i korespondują z ujemnymi wartościami czynnika drugiego (Ryc. 13). Zarówno okazy ościste, jak i bezostne są znacznie zróżnicowane pod względem cech wielkości skorelowanych z czynnikiem 1 (Tab. 10). Wyraźnie wyodrębnia się populacja R–67 (Ryc. 13B), która jest stosunkowo jednorodna morfologicznie i sytuuje się na krańcu zakresu zmienności badanych populacji

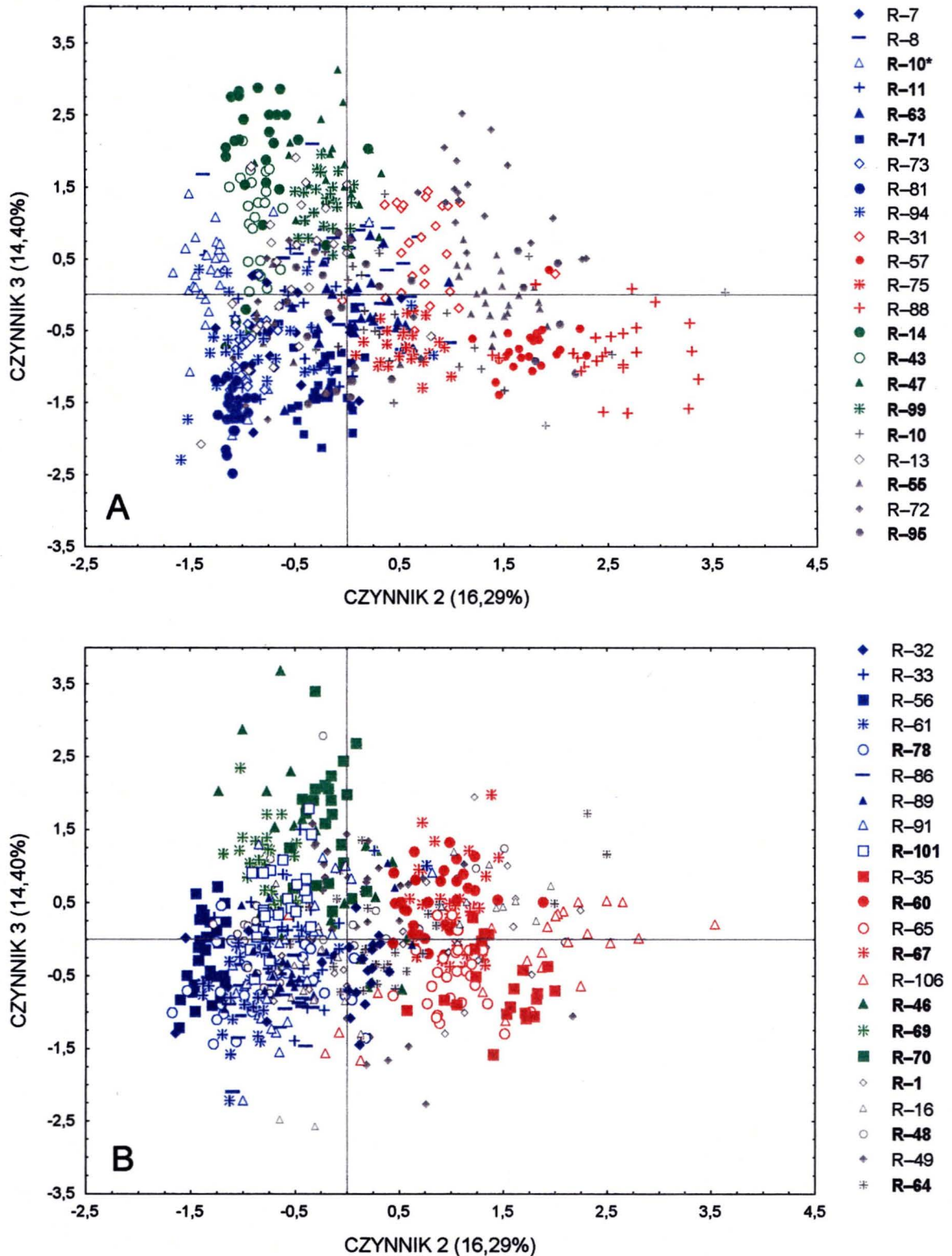
E. repens. Natomiast niektóre okazy z populacji R-11 (Ryc. 13A) są bezostne, ale pod względem innych cech podobne do okazów z populacji R-67. Populacja R-67 rosła na piasku nadrzecznym, ale nie jest to unikalny morfotyp związany z siedliskiem piaszczystym, ponieważ w takich siedliskach stwierdzono również występowanie innych morfotypów (R-43, R-63, R-71 (Ryc. 13A), R-46, R-69 (Ryc. 13B)).

Czynnik 3 był istotnie związany z dwoma cechami (**DPD/SzPD** i **SzPD**) (Tab. 10) i pozwolił na wyodrębnienie grupy okazów o wąskich, wydłużonych plewach („szydlastych”), bezostnych lub krótkościstych (populacje R-14, R-43, R-47, R-99 (Ryc. 14A) oraz R-46, R-69 i R-70 (Ryc. 14B)).

Na wszystkich diagramach rozrzutu szarym kolorem zaznaczono populacje mieszane pod względem morfologicznym (np. R-10, R-55, R-95 (Ryc. 13A i 14A) oraz R-1, R-48 i R-64 (Ryc. 13B i 14B)), w których stwierdzono okazy należące do dwóch, albo nawet trzech wyróżnionych morfotypów. Dokładną analizę zmienności wewnątrzpopulacyjnej zamieszczono w rozdziale 3.1.3.



Ryc. 13A i B. Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu okazów z 44 prób populacji *Elymus repens* (L.) Gould względem czynnika 1 i 2; kolor **niebieski** – *E. repens* var. *repens*, **czzerwony** – *E. repens* var. *aristatus*, **zielony** – *E. repens* var. *subulatus*, **szary** – populacje w których występowały więcej niż jedna odmiana. Poszczególne próby zaznaczono odrębnymi symbolami graficznymi znajdującymi się w legendzie. W celu uzyskania przejrzystości wykresów, zmierzony materiał populacyjny podzielono na dwie dobrane grupy tak, aby reprezentowane były wszystkie typy morfologiczne występujące w granicach zakresu zmienności *E. repens*. Skróty nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18.



Ryc. 14A i B. Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu okazów z 44 prób populacji *Elymus repens* (L.) Gould względem czynnika 2 i 3; kolor **niebieski** – *E. repens* var. *repens*, **czerwony** – *E. repens* var. *aristatus*, **zielony** – *E. repens* var. *subulatus*, szary – populacje w których występowały więcej niż jedna odmiana. Poszczególne próby zaznaczono odrębnymi symbolami graficznymi znajdującymi się w legendzie. W celu uzyskania przejrzystości wykresów, zmierzony materiał populacyjny podzielono na dwie dobrane grupy tak, aby reprezentowane były wszystkie typy morfologiczne występujące w granicach zakresu zmienności *E. repens*. Skróty nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18.

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

Istotność różnic pomiędzy średnimi cech wyróżnionych w PCA analizowano przy pomocy jednoczynnikowej analizy wariancji (one-way ANOVA; Sokal & Rohlf 1981). 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. 11). Wyróżnione trzy morfotypy nie różniły się istotnie tylko pod względem jednej cechy: ilości kwiatków w kłosku środkowym (LKwi).

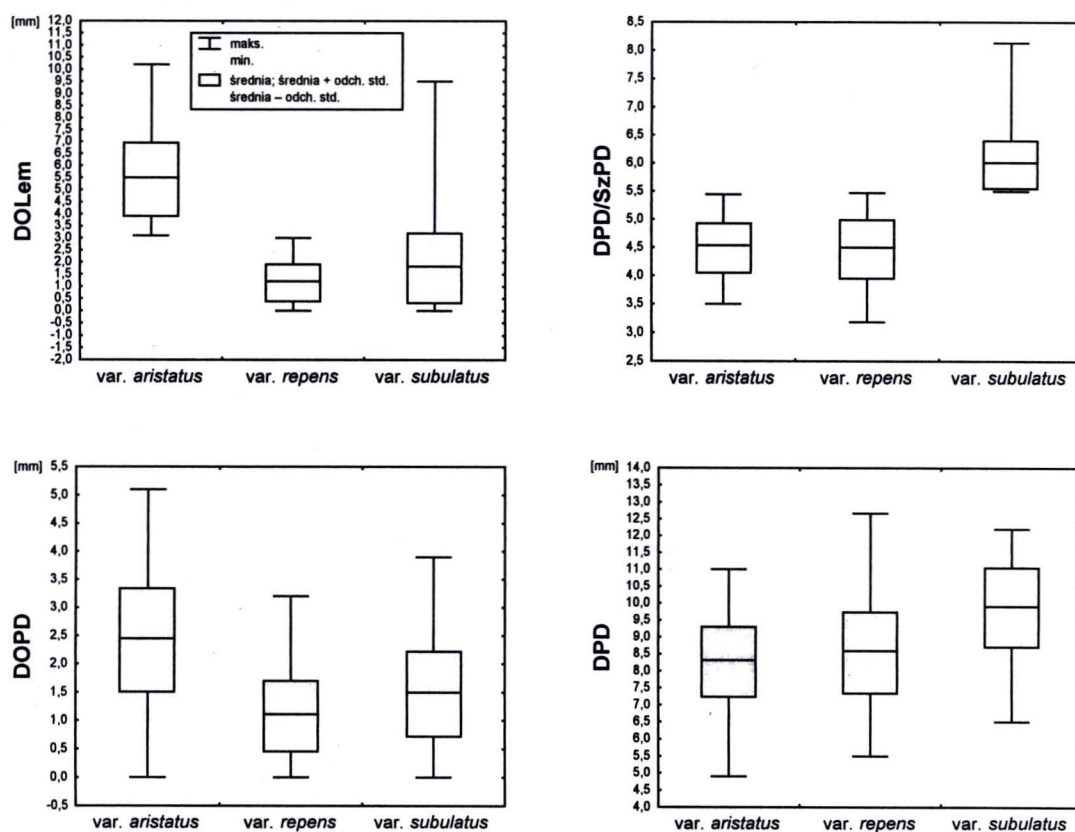
Tabela 11. Wyniki jednoczynnikowej analizy wariancji przeprowadzonej dla prób populacji *Elymus repens*; wartość F dla 3 grup ($df = 2$) i 1181 okazów ($df = 1178$). Różnice istotne z $p < 0,05$ zaznaczono *. Skróty nazw cech znajdują się w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Cecha (nr)	F	$F_{0,05}$
DOLeM (44)	1 601,79 *	4,60
DPD/SzPD (29)	698,29 *	4,60
DOPD (30)	375,30 *	4,60
DPD (27)	120,09 *	4,60
DLeM (41)	84,18 *	4,60
SzPD (28)	77,58 *	4,60
DPal (48)	52,27 *	4,60
DK (4)	20,81 *	4,60
DKł (19)	19,60 *	4,60
DM (12)	15,56 *	4,60
LKwi (21)	1,03	4,60

Na podstawie uzyskanych wyników nie stwierdzono wyraźnych nieciągłości w badanym zbiorze populacji, dlatego też odróżniającym się grupom okazów przypisano rangę odmiany (*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 posiada 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 zakres tej cechy (Ryc. 15). 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 (Ryc. 15). Natomiast *E. repens var. subulatus* charakteryzuje się długimi oraz wąskimi plewami, o charakterystycznym „szydlastym” kształcie (**DPD/SzPD**) i wąskim błoniastym brzegu (Ryc. 15). Zakres zmienności tej cechy dla *E. repens var. subulatus* nie wchodzi w granice średniej oraz odchylenia standardowego dla pozostałych odmian. Pozostałe, wyróżnione w analizie wariancji cechy, w mniejszym stopniu rozróżniają poszczególne odmiany (Ryc. 15). Można jedynie zwrócić uwagę na stwierdzoną pewną tendencję, że *E. repens var. aristatus* posiada generalnie dłuższe ości na plewach (**DOPD**), a *E. repens var. subulatus* zwykle dłuższe plewy (**DPD**) i w związku z tym dłuższe plewki (Ryc. 15).

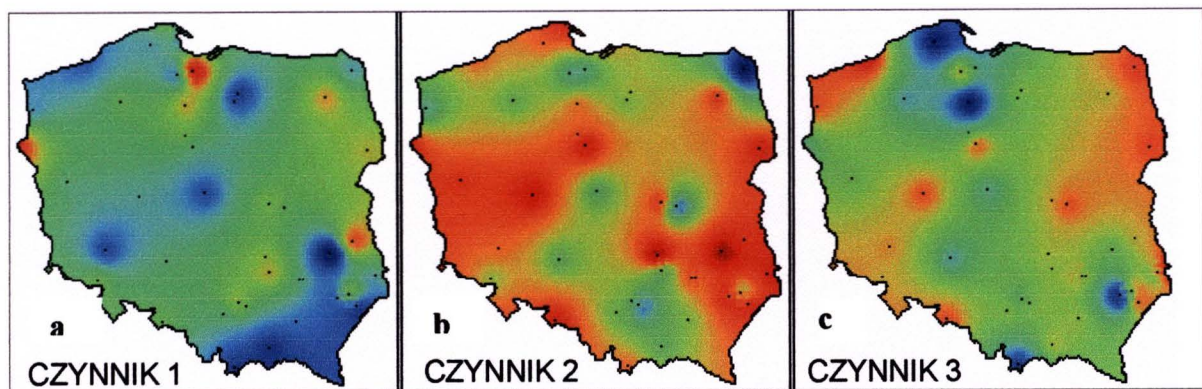


Ryc. 15. Średnie arytmetyczne, odchylenia standardowe, minimum i maksimum dla 4 cech (DOLeM, DPD/SzPD, DOPD, DPD), najlepiej odróżniających odmiany *Elymus repens* – *var. aristatus*, *var. repens* i *var. subulatus*. Skróty nazw cech znajdują się w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Wyróżnione odmiany *Elymus repens* nie wykazały ścisłego powiązania z położeniem geograficznym, co zostało przedstawione na rycinie (Ryc. 16). Podstawą do wykreślenia barw na kolejnych trzech mapach Polski był zbiór wartości cech morfologicznych wyróżnionych w PCA (**DK, DM, DKl, LKwi, DPD, SzPD, DPD/SzPD, DOPD, DLem, DOLeM, DPal**), skorelowanych z trzema pierwszymi czynnikami (Tab. 10) oraz dodatkowa zmienna opisująca współrzędne geograficzne zbioru prób populacji. Kolejne mapy odpowiadają 1, 2 i 3 czynnikowi z PCA, a podobne kolory oznaczają podobne próby populacji pod względem cech skorelowanych z odpowiednimi czynnikami.

Na mapie odpowiadającej czynnikowi 1 można zauważyć, że populacje „niebieskie” (o niedużych kłosach i drobnych kłoskach) występują zarówno na południowo-wschodnim krańcu Polski, jak i nad morzem oraz w centrum kraju (Ryc. 16a). Z czynnikiem 2 wysoko skorelowane były cechy wyróżniające *Elymus repens* var. *aristatus* (Tab. 10) i ta odmiana również występuje w całej Polsce (zaznaczona kolorem niebiesko-zielonym, Ryc. 16b). Natomiast na mapie trzeciej wyraźnie widać, że populacja „niebieska” z Tatr (R-99), oznaczona jako *E. repens* var. *subulatus* jest bardzo podobna do populacji nadmorskich (R-43 i R-46) (Ryc. 6, 16c). Występowanie odmiany *E. repens* var. *subulatus* również nie jest skorelowane z położeniem geograficznym.

Podczas zbierania prób populacji często obserwowano rosnące obok siebie *Elymus repens* var. *repens* oraz *E. repens* var. *aristatus*, w kilku przypadkach wszystkie trzy odmiany rosły w jednym miejscu.



Ryc. 16a–c. Rozmieszczenie 44 prób populacji *Elymus repens* (L.) Gould względem kolejnych czynników uzyskane na podstawie analizy PCA.

Przeprowadzona kanoniczna analiza dyskryminacji (procedura krokowa) potwierdziła wybór 10 (z 11) cech ilościowych na podstawie PCA, które umożliwiają rozróżnienie odmian *Elymus repens* (Tab. 12).

Tabela 12. Wyniki kanonicznej analizy dyskryminacji (CDA) dla okazów *Elymus repens* jako OTUs; wartości mocy dyskryminacyjnej dla 10 wybranych cech ilościowych odróżniających odmiany, $p < 0,05$. Skrótów nazw cech znajdują się w tabeli (Tab. 4), na stronie 26.

Cecha (nr)	λ Wilksa	cząstkowa λ Wilksa
DOLeM (44)	0,39	0,26
DPD/SzPD (29)	0,12	0,83
SzPD (28)	0,11	0,92
DPD (27)	0,11	0,92
DK (4)	0,11	0,96
DM (12)	0,10	0,98
DKł (19)	0,10	0,99
DPal (48)	0,10	0,99
DLem (41)	0,10	0,99
LKwi (21)	0,10	1,00

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

Wartości cząstkowej λ 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. 12). 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*.

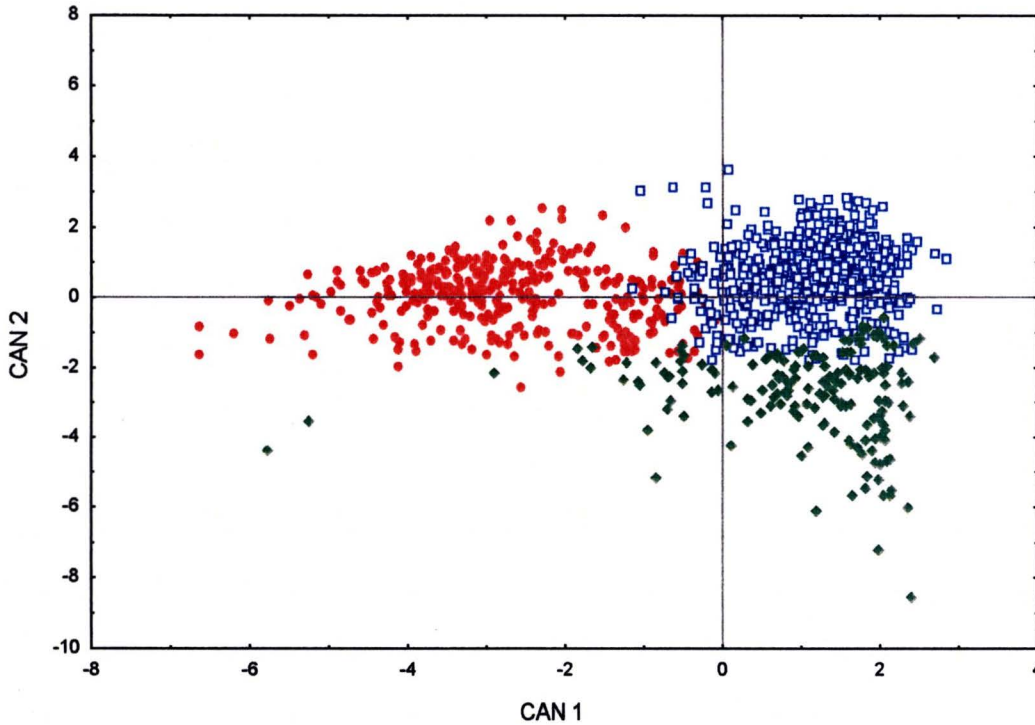
¹ Wartości cząstkowej λ Wilksa mieszczą się w zakresie od 1,0 (zmienna nie ma żadnej mocy dyskryminacyjnej) do 0,0 (zmienna całkowicie dyskryminuje dany model).

Wartości współczynników struktury kanoniczej (Tab. 13) wskazują, że z pierwszą kanoniczną funkcją dyskryminacyjną związana jest długość ości na plewce dolnej (**DO Lem**), która wyraźnie wyodrębnia *Elymus repens* var. *aristatus* od var. *repens* i var. *subulatus* (Ryc. 17). 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.

Tabela 13. Wyniki kanonicznej analizy dyskryminacji (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 nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Kanoniczna funkcja dyskryminacyjna		CAN 1	CAN 2
Cechy (nr)			
DK	(4)	-0,03	-0,15
DM	(12)	0,00	-0,14
DKł	(19)	-0,04	-0,14
LKwi	(21)	-0,02	0,01
DPD	(27)	-0,12	-0,34
SzPD	(28)	-0,03	0,31
DPD/SzPD	(29)	-0,13	-0,90
DOPD	(30)	0,44	-0,12
DLem	(41)	-0,04	-0,32
DO Lem	(44)	0,93	-0,11
DPal	(48)	-0,05	-0,24



Ryc. 17. Kanoniczna analiza dyskryminacji (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 dyskryminacji tzw. macierz klasyfikacji, która opisuje rzeczywistą klasyfikację okazów do wyróżnionych grup morfotypów (Tab. 14). 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 var. *subulatus*, a 3 do var. *aristatus*. Podobnie w przypadku var. *subulatus*, 161 okazów zaliczono poprawnie (93,06%), a błędnie 7 włączono do var. *aristatus* i 5 do var. *repens*. Natomiast 328 okazów (92,92%) var. *aristatus* było poprawnie zaliczonych, pozostałe zaklasyfikowano do var. *repens* (19 okazów) oraz do var. *subulatus* (6 okazów).

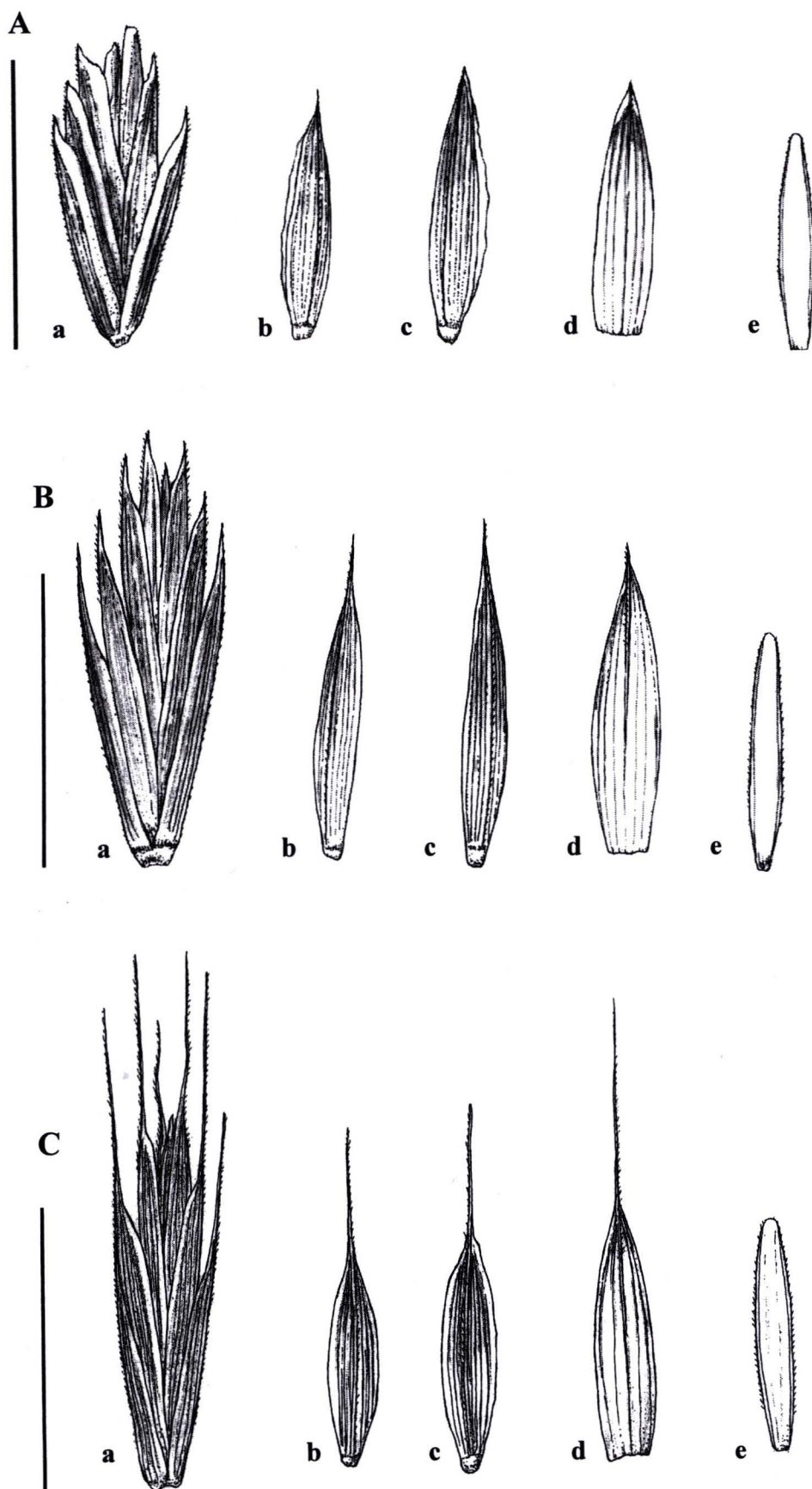
Tabela 14. Wyniki kanonicznej analizy dyskryminacji (CDA); macierz klasyfikacji okazów do poszczególnych odmian *Elymus repens* (L.) Gould.

Odmiana	Klasyfikacja okazów (liczba okazów / % poprawnych klasyfikacji do danej odmiany)		
	<i>E. repens</i> var. <i>repens</i>	<i>E. repens</i> var. <i>aristatus</i>	<i>E. repens</i> var. <i>subulatus</i>
<i>E. repens</i> var. <i>repens</i>	616 / 94,04	3 / 0,46	36 / 5,50
<i>E. repens</i> var. <i>aristatus</i>	19 / 5,38	328 / 92,92	6 / 1,70
<i>E. repens</i> var. <i>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* (Tab. 15, Ryc. 18). Wysoki procent poprawnych oznaczeń również wskazuje, że poszczególne odmiany są odróżnialne i dobrze opisywane za pomocą wybranych cech morfologicznych. Okazy błędnie klasyfikowane potwierdzają dużą zmienność *E. repens* i brak wyraźnych nieciągłości pomiędzy zaobserwowanymi morfotypami.

Tabela 15. Porównanie wartości minimalnych, maksymalnych i średnich arytmetycznych dla wybranych 11 cech morfologicznych odmian *Elymus repens* (L.) Gould. Pogrubioną czcionką zaznaczono wartości średnie cech odróżniających odmiany *E. repens* var. *subulatus* oraz *E. repens* var. *aristatus* od odmiany typowej. Wszystkie wartości podano w [mm].

Cecha (skrót)	Odmiana	<i>E. repens</i> var. <i>repens</i>	<i>E. repens</i> var. <i>subulatus</i>	<i>E. repens</i> var. <i>aristatus</i>
długość kłosa	(DK)	48,00–198,00 (108,70)	60,50–218,00 (123,49)	45,00–195,00 (108,21)
dł. międzywęźla	(DM)	2,40–9,60 (5,05)	3,50–8,60 (5,56)	2,50–8,70 (5,15)
dł. kłoska środkowego	(DKł)	7,00–19,00 (12,85)	9,50–18,00 (13,87)	7,00–18,50 (12,73)
liczba kwiatków w kłosku środkowym	(LKwi)	1–8 (4,40)	2–8 (4,35)	1–7 (4,29)
dł. plewy dolnej	(DPD)	5,50–12,67 (8,54)	6,50–12,20 (9,88)	4,90–11,00 (8,25)
szerokość plewy dolnej	(SzPD)	1,20–2,90 (1,92)	1,10–2,10 (1,66)	1,10–2,50 (1,85)
kształt plewy dolnej	(DPD/SzPD)	3,18–5,47 (4,47)	5,50–8,13 (5,97)	3,50–5,44 (4,49)
dł. ości na plewie dolnej	(DPD)	0,00–3,20 (1,08)	0,00–3,90 (1,46)	0,00–5,10 (2,43)
dł. plewki dolnej	(DLem)	6,10–12,50 (9,54)	8,00–13,00 (10,68)	6,90–13,00 (9,59)
dł. ości na plewce dolnej	(DOLem)	0,00–3,00 (1,13)	0,00–9,50 (1,76)	3,10–10,20 (5,41)
dł. plewki górnej	(DPal)	5,80–10,00 (8,15)	6,60–10,13 (8,76)	5,50–10,00 (8,10)



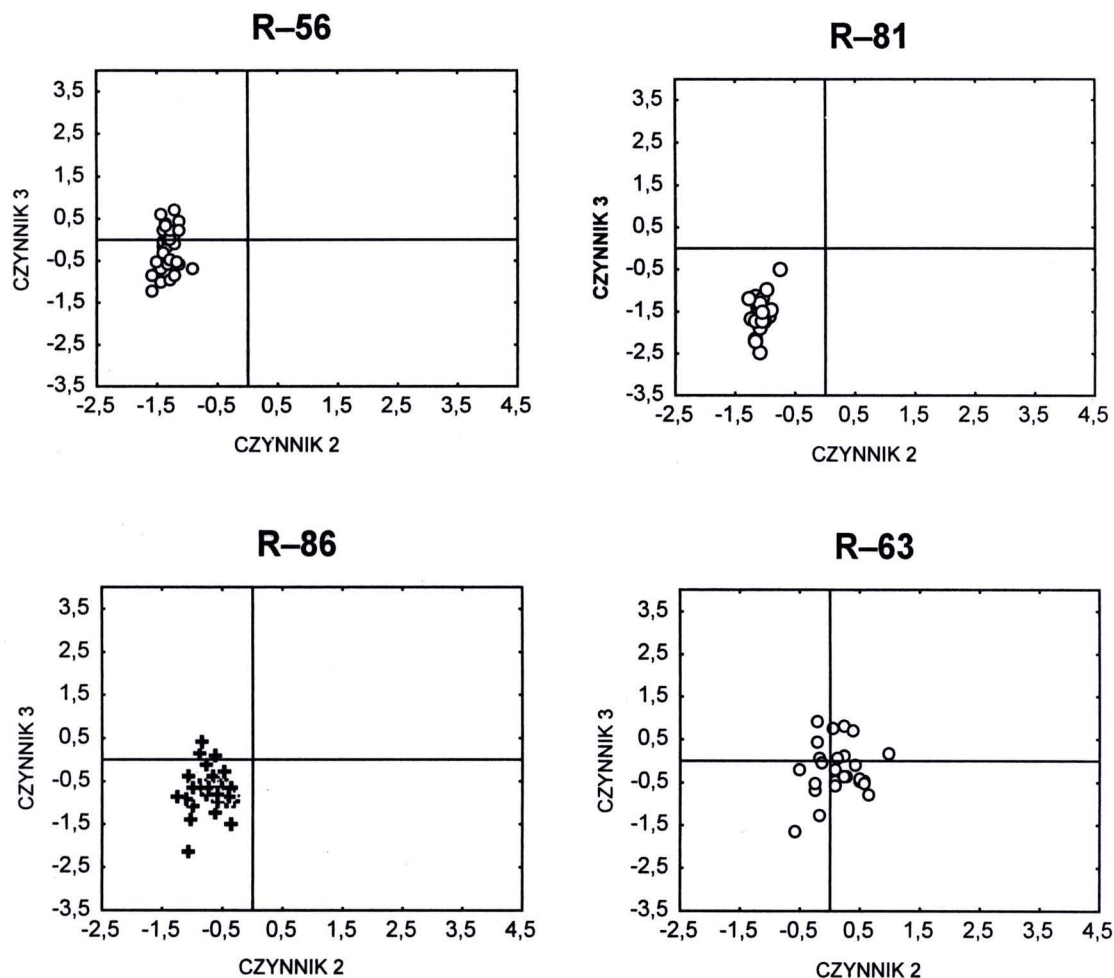
Ryc. 18. Odmiany *Elymus repens*: A – *E. repens* var. *repens*, B – *E. repens* var. *subulatus*, C – *E. repens* var. *aristatus*; a – kłosek, b – plewa dolna, c – plewa górna, d – plewka dolna, e – plewka górna. Skala równa 10 mm

3.1.3. Zmienność wewnątrzpopulacyjna *Elymus repens*

Szczegółową analizę obrazu zróżnicowania wewnątrzpopulacyjnego *Elymus repens* przedstawiono na przykładzie wybranych populacji, tak aby uwzględnić cały zakres zaobserwowanej zmienności. Zmienność wewnątrzpopulacyjna ma zasadnicze znaczenie w ewolucji i rozwoju gatunków (Stebbins 1958; MacArthur & Conel 1971; Mayr 1974), dlatego niezbędne było przeanalizowanie struktury zróżnicowania poszczególnych populacji.

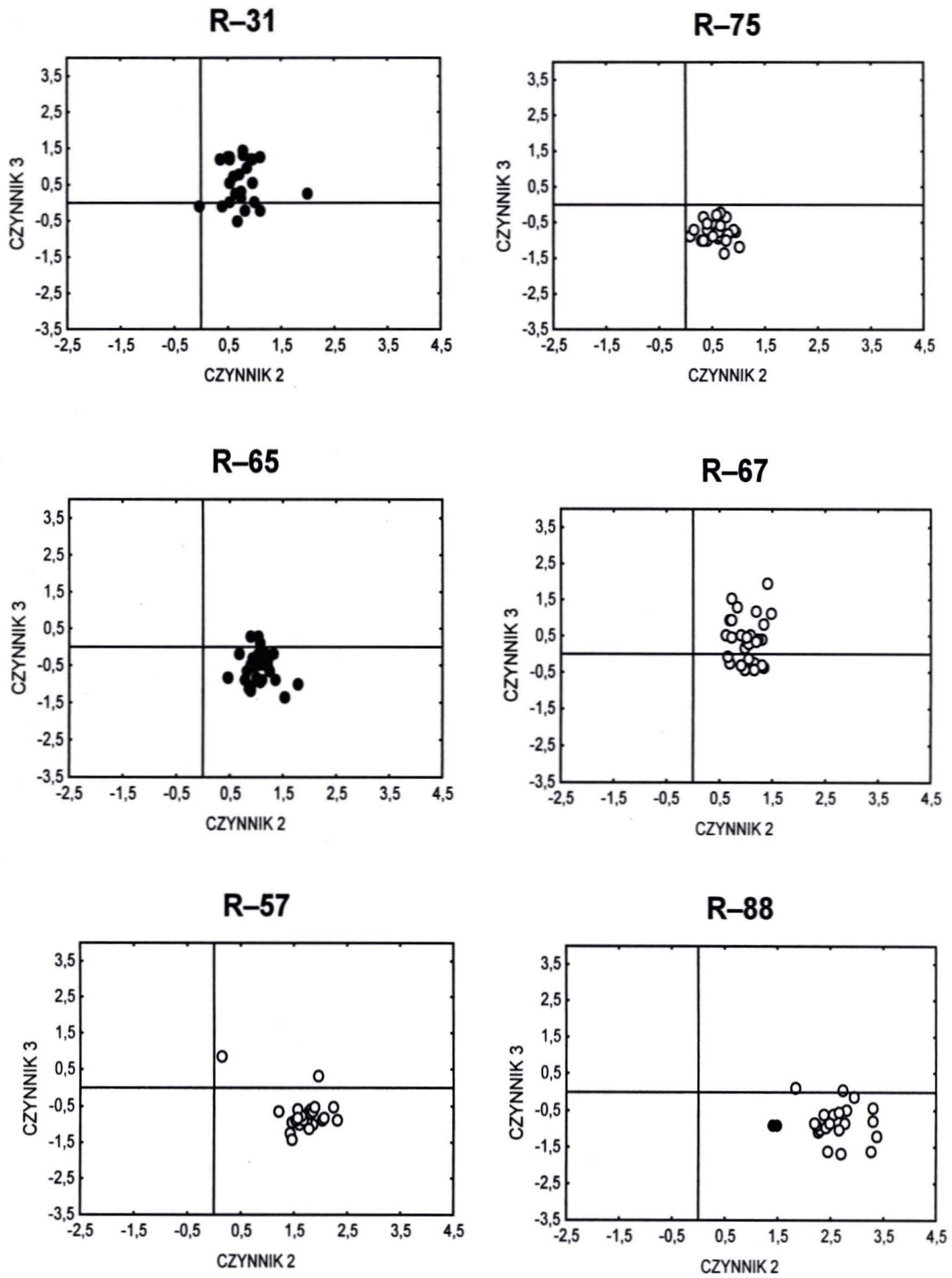
Wybrane próby populacji przedstawiono na diagramach rozrzutu w układzie 2 i 3 głównej składowej, skorelowanych z tym samym zestawem cech, które różnicowały cały zbadany materiał populacyjny *Elymus repens* (Tab. 10). Dla porównania przedstawiono obraz rozrzutu okazów z populacji jednorodnych (Ryc. 19–21) i zróżnicowanych morfologicznie (Ryc. 22–24).

Na rycinie (Ryc. 19) przedstawiono rozproszenie okazów z wybranych, jednorodnych populacji *Elymus repens* var. *repens* (R–56, R–63, R–81 i R–86). Cechy, które wyróżniały tę odmianę charakteryzowały się małą zmiennością (załącznik 1). Populacje R–56, R–81 oraz R–86 znajdują się na jednym krańcu zakresu zmienności *E. repens* (porównaj z PCA dla wszystkich badanych prób *E. repens*; Ryc. 14A i B). Próba populacyjna R–63 (Ryc. 14A) jest rozrzucona w środku diagramu, przesuając się w kierunku zakresu zmienności *E. repens* var. *aristatus*.



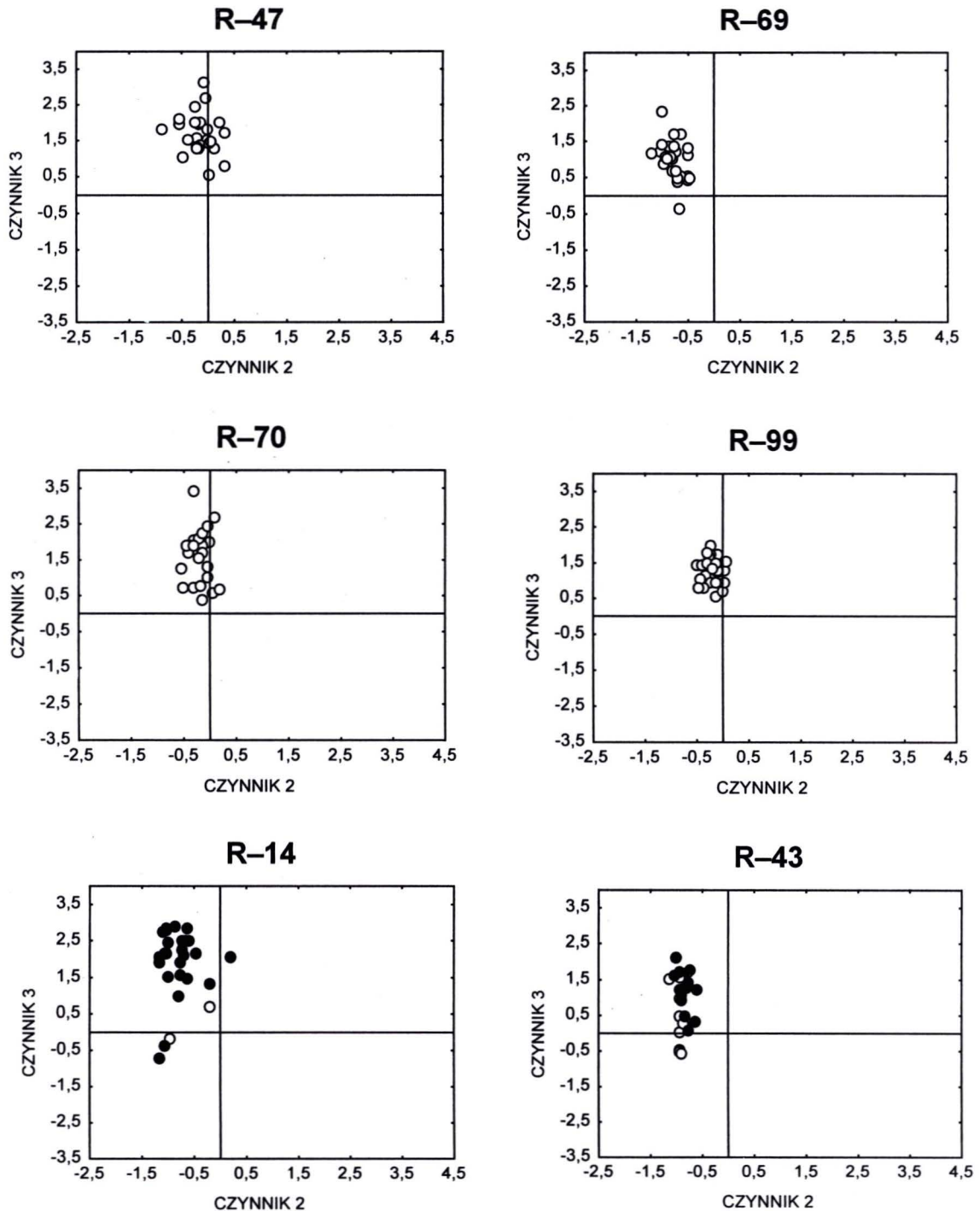
Ryc. 19. Populacje jednorodne *Elymus repens* var. *repens*; ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, + – okazy o osi kłosa owłosionej pojedynczymi włoskami. Skróty prób populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18.

Rycina 20 przedstawia rozproszenie okazów z wybranych, niezróżnicowanych prób populacji *Elymus repens* var. *aristatus* (R-31, R-57, R-65, R-67, R-75 oraz R-88), która charakteryzuje się najszerszym zakresem zmienności w obrębie *Elymus repens*. Populacje R-31 i R-75 (Ryc. 14A) położone blisko środka układu współrzędnych nawiązują do *E. repens* var. *repens*. Próby populacji R-65 oraz R-67 znajdują się mniej więcej w środku zakresu zmienności *E. repens* var. *aristatus* (Ryc. 14B). Natomiast okazy z prób R-57 oraz R-88 (Ryc. 14A) są rozproszone na krańcu zakresu zmienności *E. repens* var. *aristatus*, i cechują się najdłuższymi ościami na plewach i plewkach dolnych w całym zbadanym materiale populacyjnym (załącznik 1).

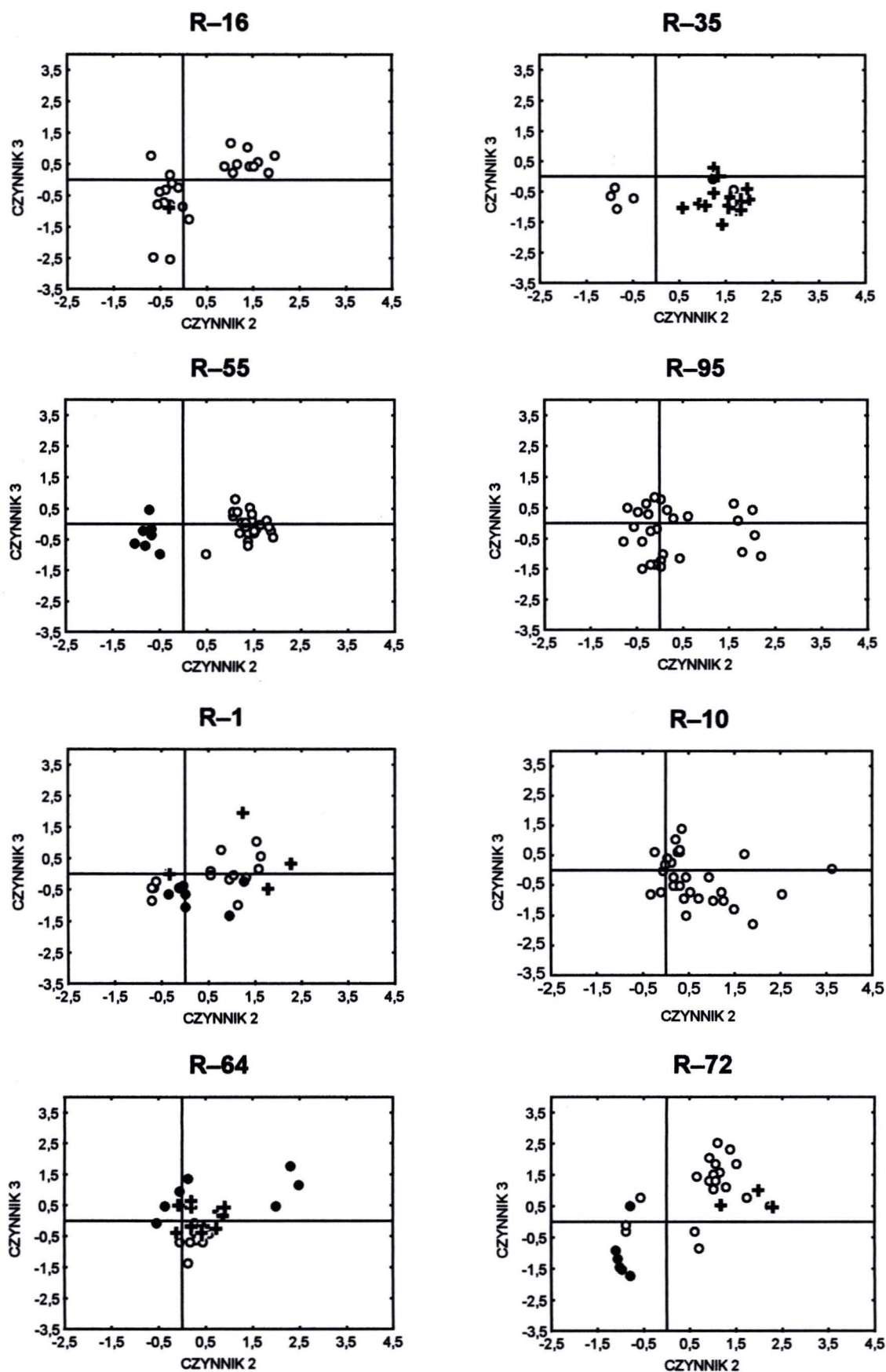


Ryc. 20. Populacje jednorodne *Elymus repens* var. *aristatus*; ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, ● – okazy o gęsto owłosionej osi kłosa.

Większość populacji *Elymus repens* var. *subulatus* była niezróżnicowana morfologicznie (R-69, R-70, R-47 i R-99, Ryc. 21) i dobrze odróżnialna na podstawie sztylastych i wydłużonych plew, która to cecha była wysoko skorelowana z 3 czynnikiem (Tab. 10). Natomiast niektóre okazy w populacjach R-14 oraz R-43 przesuwają się w kierunku zakresu zmienności *E. repens* var. *repens* (Ryc. 14A i 21).



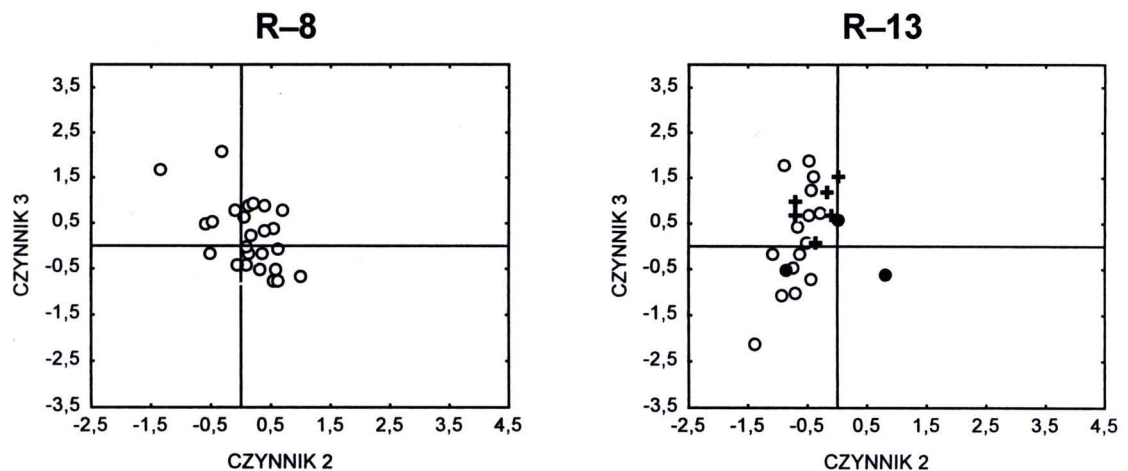
Ryc. 21. Populacje jednorodnej *Elymus repens* var. *subulatus*; ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, ● – okazy o gęsto owłosionej osi kłosa.



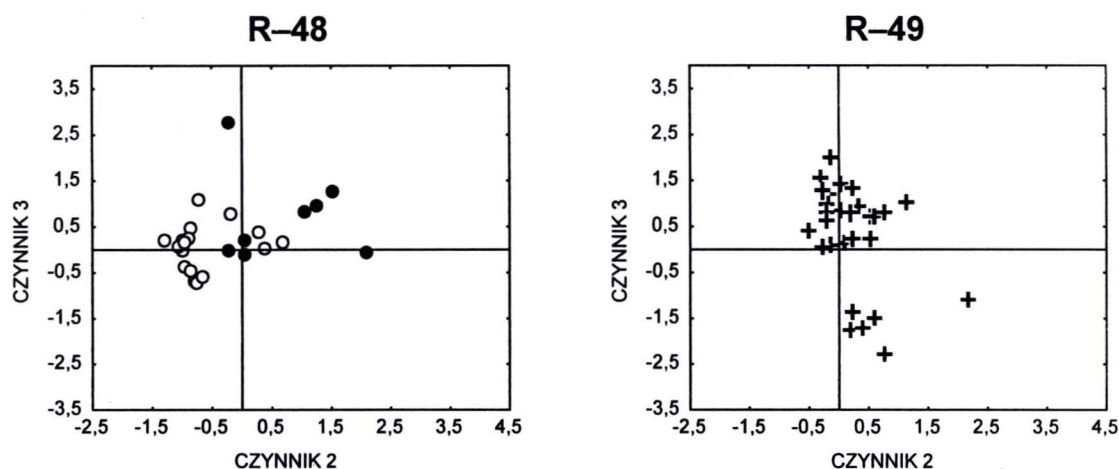
Ryc. 22. Zróżnicowane morfologicznie populacje *Elymus repens* (var. *repens* + var. *aristatus*); ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, ● – okazy o gęsto owłosionej osi kłosa, + – okazy o osi kłosa owłosionej pojedynczymi włoskami.

Populacje *Elymus repens* charakteryzują się tym, że często różne formy morfologiczne rosną razem w tym samym siedlisku. W badanym materiale populacyjnym stwierdzono, że najczęściej razem występują morfotyp bezostny i ościsty, co miało miejsce w populacjach: R-1, R-10, R-16, R-35, R-55, R-64, R-72 i R-95 (Ryc. 22). Populacje R-16, R-35 (Ryc. 14B i 22), R-55 oraz R-95 (Ryc. 14A i 22) wyraźnie dzieliły się na dwie odseparowane grupy na podstawie długości ości na plewie dolnej (**DOPD**) i plewce dolnej (**DOLeM**), skorelowanych z 2 czynnikiem (Tab. 10) i korespondowały z morfotypem bezostnym i ościstym. W pozostałych populacjach występowało więcej okazów pośrednich (R-1, R-10, R-64, R-72) (Ryc. 22).

W populacjach R-8 oraz R-13 stwierdzono występowanie okazów *Elymus repens* var. *repens* i *E. repens* var. *subulatus* (Ryc. 14A i 23). W dwóch populacjach: R-48 i R-49 zanotowano wszystkie trzy wyróżnione odmiany (Ryc. 14B i 24).



Ryc. 23. Zróżnicowane morfologicznie populacje *Elymus repens* (var. *repens* + var. *subulatus*); ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, ● – okazy o gęsto owłosionej osi kłosa, + – okazy o osi kłosa owłosionej pojedynczymi włoskami.



Ryc. 24. Zróżnicowane morfologicznie populacje *Elymus repens* (var. *repens* + var. *aristatus* + var. *subulatus*); ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, ● – okazy o gęsto owłosionej osi kłosa, + – okazy o osi kłosa owłosionej pojedynczymi włoskami.

Na diagramach rozrzutu w układzie głównych składowych dla wybranych populacji zaznaczono również okazy, które odróżniały się od pozostałych jedynie mniej lub bardziej owłosioną osią kłosa (Ryc. 19–24). Cecha ta występowała równolegle we wszystkich odmianach i na tej podstawie zaproponowano wyróżnienie formy *pubescens*.

Analiza biometryczna wykazała, że *Elymus repens* charakteryzuje się dużym zróżnicowaniem morfologicznym w obrębie jednej populacji. Często obserwowano występowanie przedstawicieli wszystkich wyróżnionych odmian *E. repens* var. *repens*, *E. repens* var. *aristatus* oraz *E. repens* var. *subulatus*, rosnących obok siebie w obrębie tej samej populacji lokalnej.

3.1.4. Zmienność wewnątrzgatunkowa *Elymus hispidus*

Wstępną część analizy PCA przeprowadzono analogicznie jak w przypadku *Elymus repens* (porównaj rozdział 3.1.2.), wyłączając z analizy cechy, które nie były wysoko skorelowane z pierwszymi trzema głównymi składowymi. Po wstępnym przeanalizowaniu zebranego materiału populacyjnego stwierdzono, że przypuszczalnie niektóre populacje mają charakter mieszańcowy pomiędzy *Elymus hispidus* i *E. repens*. W związku z tym do PCA, oprócz typowych populacji *E. hispidus*, wprowadzono również populacje mieszańcowe (H-53, H-77, H-79, 106ir, T-51 oraz T-108, Tab. 3) oraz 4 wybrane populacje *E. repens* (R-8, R-49, R-75 i R-106), które rosły razem z *E. hispidus* w tych samych siedliskach i prawdopodobnie między nimi dochodziło do krzyżowania międzygatunkowego.

Wykazano, że 8 cech morfologicznych – 2 jakościowe (**SzczLem** i **OwłPD**) i 6 ilościowych (**DPG**, **DOPG**, **DO Lem**, **DPD/SzPD**, **DPD/DKł** oraz **DPal/SzPal** (Tab. 4 i 16)), w najwyższym stopniu odróżniały badane populacje *Elymus hispidus*. Wytypowane w PCA trzy czynniki wyjaśniały łącznie 78,77% całkowitej zmienności cech, z czego pierwszy czynnik opisywał 54,82%, drugi – 13,25%, natomiast trzeci – 10,70% zróżnicowania.

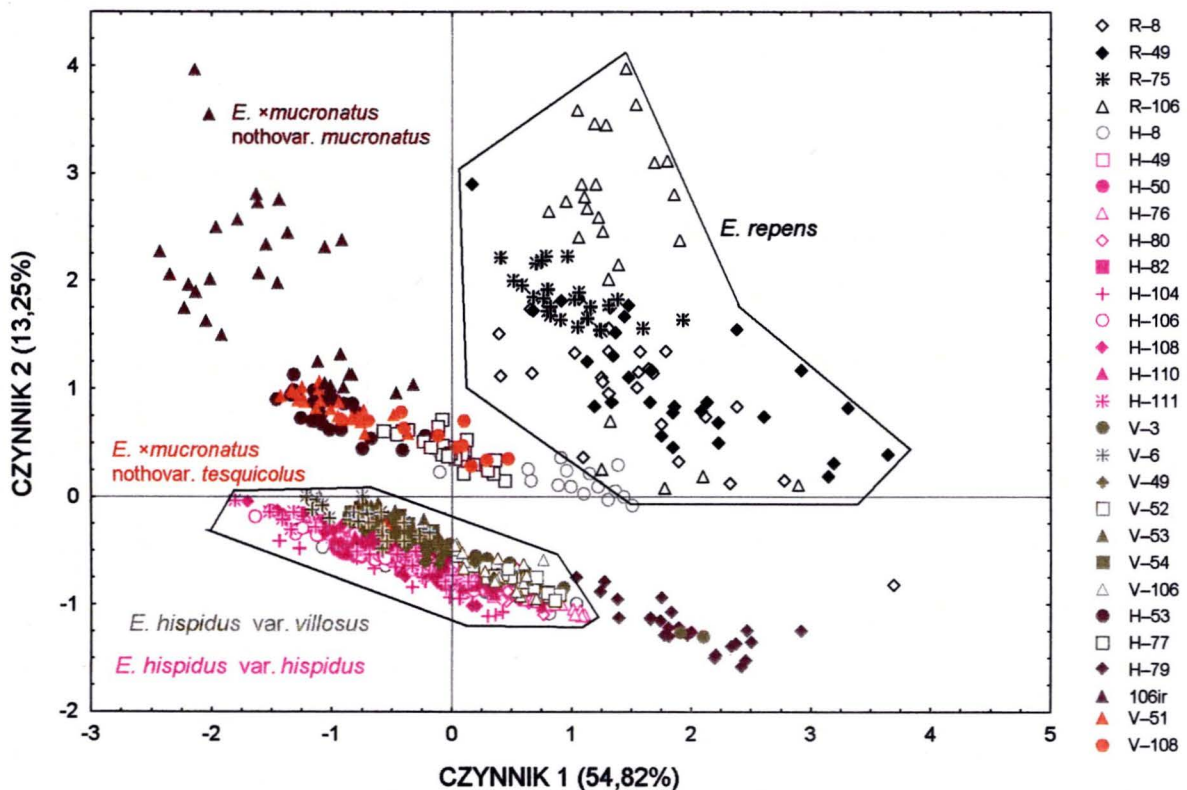
Z czynnikiem 1 silnie dodatnio skorelowane były cechy: kształtu plewy dolnej (**DPD/SzPD**), stosunku długości plewy dolnej do długości kłosa (**DPD/DKł**), kształtu plewki górnej (**DPal/SzPal**) oraz długość plewy górnej (**DPG**) (Tab. 16).

Tabela 16. Wyniki analizy składowych głównych (PCA) dla okazów *Elymus hispidus*, *E. repens* oraz mieszańców – wyjaśniana wariancja oraz ładunki czynnikowe dla 8 cech i 3 czynników. Pogrubiona czcionką zaznaczono wartości korelacji cech z czynnikami o $r \geq 0,60$. Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

		Czynnik 1	Czynnik 2	Czynnik 3
Wyjaśniana wariancja (%)		54,82	13,25	10,70
Cechy (nr)		Ładunki czynnikowe		
DPD/SzPD	(29)	0,86	0,30	0,11
OwłPD	(34)	- 0,19	- 0,15	- 0,95
SzczLem	(47)	0,20	0,83	0,10
DPG	(35)	0,77	0,09	0,31
DOPG	(37)	0,51	0,68	- 0,01
DPD/DKł	(31)	0,81	0,34	0,02
DO Lem	(44)	0,21	0,89	0,16
DPal/SzPal	(50)	0,79	0,24	0,10

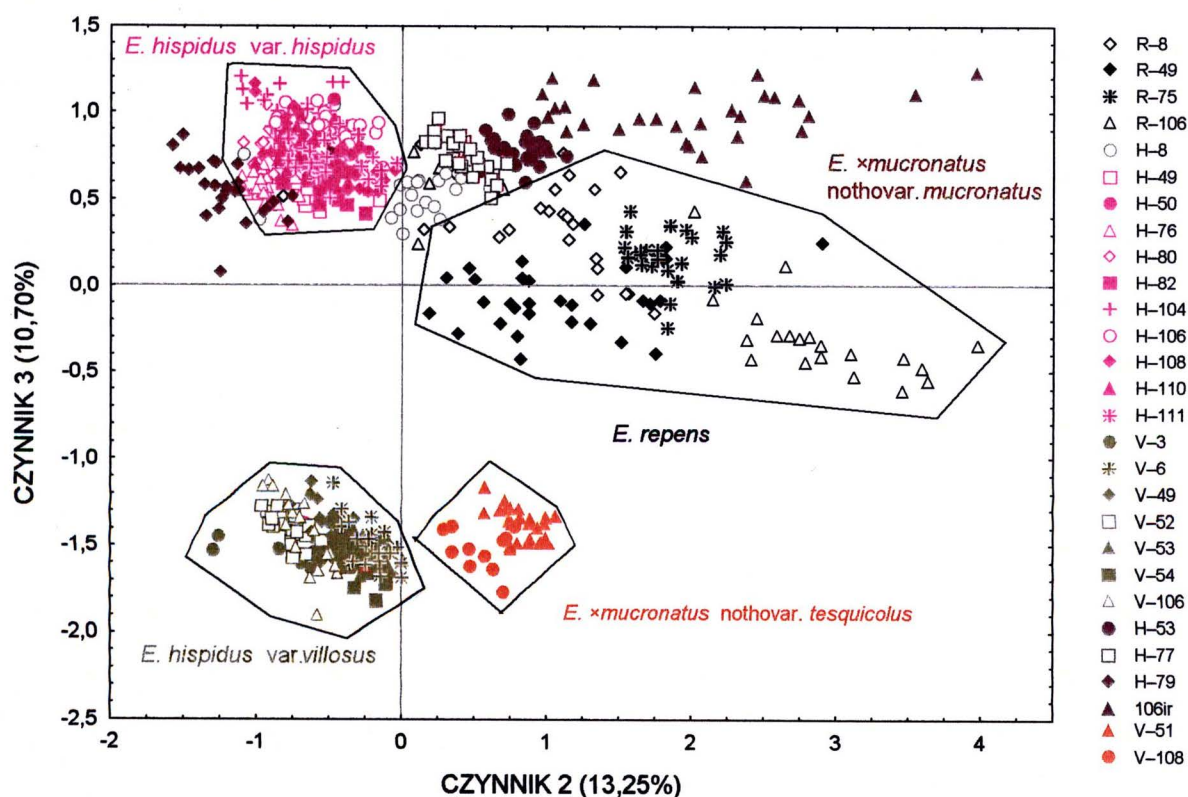
Na diagramie rozrzutu powyższe cechy odróżniają okazy *Elymus repens* od *E. hispidus* oraz od mieszańców międzygatunkowych. W układzie cech związanych z czynnikiem 1 (Tab. 16) mieszańce są podobne do *E. hispidus*. Jedynie populacja mieszańcowa H-79 pod względem tych cech jest podobna do *E. repens* (Ryc. 25).

Natomiast z czynnikiem 2 silnie dodatnio były związane: długość ości (DOLeM) i kształt szczytu plewki dolnej (SzcLem) oraz długość ości plewy górnej (DOPG). Względem niego wyraźnie wyróżniały się „czyste” populacje *Elymus hispidus* o tępych, bezostnych albo z krótką ostką (mukro) plewkach dolnych oraz tępych, bezostnych plewach. Przeciwny kraniec zmienności w tym układzie cech zajmowały populacje *E. repens* o mniej lub bardziej ościstych i ostro zakończonych plewkach dolnych oraz plewach. Pomędzy gatunkami rodzicielskim grupowały się populacje mieszańcowe, które pod względem cech skorelowanych z czynnikiem 2 były podobne do *E. repens* (Ryc. 25, Tab. 16).



Ryc. 25. Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu okazów prób populacji *Elymus hispidus*, *E. repens* oraz mieszańców względem czynnika 1 i 2; kolor czarny – *E. repens*, różowy – *E. hispidus* var. *hispidus*, oliwkowy – *E. hispidus* var. *villosus*, bordowy – *E. x mucronatus* nothovar. *mucronatus*, pomarańczowy – *E. x mucronatus* nothovar. *tesquicolus*, szary – populacja zróżnicowana, w której występowały okazy „czyste” i mieszańce (H-8). Poszczególne populacje zaznaczono odrębnymi symbolami graficznymi znajdującymi się w legendzie. Skrótów nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18.

Owłosienie plew (**OwłPD**) było bardzo silnie ujemnie skorelowane z czynnikiem 3 (Tab. 16) i względem niego wyodrębniły się 2 grupy „czystych” populacji *Elymus hispidus*: pierwsza o nieowłosionych plewach *E. hispidus* var. *hispidus* oraz grupa „czystych” populacji o gęsto owłosionych plewach *E. hispidus* var. *villosus* (Ryc. 26). Stwierdzono, że taksony wyróżniane w obrębie *E. hispidus*, występujące na terenie Polski, różnią się tylko owłosieniem plew i plewek dolnych bądź jego brakiem, i cecha ta nie jest wysoko skorelowana z innymi cechami.



Ryc. 26. Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu okazów prób populacji *Elymus hispidus*, *E. repens* oraz mieszańców względem czynnika 2 i 3; kolor czarny – *E. repens*, różowy – *E. hispidus* var. *hispidus*, oliwkowy – *E. hispidus* var. *villosus*, bordowy – *E. x mucronatus* nothovar. *mucronatus*, pomarańczowy – *E. x mucronatus* nothovar. *tesquicolus*, szary – populacja zróżnicowana, w której występowały okazy „czyste” i mieszańce (H-8). Poszczególne populacje zaznaczono odrębnymi symbolami graficznymi znajdującymi się w legendzie. Skrótów nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18.

Jednocześnie w czasie badań terenowych obserwowano występowanie okazów o owłosionych i nieowłosionych kłosach rosnących obok siebie, w tych samych siedliskach. Prawdopodobne jest również krzyżowanie się obu odmian *Elymus hispidus*, ponieważ w miejscach, gdzie rosły razem, zaobserwowano pojedyncze włoski na plewach i plewkach dolnych u niektórych okazów, które oznaczono wstępnie jako *E. hispidus* var. *hispidus*.

Takich okazów nie uwzględniono w powyższej analizie, ze względu na czytelność obrazu (dokładna analiza zmienności wewnątrzpopulacyjnej znajduje się w rozdziale 3.1.5).

Zestawienie jednoczynnikowej analizy wariancji oraz funkcji dyskryminacyjnej dowiodło, że cechy ilościowe nie odróżniają jednoznacznie morfotypów *Elymus hispidus* (Tab. 17). Średnie wartości długości międzywęźla (DM), kształtu plewy dolnej (DPD/SzPD) oraz stosunku długości plewy dolnej do długości kłoska (DPD/DKł) nie różnią istotnie obu grup, wyodrębnionych w PCA (Tab. 17; wartości *F*). Dodatkowo analiza dyskryminacji wykazała, że również pozostałe cechy posiadają słabą moc wyróżniającą oba morfotypy (Tab. 17; wartości cząstkowej *lambda* Wilksa). Natomiast bardzo wyraźnie odmiany różnią się owłosieniem plew i plewek dolnych, co wykazano w PCA (Ryc. 26).

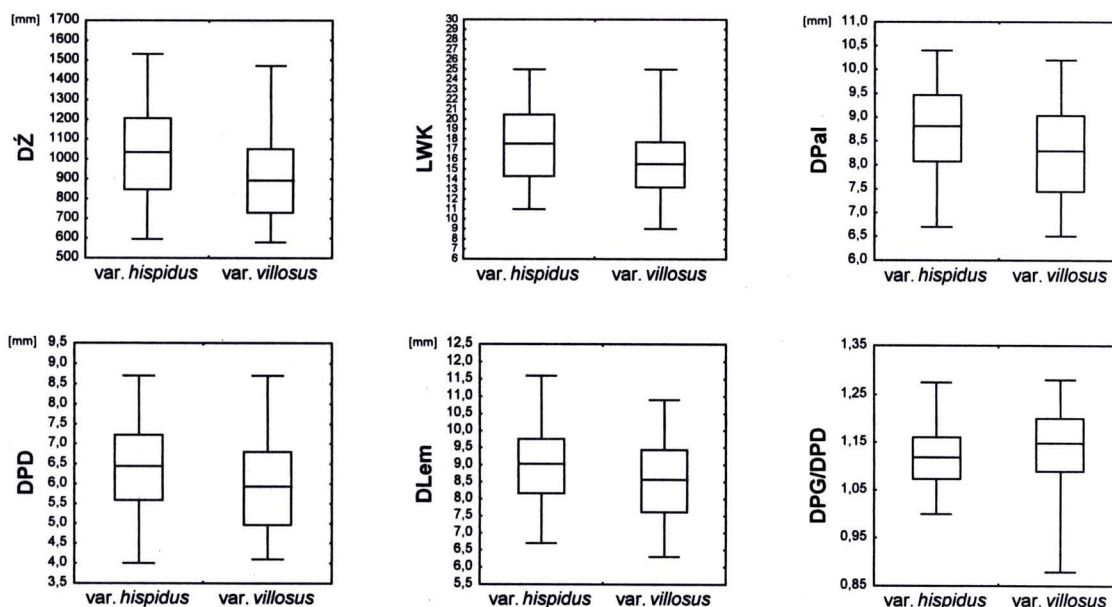
Tabela 17. Wyniki analizy wariancji i analizy funkcji dyskryminacyjnej dla 2 odmian (morfotypów) (*df* = 1) i 442 typowych okazów (*df* = 440) *Elymus hispidus*. Skrótów nazw cech znajdują się w tabeli (Tab. 4) na stronie 26, * – cechy istotne statystycznie w ANOVA z *p* < 0,05.

Cecha (nr)	<i>F</i>	<i>p</i>	<i>lambda</i> Wilksa	cząstkowa <i>lambda</i> Wilksa	<i>p</i>
DŻ (1)	69,38 *	0,00	0,69	0,97	0,0003
LWK (8)	52,97 *	0,00	0,72	0,93	0,0000
DPal (48)	51,88 *	0,00	0,71	0,95	0,0000
DKł/DM (13)	39,91 *	0,00	0,67	0,99	0,0466
DPG/DPD (38)	34,69 *	0,00	0,67	0,99	0,2302
DK (4)	11,78 *	0,00	0,72	0,92	0,0000
DPD (27)	54,16 *	0,00	0,67	0,98	0,0096
DLem (41)	35,92 *	0,00	0,66	0,99	0,9629
DM (12)	–	0,97	0,68	0,98	0,0018
DPD/SzPD (29)	–	0,52	0,69	0,97	0,0002
DPD/DKł (31)	–	0,56	0,67	0,99	0,2303

Owłosienie górnej powierzchni liścia było bardzo zmienne i nie wykazywało ścisłych korelacji z innymi cechami; liście mniej lub bardziej owłosione występowały zarówno u roślin o owłosionych kłoskach jak i u roślin o kłoskach nieowłosionych.

Cechy ilościowe słabo odróżniały morfotypy *Elymus hispidus* – średnie wartości długości źdźbła (DŻ), liczby węzłów z kłoskami w kłosie (LWK), długość plewki dolnej (DPal), długość plewy dolnej (DPD), długość plewki dolnej (DLem) oraz stosunek długości plewy górnej do dolnej (DPG/DPD) są nieco większe u *E. hispidus* var. *hispidus*,

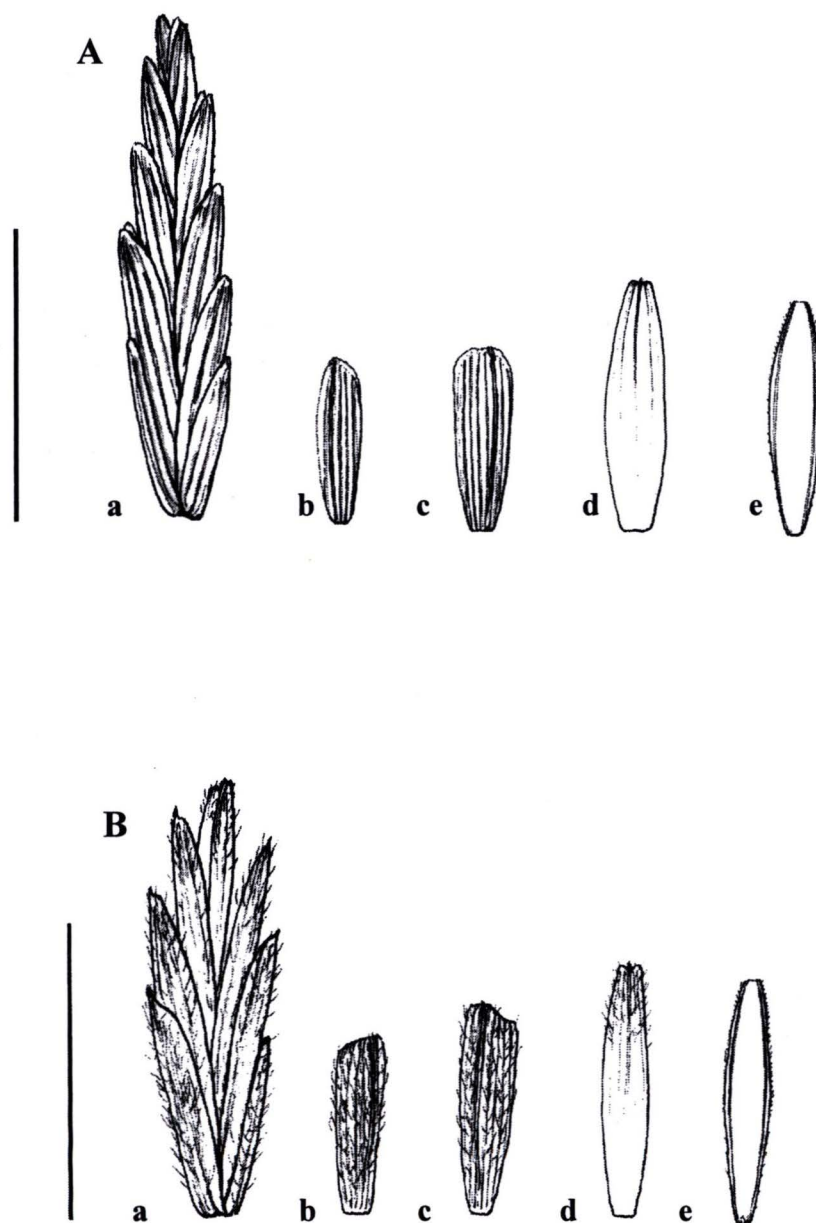
jednak w zakresie odchyień standardowych oraz wartości minimalnych i maksymalnych zachodzą na siebie (Ryc. 27). Cechy te są istotnie różne statystycznie, jednak ze względów praktycznych nie można ich zastosować do wyróżnienia odmian *E. hispidus* bez uwzględnienia cech jakościowych, opisujących stopień owłosienia różnych części rośliny.



Ryc. 27. Średnie arytmetyczne, odchylenia standardowe, minimum i maksimum 6 cech (DŻ, LWK, DPal, DPD, DLem i DPG/DPD), charakteryzujących odmiany *Elymus hispidus* – *var. hispidus* i *var. villosus*. Skróty nazw cech znajdują się w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Na podstawie własnych wyników oraz wcześniejszych badań dotyczących zróżnicowania *Elymus hispidus* (Jarvie 1992; Assadi 1995, 1996, 1998), ze względu na możliwość krzyżowania i brak izolacji genetycznej między morfotypami, wysoką płodność pyłku, wytwarzanie nasion oraz brak barier geograficznych i siedliskowych, uznano, że *Elymus hispidus* powinien być traktowany jako jeden gatunek.

Ponieważ owłosienie zachowuje się w kulturach eksperymentalnych co znaczy, że jest warunkowane genetycznie, dla praktycznych potrzeb taksonomicznych zaproponowano wyodrębnienie wewnątrzgatunkowych odmian *Elymus hispidus* występujących w Polsce: *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis *var. hispidus*, o nieowłosionych plewach i plewkach dolnych oraz *E. hispidus* (Opiz) Melderis *var. villosus* (Hackel) Assadi, o miękko i gęsto owłosionych na całej powierzchni plewach i plewkach dolnych owłosionych w górnej części (Ryc. 28). Pomiędzy tymi odmianami często spotykane są formy pośrednie.



Ryc. 28. Budowa kłosków odmian *Elymus hispidus*: **A** – *Elymus hispidus* var. *hispidus*, **B** – *Elymus hispidus* var. *villosus*; **a** – kłoszek, **b** – plewa dolna, **c** – plewa górna, **d** – plewka dolna, **e** – plewka górna. Skala równa 10 mm.

3.1.5. Zmienność wewnątrzpopulacyjna *Elymus hispidus*

Na podstawie wartości statystyk podstawowych stwierdzono, że populacje *Elymus hispidus* charakteryzują się niższą zmiennością cech morfologicznych, niż to miało miejsce u *E. repens*, pozwalających na wyróżnienie taksonomicznych jednostek wewnątrzgatunkowych. Takie cechy jak: kształt plew (**DPD/SzPD**), stosunek długości plewy dolnej do długości kłoska (**DPD/DKI**) oraz kształt plewki dolnej (**DLem/SzLem**), wykazują dużą stabilność i są podstawowymi cechami, które umożliwiają odróżnienie typowych i mieszańcowych form *E. hispidus*.

3.1.5.1. Mieszańce *Elymus repens* × *Elymus hispidus*

Na diagramie rozrzutu (Ryc. 26), wyraźnie odróżniają się pośrednie okazy mieszańcowe pomiędzy *Elymus hispidus* i *E. repens*. Generalnie mieszańce morfologicznie są nieco bardziej podobne do *E. hispidus* niż do *E. repens*. Odróżniają się one jednak od obu morfotypów *E. hispidus* zaostrowanym szczytem plewki dolnej (**SzczLem**), często przechodzącym w ośc różnej długości (np. w populacji 106ir długość ości dochodziła do 13,2 mm). Mieszańce od rodziców odróżnia także kształt szczytu plew (**SzczPD**), wykazujący duże zróżnicowanie (o podobnym kształcie jak u *E. hispidus*, ścięte albo poszarpane na szczycie, aż do bardziej wydłużonych i zaostrowanych, o wydatniejszym kilu) (Ryc. 29).

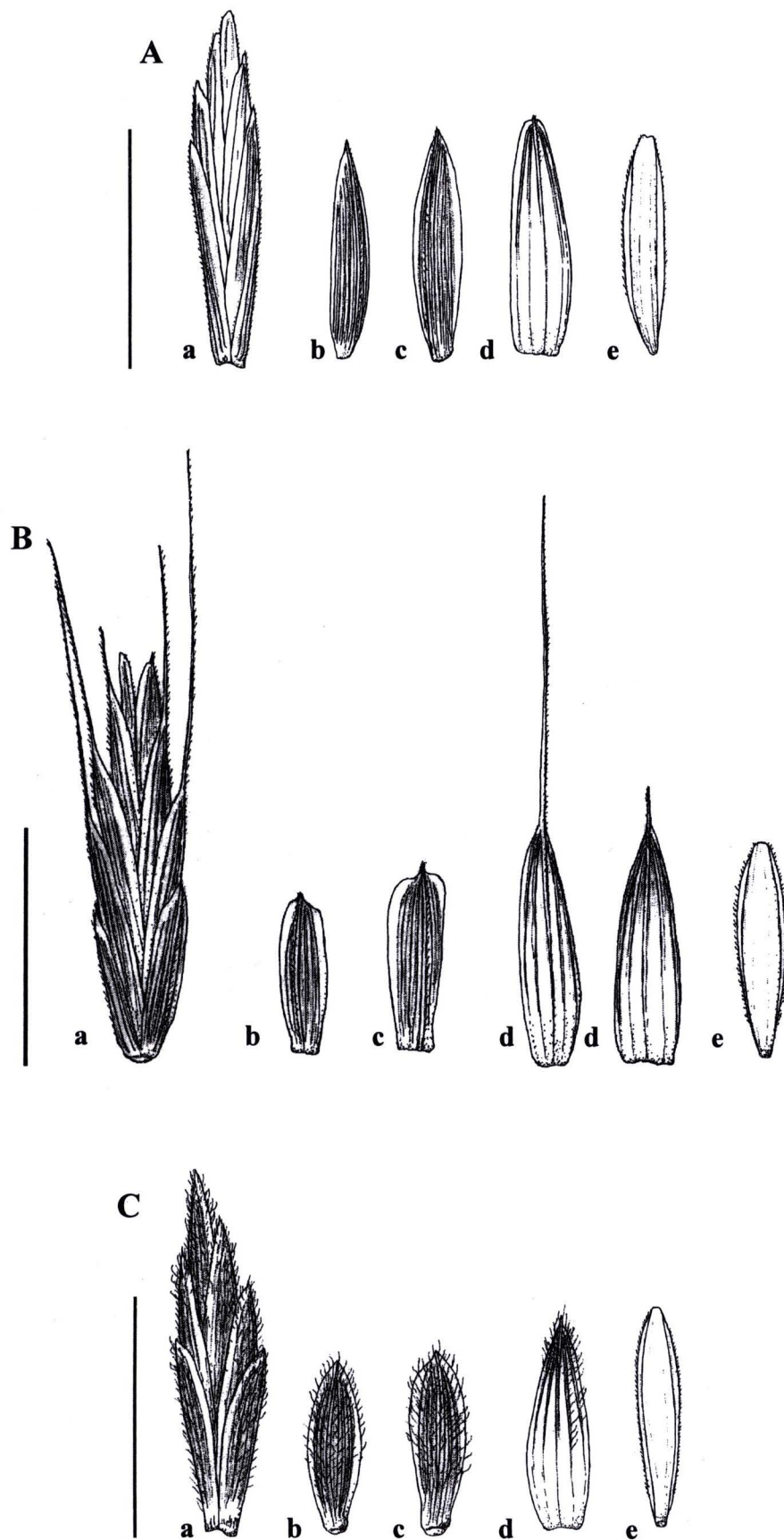
Analizując zróżnicowanie wewnątrzpopulacyjne *Elymus hispidus* w analizie PCA (Ryc. 25 i 26) stwierdzono, że 9 populacji *E. hispidus* var. *hispidus* (H-49, H-50, H-80, H-82, H-104, H-106, H-108, H-110, H-111, Tab. 3) oraz 7 populacji *E. hispidus* var. *villosus* (V-3, V-6, V-49, V-52, V-53, V-54, V-106, Tab. 3) składało się z typowych okazów. W pozostałych 7 próbach populacji (H-8, H-53, H-77, H-79, 106ir, V-51 i V-108, Tab. 3) znalazły się typowe okazy *E. hispidus*, *E. repens* oraz pośrednie.

Zaobserwowano, że w obrębie mieszańców istnieje zróżnicowanie w stopniu owłosienia plew i plewek dolnych (Ryc. 26 i 29). Różnica pomiędzy morfotypami w pojedynczych cechach była podstawą do wyróżnienia dwóch odmian w obrębie gatunku mieszańcowego *Elymus* × *mucronatus*. Okazy mieszańcowe pomiędzy *Elymus repens* i *E. hispidus* var. *hispidus* zostały określone jako: *E. ×mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *mucronatus* Szczepaniak, comb. nova [= *Elytrigia ×mucronata* (Opiz) Prokudin], natomiast mieszańce pomiędzy *E. repens* a *E. hispidus* var. *villosus* określono

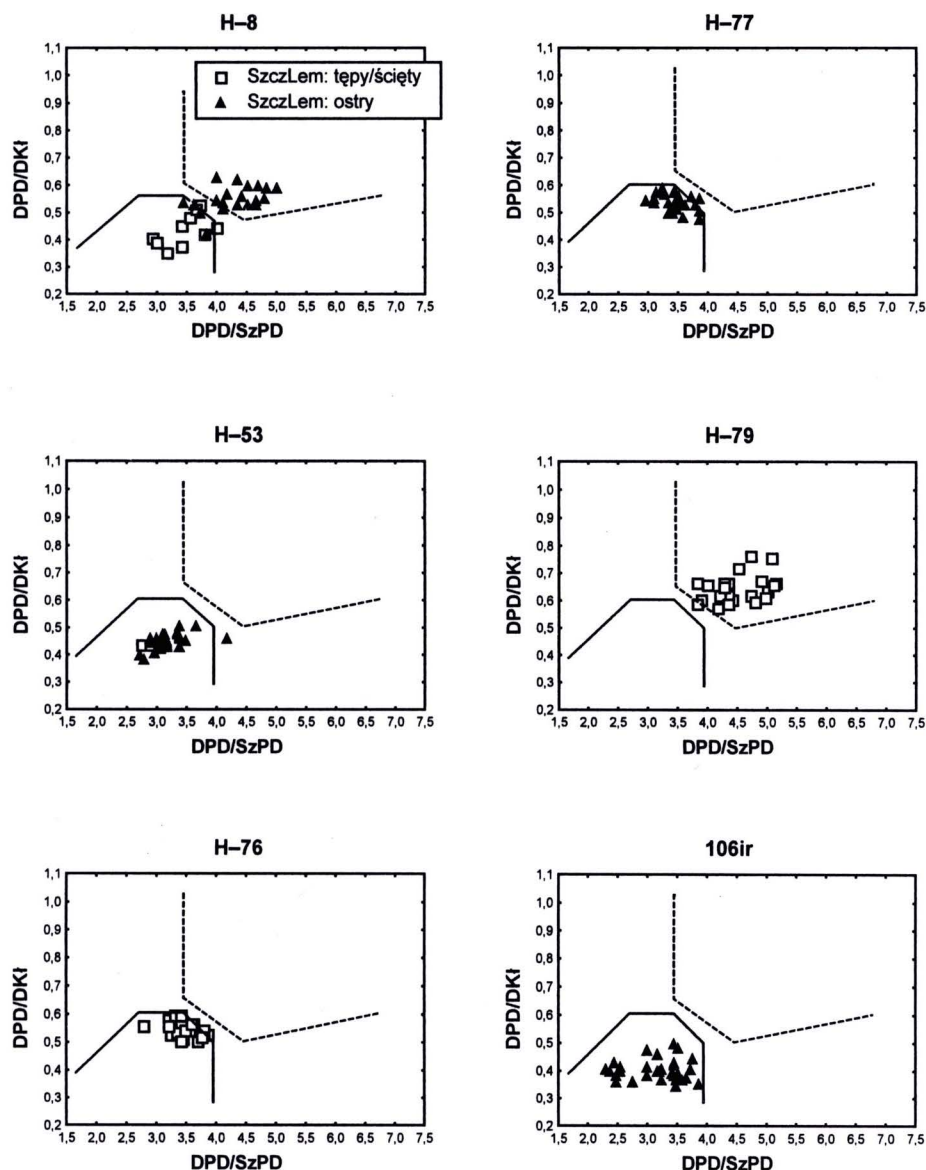
jako *E. ×mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *tesquicolus* (Czerniak.) Szczepaniak, comb. nova [= *Elytrigia ×tesquicola* (Czerniak.) Prokudin]. Dla morfotypu mieszańcowego o długich ościach zaproponowano nazwę *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* forma *aristatus*.

W poszczególnych populacjach okazy rodzicielskie i mieszańce występowały w różnej ilości. I tak w populacji H-8 zanotowano większość okazów *Elymus repens*, kilka typowych okazów *E. hispidus* var. *hispidus* oraz kilka pośrednich pomiędzy nimi *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* (Ryc. 30). W populacji H-53 tylko 2 okazy były typowymi okazami *E. hispidus* var. *hispidus*, natomiast reszta to mieszańce (Ryc. 30). Pozostałe populacje składały się wyłącznie z mieszańców *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* (H-77, H-79 oraz 106ir) (Ryc. 30). Z dwóch populacji *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*, próbę V-108 tworzyły jedynie formy hybrydogenne, natomiast w próbie populacji V-51 znalazł się 1 okaz rodzicielski *E. hispidus* var. *villosus* (Ryc. 31).

Mieszańce wykazywały różną kombinację cech obydwu taksonów rodzicielskich. Okazy *Elymus ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* z populacji H-53, H-8 oraz 106ir charakteryzowały się ostro zakończonym szczytem plewki dolnej (**SzczLem**) i tą cechą nawiązywały do *Elymus repens*, natomiast pod względem kształtu tępo zakończonych plew (**DPD/SzPD**) i stosunku długości plewy dolnej do długości kłoska (**DPD/DKI**) były podobne do *E. hispidus* var. *hispidus* (Ryc. 30). Inny układ cech zanotowano w populacji H-79, w której okazy w układzie pary powyżej wspomnianych cech (**DPD/SzPD** i **DPD/DKI**) wchodziły w zakres *E. repens*, ale miały ścięty szczyt plewki dolnej (**SzczLem**), co jest cechą charakterystyczną dla *E. hispidus* var. *hispidus* (Ryc. 30). Jednorodna morfologicznie próba populacji H-76 znalazła się na krańcu zakresu zmienności *E. hispidus* var. *hispidus* i charakteryzowała się ściętymi plewkami dolnymi i wydłużonymi, ostro zakończonymi plewkami, w czym nawiązywała do zmienności *E. repens* (Ryc. 30). Próba ta również może być mieszańcowa, ale generalnie w większości cech była podobna do *E. hispidus* var. *hispidus*, i dlatego w pracy oznaczono ją jako *E. hispidus* var. *hispidus*.



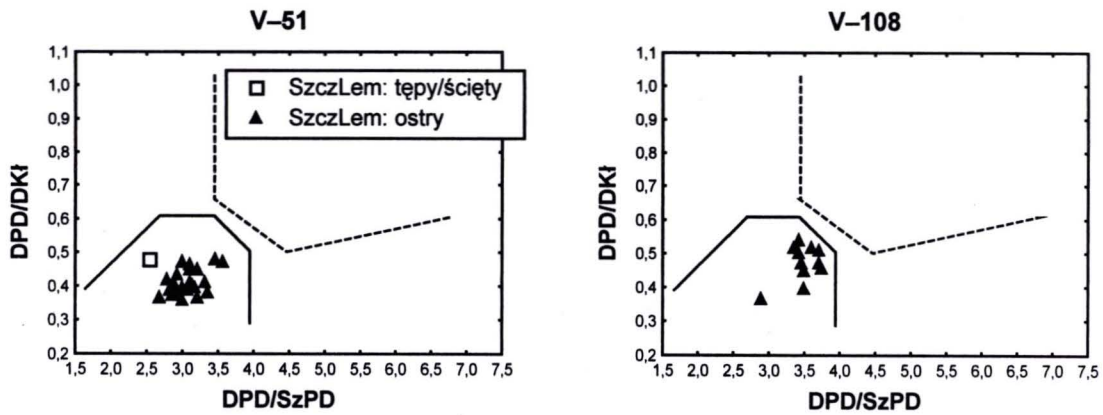
Ryc. 29. Budowa kłosek mieszańców: A – *Elymus* × *mucronatus* nothovar. *mucronatus*, B – *E.* × *mucronatus* nothovar. *mucronatus* f. *aristatus*, C – *E.* × *mucronatus* nothovar. *tesquicolus*; a – kłosek, b – plewa dolna, c – plewa górna, d – plewka dolna, e – plewka górna. Skala równa 10 mm.



Ryc. 30. Analiza zróżnicowania wewnątrzpopulacyjnego *Elymus hispidus* (razem z *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus*) w układzie pary cech: kształtu plewy dolnej (DPD/SzPD) do cechy długości plewy dolnej w stosunku do długości kłosa (DPD/DKl); linią ciągłą zaznaczono zakres zmienności *E. hispidus*, linią przerywaną zakres zmienności *E. repens*, □ – okazy o tępo lub ścięto zakończonych plewkach dolnych, ▲ – okazy o ostro zakończonych plewkach dolnych. Skróty nazw prób populacji znajdują się w tabeli (Tab. 3) na stronie 18; skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Populacje mieszańcowe *Elymus ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus* cechowały się mniejszym zróżnicowaniem morfologicznym od *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus*. Tylko jeden typowy okaz znalazł się w próbie V-51 (Ryc. 31). Na podstawie rozrzutu w układzie pary cech diagnostycznych, można stwierdzić, że *Elymus ×mucronatus* nothovar.

tesquicolus był bardziej podobny do *E. hispidus* var. *villosus* niż do drugiego rodzica – *E. repens*. Różnił się od *E. hispidus* var. *villosus* ostro zakończonymi plewami i plewkami dolnymi, niekiedy z ościami (Ryc. 31).

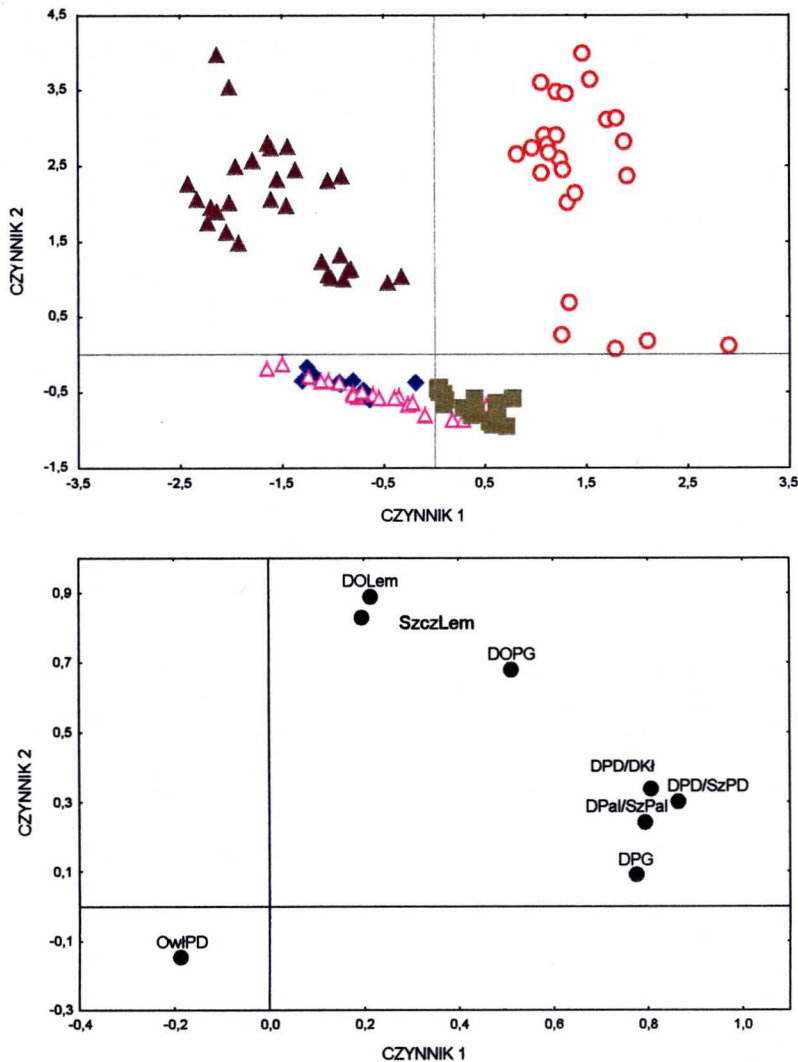


Ryc. 31. Analiza różnicowania wewnątrzpopulacyjnego *Elymus × mucronatus* nothovar. *tesquicolus* w układzie pary cech: kształtu plewy dolnej (DPD/SzPD) do cechy długości plewy dolnej w stosunku do długości kłoska (DPD/DKł); linią ciągłą zaznaczono zakres zmienności *E. hispidus*, linią przerywaną zakres zmienności *E. repens*, □ – okazy o tępo lub ścięto zakończonych plewkach dolnych, ▲ – okazy o ostro zakończonych plewkach dolnych. Skróty nazw prób populacji znajdują się w tabeli (Tab. 3) na stronie 18; skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

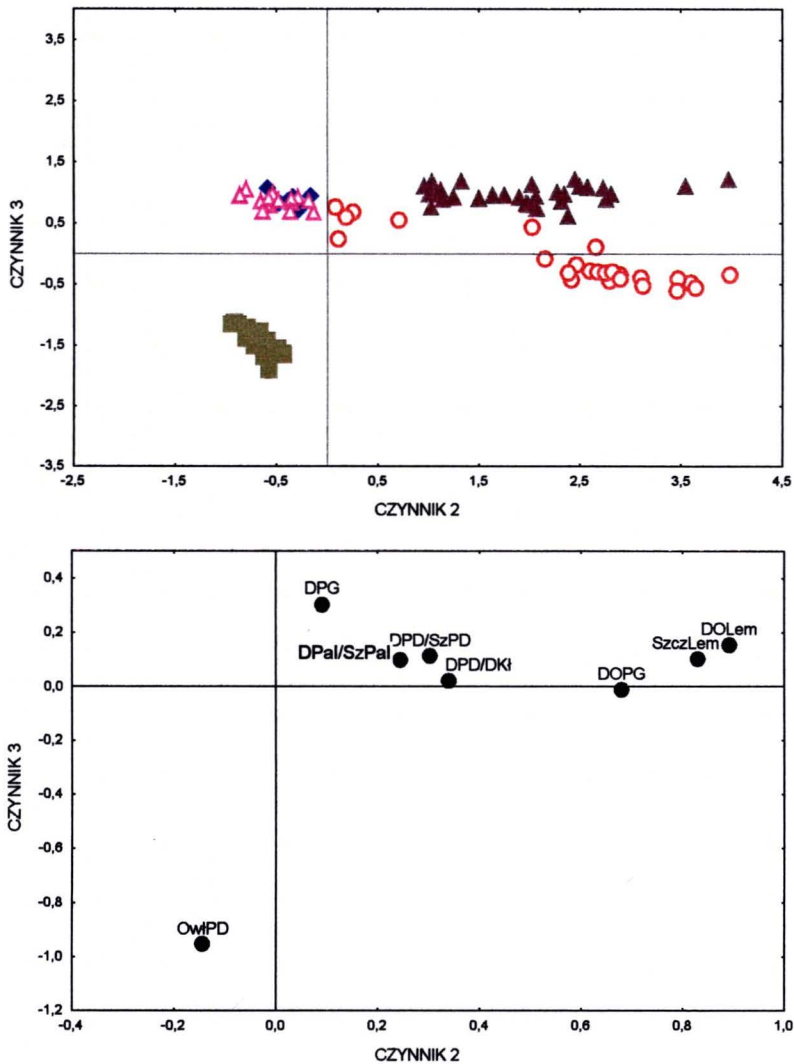
Dokładny obraz różnicowania wewnątrzpopulacyjnego pokazano na przykładzie prób populacji zebranych w Smoniwicach (Niecka Nidziańska) (R-106, H-106, V-106 oraz 106ir, Tab. 3) na wysokiej skarpie lessowej, graniczącej z polem uprawnym, ciągnącej się wzdłuż drogi. Stanowisko to charakteryzowało się występowaniem dużej liczby różnorodnych form morfologicznych; począwszy od *Elymus repens* var. *repens*, poprzez *Elymus repens* var. *aristatus*, formy pośrednie *E. × mucronatus* nothovar. *mucronatus*, *Elymus × mucronatus* nothovar. *tesquicolus*, aż do *E. hispidus* var. *hispidus* i *E. hispidus* var. *villosus*.

Z powyższego stanowiska zebrano próbę populacji *Elymus repens* (R-106), w której jak się okazało występowały dwa morfotypy: 25 długościastych okazów *E. repens* var. *aristatus* oraz 5 roślin o krótkich ościach, wydłużonych międzywęźlach kłoska oraz nisko sięgających plewach w stosunku do długości kłoska, nawiązując w tych cechach do *E. hispidus*. Gęsto owłosiona oś kłoska oraz pozostałe cechy były typowe dla *E. repens*. Morfotyp ościsty charakteryzował się bardziej zwartym kłosem oraz nieco mniej owłosioną osią kłoska.

Razem z *Elymus repens* w omawianej, dużej populacji różnych form perzu, rósł również, jak się wydawało typowy, *E. hispidus* var. *villosus* (jego przedział zmienności znalazł się w centrum zakresu stwierdzonego dla wszystkich, czystych populacji *E. hispidus* var. *villosus*) (Ryc. 25, 26, 32, 33). W porównaniu z innymi taksonami, występował dosyć rzadko w populacji. Charakteryzował się bezostnymi, ściętymi na szczycie plewami kłosowymi oraz tępo zakończonymi, bezostnymi plewkami dolnymi. Nieco wyżej, niż u typowych okazów sięgały plewy w stosunku do długości kłoska (porównaj załącznik 2).



Ryc. 32. Analiza zróżnicowania wewnątrzpopulacyjnego – diagram rozrzutu okazów *Elymus* sp. ze Smoniwic oraz charakteryzujących je cech względem 1 i 2 czynnika (PCA); Δ – *E. \times mucronatus* nothovar. *mucronatus* krótkościsty (H-106), \blacklozenge – *E. \times mucronatus* nothovar. *mucronatus* krótkościsty o pojedynczo owłosionych plewach i plewkach dolnych (H-106), \blacktriangle – *E. \times mucronatus* nothovar. *mucronatus* forma *aristatus* (106ir), \blacksquare – *E. hispidus* var. *villosus* (V-106), \circ – *E. repens* (R-106). Skróty nazw prób populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18, skróty cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.



Ryc. 33. Analiza różnicowania wewnątrzpopulacyjnego – diagram rozrzutu okazów *Elymus* sp. ze Smoniwic oraz charakteryzujących je cech względem 2 i 3 czynnika (PCA); Δ – *E. x mucronatus* nothovar. *mucronatus* krótkościsty (H-106), \blacklozenge – *E. x mucronatus* nothovar. *mucronatus* krótkościsty o pojedynczo owłosionych plewach i plewkach dolnych (H-106), \blacktriangle – *E. x mucronatus* nothovar. *mucronatus* forma *aristatus* (106ir), \blacksquare – *E. hispidus* var. *villosus* (V-106), \circ – *E. repens* (R-106). Skróty nazw prób populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18, skróty cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Próba zebrana pierwotnie jako druga odmiana *Elymus hispidus* var. *hispidus* (H-106), po dokładnej analizie okazała się w większości próbą mieszańcową *E. x mucronatus* nothovar. *mucronatus*. Okazy pośrednie cechowały się ściętymi plewami oraz sztywnymi liśćmi o wydatnych nerwach, będąc w tych cechach podobne do *E. hispidus*, natomiast plewki dolne były ostro zakończone z krótkimi ościami, nawiązując do *E. repens*. Jednocześnie u niektórych okazów stwierdzono obecność pojedynczych, długich włosków na nerwach plew i po bokach plewek dolnych, co może sugerować

wpływ genów pochodzących od *E. hispidus* var. *villosus*. Tylko 2 okazy były morfologicznie typowymi przedstawicielami *E. hispidus* var. *hispidus*.

Bardzo liczną grupę w populacji stanowiły okazy pośrednie (próbna 106ir), odróżniające się od wyżej opisanego morfotypu mieszańcowego przede wszystkim bardzo długą ością na plewkach dolnych. Pod względem tej cechy (**DO \overline{Lem}**) oraz długości ości na plewach (**DO \overline{PG}**) część okazów wchodziła w zakres zmienności *Elymus repens*, pozostałe miały właściwe sobie, pośrednie wartości długości ości. Cechy drugiego z rodziców *E. hispidus*, to obecność bardzo wyraźnych rzęsek na brzegach pochew liściowych, sztywne, zwijające się liście o wydatnych nerwach oraz ścięte plewy, które są jednak charakterystycznie postrzępione na brzegu (Ryc. 29b).

Na podstawie analizy morfologicznej populacji ze Smoniwic można ogólnie stwierdzić, że siedlisko zostało opanowane przede wszystkim przez mieszańce i *Elymus repens*, który jednak zajmuje miejsca głównie na skraju, przy drodze oraz na brzegu pola uprawnego, graniczącego ze skarpią. Mieszańce są bardzo żywotne, rozprzestrzeniają się intensywnie poprzez kłaczka, ale wytwarzają również nasiona. Natomiast czyste okazy *E. hispidus* var. *hispidus* oraz *E. hispidus* var. *villosus* trudno było odszukać. Próby liści zebrane z tej naturalnej populacji ze wszystkich stwierdzonych morfotypów, zostały zebrane do analizy AFLP (rozdz. 3.2.3.). Podobną sytuację, „szaleństwa” krzyżowania się wszystkich morfotypów ze wszystkimi, zaobserwowano również w innych miejscach, gdzie rosły obok siebie gatunki rodzicielskie i mieszańce – w Rezerwacie Przęślin (Chotel Czerwony; próby: H-108 oraz V-108), w Kielcach (próby: V-6 i H-111), w Górach Pieprzowych (próby: R-8 i H-8) oraz w rezerwacie gipsowym w Skorocicach (próby: H-53 i V-53).

Analiza zmienności wewnątrzpopulacyjnej *Elymus hispidus* wykazała, że często na jednym stanowisku występują obok siebie zarówno typowe odmiany *E. hispidus* var. *hispidus* oraz *E. hispidus* var. *villosus*, a także mieszańce *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* i *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*. Mieszańce charakteryzują się większą zmiennością morfologiczną niż *E. hispidus*, ale generalnie są bardziej do niego podobne niż do *E. repens* (Tab. 18).

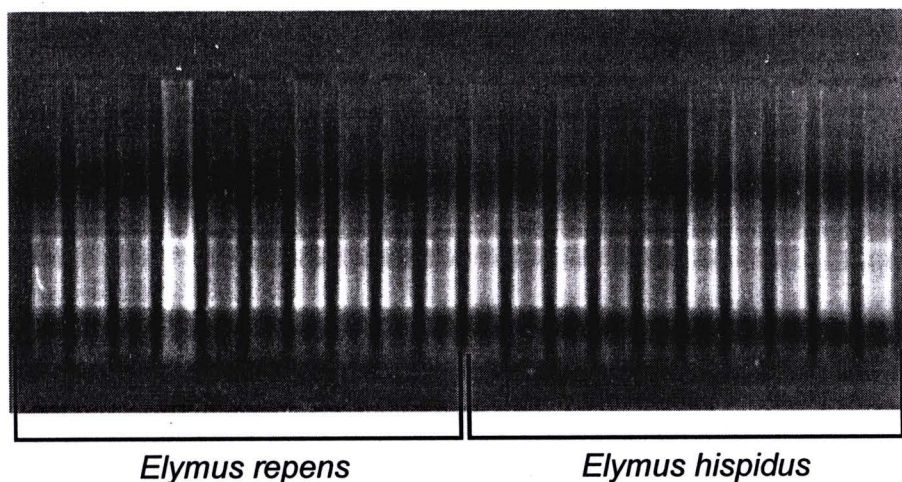
Tabela 18. Porównanie wybranych cech morfologicznych, odróżniających odmiany *Elymus hispidus*, *E. repens* i mieszańce – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* oraz *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*. Dla poszczególnych cech zamieszczono minimum, maksimum i średnią arytmetyczną. Wartości mierzone podano w [mm].

Takson	<i>E. repens</i>	<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	<i>E. hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	<i>E. hispidus</i> var. <i>villosus</i>
Cecha					
długość źdźbła (DŻ)	110,00–1660,00 (990,00)	585,00–1543,00 (994,38)	596,00–1530,00 (1 034,81)	600,00–1420,00 (901,67)	579,00–1470,00 (887,82)
długość kłosa (DK)	45,00–218,00 (110,72)	90,00–277,00 (146,09)	77,00–237,00 (152,01)	99,00–183,00 (145,43)	81,00–254,00 (139,73)
liczba węzłów kłosa (LWK)	8–34 (17)	10–26 (17)	11–25 (17)	13–21 (18)	9–25 (15)
długość plewy dolnej (DPD)	4,90–13,60 (8,70)	4,90–10,50 (7,15)	4,00–8,70 (6,42)	4,80–7,90 (5,96)	4,10–8,70 (5,88)
długość ości na plewie dolnej (DOPD)	0,00–5,10 (1,54)	brak	brak	brak	brak
dł. plewy górnej (DPG)	5,20–13,60 (9,38)	5,70–11,00 (7,90)	5,00–9,60 (7,16)	5,70–8,40 (6,77)	4,90–9,90 (6,72)
długość ości na plewie górnej (DOPG)	0,00–6,00 (1,80)	0,00–0,80 (0,07)	brak	0,00–0,30 (0,01)	brak
kształt plewy dolnej (DPD/SzPD)	3,18–7,08 (4,67)	2,29–5,15 (3,64)	1,90–4,12 (3,13)	2,53–3,74 (3,15)	2,40–4,25 (3,09)
pokrycie plew (OwłiPD)	nieowłosione	nieowłosione	nieowłosione	owłosione na całej powierzchni	owłosione na całej powierzchni
kształt szczytu plewy dolnej (SzczPD)	ostro zakończone bez ości albo z ością	tępe, ukośnie lub poziomo ścięte, czasem ostro zakończone	tępe, ukośnie lub poziomo ścięte	tępe, ukośnie lub poziomo ścięte	tępe, ukośnie lub poziomo ścięte
dł. plewy dolnej / dł. kłoska (DPD/DKł)	0,39–0,99 (0,68)	0,35–0,77 (0,51)	0,33–0,60 (0,46)	0,36–0,54 (0,43)	0,32–0,65 (0,46)
dł. plewy górnej / dł. plewy dolnej (DPG/DPD)	0,80–1,37 (1,06)	1,00–1,32 (1,11)	1,00–1,29 (1,12)	0,94–1,23 (1,14)	0,88–1,28 (1,14)
dł. plewki dolnej (DLem)	6,10–13,00 (9,72)	7,60–11,90 (9,28)	6,70–11,60 (8,97)	7,00–9,60 (8,09)	6,30–10,90 (8,53)
dł. ości na plewce dolnej (DOLem)	0,00–10,20 (2,50)	0,00–13,20 (1,92)	0,00–1,10 (0,05)	0,00–1,30 (0,44)	0,00–0,70 (0,05)
dł. plewki dolnej / szer. plewki dolnej (DLem/SzLem)	2,76–6,71 (3,85)	2,57–4,41 (3,31)	2,39–3,72 (3,00)	2,42–3,43 (2,83)	2,42–4,36 (3,10)
kształt szczytu plewki dolnej (SzczLem)	ostro zakończony, bez ości lub z ością	ostro zakończony, z grubą ostką (mukro) lub z ością	tępo zakończony, czasem z grubą ostką (mukro)	ostro zakończony, z grubą ostką (mukro) lub z ością	tępo zakończony, czasem z grubą ostką (mukro)
dł. plewki górnej (DPal)	5,50–10,13 (8,23)	6,40–10,70 (8,40)	6,50–10,40 (8,74)	7,10–9,00 (7,94)	6,50–10,20 (8,25)
dł. plewki górnej / szer. plewki górnej (DPal/SzPal)	3,50–8,27 (6,36)	3,73–7,60 (4,93)	3,14–6,70 (4,64)	3,76–5,44 (4,29)	3,76–5,41(4,48)
dł. plewki dolnej / dł. plewki górnej (DLem/DPal)	0,83–1,55 (1,20)	1,00–1,36 (1,11)	0,89–1,34 (1,03)	0,96–1,09 (1,02)	0,92–1,21 (1,03)

3.2. Zmienność genetyczna

W celu zoptymalizowania warunków reakcji AFLP (Vos i in. 1995; Bednarek i in. 1999) dla *Elymus repens* i *E. hispidus*, na wstępie analizy przetestowano układy par starterów: *EcoRI* + (AAC, AAG, ACC, ACT, AGA, AGG, ATC i AGT) ze wszystkim starterami *MseI* + C (z trzema selektywnymi nukleotydami na końcu 3'). Genomowe DNA pochodzące z jednej rośliny z populacji R-56 oraz z populacji H-85 zostało przeanalizowane w układach wszystkich powyższych par starterów. W następnym etapie analizy, na podstawie stwierdzonej największej liczby dobrze separowanych, polimorficznych, o różnej długości oraz powtarzalnych prążków, zostały wybrane 4 pary selektywnych starterów: E + ACC/M + CCA, E + ACT/M + CCG, E + AGG/M + CAG oraz E + AGT/M + CTT.

Średnio ze 100 mg zielonej masy liści otrzymano 20 – 25 µg preparatu DNA o 80 – 100% czystości, którą mierzono spektrofotometrycznie przy długości fali $\lambda = 260$ nm i $\lambda = 320$ nm. Oprócz czystości i integralności DNA, w procedurze AFLP istotne było również całkowite trawienie DNA edonukleazami restrykcyjnymi, co sprawdzono rozdzielając produkty wstępnego PCR w 1,4% żelu agarozowym. W większości przypadków po wstępnym PCR w świetle UV (280 nm), stwierdzono obecność produktów trawienia o stosunkowo niskiej masie cząsteczkowej, co świadczyło o całkowitym pocięciu DNA przez restryktazy. Przykładowe obrazy rozkładów elektroforetycznych DNA *E. repens* i *E. hispidus* po wstępnym PCR przedstawiono na rycinie (Ryc. 34).



Ryc. 34. Obraz żelu agarozowego z rozdziałem fragmentów DNA po wstępnym PCR dla *Elymus repens* i *E. hispidus*.

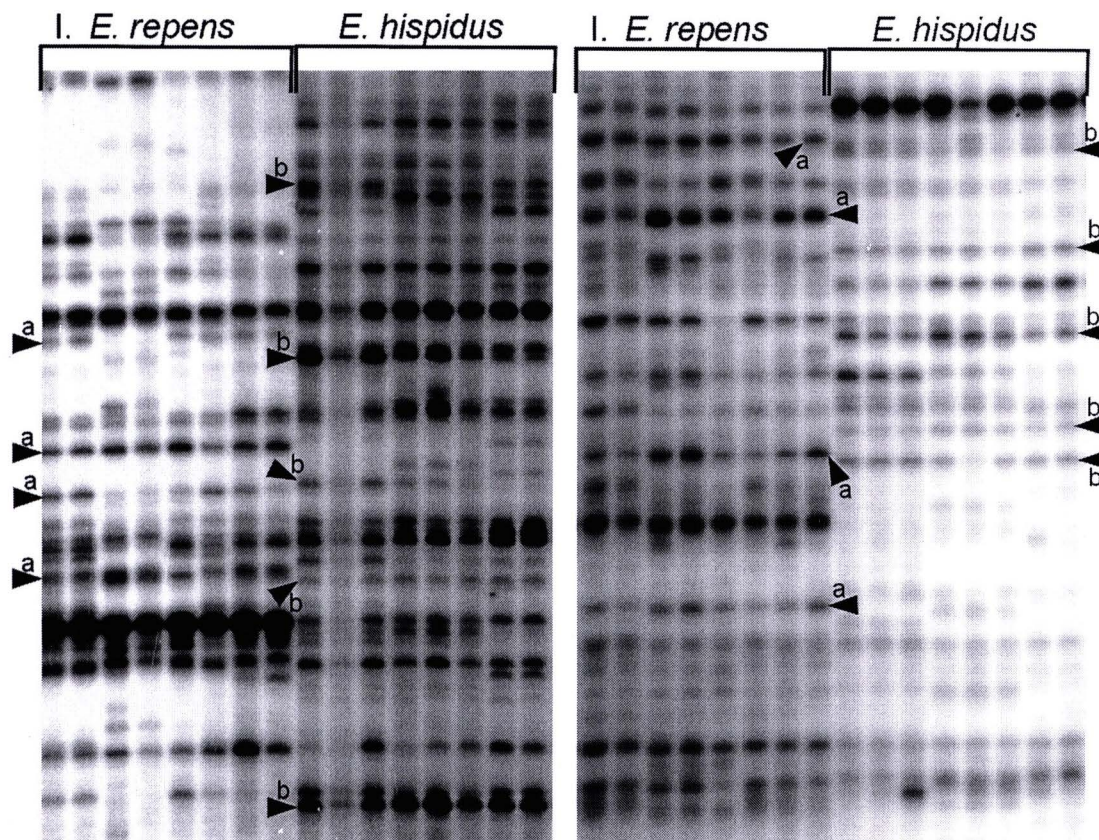
3.2.1. Międzygatunkowe zróżnicowanie genetyczne *Elymus repens* i *Elymus hispidus*

Cztery pary zastosowanych w analizie AFLP par selektywnych starterów, generowało w sumie 365 fragmentów AFLP dla obydwu gatunków perzu, z czego 190 (50,67%) było polimorficznych a 175 (49,33%) monomorficznych między badanymi gatunkami (Tab. 19). Największą liczbę polimorficznych markerów uzyskano przy zastosowaniu układu *Eco*ACC/*Mse*CCA (65,18%). Natomiast średnio, jeden układ starterów generował 69,75 fragmentów DNA.

Tabela 19. Liczba polimorficznych i monomorficznych fragmentów DNA wyróżnionych metodą AFLP, przy użyciu 4 par selektywnych starterów, łącznie dla obu gatunków *Elymus repens* i *Elymus hispidus*.

	Układy starterów				Razem	
	<i>Eco</i> RI	AGT	AGG	ACT		ACC
<i>Mse</i> I		CTT	CAG	CCG	CCA	
Liczba polimorficznych loci		29	30	58	73	190
Polimorfizm (%)		37,66	37,04	61,05	65,18	50,67
Liczba monomorficznych loci		48	51	37	39	175
Razem		77	81	95	112	365

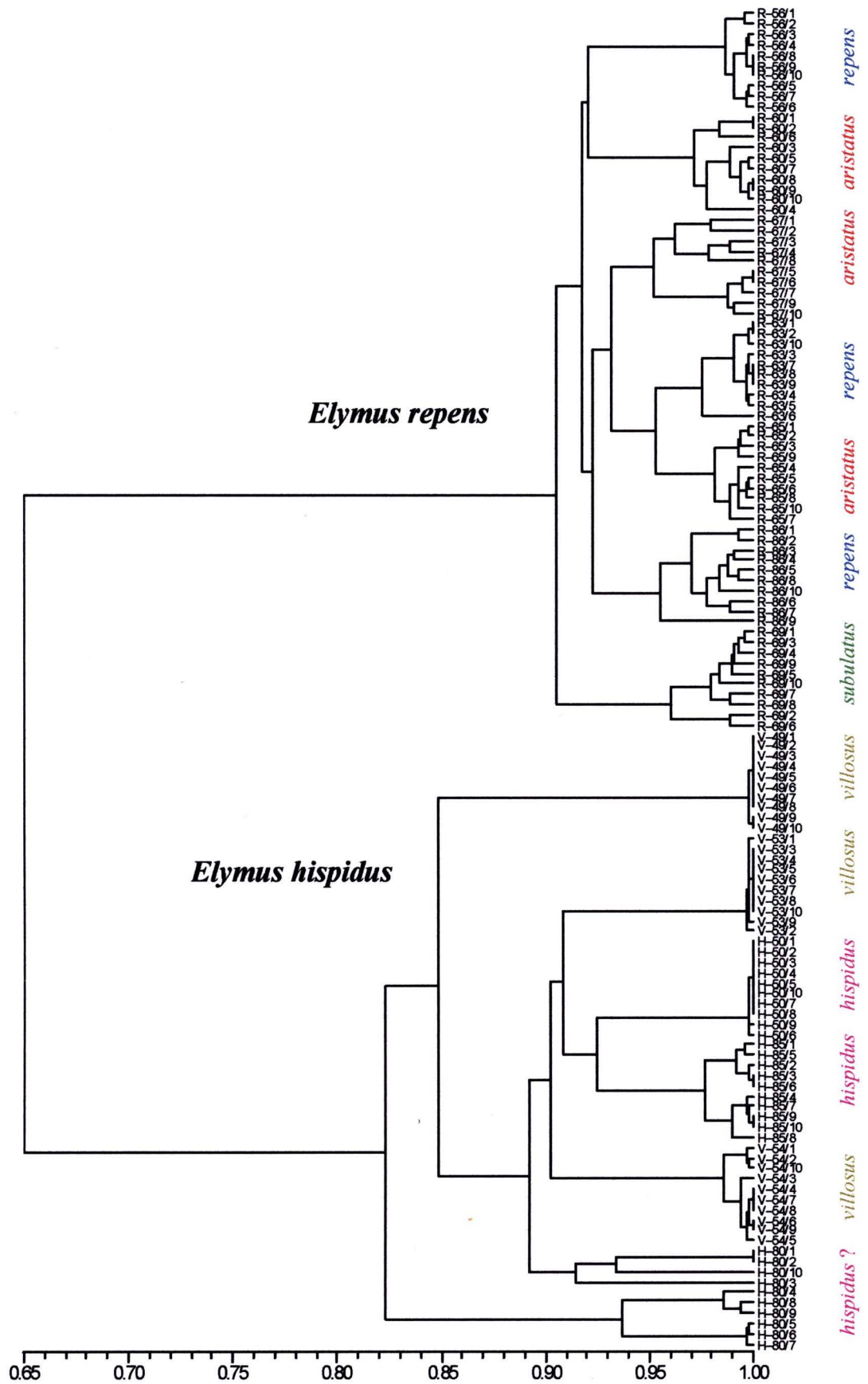
Na rycinie (Ryc. 35) przedstawiono przykładowy rozdział produktów AFLP dla wybranych par starterów z zaznaczeniem prążków specyficznych dla *Elymus repens* oraz dla *E. hispidus*.



Ryc. 35. Obraz żelu poliakrylamidowego w układzie pary starterów: I. *EcoACT/MseCCG*, II. *EcoACC/MseCCA*; a – prążki różnicujące, charakterystyczne dla *Elymus repens*, b – prążki różnicujące, charakterystyczne dla *Elymus hispidus*.

Analiza skupień fenotypów AFLP wykazała łączenie się populacji w dwie wyraźnie separowane grupy, odpowiadające obu gatunkom (Ryc. 36).

Do oceny całkowitego zróżnicowania genetycznego pomiędzy badanymi gatunkami *Elymus* zastosowano molekularną analizę wariancji (AMOVA), która wykazała wysoką istotność ($p < 0,001$) różnic genetycznych pomiędzy gatunkami – 70,83% (Tab. 20). Genetyczne różnice pomiędzy populacjami w obrębie gatunku były znacznie niższe, ale również istotne (23,65%). Wyniki analizy AMOVA potwierdziły grupowanie się populacji w analizie skupień.



Ryc. 36. Dendrogram podobieństw genetycznych *Elymus repens* i *E. hispidus* oparty na współczynnikach podobieństwa Nei i Li (1979), z zastosowaniem metody średnich połączeń (UPGMA).

Tabela 20. Wyniki molekularnej analizy wariancji (AMOVA) dla 70 roślin z 7 populacji *Elymus repens* i 60 roślin z 6 populacji *E. hispidus*, opartej na uzyskanych 365 fragmentach AFLP. Poziom istotności został oparty na bazie 1023 permutacji; d.f. – ilość stopni swobody.

Poziom zmienności	d.f.	Składniki wariacji	Procent (%) zróżnicowania	<i>p</i>
zróżnicowanie między gatunkami	1	55,84	70,83	<0,001
zróżnicowanie pomiędzy populacjami w obrębie gatunku	11	18,65	23,65	<0,001
zróżnicowanie w populacji	117	4,35	5,52	–
całkowite zróżnicowanie	129	78,84		

Cztery pary starterów identyfikowały 20 genotypów u 70 roślin *Elymus repens* i 11 genotypów u 60 okazów *E. hispidus*. Największą liczbę genot stwierdzono w populacji R-67 (6) oraz w populacji H-80 (6) (Tab. 21). Okazy 9 z 13 populacji obu badanych gatunków *Elymus* posiadały ten sam genotyp, a więc pojedynczą populację tworzyły ramety, pochodzące z jednego kłącza.

Tabela 21. Liczba fenotypów AFLP (G), proporcja wyróżnialnych genotypów (G/N) oraz zróżnicowanie genetyczne (D) stwierdzone w 13 populacjach (130 roślin) *Elymus repens* i *E. hispidus*, oparte na 365 markerach AFLP, porównane ze średnimi wartościami dla roślin klonalnych (Ellstrand & Roose 1987; Hansen i in. 2000; Li & Ge 2001; Xie i in. 2001).

Takson	Populacja	Liczba roślin	Liczba polimorficznych prążków (%)	Liczba fenotypów AFLP (G) w populacji	G/N	Zróżnicowanie genetyczne (D)
<i>Elymus repens</i>	R-56	10	10 (2,74)	1	0,10	0,00
	R-60	10	20 (5,48)	1	0,10	0,00
	R-63	10	13 (3,56)	1	0,10	0,00
	R-65	10	14 (3,85)	1	0,10	0,00
	R-67	10	34 (9,31)	6	0,60	0,67
	R-69	10	27 (7,42)	5	0,50	0,78
	R-86	10	37 (10,19)	5	0,50	0,78
Razem		70		20		
Średnia				2,86	0,29	0,32
<i>Elymus hispidus</i>	V-49	10	1 (0,27)	1	0,10	0,00
	V-53	10	3 (0,82)	1	0,10	0,00
	H-50	10	2 (0,55)	1	0,10	0,00
	H-80	10	90 (24,66)	6	0,60	0,67
	V-54	10	8 (2,19)	1	0,10	0,00
	H-85	10	15 (4,11)	1	0,10	0,00
Razem		60		11		
Średnia				1,83	0,18	0,11
Gatunki klonalne (E. & R. 1987)					0,17	0,62
<i>Psammochloa villosa</i> (L. & G. 2001)		157	70,50	14,10	1,71	0,94
<i>Oryza rufipogon</i> (X. i in. 2001)		130		18,00	1,47	0,96
<i>Potentilla</i> spp. (H. i in. 2000)		127		1,53	0,22	0,20

3.2.2. Wewnątrzgatunkowa zmienność genetyczna *Elymus repens*

Wyniki wstępnych badań nad zmiennością genetyczną *Elymus repens* w powiązaniu ze zróżnicowaniem morfologicznym, zostały zawarte w pracy Szczepaniak i in. (2002). W niniejszej rozprawie otrzymane poprzednio wyniki zostały rozszerzone, a także uzupełnione o dane dotyczące *E. hispidus*. Porównano również genetycznie te dwa spokrewnione gatunki perzu.

O genetycznym zróżnicowaniu poszczególnych populacji mówi procent polimorficznych prążków, obliczony jako iloraz liczby prążków polimorficznych w populacji do całkowitej liczby zanotowanych prążków (PPB – percentage of polymorphic bands) (Li & Ge 2001). Dla wszystkich populacji *E. repens* łącznie, przy użyciu 4 par staterów, stwierdzono w sumie 279 fragmentów AFLP, z czego 104 (37,28%) prążki były polimorficzne, a 175 (62,72%) prążków było monomorficznych (Tab. 22). Polimorfizm genetyczny poszczególnych populacji *Elymus repens* był stosunkowo wyrównany i mieścił się w zakresie od 2,74% (próba R-56) do 10,19% (próba R-86) (Tab. 21).

Tabela 22. Liczba polimorficznych i monomorficznych fragmentów DNA wyróżnionych metodą AFLP, przy użyciu 4 par selektywnych starterów dla *Elymus repens* i *Elymus hispidus*.

		Układy starterów									
<i>Eco</i> RI	AGT		AGG		ACT		ACC		Razem		
<i>Mse</i> I	CTT		CAG		CCG		CCA				
Gatunek	<i>Elymus repens</i>	<i>Elymus hispidus</i>	<i>Elymus repens</i>	<i>Elymus hispidus</i>	<i>Elymus repens</i>	<i>Elymus hispidus</i>	<i>Elymus repens</i>	<i>Elymus hispidus</i>	<i>Elymus repens</i>	<i>Elymus hispidus</i>	
Liczba polimorficznych loci	11	45	15	14	37	51	41	57	104	167	
Polimorfizm (%)	18,64	60,00	22,73	22,95	50,00	62,96	51,25	61,29	37,28	53,87	
Liczba monomorficznych loci	48	30	51	47	37	30	39	36	175	143	
Razem	59	75	66	61	74	81	80	93	279	310	

Na dendrogramie (Ryc. 36), przedstawiającym sposób grupowania populacji *Elymus repens* można zauważyć, że tworzą one specyficzne skupienia – okazy łączą się jedynie w obrębie poszczególnych populacji, a populacje są do siebie bardzo podobne genetycznie. Najbardziej odróżniała się populacja R-69, pochodząca z wybrzeża Bałtyku oraz próba R-56, zebrana w okolicach Suchedniowa (Wyżyna Kielecko-Sandomierska), na skraju lasu liściastego, gdzie rosła na glebie zasobnej w związki żelaza. Wyrażna odrębność genetyczna jest prawdopodobnie wynikiem silnego oddziaływania siedliska. Analiza skupień nie wykazała określonego wzoru geograficznego dla rozmieszczenia odmian *E. repens*.

Ocena genetycznej struktury populacji przeprowadzona za pomocą AMOVA, dowiodła, że największe istotne zróżnicowanie istniało pomiędzy populacjami, osiągając wartość 75,36% ($p < 0,001$), natomiast różnice genetyczne między odmianami *E. repens* były nieistotne ($p > 0,42$) (Tab. 23).

Tabela 23. Wyniki molekularnej analizy wariancji (AMOVA) dla 70 roślin z 7 populacji *Elymus repens*, opartej na 279 fragmentach AFLP. Poziom istotności został oparty na 1023 permutacjach; d.f. – ilość stopni swobody.

Poziom zmienności	d.f.	Składniki wariacji	Procent (%) zróżnicowania	<i>p</i>
zróżnicowanie między odmianami	2	0,13	0,74	nieistotne > 0,42
zróżnicowanie pomiędzy populacjami w obrębie odmiany	4	13,28	75,36	< 0,001
zróżnicowanie w populacji	64	4,21	23,90	< 0,001
całkowite zróżnicowanie	69	17,63		

Za pomocą wyników otrzymanych z testu Mantela stwierdzono, że genetyczna zmienność, wykazana poprzez zastosowanie metody AFLP, nie jest istotnie skorelowana ze zmiennością morfologiczną ($r = -0,58$, $P > 0,13$). Wykazano zatem, że *Elymus repens* jest znacznie bardziej zróżnicowany morfologicznie, przy jednoczesnej jednorodności

genetycznej. Pewne niewielkie różnice pomiędzy populacjami *Elymus repens* wynikają ze zmian genetycznych w niewielkiej liczbie loci. Duża mobilność i możliwości ekspresji genomu powodują powstawanie różnorodnej mozaiki morfologicznej perzu. Z tego też powodu nie ma podstaw do wyróżniania w obrębie gatunku dużej liczby, wysokiej rangi, jednostek wewnątrzgatunkowych. W przedstawianej rozprawie, głównie ze względów praktycznych, zaproponowano wyróżnienie trzech odmian: *Elymus repens* var. *repens*, *E. repens* var. *aristatus* oraz *E. repens* var. *subulatus*, które są odróżnialne morfologicznie, natomiast różnice genetyczne pomiędzy nimi są nieistotne.

3.2.3. Wewnątrzgatunkowa zmienność genetyczna *Elymus hispidus*

Przy użyciu wytypowanych czterech par selektywnych starterów otrzymano łącznie 310 markerów AFLP dla *Elymus hispidus*, z czego 167 (53,87%) było polimorficznych, a 143 monomorficznych (46,13%; Tab. 22). Polimorfizm *E. hispidus* był nieco wyższy niż *E. repens*. Natomiast w poszczególnych populacjach zaobserwowano duże zróżnicowanie pod względem polimorficznych fragmentów AFLP; od populacji prawie całkowicie wyrównanych genetycznie, w których tylko 1 prądek (0,27%) był polimorficzny (V-49), aż do populacji H-80, gdzie zanotowano aż 90 polimorficznych prązków (Tab. 21).

Analiza skupień pokazała wewnątrzgatunkową strukturę genetyczną *Elymus hispidus*. Na dendrogramie można stwierdzić brak wyraźnych, odrębnych skupień, odpowiadających odmianom *E. hispidus* var. *hispidus* i *E. hispidus* var. *villosus* (Ryc. 36). Poszczególne populacje charakteryzują się lokalnymi genotypami i tworzą własne podgrupy, jednak kilka okazów z populacji H-80, zostało wydzielonych z całości i utworzyło własną, najbardziej skrajną podgrupę. Mogły to być osobniki pośrednie, które posiadały geny pochodzące od *E. repens*, morfologicznie jednak były podobne do typowych okazów *E. hispidus* var. *hispidus*.

Próba populacyjna H-80 została zebrana w Gródku nad Bugiem i pod względem cech morfologicznych została oznaczona jako typowy *Elymus hispidus* var. *hispidus*. Jednak bardzo wyraźna odrębność genetyczna od pozostałych populacji może być spowodowana obecnością genów *E. repens*, którego przedstawiciele występowały w sąsiedztwie stanowiska zbioru omawianej próby. Obecność takiej próby potwierdzają w pewnym stopniu wyniki analizy morfologicznej, z której wynikało, że większość populacji *E. hispidus* zebrana na wschodzie Polski miała charakter mniej lub bardziej pośredni.

Podczas badań terenowych na wschodzie kraju (Wyżyna Lubelska, Roztocze) trudno było odszukać czyste morfologicznie populacje *E. hispidus* (porównaj wyniki wielowymiarowej analizy morfologicznej rozdz. 3.1.4.). Genetyczne zróżnicowanie wewnątrzpopulacyjne *E. hispidus* nie wykazało istotnych różnic.

AMOVA przeprowadzona dla dwóch grup odpowiadających odmianom *Elymus hispidus* var. *hispidus* i *E. hispidus* var. *villosus* wykazała, że nie ma pomiędzy nimi istotnych różnic genetycznych ($p > 0,11$). Brak odrębności genetycznej nie daje podstaw do wyróżniania w obrębie *E. hispidus* wysokiej rangi wewnątrzgatunkowych jednostek taksonomicznych. Natomiast największą część zmienności genetycznej stwierdzono w obrębie populacji – 80,59%, $p < 0,001$ (Tab. 24), co może sugerować duży przepływ genów między populacjami w obrębie gatunku oraz możliwy udział innych genów pochodzących np. od *Elymus repens* (próba H-80, Tab. 21).

Tabela 24. Wyniki molekularnej analizy wariancji (AMOVA) dla 60 roślin z 6 populacji *Elymus hispidus*, opartej na 261 fragmentach AFLP. Poziom istotności został oparty na 1023 permutacjach.

Poziom zmienności	d.f.	Składniki wariancji	Procent (%) zróżnicowania	<i>p</i>
zróżnicowanie między odmianami	1	1,39	4,55	nieistotne > 0,11
zróżnicowanie pomiędzy populacjami w obrębie odmiany	4	24,66	80,59	< 0,001
zróżnicowanie w populacji	54	4,54	14,85	–
całkowite zróżnicowanie	59	30,59		

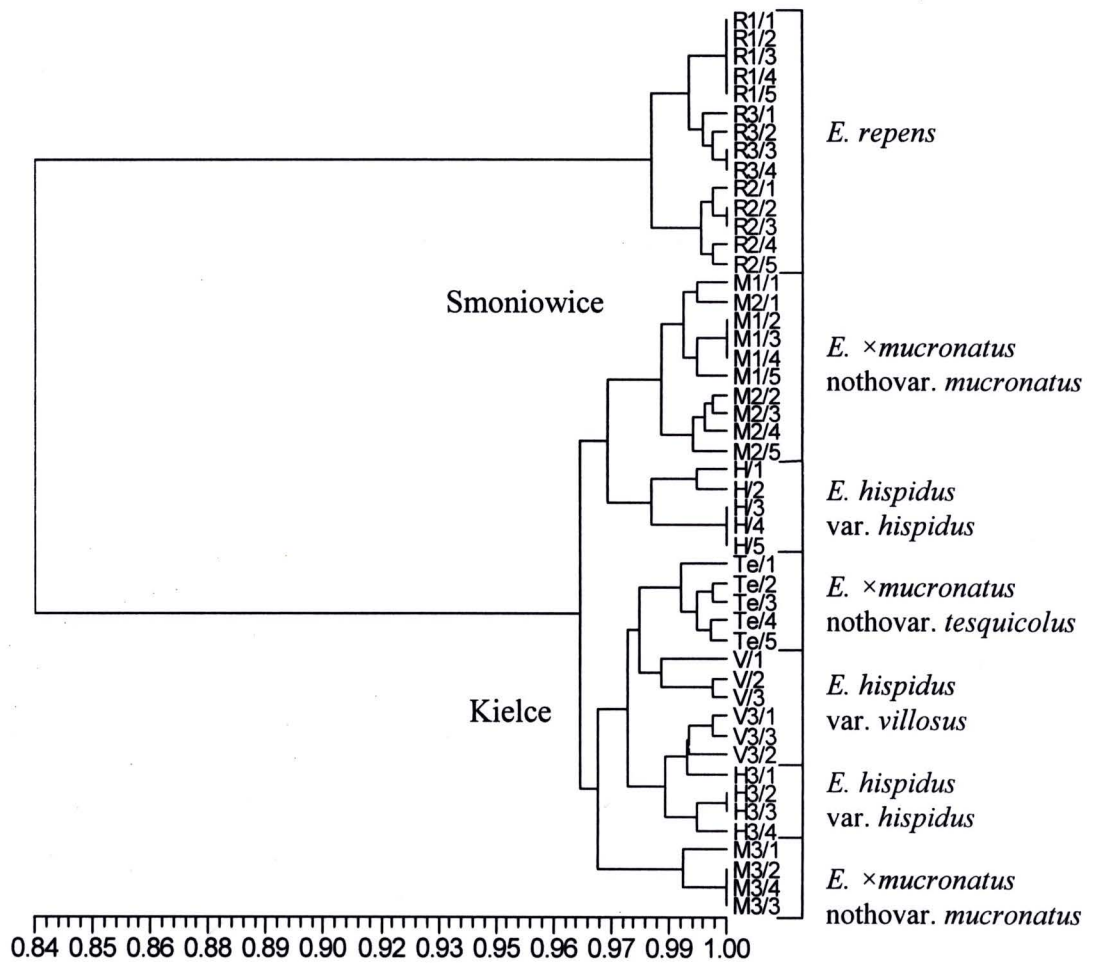
W pozostałych, czystych populacjach *Elymus hispidus* stwierdzono odrębne genotypy, jednakowe dla wszystkich badanych okazów pochodzący z tej samej populacji (Tab. 21). Mniejsze wewnątrzpopulacyjne zróżnicowanie genetyczne *E. hispidus* niż *E. repens* może być spowodowane specyficznymi wymaganiami siedliskowymi perzu sinego i znacznie mniejszym obszarem występowania na terenie Polski. Do wstępnych

badania starano się dobrać próby czyste morfologicznie, aby uzyskać właściwy obraz zmienności genetycznej i móc ją porównać ze zróżnicowaniem genetycznym *E. repens*. *E. repens* posiada zdolności adaptacyjne do zmieniających się warunków siedliskowych, które muszą być do pewnego stopnia warunkowane genetycznie. Jest uciążliwym chwastem, który narażony jest ze strony człowieka na oddziaływanie różnych czynników ułatwiających jego zwalczanie. Naturalna selekcja, faworyzująca bardziej plastyczne genotypy *E. repens*, wpływa na powstawanie specyficznych dla poszczególnych populacji genotypów, które jednak różnią się między sobą w niewielkiej liczbie loci. Jednak różnice te gwarantują przetrwanie i sukces rozrodczy populacji w określonych warunkach siedliskowych.

3.2.4. Wzór zmienności mieszańców

Analiza zróżnicowania okazów rodzicielskich (*Elymus repens*, *E. hispidus* var. *hispidus* oraz *E. hispidus* var. *villosus*) i mieszańcowych (*E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* i *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*), pochodzących z jednej populacji lokalnej wykazała, że są one wszystkie podobne genetycznie (Ryc. 37). Najbardziej odrębny okazał się oczywiście *E. repens* (R1, R2, R3), jednak był podobny już na poziomie 0,84 do *E. hispidus* i mieszańców. Wyższe międzygatunkowe podobieństwo genetyczne, niż miało miejsce w populacjach zebranych z miejsc, gdzie nie występowały inne gatunki (Ryc. 36; współczynnik podobieństwa = 0,65), wynika z możliwości swobodnego przepływu genów między taksonami i w związku z tym tworzenia spontanicznych mieszańców pokolenia F1 oraz kolejnych pokoleń introgresywnych.

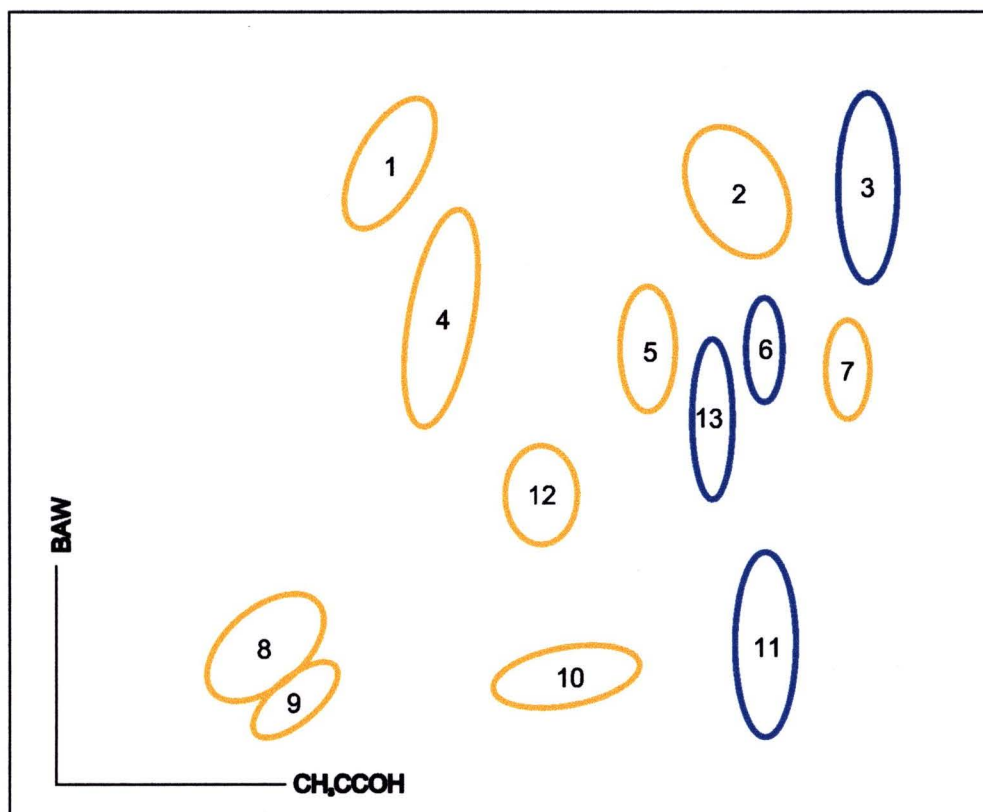
Elymus hispidus w obu odmianach (próby: H, H3, V, V3; Ryc. 37) oraz mieszańce (M1, M2, M3, Te) utworzyły odrębną grupę w analizie skupień. Podzielona jest ona jednak znowu ze względu na stanowiska zbioru (Smoniewice i Kielce), a nie ze względu na taksony wyróżnione morfologicznie. Stwierdzono, że mieszańce i *E. hispidus* pochodzące z tej samej populacji lokalnej są bardziej genetycznie do siebie podobne, niż do odpowiednich taksonów zebranych z innej populacji, co wskazywałoby również na procesy introgresji zachodzące w obrębie jednego siedliska. Okazy mieszańcowe wykazują większe podobieństwo genetyczne do *E. hispidus* niż do *E. repens*, co również zostało stwierdzone na podstawie badań morfologicznych (mieszańce generalnie są bardziej morfologicznie podobne do *E. hispidus* niż do *E. repens*).



Ryc. 37. Dendrogram podobieństw genetycznych okazów rodzicielskich *Elymus repens* i *E. hispidus* oraz form mieszańcowych, oparty na współczynnikach podobieństwa Nei i Li (1979), z zastosowaniem metody średnich połączeń (UPGMA). Skróty nazw populacji znajdują się w tabeli 5 na stronie 32.

3.3. Zmienność chemotaksonomiczna

Do badań chemotaksonomicznych włączono okazy z wybranych 10 populacji *Elymus repens* i 6 populacji *E. hispidus*, reprezentujące różne morfotypy (Tab. 6). W całym materiale stwierdzono występowanie 13 plam, które były jednoznaczne i powtarzały się w kolejnych powtórzeniach tej samej próby (Tab. 25, Ryc. 38). W świetle UV 9 plam było żółtych, a 4 niebieskie. Stwierdzono, że badane gatunki perzu różnią się jedynie dwoma plamami: 12 i 13, które są charakterystyczne dla *E. hispidus*. Nie stwierdzono specyficznych plam dla odmian w obrębie *E. hispidus*. Natomiast w niektórych populacjach *E. repens* var. *aristatus* zanotowano brak plam 2 i 3, jednak nie była to stała cecha dla morfotypu ościstego. W badaniach chemotaksonomicznych nie stwierdzono stałości występowania odrębnych plam, charakterystycznych dla poszczególnych morfotypów *E. repens* i *E. hispidus*, co potwierdza słuszność przypisania im niskiej rangi taksonomicznej, jaką jest odmiana.



Ryc. 38. Chromatogram związków fenolowych stwierdzonych w liściach *Elymus repens* i *E. hispidus*.

Tabela 25. Występowanie plam związków fenolowych stwierdzonych w liściach *Elymus repens* i *E. hispidus*; „+” plama obecna, „-” plama nieobecna. Numery i kolory plam na rysunku (Ryc. 38). Kolorem niebieskim zaznaczono populacje *E. repens* var. *repens*, czerwonym – *E. repens* var. *aristatus*, zielonym – *E. repens* var. *subulatus*, szarym – zróżnicowaną populację *E. repens*, różowym – *E. hispidus* var. *hispidus*, oliwkowym – *E. hispidus* var. *villosus*. Skrótów nazw populacji znajdują się w tabeli 3 na stronie 18.

Takson	Populacja	Nr plamy												
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
<i>Elymus repens</i>	R-33	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-
	R-56	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-
	R-71	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	-	-	-
	R-78	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	-	-
	R-81	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-
	R-60	+	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-
	R-67	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-
	R-88	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-
	R-69	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	-
	R-49	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-
<i>Elymus hispidus</i>	H-53	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	H-80	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	H-85	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	V-6	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	V-53	-	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+
	V-51	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+

3.4. Zmienność anatomiczna *Elymus repens*, *Elymus hispidus* oraz mieszańców

3.4.1. Anatomia liści

Przekroje poprzeczne liści i plew wykonano i przeanalizowano dla 10 roślin z populacji *Elymus repens* i *E. hispidus* (Tab. 3 i 6), reprezentujących różne morfotypy.

Błaszka liściowa *Elymus repens* jest stosunkowo płaska z zaznaczonymi nerwami liściowymi na górnej powierzchni (Ryc. 39A, B). Każdy nerw liściowy utworzony jest przez pojedyncze wiązki przewodzące, zanurzone w mezofilu, który wypełnia największą część liścia. Dolna powierzchnia blaszki liściowej jest prawie zupełnie płaska. U okazów rosnących w suchych siedliskach występuje cienka warstwa kutykuli na powierzchni epidermy, nadająca liściom sino-zielony kolor. Komórki epidermy w przekroju poprzecznym są wydłużone i posiadają słabo, nierównomiernie zgrubiałe ściany boczne.

W dolnej i górnej epidermie licznie występują aparaty szparkowe. Duże, znacznie większe od komórek epidermy są komórki zawiasowe (umożliwiające zwijanie liścia do środka), występujące regularnie pomiędzy nerwami (po 3–5) i w niewielkim stopniu zagłębione w górnej epidermie. Tkanka sklerenchymatyczna tworzy wąskie, wzmacniająca pasma od strony górnej i dolnej wiązek przewodzących (Ryc 39B). Ostro zakończony brzeg blaszki liściowej wypełniony jest warstwą sklerenchymy (leżącą pomiędzy dolną i górną epidermą), mającą na przekroju poprzecznym kształt trójkątny (Ryc. 39A).

W wyniku analizy anatomii liścia, nie stwierdzono specyficznych różnic pomiędzy odmianami *Elymus repens*. Okazy różnią się jedynie obecnością lub brakiem jednokomórkowych włosków na górnej albo dolnej epidermie. Włoski u *E. repens* mogą być wydłużone i rozrzucone nieregularnie na całej powierzchni liścia, albo są to krótkie, ostre wytwory epidermy, występujące na grzbiecie nerwów liściowych oraz na dolnej powierzchni blaszki liściowej. Charakter i obecność owłosienia liści jest cechą bardzo zmienną w obrębie *E. repens*. Stwierdzono również, że najbardziej różniące się budową anatomiczną liście występowały w próbie R-69, zebranej na piasku nadmorskim. Charakteryzowały się one bardziej wydatnymi nerwami i większymi komórkami zawiasowymi niż u typowych okazów perzu właściwego, co może wskazywać na modyfikujący wpływ suchego siedliska i pewne różnice ekotypowe, charakterystyczne dla populacji *E. repens*.

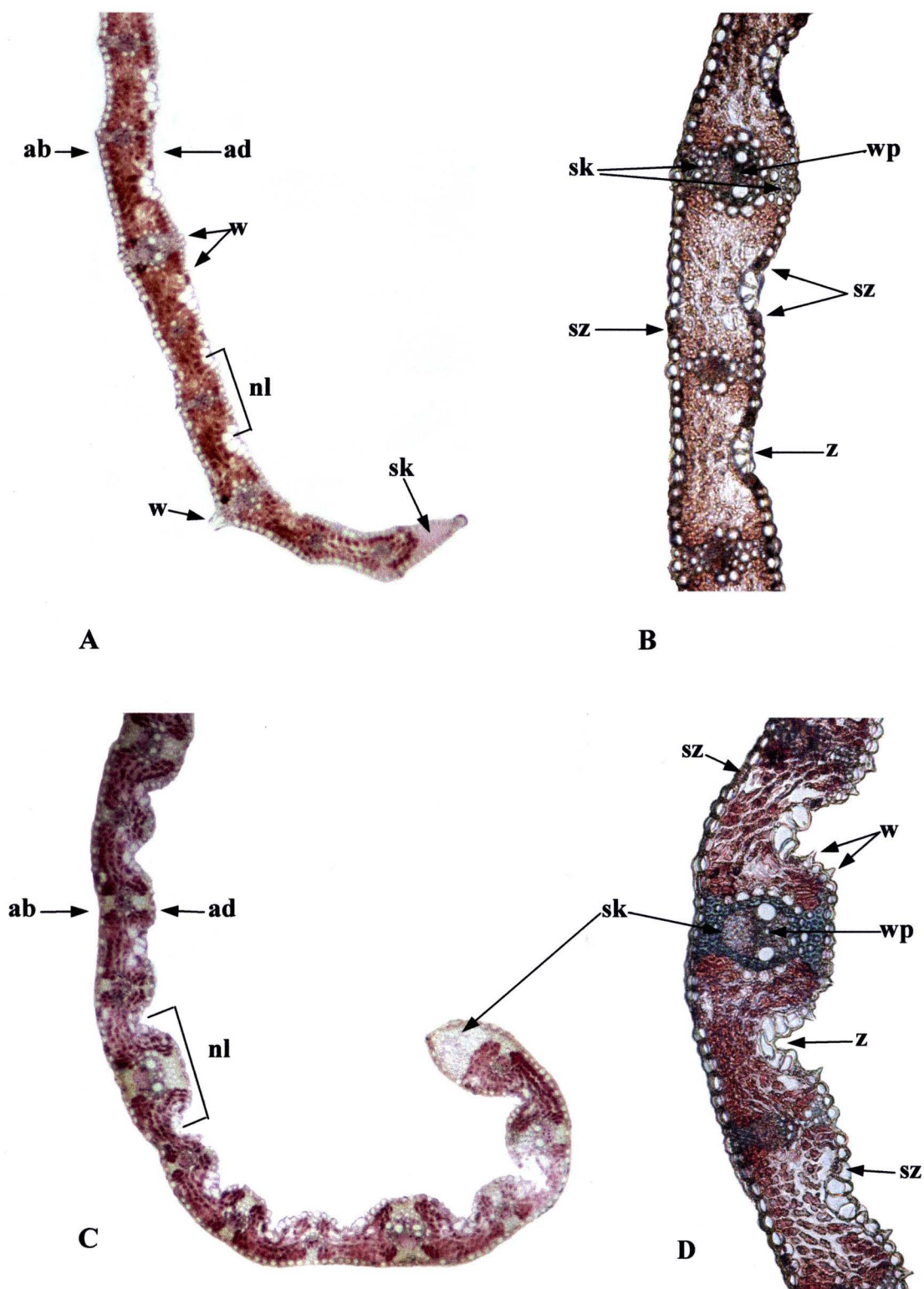
Blaszka liściowa u *Elymus hispidus* jest stosunkowo gruba i sztywna, ze znacznie bardziej wyraźnie zaznaczonymi nerwami liściowymi na górnej powierzchni, niż u *E. repens*. Dolna powierzchnia liścia jest lekko falista (Ryc. 39C). Zewnętrzne ściany epidermy pokryte są kutykulą oraz często także woskiem, tworzącym siny nalot. Boczne ściany epidermy, widoczne na przekroju poprzecznym, są silnie zgrubiałe i zawierają kryształy krzemionkowe. Komórki zawiasowe, pomiędzy nerwami, są bardziej zanurzone w mezofilu niż u *E. repens*, i występują w grupach po 5–7 komórek (Ryc. 39D). Sklerenchyma, otaczająca wiązki przewodzące, jest lepiej rozwinięta niż u *E. repens* i tworzy grubsze pasma. Brzeg blaszki liściowej zawiera grubą warstwę sklerenchymy, mającą na przekroju poprzecznym kształt owalny (Ryc. 39C).

Przeprowadzona analiza budowy anatomicznej liści nie wykazała różnic pomiędzy odmianami *Elymus hispidus*. Stwierdzono jedynie zmienność w występowaniu jednokomórkowych włosków na górnej i dolnej powierzchni liścia, będących tworem epidermy. Stosunkowo częściej spotykano gęsto owłosione blaszki liściowe na obu powierzchniach u *E. hispidus* var. *villosus*, jednak u typowej odmiany *E. hispidus* var.

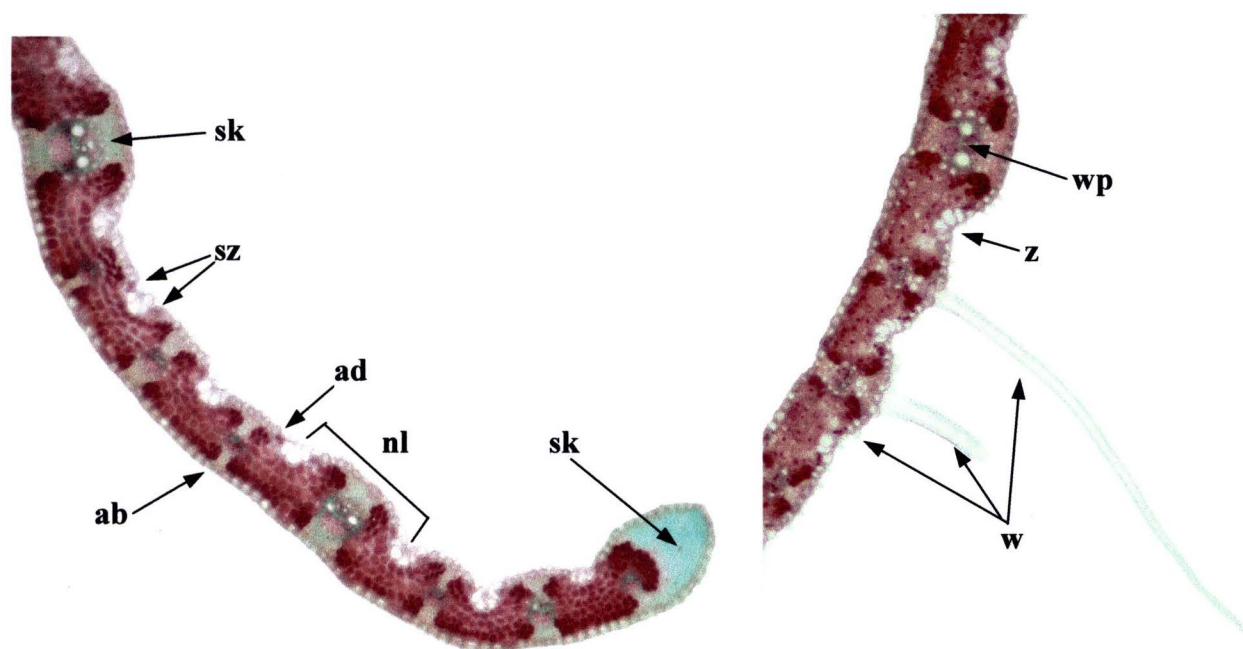
hispidus również obserwowano mniej lub bardziej owłosione liście. Wydłużone, jednokomórkowe włoski tworzyły czasem miękkie i gęste pokrycie górnej powierzchni liścia u *E. hispidus* var. *villosus*.

Budowa anatomiczna liści u form mieszańcowych *Elymus* ×*mucronatus* wykazuje cechy pośrednie pomiędzy gatunkami rodzicielskimi. Błazki liściowe są nieco grubsze niż u *E. repens*, ale nie tak grube jak u *E. hispidus*, z dobrze zaznaczonymi nerwami na górnej powierzchni (Ryc. 40). Nerwy liściowe utworzone są przez pojedyncze wiązki przewodzące. Powierzchnia liścia pokryta jest często grubą warstwą kutykuli. Komórki epidermy na przekroju poprzecznym mają kształt podłużny i zawierają kryształy krzemionkowe. Komórki zawiasowe są płycej zanurzone w mezofilu niż u *E. hispidus*, ale głębiej niż u *E. repens* (Ryc. 40). Grubość tkanki sklerenchymatycznej, wzmacniającej wiązki przewodzące, jest większa niż u *E. repens*, podobna do *E. hispidus*. Brzeg liścia jest zgrubiały, ze stosunkowo grubą warstwą sklerenchymy. Na górnej powierzchni liścia obecne są krótkie lub wydłużone, jednokomórkowe włoski (Ryc. 40), częściej występujące u *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*, jednak nie jest to stała cecha charakteryzująca ten takson.

Generalnie można stwierdzić, że nie ma istotnych różnic w budowie anatomicznej odmian *Elymus* ×*mucronatus*, a liście mieszańców są bardziej podobne do *E. hispidus* niż do *E. repens*.



Ryc. 39. Budowa anatomiczna blaszki liściowej; **A.** *Elymus repens* (pow. 4x), **B.** *E. repens* (pow. 10x), **C.** *E. hispidus* (pow. 4x), **D.** *E. hispidus* (pow. 10x); **ab** – strona dolna liścia (abaxialna), **ad** – strona górna liścia (adaxialna), **nl** – nerw liściowy, **sk** – sklerenchyma, **sz** – aparaty szparkowe, **w** – włoski jednokomórkowe, **wp** – wiązki przewodzące, **z** – komórki zawiasowe.



Ryc. 40. Budowa anatomiczna blaszki liściowej: *Elymus* × *mucronatus* (pow. 4x); **ab** – strona dolna liścia (abaxialna), **ad** – strona górna liścia (adaxialna), **nl** – nerw liściowy, **sk** – sklerenchyma, **sz** – aparaty szparkowe, **w** – włoski jednokomórkowe, **wp** – wiązki przewodzące, **z** – komórki zawiasowe.

3.4.2. Anatomia plew

Plewy u *Elymus repens* są sztywne, grzbieto-brzusznie wygięte oraz posiadają wyraźnie asymetrycznie położony, wydatny nerw główny oraz kilka mniej wypukłych nerwów (4–6), leżących po jego bokach (Ryc. 41A). Epiderma dolnej i górnej powierzchni plew zbudowana jest z prostokątnych komórek, widocznych na przekroju poprzecznym. Komórki epidermy górnej powierzchni plewy wytwarzają krótkie, ostre, jednokomórkowe włoski, występujące na całej długości nerwu głównego i nieco mniejsze na nerwach bocznych. Również na dolnej epidermie są obecne krótkie włoski, jednak nie tak sztywne i ostre jak na górnej powierzchni (Ryc. 41A). Wiązki przewodzące otoczone są od dolnej i górnej strony kilkoma pasmami sklerenchymy. Widoczne na powierzchni plew nerwy utworzone są przez pojedyncze wiązki przewodzące (Ryc. 41A). Przestrzenie między wiązkami przewodzącymi wypełnia tkanka mięksiszowa, tworząca zwarte pasma (obserwowane na przekroju poprzecznym) pomiędzy górną i dolną epidermą (Ryc. 41A).

Na podstawie analizy budowy anatomicznej plew okazów wyróżnionych odmian *Elymus repens* nie stwierdzono pomiędzy nimi zasadniczych różnic. Jedynie u roślin

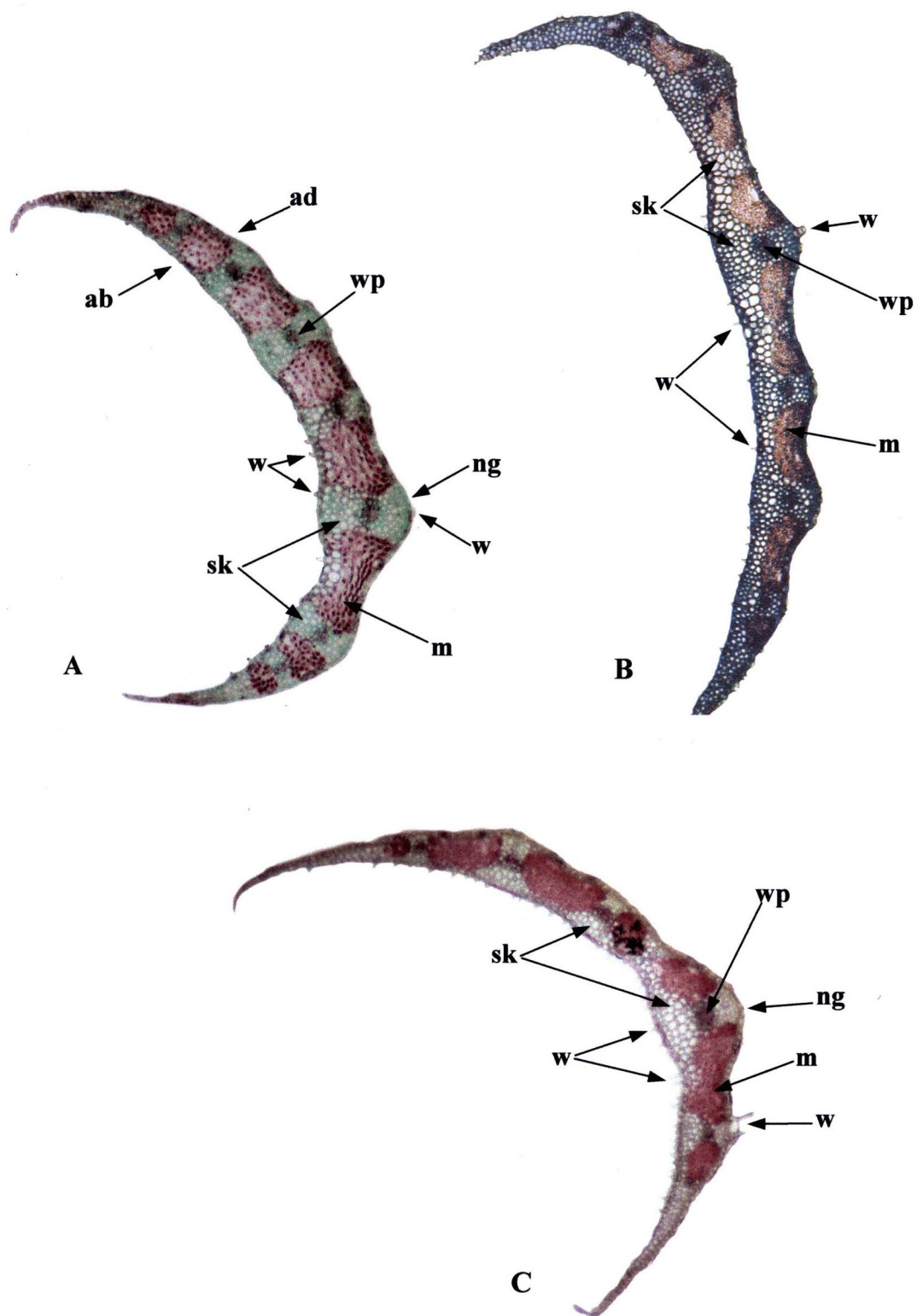
zebranych z suchych, kserotermicznych miejsc, zaobserwowano obecność cienkiej warstwy kutykuli na górnej powierzchni plew.

Elymus hispidus posiada również wygięte plewy, ale bez wyróżniającego się nerwu głównego (Ryc. 41B). Komórki epidermy mają prostokątny kształt na przekroju poprzecznym i wytwarzają jednokomórkowe włoski na dolnej i górnej powierzchni plew. Rzadziej niż u *E. repens* obserwowano u *E. hispidus* krótkie, ostre włoski na górnej powierzchni plew, częściej są one wydłużone i tworzą miękkie pokrycie charakterystyczne dla *E. hispidus* var. *villosus*. Gęstość owłosienia jest jednak cechą zmienną. U *E. hispidus* var. *hispidus* plewy są nieowłosione. W komórkach epidermy często występują kuliste kryształy krzemionkowe, charakterystyczne dla całego gatunku *Elymus hispidus*. Wiązki przewodzące otoczone są od dołu i od góry kilkoma warstwami sklerenchymy, która od dolnej strony plew tworzy ciągłą warstwę, graniczącą z dolną epidermą (Ryc. 41B). Większa ilość tkanki sklerenchymatycznej powoduje, że plewy u *E. hispidus* są sztywniejsze i mocniejsze niż u *E. repens*. Tkanka mięsiszowa tworzy półksiężycowate skupienia pomiędzy wiązkami przewodzącymi.

Odmiany *Elymus hispidus* różnią się w budowie anatomicznej przede wszystkim brakiem lub obecnością owłosienia górnej powierzchni plew.

Budowa anatomiczna plew u mieszańców *Elymus ×mucronatus* wykazuje cechy pośrednie gatunków rodzicielskich. Plewy posiadają wyraźny, asymetryczny nerw główny, podobnie do *E. repens* (Ryc. 41C). Komórki epidermy mają wydłużony kształt na przekroju poprzecznym i wytwarzają krótkie, jednokomórkowe włoski na dolnej epidermie oraz wydłużone, jednokomórkowe włoski na górnej epidermie. Plewy gęsto owłosione na górnej powierzchni są charakterystyczne dla *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*, jednak u *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* również mogą występować pojedyncze, długie włoski na szczycie i brzegach plew. W komórkach epidermy obecne są kryształy krzemionkowe podobnie jak u *E. hispidus*. Sklerenchyma nie tworzy tak zwartej warstwy jak u *E. hispidus* i miejscami jest poprzedzielana tkanką mięsiszową (Ryc. 41C).

Dwie wyróżnione odmiany mieszańców *Elymus ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* oraz *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus* różnią się w budowie anatomicznej głównie stopniem owłosienia górnej powierzchni plew.



Ryc. 41. Budowa anatomiczna plew: **A.** *Elymus repens*, **B.** *E. hispidus*, **C.** *E. ×mucronatus*; **ab** – strona dolna plewy (abaxialna), **ad** – strona górna plewy (adaxialna), **m** – miękisz asymilacyjny, **ng** – nerw główny, **sk** – sklerenchyma, **w** – włoski jednokomórkowe, **wp** – wiązki przewodzące, pow. 20x.

3.5. Badania cytologiczne

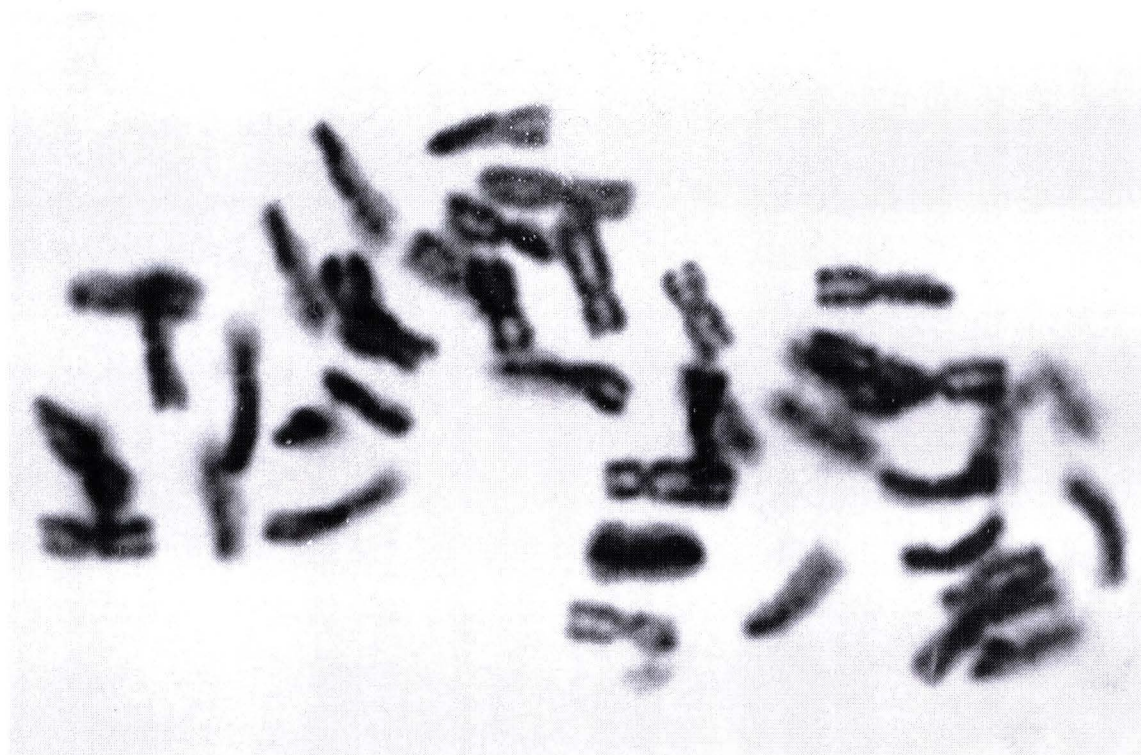
3.5.1. Liczby chromosomów

Elymus repens

W czasie badań ustalono następujące liczby chromosomów dla *Elymus repens*: $2n=42$ (Ryc. 42) dla populacji: R-49, R-33, R-78 i R-69, oraz $2n=28$ dla populacji R-56 (numery populacji według Tab. 3).

Do tej pory w Polsce stwierdzono występowanie heksaploidów (Frey i in. 1977; Rychlewski 1980), a liczba tetraploidalna znaleziona została po raz pierwszy w toku niniejszych badań.

Poza Polską najczęściej podawano liczbę heksaploidalną $2n=42$ (np. Heneen 1962; Bowden 1965; Assadi 1995 i inni), rzadziej tetraploidalną $2n=28$ (Avdulov 1931; Heiser & Whitaker 1948; Singh 1964). Oktoploidy $2n=56$ zanotowali badacze japońscy (Sakamoto & Maramatsu 1963), jednak liczba ta nie została dotąd potwierdzona i wydaje się zupełnie wyjątkową dla tego gatunku.

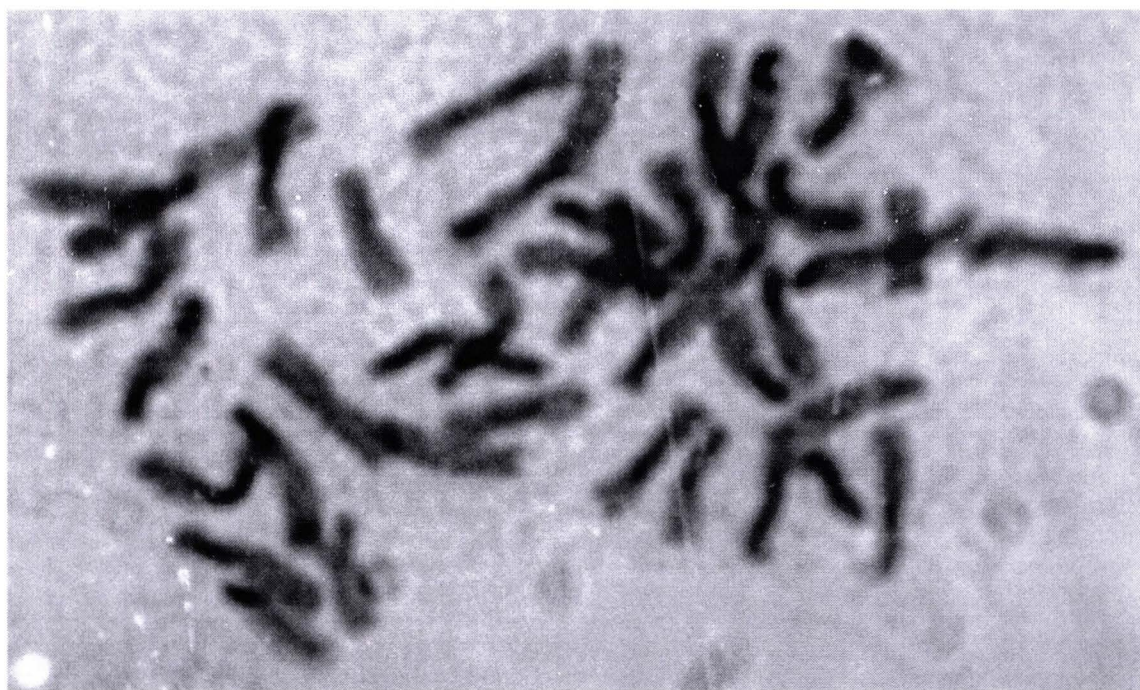


Ryc. 42. Płytki metafazowa *Elymus repens* (L.) Gould (R-33), $2n=42$. Powiększenie 1200x.

Elymus hispidus

Na podstawie okazów *Elymus hispidus* var. *hispidus* pochodzących z trzech stanowisk (H-80, H-82, H-82; Tab. 3) we wszystkich przypadkach stwierdzono heksaploidalną liczbę $2n=42$ (Ryc. 43).

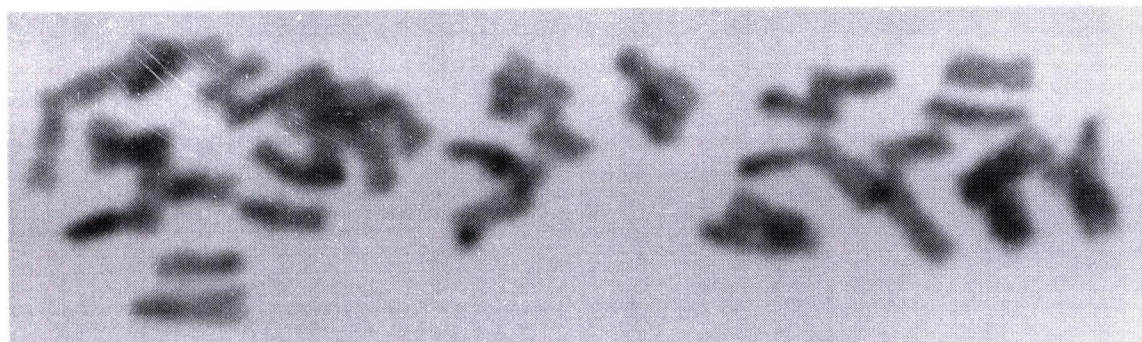
Elymus hispidus subsp. *hispidus* jest taksonem mało zróżnicowanym kariologicznie. Najczęściej podawana jest powyższa liczba $2n=42$ (np. Bowden 1965; Schultz-Schaeffer & Jura 1967; Löve 1986; Assadi 1995) i tylko taka liczba została obliczona dla polskich okazów podczas badań własnych i innych autorów (Rychlewski 1985). Rzadziej spotykane są aneuploidy z liczbą chromosomów $2n=43$ (Bowden 1965; Assadi 1995). Stwierdzono również występowanie tetraploidalnych okazów o $2n=28$ (Bowden 1965; Bolkhovskikh i in. 1969).



Ryc. 43. Płytki metafazowa *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *hispidus* (H-82), $2n=42$. Powiększenie 1200x.

Dla okazów *Elymus hispidus* var. *villosus* z terenu Polski po raz pierwszy w trakcie niniejszych badań, została obliczona liczba chromosomów $2n=42$ (Ryc. 44).

Tę samą liczbę chromosomów opublikowali również inni autorzy (np. Schultz-Schaeffer & Jurasits 1962; Dewey 1963 b; Bowden 1965; Löve 1984, 1986; Májovský & Murín 1987; Assadi 1995). Rzadko podawane są liczby aneuploidalne $2n=43$ i $2n=41$ (Assadi 1995).



Ryc. 44. Płytki metafazowa *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *villosus* (Hack.) Assadi (V-52), $2n=42$. Powiększenie 1200x.

3.5.2. Kariotyp

W tabelach (Tab. 26, 27) zamieszczono dane dotyczące morfologii chromosomów *Elymus hispidus* var. *hispidus* (H-80) oraz *E. hispidus* var. *villosus* (V-52), będące uśrednieniem pomiarów wykonanych w obrębie 3 płytek metafazowych. Chromosomy w tabelach i na idiogramach (Ryc. 45 i 46) ułożono według typów chromosomowych (metacentryczne i submetacentryczne (Levan i in. 1964), a w obrębie każdego typu według bezwzględnej długości chromosomów.

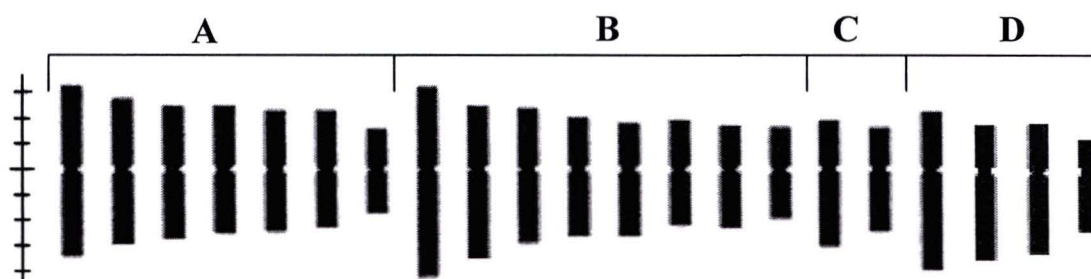
Analiza liczby chromosomów wykazała, że obie badane odmiany *Elymus hispidus* to heksaploidy, a na podstawie analizy kariotypu stwierdzono, że ich genom zbudowany jest z chromosomów metacentrycznych i submetacentrycznych. Genom *E. hispidus* var. *hispidus* składa się z 17 par chromosomów metacentrycznych i 4 par submetacentrycznych (Tab. 26), natomiast *E. hispidus* var. *villosus* posiada 19 par chromosomów metacentrycznych i 2 pary submetacentrycznych (Tab. 27). Z tabel (Tab. 26 i 27) oraz z idiogramów (Ryc. 45 i 46) wynika, że w grupie chromosomów metacentrycznych również istnieje zróżnicowanie odnośnie morfologii chromosomów, stąd ich podział na trzy grupy (A, B, C, Ryc. 45 i 46).

Tabela 26. Struktura genomu (kariotyp) *Elymus hispidus* var. *hispidus* ($2n=42$). Wartości podano w μm .

Typ*	Numer chromosomu w wydzielonych typach	Długość całkowita chromosomu (T)	Długość dłuższego ramienia chromosomu (L)	Długość krótszego ramienia chromosomu (S)	Stosunek ramion (L/S)	Położenie centromeru**
A	I	6,59	3,36	3,23	1,04	m
	II	5,61	2,90	2,71	1,07	m
	III	5,13	2,71	2,42	1,12	m
	IV	4,95	2,49	2,46	1,01	m
	V	4,70	2,42	2,29	1,06	m
	VI	4,58	2,31	2,27	1,02	m
	VII	3,18	1,62	1,57	1,03	m
B	VIII	7,34	4,18	3,16	1,32	m
	IX	5,91	3,47	2,44	1,42	m
	X SAT	5,19	2,80	2,39	1,17	m
	XI SAT	4,60	2,60	2,00	1,30	m
	XII	4,38	2,56	1,82	1,41	m
	XIII	4,08	2,19	1,89	1,16	m
	XIV	3,91	2,21	1,70	1,30	m
	XV	3,49	1,91	1,57	1,22	m
C	XVI	4,03	2,49	1,54	1,61	m
	XVII	4,91	3,04	1,87	1,63	m
D	XVIII	6,06	3,87	2,19	1,77	sm
	XIX	5,23	3,45	1,78	1,94	sm
	XX	5,09	3,24	1,85	1,75	sm
	XXI	3,58	2,34	1,25	1,87	sm

* – typy chromosomów wydzielono według stosunku długości ramion (L/S).

** – m: metacentryczny, sm: submetacentryczny.



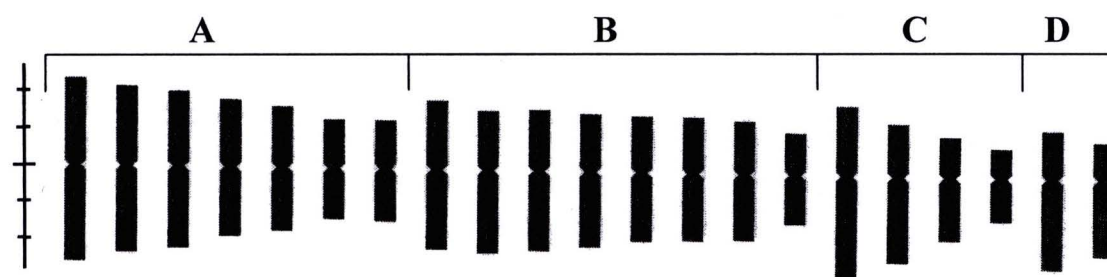
Ryc. 45. Idiogram haploidalnego zestawu chromosomów *Elymus hispidus* var. *hispidus* ($2n=42$). Chromosomy zostały ułożone według typów z tabeli (Tab. 26). Jednostka skali równa jest $1 \mu\text{m}$.

Tabela 27. Struktura genomu (kariotyp) *Elymus hispidus* var. *villosus* ($2n=42$). Wartości podano w μm .

Typ*	Numer chromosomu w wydzielonych typach	Długość całkowita chromosomu (T)	Długość dłuższego ramienia chromosomu (L)	Długość krótszego ramienia chromosomu (S)	Stosunek ramion (L/S)	Położenie centromeru**
A	I	4,92	2,57	2,35	1,10	m
	II	4,47	2,32	2,15	1,08	m
	III	4,22	2,21	2,01	1,10	m
	IV	3,68	1,88	1,80	1,04	m
	V	3,32	1,72	1,61	1,07	m
	VI	2,66	1,38	1,28	1,08	m
	VII	2,72	1,42	1,30	1,10	m
B	VIII	3,99	2,18	1,81	1,21	m
	IX	3,85	2,24	1,61	1,39	m
	X	3,79	2,17	1,62	1,33	m
	XI	3,60	2,05	1,54	1,33	m
	XII	3,36	1,88	1,48	1,27	m
	XIII	3,33	1,83	1,50	1,22	m
	XIV	3,20	1,81	1,39	1,30	m
	XV	2,47	1,33	1,13	1,18	m
C	XVI	4,73	2,89	1,85	1,56	m
	XVII	3,76	2,32	1,44	1,61	m
	XVIII	2,81	1,72	1,09	1,58	m
	XIX	1,97	1,17	0,80	1,47	m
D	XX	3,76	2,46	1,29	1,90	sm
	XXI	3,07	2,07	1,00	2,06	sm

* – typy chromosomów wydzielono według stosunku długości ramion (L/S).

** – m: metacentryczny, sm: submetacentryczny.



Ryc. 46. Idiogram haploidalnego zestawu chromosomów *Elymus hispidus* var. *villosus* ($2n=42$). Chromosomy zostały ułożone według typów z tabeli (Tab. 27). Jednostka skali równa jest 1 μm .

W niektórych płytkach metafazowych *Elymus hispidus* var. *hispidus* stwierdzono obecność jednej lub dwóch par chromosomów z organizatorami jąder (SAT), co potwierdzałyby wyniki uzyskane przez innych badaczy (Schulz-Schaeffer & Jura 1967). SAT-chromosomy wykazują dużą zmienność w obrębie kariotypów, co przejawia się w wyraźnej heterozygotyczności strukturalnej tych par chromosomów (Joachimiak 1994). Dlatego prawdopodobnie nie we wszystkich analizowanych płytkach metafazowych udało się zidentyfikować chromosomy z organizatorami jąder. W związku z tym jedynie w tabeli (Tab. 26) zaznaczono te chromosomy, u których stwierdzono obecność przewężenia wtórnego.

U *Elymus hispidus* var. *villosus* nie stwierdzono obecności SAT-chromosomów, o których donoszą wcześniejsze prace (Schulz-Schaeffer & Jurasits 1962). W związku z obserwowanym dużym zróżnicowaniem SAT-chromosomów, być może udałoby się je odnaleźć w szerszym materiale.

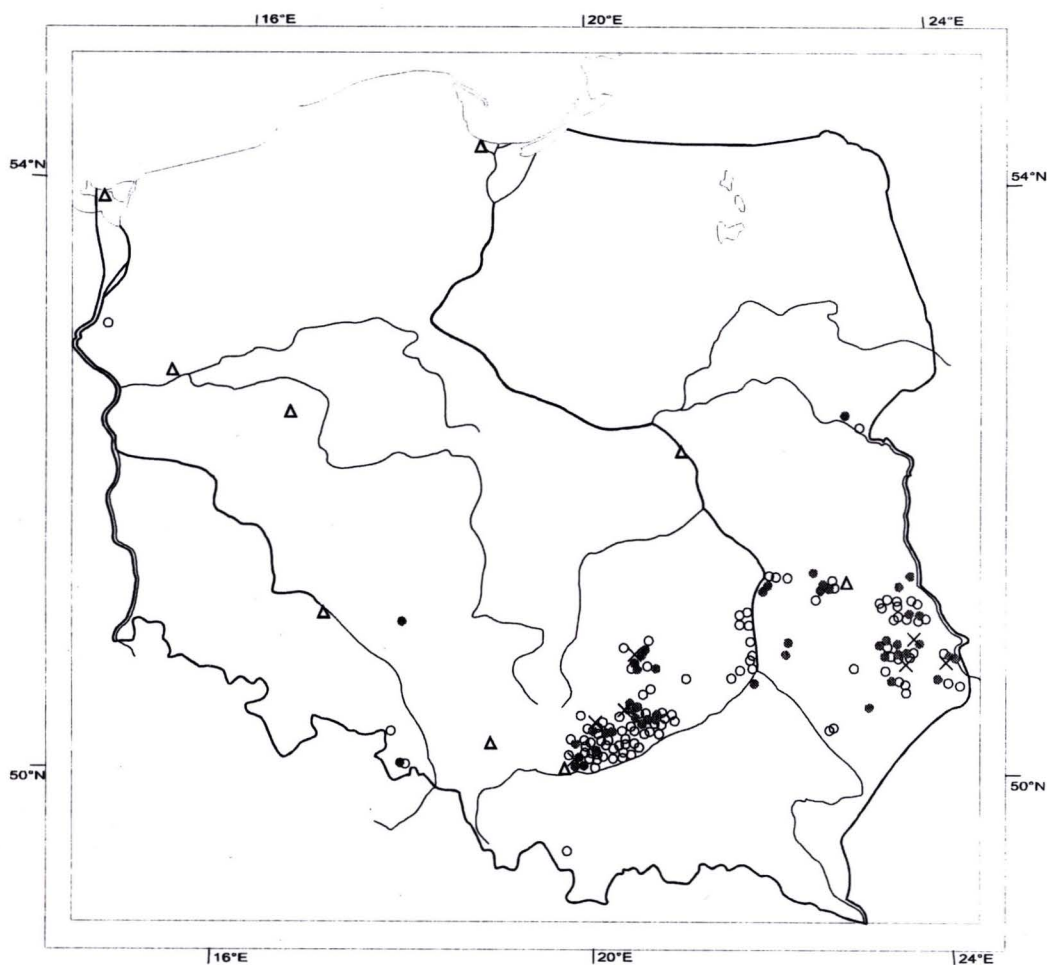
Obie badane odmiany *E. hispidus* różnią się całkowitą długością genomu, która u *E. hispidus* var. *hispidus* wynosi 102,54 μm , a u *E. hispidus* var. *villosus* – 73,68 μm .

Reasumując: analiza kariotypu nie wykazała istotnych różnic pomiędzy odmianami *E. hispidus*, co również przemawia za bliskim pokrewieństwem obu taksonów, i jednocześnie potwierdza i uzupełnia wyniki uzyskane za pomocą badań morfologicznych i genetycznych.

3.6. Rozmieszczenie wyróżnionych jednostek taksonomicznych

Elymus repens jest na terenie całej Polski taksonem pospolitym, występującym zarówno w siedliskach naturalnych, półnaturalnych jak i zmienionych w wyniku działalności człowieka. Wyróżnione w pracy odmiany *E. repens* nie wykazują powiązania z położeniem geograficznym.

Dokładna analiza występowania *Elymus hispidus* w Polsce, prawdopodobnych dróg migracji oraz statusu syntaksonomicznego gatunku, została przedstawiona w pracy Szczepaniak (2001). *E. hispidus* osiąga na terenie Polski północną granicę zasięgu (Szafer i in. 1953), która dla var. *hispidus* rozciąga się od Polesia Wołyńskiego na wschodzie, poprzez Wyżynę Lubelską, Wyżynę Kielecko-Sandomierską, Niecek Nidziańską, Wyżynę Śląską aż do południowo-wschodnich krańców Niziny Śląskiej na zachodzie (Szczepaniak 2001, Ryc. 47).



Ryc. 47. Rozmieszczenie *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *hispidus*: ○ – stanowisko z literatury, ● – stanowisko z zielników oraz na podstawie własnych zbiorów terenowych, Δ – stanowisko antropogeniczne. Rozmieszczenie *Elymus ×mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *mucronatus* (Opiz) Szczepaniak comb. nova; × – stanowisko z zielników oraz na podstawie własnych zbiorów terenowych (na podstawie Szczepaniak 2001, zmienione).

Elymus hispidus var. *villosus* jest rzadszy niż typowa odmiana *E. hispidus*, i jego stanowiska najdalej na północnym wschodzie znajdują się na Nizinie Południowopodlaskiej, dalej na zachód granicę występowania stanowi Wyżyna Lubelska, Wyżyna Kielecko-Sandomierska i Niecka Nidziańska (Ryc. 48.). Stanowiska *E. hispidus* w kierunku zachodnim są coraz rzadsze, co jest prawdopodobnie związane z drogami migracji gatunku na teren Polski (Pawłowska 1966; Szczepaniak 2001).

Elymus ×mucronatus nothovar. *mucronatus* występuje pojedynczo w obrębie całego zasięgu *E. hispidus* (Ryc. 47), natomiast obecność *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus* stwierdzono na Wyżynie Kielecko-Sandomierskiej oraz na Niecce Nidziańskiej (Ryc. 48).



Ryc. 48. Rozmieszczenie *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *villosus* (Hackel) Assadi: ○ – stanowisko z literatury, ● – stanowisko z zielników oraz na podstawie własnych zbiorów terenowych. Rozmieszczenie *Elymus* ×*mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *tesquicolus* (Czerniak.) Szczepaniak comb. nova; × – stanowisko z zielników oraz na podstawie własnych zbiorów terenowych (na podstawie Szczepaniak 2001, zmienione).

4. DYSKUSJA

Cechy morfologiczne, opisujące organizmy żywe, były i prawdopodobnie będą również w przyszłości głównym praktycznym kryterium stosowanym w systematyce (Löve 1963). Jednak możliwości wykorzystania innych metod, oprócz narzędzi klasycznej taksonomii, powinny i obecnie dostarczają już pewności co do określenia granic taksonomicznych. Podstawowym problemem, który należy w możliwie najpełniejszy sposób rozwiązać, jest stworzenie klasyfikacji naturalnej, czyli odpowiadającej powiązaniom genetycznym i filogenetycznym, a opartej na różnego rodzaju uzupełniających się danych (np. morfologicznych, anatomicznych, cytologicznych oraz struktury DNA). Zastosowanie metod molekularnych w taksonomii, pozwala na lepsze zrozumienie procesów mikroewolucyjnych, na ustalenie przyczyn zmienności, wykrywanie zmienności ukrytej oraz powiązań filogenetycznych w różnych grupach roślin i na różnych poziomach taksonomicznych (Kuta 1992).

Zgodnie z powszechnie używaną definicją gatunku (Stebbins 1958; Stace 1993) gatunek składa się z populacji, które są od siebie oddzielone zupełnym lub co najmniej wyraźnie zaznaczającym się brakiem ciągłości w układzie zmienności, która ma podłoże genetyczne.

Przeprowadzona w niniejszej pracy wielowymiarowa analiza morfologiczna pozwoliła na wyodrębnienie cech wykazujących nieciągłości i charakteryzujących oba wyróżnione na ich podstawie gatunki – *Elymus repens* i *E. hispidus*. Jednocześnie za pomocą AFLP wykazano, że oba te gatunki różnią się genetycznie, chociaż nie są to różnice bardzo duże. Dało to jednak podstawę do wyróżnienia w badanym materiale dwóch gatunków należących do rodzaju *Elymus*.

W obrębie rodzaju *Elymus* sensu lato, taksony z genomami S, J, SH oraz SY charakteryzują się ciągłością zróżnicowania morfologicznego, co nie pozwala na wyróżnienie dobrze odróżnialnych rodzajów. W związku z tym, najlepszym sposobem było zaklasyfikowanie rodzajów: *Elytrigia*, *Thinopyrum*, *Lophopyrum*, *Trichopyrum*, *Psammopyrum*, *Pseudoroegneria* oraz *Pascopyrum* do jednego szerokiego rodzaju *Elymus* sensu Melderis (Melderis 1978, 1980; Melderis & McClintock 1983). Zgodnie z takim ujęciem oba badane gatunki perzu zostały zaklasyfikowane do rodzaju *Elymus* (L.) jako *Elymus repens* i *E. hispidus*.

Wykazane w niniejszej pracy podobieństwo budowy anatomicznej liści i plew u *Elymus repens* i *E. hispidus*, wskazuje na korelacje pomiędzy zróżnicowaniem anatomicznym a budową genomu. Jarvie i Barkworth (1992 a), analizując budowę anatomiczną liści i plew u różnych rodzajów plemienia *Triticeae*, wykazali, że nie różnią się one u *Elytrigia* i *Trichopyrum*. Do pierwszego z nich należałyby, według Löve (1986), *Elytrigia repens* [= *Elymus repens*], a do drugiego *Trichopyrum intermedium* [= *Elymus hispidus*]. Uzyskane w niniejszych badaniach anatomicznych wyniki wskazują, że istnieją nieznaczne różnice, przede wszystkim w wielkości nerwów liściowych oraz ilości tkanki sklerenchymatycznej, występującej w liściach *E. repens* i *E. hispidus*. Natomiast plewy u obu gatunków są generalnie zbudowane według takiego samego wzoru, charakteryzując się jedynie bardziej wyraźnym nerwem głównym i mniejszą ilością sklerenchymy u *E. repens*. Wskazane różnice w anatomii nie są na tyle duże, aby mogły być jedną z podstaw do wyróżniania odrębnych rodzajów, jak zrobił to Löve (1986). Potwierdzają natomiast słuszność włączenia ich do szeroko ujętego rodzaju *Elymus* L. (Melderis 1978).

Zgodnie z ujęciem Melderisa (1978, 1980) oraz powyższymi uwagami *Agropyron* sensu stricto powinien być traktowany jako odrębny, mały ale dobrze genetycznie oraz morfologicznie odróżnialny rodzaj. Gatunki należące do niego posiadają genom P na różnym stopniu ploidalności, od diploidów do heksaploidów i charakteryzują się plewami asymetrycznymi z wyraźnym kilem oraz gęstym kłosem o krótkich międzywęzłach (Assadi & Runemark 1995; Mizianty i in. 2001). Wobec powyższego, stosowana dotąd nazwa rodzajowa *Agropyron* dla badanych gatunków nie została przyjęta w niniejszej pracy.

Stosowanie genomowej koncepcji gatunku nie jest użyteczne z punktu widzenia praktyczności takiego podejścia, gdy nie wiadomo jakie cechy morfologiczne są skorelowane z genomem. W badaniach nad gatunkami kompleksu *Agropyron-Elymus*, którego przedstawicielami są badane gatunki, stwierdzono, że istnieją zależności pomiędzy „grupą genomową” a morfologią plewki górnej (Salomon & Lu 1992) oraz sposobem rozpadu kłosa po dojrzewaniu (Sharma & Gill 1982). Przydatność systematyczną tych cech potwierdziły również wyniki badań nad przedstawicielami tego kompleksu występującymi w Polsce (Mizianty i in. 2001).

Elymus hispidus według różnych autorów zaliczany był do różnych rodzajów (Tab. 2). Löve (1984, 1986) stosując genomową koncepcję gatunku, utworzył nawet dla tego gatunku i gatunków pokrewnych odrębny rodzaj *Trichopyrum* Á. Löve z formułą

genomową **EES** (**E=J**). Nazwa *Trichopyrum* nie została jednak uwzględniona jako obowiązująca w zbiorczych opracowaniach (Clayton & Renvoize 1986; Brummitt 1992). Również w czasie przeprowadzonych wcześniej badań stwierdzono, że *E. hispidus* nie odróżnia się od pozostałych gatunków *Elymus* na tyle, by tworzyć dla tego taksonu odrębny rodzaj (Mizianty i in. 2001). Mając powyższe na uwadze w niniejszej pracy zastosowano nazwę *Elymus hispidus*.

Stwierdzenie stosunkowo częstego występowania naturalnych mieszańców pomiędzy *Elymus repens* i *E. hispidus* we wcześniejszych badaniach (Jirásek 1954; Prokudin & Druleva 1971, 1972, 1977; Tsvelev 1976; Falkowski 1982), zostało potwierdzone w niniejszej pracy i dowodzi, że nie ma całkowitych mechanizmów izolacji, które uniemożliwiałyby przekazywanie genów pomiędzy populacjami obu gatunków. Jest to zjawisko charakterystyczne dla całego rodzaju *Elymus* i w związku z tym zaproponowano nawet dla tworzących go taksonów, określenie „rekombinacyjnej puli genowej”, w obrębie której homologiczne fragmenty genomów, pochodzące od wspólnych przodków, powodują łatwość krzyżowania międzygatunkowego i powstawanie płodnych mieszańców (Agafonov 1994). Występowanie płodnych mieszańców pomiędzy *E. repens* i *E. hispidus* zostało również potwierdzone podczas własnych badań..

Budowa genomowa *Elymus repens* określana jest jako **SSX** (Löve 1986; Dewey 1984) lub **SSH** (Assadi & Runemark 1995). Jeżeli chodzi o genom **S** to wiadomo, że pochodzi od *Pseudoroegneria*, i prawie zawsze ma decydujący wpływ na morfologię taksonów, w genomie których występuje. Natomiast pochodzenie trzeciego, haploidalnego zestawu chromosomów, jest dyskusyjne. Dewey (1984) podkreśla łatwość krzyżowania się *E. repens* z gatunkami *Thinopyrum* Löve emend. Dewey, sugerując, że genom **X** może być pokrewny z genomem **J**, charakterystycznym dla *Thinopyrum*. Bliskie podobieństwa pomiędzy genomami **E**, **S** i **J** w obrębie *Triticeae* zostały potwierdzone danymi morfologicznymi (Kellogg 1989), 5S RNA (Scoles i in. 1988) i w mniejszym stopniu przez izozymy (McIntyre 1988). Inne genomy, jeszcze dokładnie niezidentyfikowane mogą ponadto występować u wysokoploidalnych taksonów.

Natomiast Assadi & Runemark (1995) w swoich badaniach stwierdzili wysoki stopień homologii pomiędzy chromosomami podczas mejozy u mieszańców *Elymus repens* i *E. transhycarnus* (Nevski) Tsvelev (z genomem **H**), co wskazywałoby na podobieństwo rodzicielskich genomów **X** i **H**, a struktura genomowa *Elymus repens* powinna być określana jako **SSH** (Wang i in. 1996).

W związku z powyższymi uwagami oba gatunki *Elymus repens* i *E. hispidus* w swoim heksaploidalnym składzie posiadają wspólny genom S, co może wpływać na ich podobieństwo genetyczne, stwierdzone w niniejszej pracy za pomocą markerów AFLP, a także na możliwość tworzenia międzygatunkowych mieszańców, których obecność wykazano na terenie Polski w prezentowanych badaniach.

Poszczególne genomy, podobnie jak większość cech biologicznych, tworzą continuum od całkowitej homologii do jej zupełnego braku (Dewey 1984). Badania przeprowadzone na diploidalnych mieszańcach pomiędzy gatunkami z plemienia *Triticeae*, wykazały, że genomy R (*Secale*), H (*Hordeum*) oraz N (*Psathyrostachys*) różnią się znacznie między sobą i od innych gatunków (Wang 1989). Natomiast genomy S oraz J wykazują znaczną homologię (Wang 1989; Liu & Wang 1993; Assadi & Runemark 1995).

Zarówno *Elymus repens* jak i *E. hispidus* wykazują dużą zmienność cech morfologicznych. *Elymus repens* jest gatunkiem bardzo zróżnicowanym morfologicznie (Petrova 1975; Szabó 1981; Prokudin 1982; Mizianty i in. 2001). W związku z tym różnie jest stosowana jego systematyka wewnątrzgatunkowa. Wyróżnia się przeważnie podgatunki i odmiany (Fernald 1933; Tsvelev 1976; Melderis 1978; Löve 1984; Rothmaler 1994; Conert 1998; Rutkowski 1998) lub też nie wydziela się jednostek wewnątrzgatunkowych (Prokudin 1982; Kosina 1995 a).

Melderis we *Flora Europaea* (Melderis 1980) wyróżnia w obrębie *Elymus repens* (L.) Gould 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 (Mizianty & Szczepaniak 1997). *E. repens* subsp. *arenosus* (Petif) Melderis jest natomiast podgatunkiem występującym na nadmorskich piaskach wybrzeży północno-zachodniej Europy oraz na pojedynczych stanowiskach w głębi lądu (Trist 1995). Jego odnalezienie w odpowiednich siedliskach na terenie Polski wydaje się prawdopodobne; nie zostało jednak dotąd potwierdzone (Rutkowski 1998).

Conert (1998) w dziele „*Illustrierte Flora von Mitteleuropa*”, oprócz podgatunku typowego, podaje również występowanie *Elymus repens* subsp. *littoreus* (F. C. Schumacher) Conert w Europie, na wybrzeżu Morza Śródziemnego i Bałtyku. Jednak mimo usilnych poszukiwań, nie udało się go odnaleźć na polskim wybrzeżu Bałtyku.

W czasie przeprowadzonych badań biometrycznych stwierdzono wysoki poziom między- i wewnątrzpopulacyjnej zmienności *Elymus repens*, wykazany za pomocą jedno- i wielowymiarowych analiz statystycznych. Uzyskane wyniki uzupełniły wcześniejsze badania (Kosina 1995 a; Szabó 1981). Stwierdzono, że zmienność morfologiczna *E. repens*

ma charakter ciągły, skrajne morfotypy są dobrze odróżnialne, jednak pomiędzy nimi istnieje cała gama przejść, tworzących continuum zróżnicowania. Wg Prokudina (1982) *Elymus 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 dyskryminacji wysokim procentem poprawnych klasyfikacji okazów do poszczególnych morfotypów.

Elymus hispidus jest również gatunkiem charakteryzującym się dużą zmiennością cech morfologicznych (Szabó 1979; Kosina 1995 a). Zmienną cechą u *E. hispidus* jest owłosienie różnych części rośliny. Na tej podstawie wyróżnia się w jego obrębie jednostki różnej rangi – od odrębnych gatunków do form (Prokudin & Druleva 1977; Jarvie 1992; Assadi 1998). Dewey (1978) podsumowując wyniki badań eksperymentalnych, przeprowadzonych na populacjach z Iranu, stwierdził, że problem podziału wewnątrzgatunkowego *E. hispidus* jest sprawą „personal taxonomic philosophy”, ale według niego należy ten gatunek traktować jako całość.

W czasie niniejszych badań stwierdzono, że owłosienie plew i plewek dolnych zachowuje się u roślin w kulturach eksperymentalnych, natomiast owłosienie górnej i dolnej strony liści jest cechą zmienną w obrębie gatunku i nie można jej skorelować z owłosionym kłosem. Zaobserwowano również różny stopień owłosienia kłosów, od bardzo gęsto owłosionych do owłosionych przez pojedyncze włoski. Taki wzór zmienności może być spowodowany brakiem barier genetycznych i krzyżowaniem pomiędzy morfotypami owłosionym i nieowłosionym. Brak wyraźnej granicy pomiędzy morfotypami i występowanie wszystkich możliwych form przejściowych pomiędzy skrajnymi formami, nie daje podstaw do wyróżnienia jednostek wewnątrzgatunkowych wysokiej rangi, a tym bardziej do wyodrębnienia dwóch różnych gatunków (por. Tab. 2 ze wstępu). Jest to zgodne z poprzednimi badaniami (Assadi 1998), gdzie wykazano, że morfotypy mogą krzyżować się bez większych przeszkód, mejoza jest regularna, a mieszańce są jedynie nieco mniej płodne od rodziców.

Jak wynika z prezentowanych obecnie badań, oba morfotypy *Elymus hispidus* rosną razem w tych samych siedliskach, dlatego nie spełnione jest kryterium *Międzynarodowego Kodeksu Nomenklatury Botanicznej* dotyczące podstaw wyróżnienia podgatunków, zdefiniowane przez Du Rietza (1930): „podgatunek to grupa osobników tworząca mniej

lub bardziej wyraźny regionalny wariant gatunku; jest to zatem rasa geograficzna, ekotyp, topodem lub genoekodem” (za Stace 1993). Dla wyróżniających się morfotypów *E. hispidus* można natomiast zastosować definicję odmiany: „jest to grupa osobników tworząca mniej lub bardziej wyraźny lokalny wariant gatunku”. We Flora Europaea (1964–1980) z niższych jednostek wewnątrzgatunkowych uwzględnione zostały tylko podgatunki. Często jednak nie odzwierciedla to faktycznych kryteriów zmienności wewnątrzgatunkowej. Wydaje się, że w przypadku *E. hispidus* zaistniała taka sytuacja i bardziej odpowiednie byłoby obniżenie rangi jednostek wewnątrzgatunkowych i przypisanie im statusu odmiany, co zostało zaproponowane przez Assadiego (1995, 1996, 1998). Jednocześnie, co warto podkreślić, *E. hispidus* osiąga na terenie Polski północną granicę zasięgu i wzór zmienności gatunku może tutaj kształtować się inaczej niż w centrum zasięgu. W związku z powyższymi uwagami stwierdzono występowanie w Polsce *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *hispidus* [= *Agropyron intermedium* (Host) P.Beauv. subsp. *intermedium*] oraz *E. hispidus* (Opiz) Melderis var. *villosus* (Hack.) Assadi [= *Agropyron intermedium* subsp. *trichophorum* (Link) Rchb. ex Hegi]. W badaniach taksonomicznych prowadzonych w różnych grupach roślin można w ostatnim czasie zauważyć tendencje do obniżania rangi jednostek wewnątrzgatunkowych, co prawdopodobnie lepiej odzwierciedla istniejący poziom i typ zmienności w pewnych grupach roślin (Hamilton & Reichard 1992; Stace 1993; Mikkelsen & Seberg 2001; Boonkerd i in. 2002)

Obie odmiany *Elymus hispidus* są alloheksaploidami, o stałej liczbie chromosomów $2n=42$, na powstanie których złożyły się dwa procesy: mieszańcowość i poliploidyzacja (Stebbins & Pun 1953; Dewey 1962, 1963 a). Przeprowadzona w przedstawianej pracy analiza kariotypu wykazała, że u obu odmian występują podobne typy morfologiczne chromosomów (metacentryczne i submetacentryczne). W czasie badań potwierdzono występowanie SAT-chromosomów u *E. hispidus* var. *hispidus*, nie odnaleziono ich u *E. hispidus* var. *villosus* (Schulz-Schaeffer & Jurasits 1962; Schulz-Schaeffer & Jura 1967). Wyniki własne oraz powyższych prac wskazują, że *E. hispidus* var. *hispidus* i *E. hispidus* var. *villosus* posiadają jedną wspólną parę SAT-chromosomów tego samego typu, co może świadczyć o ich bliskości genetycznej.

Zmienność gatunków klonalnych oraz struktura tworzonych przez nie populacji wykazuje duże zróżnicowanie. Populacje niektórych gatunków zagrożonych, zwłaszcza tych, które rzadko rozmnażają się seksualnie np. *Taraxacum obliquum* (Van Oostrum i in. 1985) i *Haloragodendron lucasii* (Sydes & Peakall 1998) tworzone są przez ramety

pochodzące tylko z jednej lub kilku genet. U gatunków rozmnażających się aseksualnie i seksualnie populacje składają się zwykle z wielu genet (Ellstrand & Roose 1987; Ayres & Ryan 1999; Xie i in. 2001).

Rezultaty uzyskane za pomocą AFLP odzwierciedlają niski poziom wewnątrzgatunkowej zmienności genetycznej *Elymus repens* (Szczepaniak i in. 2002) oraz *E. hispidus*. Świadczy o tym także niska proporcja wyróżnialnych genet (średnia G/N dla *E. repens* wynosi 0,29 zakres: 0,10–0,50, dla *E. hispidus* = 0,18 zakres: 0,10–0,60), a w szczególności także niski poziom zróżnicowania genetycznego (D : dla *E. repens* średnia wynosi 0,32 (0,00–0,78), dla *E. hispidus* średnia = 0,11 (0,00–0,67), Tab. 23). Genetyczne zróżnicowanie u obu gatunków *Elymus* było znacznie niższe niż obserwowano u klonalnego gatunku *Pueraria lobata* (średnie $D = 0,69$) (Pappert i in. 2000) albo u *Oryza rufipogon* ($D = 0,96$) (Xie i in. 2001). Było natomiast porównywalne z genetycznym zróżnicowaniem u *Potentilla* spp. ($D = 0,20$) (Hansen i in. 2000) i *Oenothera biennis* ($D = 0,13$) (Steiner 1964). Średnia wartość D dla różnych gatunków klonalnych wynosi 0,62 (Ellstrand & Roose 1987). Stwierdzono, że populacje *E. repens* i *E. hispidus* 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. Istnieją jednak ważne różnice ekologiczne pomiędzy badanymi gatunkami w sposobie rozmnażania za pomocą nasion. W korzystnych warunkach 100% nasion *E. hispidus* może wykiełkować w ciągu pierwszych dwóch dni i siewki są żywotniejsze niż u *E. repens*, u którego kiełkowanie w różnych populacjach jest powolniejsze (Szabó 1979).

AMOVA wykazała, że pomiędzy morfologicznymi odmianami *Elymus repens* i *E. hispidus* nie ma istotnych różnic genetycznych. Również wyniki testu Mantela wykazały brak istotnej korelacji pomiędzy morfotypami a strukturą genetyczną (*E. repens*: $r = -0,58$, $P > 0,13$; *E. hispidus*: $r = -0,28$, $P > 0,22$). Te wyniki, oraz niski poziom zróżnicowania AFLP, mogą wskazywać, że przyczyną wyraźnego morfologicznego polimorfizmu jest plastyczność gatunków (Szabó 1979, 1981; Taylor & Aarssen 1988; Kosina 1995 a). *E. repens* tworzy ekokliny (ekotypy fizjologiczne) i wykazuje zmienność wzdłuż gradientu ekologicznego (Stace 1993). Wykazano, że siedliska jego występowania w sposób ciągły przechodzą jedno w drugie, a lokalne populacje przystosowują się genetycznie do różnych warunków, co nie jest jednak skorelowane z określonym morfotypem. Fakt ten potwierdza przeprowadzona w niniejszej pracy analiza skupień,

oparta na macierzy podobieństw genetycznych, gdzie poszczególne populacje tworzą odrębne grupy a okazy z różnych populacji nie są do siebie podobne.

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 (Schlichting & Levin 1986; Taylor & Aarssen 1988; Brej 2001). Gatunki o szerokiej amplitudzie ekologicznej tworzą mozaikę wielu cech osobniczych (morfologicznych oraz fizjologicznych), a także różnią się sposobem reprodukcji (Falińska 1997). Naturalna selekcja może faworyzować bardziej plastyczne genotypy, które łatwo przystosowują się do zmian w środowisku (Taylor & Aarssen 1988). W przypadku obu badanych gatunków *Elymus*, a zwłaszcza 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 (Prokudin 1982).

Zróżnicowanie morfologiczne może być również skutkiem mutacji somatycznych zachodzących w rametach jednej genety (Snyder 1951), co również potwierdza dużą mobilność genomu *Elymus repens* (Kosina 1995 a). U gatunków klonalnych często obserwuje się ograniczenie rozmnażania płciowego, a zróżnicowanie genetyczne spowodowane jest nagromadzeniem mutacji somaklonalnych w przeciągu wieloletniego życia poszczególnych genet (Klekowski & Godfrey 1989; Corradini i in. 2002). Ramety są bardzo ściśle genetycznie do siebie podobne, ale nie muszą być identyczne. AFLP jest wysoce powtarzalną techniką do wykrywania polimorfizmów, nawet w blisko spokrewnionych taksonach (Russel i in. 1997; Krauss & Peakall 1998; Zhang i in. 2001). Jest to odpowiednia metoda do identyfikacji różnych genotypów, jednak nie jest dosyć czuła dla wykrycia mutacji somatycznych pomiędzy indywiduami pochodzącymi z jednej genety (Escaravage i in. 1998). 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* (Sun i in. 1997, 1999, 2001; Guadagnuolo i in. 2001).

Scholz (1993) uważa, że *Elymus repens* powstał w wyniku hybrydyzacji roślin stepowych, a późniejsze różnicowanie gatunku *sensu stricto* następowało pod wpływem działalności człowieka związanej z uprawą roli i zabiegami mającymi na celu zwalczanie chwastów. Takie „bezdonne” rośliny europejskie określane są przez Scholza (1993) jako

„indigenophyta anthropogena”, które w sposób niezamierzony, poprzez sztuczne zmiany siedliska stymulowane są do zmian genetycznych.

Na podstawie badań morfologicznych, anatomicznych i analizy AFLP, stwierdzono występowanie na terenie Polski trwałych i naturalnych mieszańców pomiędzy *Elymus repens* i *Elymus hispidus* var. *hispidus* oraz *E. hispidus* var. *villosus*. Określono je jako *Elymus* ×*mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *mucronatus* Szczepaniak, comb. nova, z nieowłosionymi kłoskami oraz *Elymus* ×*mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *tesquicolus* (Czerniak.) Szczepaniak, comb. nova, z gęsto owłosionymi kłoskami. Obydwa te mieszańce, lecz w randze gatunku, zostały opisane z terenu Ukrainy i byłej Czechosłowacji (Jirásek 1954; Prokudin & Druleva 1971, 1972), jednak według autorów, opracowanie statystyczne nie dało podstaw do stwierdzenia, że pod względem cech ilościowych mieszańce zajmują pośrednie miejsce pomiędzy odmianami *E. hispidus* i *E. repens*. W prezentowanej pracy analiza PCA ujawniła pośredni charakter mieszańców i pozwoliła na wybór cech je wyróżniających. Stwierdzono, że pod względem genetycznym mieszańce są bardziej podobne do *E. hispidus* niż do *E. repens*, co w pewnym stopniu znajduje odbicie w morfologii. Mieszańce wykazują różną kombinację cech rodzicielskich, jednak generalnie wyróżniają się obecnością ostro zakończonych plewek dolnych z krótką ostką albo z ością o długości ponad 1 cm. Plewy u mieszańców są ścięte, sięgające do połowy długości kłoska, podobnie jak u *E. hispidus*, ale czasem mogą być bardziej wydłużone i zastrzone, w czym nawiązują do *E. repens*. Zaobserwowano, że cechy charakteryzujące mieszańce zachowują się w kulturach eksperymentalnych, gdzie również czasem wytwarzały nasiona, co wskazywałoby na trwałość omawianych taksonów mieszańcowych. W próbach populacji *E. hispidus* zebranych na Podolu, stwierdzono również obecność okazów typowych i mieszańcowych.

W naturalnych populacjach gatunki rodzicielskie i mieszańcowe występują obok siebie. Mieszańce są bardzo żywotne i agresywne w stosunku do taksonów sympatrycznych, które wypierają ze wspólnego siedliska, w wyniku czego tworzy się populacja roju mieszańców. W takiej populacji trudno znaleźć typowe okazy *Elymus hispidus*, natomiast *E. repens* jest bardziej odporny na konkurencję ze strony mieszańców. Analiza AFLP ujawniła, że *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* i *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus* genetycznie są bardziej podobne do *E. hispidus* w obu odmianach niż do *E. repens*. Jednocześnie stwierdzono większe podobieństwo pomiędzy taksonami pochodzącymi z tej samej populacji niż pomiędzy populacjami, co wskazywałoby na intensywną introgresję zachodzącą w danym siedlisku.

Szczegółowa analiza morfologiczna jest niezbędna do oceny istotności poziomu zmienności w trudnych kompleksach gatunków, jakimi są niewątpliwie *Elymus repens* i *E. hispidus*. 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 (Fjellheim i in. 2001). Cechy, które przypadkowo zmieniają się w obrębie taksonu, ukrywają informację dostarczaną przez taksonomicznie istotne cechy. Zastosowanie jednocześnie szczegółowej analizy molekularnej i morfologicznej okazało się użytecznym narzędziem do rozwikłania problemów taksonomii wewnątrzgatunkowej (Max i in. 1999; Hansen i in. 2000; Fjellheim i in. 2001). Gdy interpretuje się wspólnie te dwa rodzaje danych, niektóre problemy tradycyjnej morfometrii mogą zostać ominięte, np. takie jak kryteria wyboru odpowiedniej ilości cech (Fjellheim i in. 2001). Znany jest również genetyczny składnik zmienności morfologicznej obserwowanej w naturze. W przypadku *Elymus repens* i *E. hispidus* okazało się, na podstawie wyników uzyskanych w przedstawianej pracy, że wspólne analizy biometryczne i genetyczne, uzupełnione badaniami anatomicznymi, cytologicznymi i chemotaksonomicznymi, pozwoliły na wyjaśnienie podstaw i charakteru różnego rodzaju zmienności między- i wewnątrzgatunkowej.

5. PODSUMOWANIE I WNIOSKI

Najważniejsze wyniki badań taksonomiczno-chorologicznych *Elymus repens* (L.) Gould oraz *E. hispidus* (Opiz) Melderis, oparte na materiale populacyjnym (44 próby *E. repens* i 25 prób *E. hispidus* po około 30 okazów) z terenu całej Polski oraz na materiale zielnikowym (z 20 największych zbiorów krajowych) są następujące:

1. 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 obu gatunków oraz ich mieszańców:

Elymus repens (L.) Gould

var. *repens*

var. *aristatus* (Schreb. ex Baumg.) Melderis & D.C. McClint.

var. *subulatus* (Roem. & Schult.) Szczepaniak, comb. nova

Elymus hispidus (Opiz) Melderis

var. *hispidus*

var. *villosus* (Hack.) Assadi

Elymus ×*mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *mucronatus* Szczepaniak, comb. nova

Elymus ×*mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *mucronatus* Szczepaniak f. *aristatus*, comb. nova

Elymus ×*mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *tesquicolus* (Czerniak.) Szczepaniak, comb. nova

2. Oba badane gatunki różnią się istotnie pod względem grupy cech morfologicznych, co wykazano na podstawie wielowymiarowej analizy statystycznej. Cechami najlepiej odróżniającymi *Elymus repens* od *E. hispidus* są:

- stosunek długości plew do długości kłoska (u *E. repens* plewy wyraźnie sięgają ponad połowę długości kłoska, a u *E. hispidus* co najwyżej do połowy długości kłoska; Ryc. 12)
- kształt plew (u *Elymus repens* plewy są wydłużone, stopniowo zwężające się ku szczytowi i ostro zakończone, natomiast u *E. hispidus* plewy mają kształt podłużnie-owalny, oraz poziomo lub ukośnie ścięty szczyt; Ryc. 12)
- kształt plewek dolnych (u *E. repens* są one lancetowate, ostro zakończone z ością lub bez, u *E. hispidus* plewki dolne są dłuższe i szersze niż u *E. repens* oraz charakteryzują się tępo zakończonym szczytem; Ryc. 12 i 18)

- kształt plewek górnych (są generalnie dłuższe i szersze u *E. hispidus*; Ryc. 12)
- długość ości plew (*E. repens* ma plewy z ością różnej długości, *E. hispidus* posiada plewy bezostne lub z krótką ostką; Ryc. 12)

3. Analiza AFLP wykazała stosunkowo wysoki poziom podobieństwa pomiędzy badanymi gatunkami, co może wskazywać na ich wspólne pochodzenie.

4. *Elymus repens* i *E. hispidus*, występując czasem w tych samych siedliskach, tworzą mieszańce międzygatunkowe, wykazujące dużą trwałość, co również świadczy o ich pokrewieństwie.

5. 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 (Ryc. 18)
- kształt plew (Ryc. 18).

6. Występowanie odmian *Elymus repens* na terenie Polski nie jest skorelowane z określonym typem siedliska ani też z położeniem geograficznym.

7. Nie stwierdzono istotnych różnic genetycznych pomiędzy morfotypami *Elymus repens*.

8. 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. Odmienne ekspresja tego samego składu genomowego w różnych warunkach może być przyczyną ogromnej mozaiki morfologicznej gatunku. Z drugiej strony niektóre populacje w obrębie obu gatunków, a zwłaszcza *E. repens* wykazują istotne zróżnicowanie genetyczne, nie skorelowane z cechami morfologicznymi (patrz pkt. 7). Potwierdza to duże zdolności adaptacyjne genomu i możliwość przystosowywania się do stresowych bądź zmieniających się warunków siedliskowych.

9. W obrębie *Elymus hispidus* wyróżniono jedynie odmiany (do tej pory w Polsce uznawane jako odrębne gatunki bądź podgatunki), różniące się istotnie obecnością bądź brakiem owłosienia plew i plewek dolnych (Ryc. 28). Cechy ilościowe nie różnią wyraźnie odmian *E. hispidus*.

10. Populacje *Elymus hispidus* wykazują większą jednorodność genetyczną niż populacje *E. repens*, co może być związane z wysoko posuniętą specjalizacją tego gatunku i może też świadczyć o tym, że gatunek ten jest starszy ewolucyjnie niż *E. repens*.

11. Obie odmiany *Elymus hispidus* osiagają na terenie Polski północną granicę zasięgu i rosną obok siebie w tych samych siedliskach, przy czym rzadszy jest *E. hispidus* var. *villosus*.
12. Stwierdzono występowanie trwałych mieszańców pomiędzy *Elymus repens* i *E. hispidus* var. *hispidus* oraz pomiędzy *E. repens* i *E. hispidus* var. *villosus*, i ustalono ich pośredni charakter. *Elymus* ×*mucronatus* nothovar. *mucronatus* charakteryzuje się większym zróżnicowaniem morfologicznym niż *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*.
13. Generalnie mieszańce są bardziej morfologicznie i genetycznie podobne do *E. hispidus* niż do *E. repens*. Stwierdzono, że okazy rodzicielskie i mieszańcowe są najbardziej podobne w obrębie jednej populacji, co świadczyłoby o zachodzących procesach introgresji.
14. Mieszańce wykazują pośredni charakter budowy anatomicznej liści.
15. Ustalono nową dla Polski liczbę chromosomów dla *Elymus repens* $2n=28$.
16. 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.
17. Na podstawie wyników z przeprowadzonych badań ułożono klucz do oznaczania gatunków, odmian *Elymus repens*, odmian *E. hispidus* oraz odmian *E. ×mucronatus*.

Problemy, które nasunęły się w trakcie badań i mogą zostać podjęte w przyszłości są następujące:

- Przyczyny względnej jednorodności genetycznej *Elymus hispidus* mogą być różne: może to być gatunek starszy i bardziej ustabilizowany niż *E. repens*. Być może *E. hispidus* jest jednorodny ponieważ badane próby pochodziły z granicy zasięgu i nie reprezentują pełnej zmienności tego gatunku. Również występowanie w mniej zróżnicowanych siedliskach może decydować o niskim zróżnicowaniu genetycznym tego gatunku. Są to problemy do zbadania.
- Przeprowadzenie eksperymentalnego krzyżowania wyróżnionych gatunków i odmian w celu prześledzenia procesów introgresji, powszechnie zachodzących w naturalnych populacjach gatunków *Elymus*.
- Zastosowanie markerów mikrosatelitarnych pozwoliłoby na wykrycie poziomu mutacji somatycznych w obrębie klonów, które mogą wpływać na różnorodność fenotypową obu gatunków perzu. U roślin rozłogowych, wytwarzających liczne ramety, obserwowano w poszczególnych populacjach dużą różnorodność genetyczną (Falińska 1997), którą w przypadku *Elymus repens* można by dokładniej zbadać właśnie za pomocą mikrosatelitów.

6. KLUCZ DO OZNACZANIA GATUNKÓW, ODMIAN ORAZ MIESZAŃCÓW

1. Plewy ostro zakończone z ością lub bez, zwężające się ku szczytowi, z nerwami zbiegającymi się na szczycie, sięgające ponad połowę długości kłoska 2
2. plewy lancetowato-owalne, z szerokim błoniastym brzegiem 3
3. plewki dolne ostro zakończone, bezostne lub z ością co najwyżej do 3 mm długości *E. repens* var. *repens*
- 3*. plewki dolne ostro zakończone z ością od 3 do 10 mm długości *E. repens* var. *aristatus*
- 2*. plewy szydlaste, wydłużone, z wąskim zwiniętym błoniastym brzegiem, z ością lub bez *E. repens* var. *subulatus*
- 1*. Plewy ścięte lub tępe, bezostne, podłużnie-owalne, z nerwami równoległymi i szerokim błoniastym brzegiem, sięgające co najwyżej do połowy długości kłoska 4
4. plewki dolne tępe na szczycie 5
5. plewy i plewki dolne nieowłosione na powierzchni *E. hispidus* var. *hispidus*
- 5*. plewy i plewki dolne miękko owłosione na powierzchni *E. hispidus* var. *villosus*
- 1**. Plewy ścięte albo zwężające przy samym szczycie, nieco zastrzone, bez ości lub z ostką, z szerokim błoniastym brzegiem, sięgające do połowy albo ponad połowę długości kłoska 6
6. plewki dolne ostro zakończone z ością lub bez 7
7. plewy i plewki dolne nieowłosione na powierzchni *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus*
- 7*. plewy i plewki dolne miękko owłosione na powierzchni *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*

7. OPISY TAKSONÓW

Elymus repens (L.) Gould, *Madroño* 9(4): 127 (1947) var. *repens*

(Ryc. 49A)

Synonimy: *Triticum repens* L., Sp. pl. 1: 86 (1753); *Zeia repens* (L.) Lunell, Amer. Midl. Naturalist 4: 227 (1915); *Agropyron repens* (L.) P. Beauv., Ess. Agrostogr. 102 (1812); *Elytrigia repens* (L.) Desv. ex Nevski, Trudy Bot. Inst. Akad. Nauk SSSR, ser. 1, Fl. Sist. Vyssh. Rast. 1: 14 (1933).

Lektotyp: „Habitat in Europae cultis“, zielnik Linneusza nr 104/7 (LINN).

Roślina wieloletnia, wykształcająca rozległe, podziemne rozłogi, tworzące gęstą i mocną sieć. **ŹDŹBŁO**: do 170 (98) cm, prosto wzniesione, sztywne, gładkie, o 3–7 (5) węzłach. **LIŚĆ**: b l a s z k a: intensywnie zielona albo niebiesko-szaro-zielona, 3,0–11,5 (6,1) mm szer., płaska, czasem, zwłaszcza gdy rośliny rosną w suchym siedlisku, na brzegach zwinięta, z licznymi, niezbyt wydatnymi i bardzo szorstkimi nerwami, gładka, rzadziej z długimi, pojedynczymi włoskami na górnej powierzchni, spodem o wyraźniejszych nerwach, gładka, nieowłosiona, błyszcząca; p o c h w a: otwarta, w górnej części źdźbła gładka, w dolnej prawie zawsze bardzo gęsto, miękko owłosiona, z dobrze widocznymi ostrogami, zachodzącymi na siebie; j ę z y c z e k: 0,2–0,8 (0,4) mm dł., ząbkowany na brzegu, błoniasty. **KŁOS**: prosty, 4,8–19,8 (10,9) cm dł., sztywny, prawie jednakowo gęsty na całej długości, rzadko może być luźniejszy u podstawy; ó s k ł o s a: twarda, z 10–34 (18) węzłami, na brzegach bardzo szorstka, zwykle nieowłosiona, czasem może być gęsto miękko owłosiona (forma *pubescens*), kłoski w środkowej części kłosa są zwykle dwa i pół razy dłuższe od przylegającego międzywęźla (czasem jednak spotyka się okazy o bardzo gęstym kłosie, gdzie kłoski są prawie pięć razy dłuższe od międzywęźla). **KŁOSEK**: siedzący, 7,0–19,0 (13,0) mm dł., 2–8 (4) kwiatowy, pojedynczo albo rzadziej podwójnie lub potrójnie na węźle kłosa, nieowłosiony, po dojrzeniu odłamujący się wraz z plewami, czasem czerwonawo nabiegły albo z woskowatym nalotem; ó s k ł o s k a: rozszerzająca się ku górze, krótko owłosiona, z wyraźnym zagłębieniem; p l e w y: prawie równe (dolna: 5,5–12,7 x 1,0–2,9 (8,5 x 1,9) mm; górna: 5,4–13,5 x 1,1–2,8 (9,0 x 2,0) mm), **podłużne, zwężające się przy szczycie, ostro zakończone bezostne albo z szorstką ością o długości do 3,5 (1,1) mm, z szerokim błoniastym brzegiem**, nieowłosione, z 3–7 (5) szorstkimi nerwami, z wyraźnym nerwem środkowym, czasem nerwy są poprzerywane, ale zawsze zbiegają się u szczytu plewy, **sięgają zwykle do 3/4 długości kłoska**; p l e w k a d o l n a: 6,1–12,5 (9,5) mm dł. i 1,7–3,8 (2,6) mm szer., szeroko-

lancetowata, **na szczycie ostro zakończona, bezostna albo z ością do 3,0 (1,1) mm dł.**, błyszcząca, nieowłosiona, wypukła, z pięcioma, niezbyt wyraźnymi nerwami, z których środkowy przechodzi w ość; plewka górna: 5,8–10,0 (8,1) mm dł. i 1,0–2,5 (1,3) mm szer., na szczycie zaokrąglona albo lekko wklęsła, nerwy boczne szczeciniasto owłosione do 3/4 dł. plewki, delikatna, wyraźnie krótsza od plewki dolnej.

***Elymus repens* (L.) Gould var. *aristatus* (Schreb. ex Baumg.) Melderis & D.C. McClint., D. McClintock, Suppl. Wild Flow. Guernsey 48. 1987.**

(Ryc. 50A, B)

Synonimy: *Agropyron repens* var. *aristatum* Schreb. ex Baumg., Enum. Stirpium Transs. 3: 269 (1816); *Triticum repens* var. *aristatum* Döll, Fl. Gross. Baden 128 (1855), hom. illeg.; *Elytrigia repens* var. *aristata* Prokudin, Proc. Bot. Inst. Kharkov 3: 189 (1938); *Triticum repens* var. *aristatum* Schumach., Enum. Pl. Part. Saell. Septentr. Orient. 1: 38 (1801); *Agropyron repens* fo. *aristatum* (Schumach.) Holmb.; Hart. Handb. Skand. Fl. 2: 274 (1926) - nom. illeg., non *Agropyron repens* var. *aristatum* Schreb. ex Baumg. (1816); *Elytrigia repens* fo. *aristatum* (Schumach.) Beetle, Phytologia 55(3): 211 (1984) - nom. illeg., non *Elytrigia repens* var. *aristata* Prokudin (1938).

Odmiana podobna do typowej odróżniająca się przede wszystkim wyraźnie ościstymi plewami i plewkami dolnymi.

ŹDZBŁO: do 170 (94) cm, prosto wzniesione, sztywne, gładkie, o 3–7 (5) węzłach. **LIŚĆ**: blaszka: zielona albo szaro-zielona, 2,5–12,5 (5,7) mm szer., płaska, czasem zwijająca się, mniej lub bardziej owłosiona góra; pochw: otwarta, w górnej części źdźbła gładka, w dolnej prawie zawsze bardzo gęsto, miękko owłosiona, z dobrze widocznymi ostrogami, zachodzącymi na siebie; język: 0,2–0,8 (0,4) mm dł., błoniasty. **KŁOS**: prosty, 4,4–19,5 (10,8) cm dł., gęsty na całej długości, rzadko może być luźniejszy u podstawy; oskłosa: twarda, z 8–28 (17) węzłami, na brzegach bardzo szorstka, zwykle nieowłosiona, czasem może być gęsto miękko owłosiona (forma *pubescens*), kłoski w środkowej części kłosa są zwykle od dwóch i pół do pięciu razy dłuższe od przylegającego międzywęzła. **KŁOSEK**: siedzący, 7,0–18,5 (12,7) mm dł., 2–7 (4) kwiatowy, pojedynczo albo rzadziej podwójnie na węzle kłosa, nieowłosiony, po dojrzeniu odłamujący się wraz z plewami; oskłosa: krótko owłosiona, z wyraźnym zagłębieniem; plewy: prawie równe (dolna: 4,9–11,0 x 1,1–2,5 (8,5 x 1,8) mm; górna: 5,2–11,3 x 1,1–2,8 (9,0 x 2,0) mm), **podłużne, zwężające się przy szczycie, ostro zakończone z ością o długości do 6,0 (2,7) mm, z błoniastym brzegiem, nieowłosione, z 3–7 (5) szorstkimi nerwami, sięgają**

zwykle do 3/4 długości kłoska; plewka dolna: 6,9–13,0 (9,6) mm dł. i 1,7–3,7 (2,6) mm szer., szeroko-lancetowata, na szczycie ostro zakończona, z szorstką ością 3,10–10,20 (5,4) mm dł., błyszcząca, nieowłosiona, wypukła, z pięcioma, niezbyt wyraźnymi nerwami, z których środkowy przechodzi w ość; plewka górna: 5,5–10,0 (8,1) mm dł. i 0,9–2,6 (1,3) mm szer., na szczycie zaokrąglona, nerwy boczne szczeciniasto owłosione, krótsza od plewki dolnej.

***Elymus repens* (L.) Gould var. *subulatus* (Roem. & Schult.) Szczepaniak,**
comb. nova (Ryc. 49B)

Bazonim: *Agropyron repens* var. *subulatum* Roem. & Schult., Syst. Veget. 2: 754 (1817).
Synonimy: *Triticum repens* var. *subulatum* (Roem. & Schult.) Nees, Fl. Brasil. Enum. Pl. 2: 450 (1829); *Elytrigia repens* var. *subulatum* (Roem. & Schult.) Prokudin, Trudy Nauchno-Issledovatel'skogo Inst. Bot., Kharkiv. Derzhav. Univ. Gor'kogo 3: 189 (1938); *Triticum subulatum* Schreb. ex Schweigg. & Körte, Fl. Erlang., ser. 2, 1: 143 (1811) – nom. illeg., non *Triticum subulatum* Sol. ex P. Russell (1794); *Elytrigia repens* var. *subulatum* (Roem. & Schult.) Seberg & G. Petersen, Bot. Jahrb. Syst. 120(4): 538 (1998) – nom. illeg., non *Elytrigia repens* var. *subulatum* (Roem. & Schult.) Prokudin (1938).

Odmiana odróżniająca się od typowej przede wszystkim sztywnym kształtem plew oraz większymi rozmiarami kłosek, nieco dłuższymi i węższymi plewami, plewkami dolnymi i plewkami górnymi. Plewy obejmują prawie w całości kłosek.

ŹDZBŁO: do 150 (105) cm, prosto wzniesione, sztywne, o 3–7 (5) węzłach. **LIŚĆ:** blasa z k a: intensywnie zielona, 3,0–11,5 (5,7) mm szer., płaska, mniej lub bardziej owłosiona górą; p o c h w a: otwarta, w górnej części źdźbła gładka, w dolnej prawie zawsze bardzo gęsto, miękko owłosiona, z ostrogami; j ę z y c z e k: 0,2–0,8 (0,4) mm dł., błoniasty. **KŁOS:** prosty, 6,5–21,8 (12,3) cm dł., gęsty na całej długości, rzadko może być luźniejszy u podstawy; o ś k ł o s a: twarda, z 10–27 (18) węzłami, na brzegach bardzo szorstka, zwykle nieowłosiona, czasem może być gęsto miękko owłosiona (forma *pubescens*), kłoski w środkowej części kłosa są zwykle dwa i pół razy dłuższe od przylegającego międzywęzła. **KŁOSEK:** siedzący, 9,5–18,0 (13,9) mm dł., 2–8 (4) kwiatowy, pojedynczo na węzle kłosa, nieowłosiony, po dojrzaniu odłamujący się wraz z plewami; o ś k ł o s k a: krótko owłosiona, z zagłębieniem; p l e w y: prawie równe (**dolna:** 6,5–12,2 x 1,1–2,0 (9,9 x 1,7) mm; **górna:** 7,2–13,6 x 1,2–2,8 (10,4 x 1,9) mm), sztywno, stopniowo zwężające się od środka ku szczytowi, ostro zakończone bez ości albo z ością o długości do 5,0 (1,5) mm, z wąskim, zwiniętym, błoniastym brzegiem,

nieowłosione, z 3–7 (5) szorstkimi nerwami, obejmują zwykle prawie w całości kłosek; plewka dolna: 8,0–13,0 (10,7) mm dł. i 1,7–3,1 (2,6) mm szer., lancetowata, na szczycie ostro zakończona, bez ości albo z szorstką ością do 9,50 (1,8) mm dł., błyszcząca, nieowłosiona, z pięcioma, nerwami; plewka górna: 6,6–10,1 (8,8) mm dł. i 1,0–2,1 (1,3) mm szer., na szczycie zaokrąglona, nerwy boczne szpeciniasto owłosione, krótsza od plewki dolnej.

***Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *hispidus* Willdenowia 26: 266 (1996)**
(Ryc. 51A)

Synonimy: *Triticum intermedium* Host, Icon. Descr. Gram. Austriac. 3: 23 (1805); *Agropyron intermedium* (Host) P.Beauv., Ess. Agrostogr.: 102, 146 (1812); *Elytrigia intermedia* (Host) Nevski, Trudy Bot. Inst. Akad. Nauk SSSR, ser. 1, Fl. Sist. Vyssh. Rast. 1: 14 (1933); *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis subsp. *hispidus*, Bot. J. Linn. Soc. 76: 380 (1978); *Thinopyrum intermedium* (Host) Barkworth & D.R. Dewey, Amer. J. Bot. 72: 772 (1985); *Trichopyrum intermedium* (Host) Á.Löve subsp. *intermedium*, Veröff. Geobot. Inst. ETH, Stiftung Rübel Zürich 87: 49 (1986).

Holotyp: „Istria, Dalmatia, in insulis maris Adriatici, leg. Host” (Wiedeń – W).

Roślina wieloletnia, wykształcająca rozległe, podziemne rozłogi. **ŹDŹBŁO**: do 153 (103) cm wys., prosto wzniesione, sztywne, gładkie, o 3–6 (4) kolankach. **LIŚĆ**: blasa z k a l i ś c i o w a: niebiesko- albo sino-zielona, rzadziej zielona, sztywna, 3,0–9,0 (5,4) mm szer., płaska, często na brzegach mniej lub bardziej zwinięta, z wydatnymi, szorstkimi nerwami, górne liście gładkie albo czasem z pojedynczo rozrzuconymi długimi włoskami na górnej powierzchni, spodem mniej wyraźnie nerwowane, gładkie, liście u podstawy źdźbła często gęściej owłosione niż górne; p o c h w a l i ś c i o w a: otwarta, w górnej części źdźbła gładka, z wyraźnymi rżęskami na brzegu, w dolnej części źdźbła czasem gęsto owłosiona, z cienkimi ostrogami zachodzącymi na siebie; j ę z y c z e k: 0,3–1,1 mm dł., delikatnie ząbkowany na brzegu, błoniasty. **KŁOS**: prosto wzniesiony, albo lekko pochylony, 7,7–27,0 (15,2) cm dł., sztywny, gęsty, nieco luźniejszy u podstawy; o ś k ł o s a: twarda, z 11–25 (17) węzłami, na brzegach szorstka, gładka, często pokryta sinawym nalotem, w środkowej części kłosa kłoski są prawie takiej samej długości jak przylegające międzywęzła, albo do trzech razy dłuższe. **KŁOSKI**: siedzące, 9,0–23,0 (14,1) mm dł., 3–9 (5) kwiatowe, pojedyncze, gładkie, po dojrzewaniu łatwo odłamują się poniżej plew; nie następuje fragmentacja osi kłosa; o ś k ł o s k a: obła, rozszerzająca się ku górze, z głębokim zagłębieniem, bardzo krótko owłosiona; p l e w y: nieznacznie nierówne, przy czym nieco dłuższa jest plewa górna (5,0–9,6 (7,2) mm dł. i 1,7–3,1 (2,2)

mm szer.) niż plewa dolna (4,0–8,7 (6,4) mm dł. i 1,5–2,8 (2,1) mm szer.), sztywne, asymetryczne, podłużne lub lancetowato-podłużne, na szczycie ukośnie lub poziomo ścięte, tępe, z szerokim błoniastym brzegiem, gładkie, z 5–7 wyraźnymi, równoległymi nerwami, które są jednakowe albo wydatniejszy jest jeden z bocznych, bądź środkowych nerwów, który czasem przechodzi w krótką, sztywną ostkę o dł. do 0,3 mm, często pokryte sinawym nalotem, sięgające co najwyżej do połowy długości kłoska; plewka dolna: 6,7–11,6 (9,0) mm dł. i 2,4–3,8 (3,0) mm szer., lancetowata, na szczycie tępo zaokrąglona, lekko wcięta, gładka, 5-nerwowa, z krótkim, wydatnym nerwem grzbietowym, czasem przechodzącym w krótką, grubą ostkę o dł. do 1 mm; plewka górna: 6,5–10,4 (8,7) mm dł. i 1,0–2,8 (1,9) mm szer., na szczycie zaokrąglona albo lekko wcięta, sztywna, nerwy brzegowe często intensywnie zielone, szczeciniasto owłosione do ok. 3/4 jej długości, zwykle prawie tak długa jak plewka dolna, rzadziej nieco dłuższa niż plewka dolna.

Elymus hispidus (Opiz) Melderis var. *villosus* (Hack.) Assadi, Willdenowia
26: 266 (1996) (Ryc. 51B)

Synonimy: *Triticum intermedium* Host var. *villosum* Hack. in Halácsy & Heinr. Braun, Nachtr. Fl. Nieder-Oesterr.: 43 (1882); *Agropyron intermedium* subsp. *trichophorum* (Link) Rchb. ex Hegi, Ill. Fl. Mitt-Eur. 1: 386 (1908); *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis subsp. *barbulatus* (Schur) Melderis, Bot. J. Linn. Soc. 76: 381 (1978); *Elytrigia intermedia* subsp. *trichophora* (Link) Á.Löve & D. Löve, Bot. Not. 114: 50 (1961); *Elytrigia intermedia* subsp. *barbulata* (Schur) Á.Löve, Taxon 29: 350 (1980); *Thinopyrum intermedium* subsp. *barbulatum* (Schur) Barkworth & D.R. Dewey, Amer. J. Bot. 72: 772 (1985); *Trichopyrum intermedium* (Host) Á.Löve subsp. *barbulatum* (Schur) Á.Löve, Veröff. Geobot. Inst. ETH, Stiftung Rübel Zürich 87: 49 (1986).

Typ: (Austria), St. Pölten in N. Oest., 7.07.1879, leg. Hackel, Dr. Baenitz, Herbarium Europaeum (Lund – LD).

Trawa wieloletnia, o silnych podziemnych rozłogach, podobna do var. *hispidus*, różniąca się przede wszystkim stopniem owłosienia liści i kłosek. **ŻDZBŁO**: do 147 (89) cm wys., prosto wzniesione, gładkie, o 3–5 kolankach, czasem szorstko owłosione pod kwiatostanem. **LIŚĆ**: blaszka liściowa: sino-zielone albo intensywnie zielone, 2,5–9,0 (4,9) mm szer., płaskie, szorstkie, z mniej wydatnymi nerwami niż u podgatunku typowego, górne liście gęsto, rzadziej pojedynczo owłosione na górnej powierzchni długimi, nieregularnie rozrzuconymi włoskami, spodem gładkie albo z pojedynczymi włoskami, dolne liście gęściej owłosione na obu powierzchniach niż górne liście; pochwa liściowa: otwarta, w górnych liściach nieowłosiona, u podstawy źdźbła

zwykle gęsto owłosiona, z wyraźnymi rzęskami na brzegu, z cienkimi, zachodzącymi na źdźbło ostrogami; j e z y c z e k: 0,3–1,8 (0,56) mm dł., delikatnie ząbkowany. **KŁOS**: prosto wzniesiony lub lekko przechylony, 8,1–25,4 (14,0) cm dł., gęsty, luźniejszy u podstawy; o ś k ł o s a: sztywna, z 9–25 (15) węzłami, na brzegach szorstka, gładka, czasem owłosiona, często pokryta woskowatym nalotem, kłoski są prawie takiej samej długości jak przylegające międzywęzła, albo do dwóch razy dłuższe. **KŁOSKI**: siedzące, 9,0–21,5 (13,0) mm dł., 2–8 (4) kwiatowe, pojedyncze, owłosione, odłamujące się wraz z plewami; o ś k ł o s k a: obła, rozszerzona ku górze, z głębokim zagłębieniem, krótko owłosiona; p l e w y: prawie równe, przy czym plewa górna (4,9–9,9 (6,7) mm dł. x 1,5–2,8 (2,0) mm szer.) nieco dłuższa od dolnej (4,1–8,7 (5,9) mm dł. x 1,4–2,5 (1,9) mm szer.), sztywne, asymetryczne, podłużne, tępo poziomo lub ukośnie ścięte, z szerokim błoniastym brzegiem, owłosione długimi włoskami na całej powierzchni, z 7–9 wyraźnymi, równoległymi nerwami, które są jednakowe albo wydatniejszy jest jeden z bocznych, bądź środkowych nerwów; p l e w k a d o l n a: 6,3–10,9 (8,5) mm dł. i 2,1–3,5 (2,8) mm szer. (ok. 1 mm krótsza niż u var. *hispidus*), lancetowata z błoniastym brzegiem, na szczycie tępo zaokrąglona z lekkim wcięciem wraz z krótką, grubą ostką do dł. 1 mm, w którą przechodzi wydatny u szczytu nerw grzbietowy, owłosiona głównie w części szczytowej i po bokach długimi, nieregularnie rozrzuconymi włoskami, w części środkowej i u podstawy włoski rzadsze i krótsze, 5-nerwowa; p l e w k a g ó r n a: 6,5–10,2 (8,2) mm dł. i 1,4–2,4 (1,9) mm szer., na szczycie zaokrąglona, rzadko bardzo lekko wcięta, sztywna, z intensywnie zielonymi orzęsionymi nerwami bocznymi, zwykle równa plewce dolnej, czasem dłuższa (w kwiatku widoczny wystający ponad plewkę dolną szczyt plewki górnej).

Elymus ×mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *mucronatus
Szczepaniak, comb. nova (Ryc. 52)

Bazonim: *Agropyron mucronatum* Opiz, Vestnik Kralov.: 42 (1824).

Synonimy: *Agropyron mucronatum* Opiz ex Bercht. Oekon.-techn. Fl. Bohm. 1: 408 (1836); *Agropyron apiculatum* Tscherning, Doerfl. Sched. Herb. Norm. 37: 230 (1898); *Elytrigia ×mucronata* (Opiz ex Bercht) Prokudin, Proc. Bot. Inst. Kharkov 3: 178 (1938); *Elytrigia ×apiculata* (Tscherning) Jiras., Preslia 26: 168 (1954).

Izotyp: "Bai Prag, leg. Opiz" (Leningrad – LE).

Roślina wieloletnia z rozległymi rozłogami. **ŹDŹBŁO**: do 154 (99) cm wys., prosto wzniesione, sztywne, gładkie, o 4–6 (4) kolankach. **LIŚĆ**: b l a s z k a l i ś c i o w a: niebiesko- albo sino-zielona, sztywna, 4,0–8,5 (5,7) mm szer., płaska, często na brzegach mniej lub bardziej zwinięta, z wydatnymi, szorstkimi nerwami, liście gładkie albo pojedynczo owłosione na górnej powierzchni, spodem gładkie, p o c h w a l i ś c i o w a: otwarta, z mniej lub bardziej wyraźnymi rzęskami na brzegu, w dolnej części źdźbła czasem gęsto owłosiona, z ostrogami zachodzącymi na siebie; j ę z y c z e k: 0,3–0,9 (0,5) mm dł., błoniasty. **KŁOS**: prosto wzniesiony, 9,0–27,7 (14,6) cm dł., sztywny, luźniejszy u podstawy; o ś k ł o s a: twarda, z 10–26 (17) węzłami, na brzegach szorstka, gładka, często pokryta sinawym nalotem, w środkowej części kłosa kłoski są około 2 razy dłuższe od przylegającego międzywęzła. **KŁOSKI**: siedzące, 10,5–24,0 (14,0) mm dł., 2–10 (5) kwiatowe, pojedyncze, gładkie, po dojrzeniu łatwo odłamują się poniżej plew; nie następuje fragmentacja osi kłosa; o ś k ł o s k a: obła, rozszerzająca się ku górze, z zagłębieniem, drobno owłosiona; p l e w y: prawie równe, przy czym nieco dłuższa jest plewa górna (5,7–11,0 (7,9) mm dł. i 1,6–2,9 (2,1) mm szer.) niż plewa dolna (4,9–10,5 (7,1) mm dł. i 1,5–2,7 (2,0) mm szer.), sztywne, asymetryczne, podłużne lub lancetowato-podłużne, o ściętym, poszarpanym szczycie, tępe albo czasem nieco bardziej zaostrome, z szerokim błoniastym brzegiem, gładkie, z 6–7 wyraźnymi nerwami, z wydatniejszym jednym z bocznych, bądź środkowych nerwów, który czasem przechodzi w krótką, sztywną ostkę o dł. do 1 mm, często pokryte sinawym nalotem, sięgające do połowy lub nieco powyżej długości kłoska; p l e w k a d o l n a: 7,6–11,9 (9,3) mm dł. i 2,2–3,4 (2,8) mm szer., szerokolancetowata, na szczycie ostra, gładka, rzadko w części szczytowej z pojedynczymi włoskami, 5-nerwowa, z wydatnym nerwem grzbietowym, przechodzącym w oś o długości do 13,2 mm (forma *aristatum*); p l e w k a g ó r n a: 6,4–10,7 (8,4) mm dł. i 1,0–2,3 (1,7) mm szer., na szczycie zaokrąglona, sztywna, nerwy brzegowe intensywnie zielone, szpeciniasto owłosiona, równa plewce dolnej.

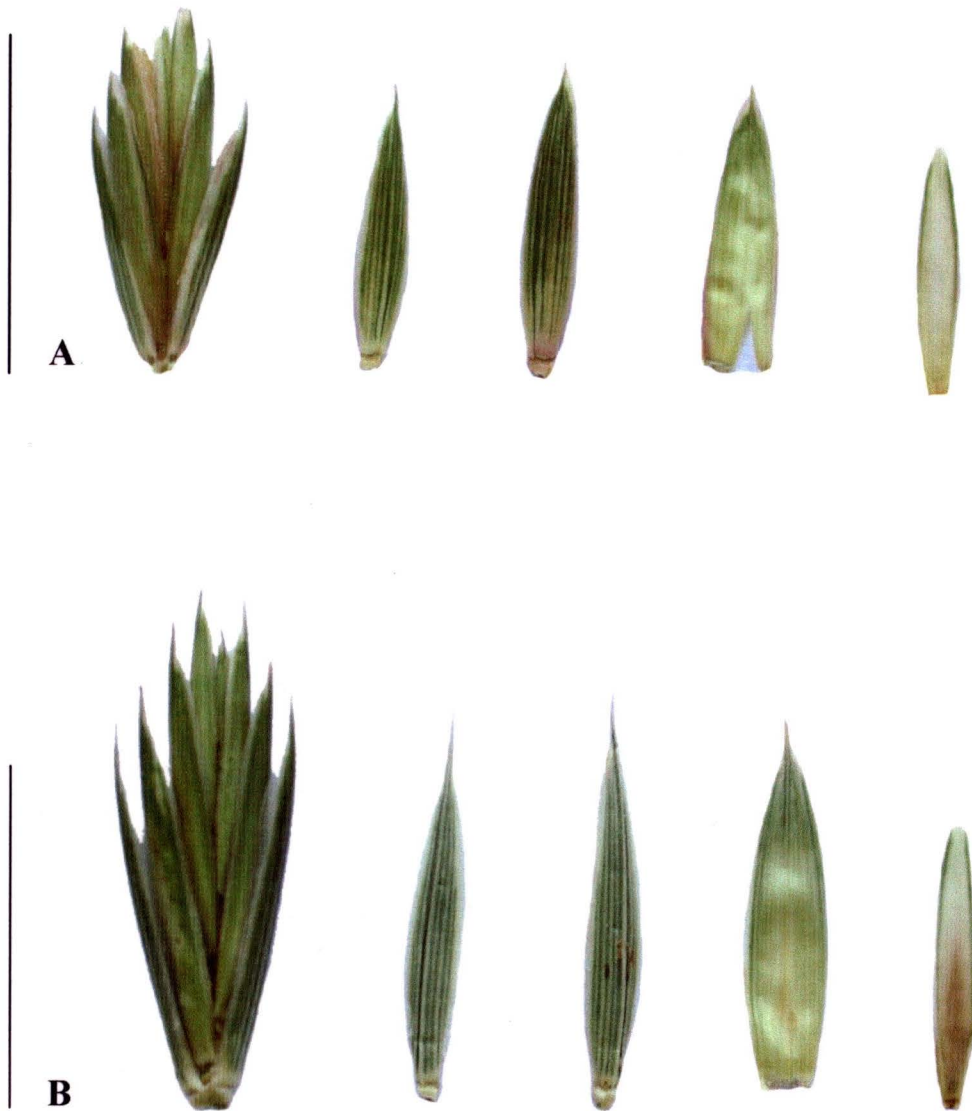
Elymus ×mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *tesquicolus
(Czerniak.) Szczepaniak, comb. nova (Ryc. 53)

Bazonim: *Agropyron glaucum* var. *aristatum* Czerniak. Consp.: 71 (1859).

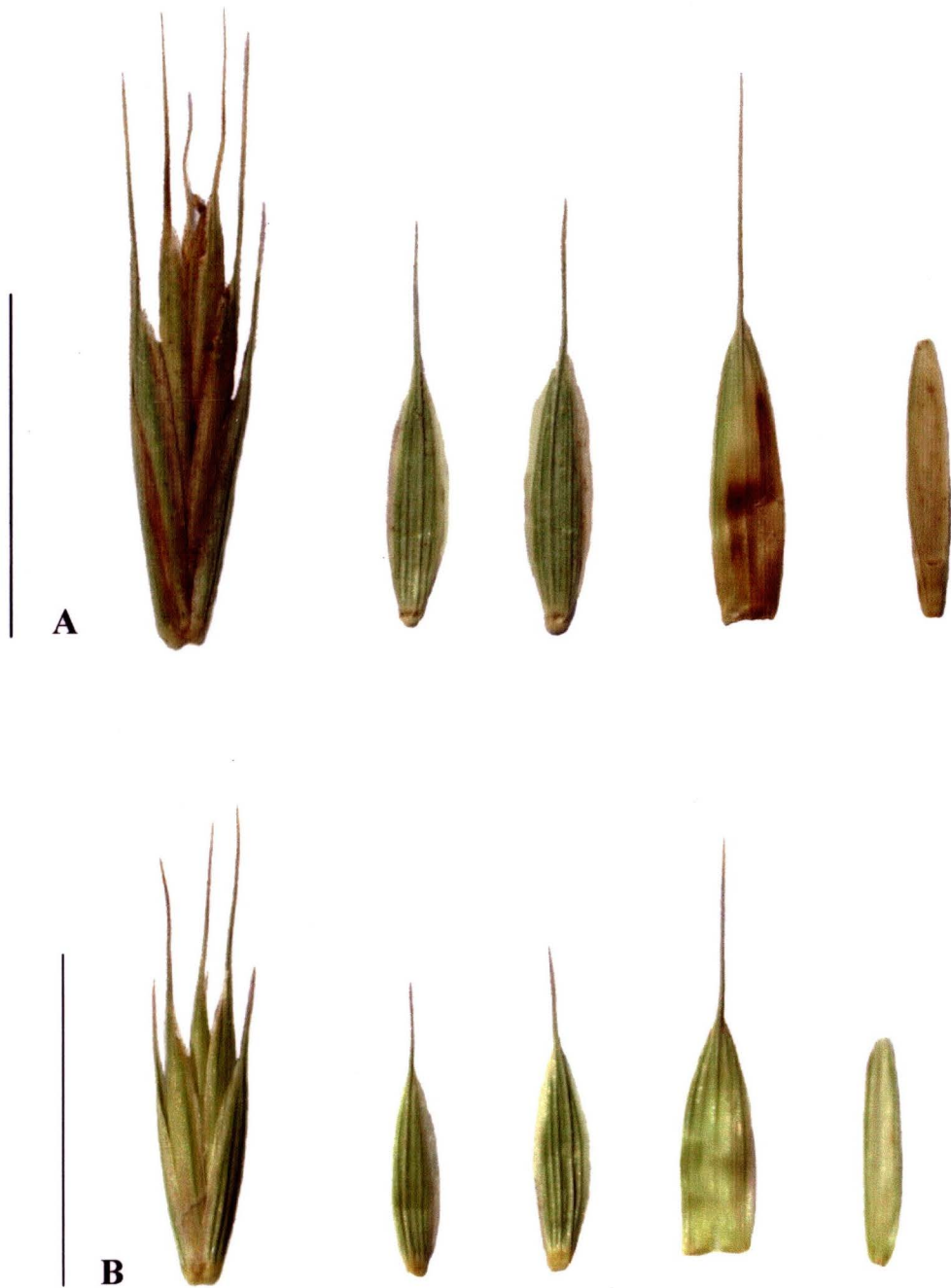
Synonimy: *Elytrigia ×tesquicola* (Czerniak.) Prokudin, Proc. Bot. Inst. Kharkov 3: f. 3, I. 181 (1938); *Agropyron tesquicola* Prokudin, Flora URSS 2: 342 (1940); *Elytrigia Dominii* Jiras., Preslia 26: 169 (1954).

Typ: „In arenosis ad Krasnjanka, 20–24. 06. 1858, leg. Czernjaev” (Kijów – KW), izotyp: (Leningrad – LE).

Roślina wieloletnia, o długich, podziemnych rozłogach, podobna do *Elymus hispidus* var. *villosus*, różniąca się budową plew i plewek dolnych. **ŻDZBŁO**: do 142 (90) cm wys., prosto wzniesione, gładkie, o 3–5 kolankach. **LIŚĆ**: b l a s z k a l i ś c i o w a: sinozielona albo zielona, 3,5–7,0 (5,1) mm szer., płaskie, górą mniej lub bardziej owłosione, spodem gładkie; p o c h w a l i ś c i o w a: otwarta, w górnych liściach nieowłosiona, dolna zwykle gęsto owłosiona, z rzęskami na brzegu, z zachodzącymi na źdźbło ostrogami; j ę z y c z e k: 0,4–0,8 (0,45) mm dł., delikatnie ząbkowany. **KŁOS**: prosto wzniesiony, 9,9–18,3 (14,5) cm dł., luźniejszy u podstawy; o ś k ł o s a: sztywna, z 13–21 (18) węzłami, na brzegach szorstka, gładka, czasem owłosiona, kłoski są około razy dłuższe od przylegającego międzywęzła. **KŁOSKI**: siedzące, 10,0–17,5 (13,9) mm dł., 3–8 (4) kwiatowe, pojedyncze, owłosione, odłamujące się wraz z plewami; o ś k ł o s k a: obła, rozszerzona ku górze, krótko owłosiona; p l e w y: prawie równe, przy czym plewa górna (5,7–8,4 (6,8) mm dł. x 1,6–2,4 (2,0) mm szer.) nieco dłuższa od dolnej (4,8–7,9 (6,0) mm dł. x 1,6–2,3 (1,9) mm szer.), sztywne, asymetryczne, podłużne, bardziej ostro zakończone niż u *E. hispidus* var. *villosus*, z szerokim błoniastym brzegiem, gęsto owłosione długimi włoskami na całej powierzchni, z 6–8 wyraźnymi nerwami, z których boczny lub środkowy czasem przechodzi w ostkę o dł. do 0,5 mm; p l e w k a d o l n a: 7,0–9,6 (8,1) mm dł. i 2,5–3,2 (2,9) mm szer., podłużnie-lancetowata, na szczycie ostro zakończona, z krótką, grubą ostką o dł. do 1,5 mm, w którą przechodzi wydatny u szczytu nerw grzbietowy, owłosiona w górnej części i po bokach długimi, miękkimi włoskami, 5-nerwowa; p l e w k a g ó r n a: 7,1–9,00 (7,9) mm dł. i 1,5–2,2 (1,9) mm szer., na szczycie zaokrąglona, sztywna, z intensywnie zielonymi, orzęsionymi nerwami bocznymi, równa długością plewce dolnej.



Ryc. 49. Kłoski, plewy, plewki dolne i górne odmian *Elymus repens*; A – *E. repens* var. *repens* (R-56), B – *E. repens* var. *subulatus* (R-69). Skala równa 10 mm.



Ryc. 50. Kłoski, plewy, plewki dolne i górne odmian *Elymus repens*; **A** – *E. repens* var. *aristatus* o dużych kłoskach (R-88), **B** – *E. repens* var. *aristatus* o drobnych kłoskach (R-67). Skala równa 10 mm.



Ryc. 51. Kłoski, plewy, plewki dolne i górne odmian *Elymus hispidus*; **A** – *E. hispidus* var. *hispidus* (H-50), **B** – *E. hispidus* var. *villosus* (V-49). Skala równa 10 mm.



Ryc. 52. Kłoski, plewy, plewki dolne i górne *Elymus* \times *mucronatus*; **A** – *E. x mucronatus* nothovar. *mucronatus* forma długoścista (106 ir), **B** – *E. x mucronatus* nothovar. *mucronatus* forma krótkoścista (H-53); **C** – *E. x mucronatus* nothovar. *mucronatus* forma podobna do *E. repens* (H-79). Skala równa 10 mm.



Ryc. 53. Kłoski, plewy, plewki dolne i górne *Elymus x mucronatus nothovar. tesquicolus* (V-108).
Skala równa 10 mm.

8. LITERATURA

- ABBOTT L. A., BISBY F. A. & ROGERS D. J. 1985. Taxonomic Analysis in Biology. Computers, Models and Databases. ss. 311. Columbia University Pres, New York.
- AGAFONOV A. V. 1994. The principle of Recombination Gene Pools (RPG) and Introgression Gene Pools (ITG) in the biosystematic treatment of *Elymus* species. – Proceedings of the 2nd International Triticeae Symposium – Logan, 254–260.
- ALLARD R. W. 1975. The mating system and microevolution. – *Genetics* **79**: 115–126.
- ASSADI M. 1995. Meiotic configuration and chromosome number in some Iranian species of *Elymus* L. and *Agropyron* Gaertner (Poaceae: Triticeae). – *Bot. J. Linn. Soc.* **117**: 159–168.
- ASSADI M. 1996. A taxonomic revision of *Elymus* sect. *Ceasпитosae* and sect. *Elytrigia* (Poaceae, Triticeae) in Iran. – *Willdenowia* **26**: 251–271.
- ASSADI M. 1998. Biosystematic studies of the *Elymus hispidus* (Poaceae: Triticeae) group in Iran. – *Nord. J. Bot.* **18**: 483–492.
- ASSADI M. & RUNEMARK H. 1995. Hybridization, genomic constitution and generic delimitation in *Elymus* s.l. (Poaceae: Triticeae). – *Pl. Syst. Evol.* **194**(3–4): 189–205.
- AYRES D. R. & RYAN F. J. 1999. Genetic diversity and structure of the narrow endemic *Wyethia reticulata* and its congener *W. bolanderi* (Asteraceae) using RAPD and allozyme techniques. – *Am. J. Bot.* **86**: 344–353.
- AVDULOV N. P. 1931. Karyosystematische untersuchungen der familie Gramineen. – *Bull. Appl. Bot. Genet. Plant. Breed. Suppl.* **43**: 1–438.
- BARKWORTH M. E. 2000. Changing perceptions of the Triticeae. – W: S. W. L. JACOBS & J. EVERETT (red.), *Grasses: Systematics and Evolution*. ss. 110–120. Melbourne.
- BARKWORTH M. E. & DEWEY D. R. 1985. Genomically based genera in the perennial Triticeae of North America: identification and membership. – *Am. J. Bot.* **72**(5): 767–776.
- BAUM B. R. & BAILEY L. G. 1991. Relationships among native and introduced North America species of *Hordeum*, based on chloroplast DNA restriction site variation. – *Can. J. Bot.* **69**: 2421–2426.
- BAUM B. R., ESTES J. R. & GUPTA P. K. 1987. Assesment of the genomic system of classification in the Triticeae. – *Amer. J. Bot.* **74**: 1388–1395.
- BAUM B. R., YEN C. & YANG J.-L. 1990. *Roegneria*: its generic limits and justification for its recognition. – *Can. J. Bot.* **69**: 282–294.
- BEDNAREK P. T. & CHWEDORZEWSKA K. 2001. Markery molekularne, ich charakterystyka genetyczna oraz wybrane zastosowania w analizie genetycznej roślin. – *Biotechnologia* **52**: 9–34.
- BEDNAREK P.T., CHWEDORZEWSKA K., KRÓLICZAK J., PUCHALSKI J. & ZAWADA M. 1999. AFLP molecular markers as a tool for genetic variability studies of rye inbred lines. – *Biul. Inst. Hod. Aklim. Rośl.* **211**: 219–227.
- BOLKHOVSKIKH Z., GRIF V., MATVEJEVA O. & ZAKHARYEVA A. 1969. Khromosomnye chisla tsvetkovykh rasteni. ss. 926. Izdatel'stvo Nauka, Leningrad.
- BOONKERT T., SAENGMANEE S. & BAUM B. R. 2002. The varieties of *Bauhinia pottsii* G. Don in Thailand (*Leguminosae-Caesalpinioideae*). – *Pl. Syst. Evol.* **232**: 51–62.
- BOWDEN W. M. 1965. Cytotaxonomy of the species and interspecific hybrids of the genus *Agropyron* in Canada and neighbouring areas. – *Can. J. Bot.* **43**: 1421–1448.

- BREJ T. 1998. Heavy metal tolerance in *Agropyron repens* (L.) P.Beauv. populations from the Legnica copper smelter area, lower Silesia. – Acta Soc. Bot. Pol. **3–4**: 325–333.
- BREJ T. 2000. Population biology of *Agropyron repens* (L.) P.Beauv. around the copper smelter Legnica. – Acta Soc. Bot. Pol. **4**: 299–309.
- BREJ T. 2001. Ecological significance of assimilate distribution in *Agropyron repens* clones under influence of the copper smelter Legnica. – Acta Soc. Bot. Pol. **2**: 145–151.
- BRETTELL R. I. S., BANKS P. M., CAUDERON Y., CHEN X., CHEN Z. M., LARKIN P. J. & WATERHOUSE P. M. 1988. A single wheatgrass chromosome reduces the concentration of barley yellow dwarf virus in wheat. – Ann. App. Biol. **113**: 599–603.
- BRITTON N. L. & BROWN A. 1913. An illustrated flora of the northern United States, Canada and the British Possessions, from Newfoundland to the southern boundary of Virginia and from the Atlantic Ocean westward to the 102d Meridian. Ed. 2. **1**. ss. 289. Charles Scribner's sons, New York.
- BROWN A. H. D., ZOHARY D. & NEVO E. 1978. Outcrossing rates and heterozygosity in natural populations of *Hordeum spontaneum* Koch in Israel. – Heredity **41**: 49–62.
- BRUMMITT R. K. (red.). 1992. Vascular plant families and genera. ss. 804. Royal Botanic Gardens, Kew.
- BRUNELL M. S. & WHITKUS R. 1997. RAPD marker variation in *Eriastrum densifolium* (*Polemoniaceae*): implications for subspecific delimitation and conservation. – Syst. Bot. **22**(3): 543–553.
- CAUDERON Y. & RHIND J.-M. 1976. The effect on wheat of an *Agropyron* chromosome carrying stripe rust resistance. – Amerlior. Plant **26**: 745–749.
- CHAFFEY N. J. 1994. Structure and function of the membranous grass ligule: a comparative study. – Bot. J. Linn. Soc. **116**: 53–69.
- CHEN L., FISCHER H. & JENSEN U. 1997. Accumulation of seed storage proteins and the taxonomy of Poaceae. – Pl. Syst. Evol. **206**: 243–257.
- CHEN Q., CONNER R. L., LAROCHE A., JI W. Q., ARMSTRONG K. C. & FEDAK G. 1999. Genomic in situ hybridization analysis of *Thinopyrum* chromatin in a wheat – *Th. intermedium* partial amphiploid and six derived chromosome addition lines. – Genome **42**: 1217–1223.
- CLAYTON W. D. & RENVOIZE S. A. 1986. Genera Graminum. Grasses of the world. ss. 389. Her Majesty's Stationery Office, London.
- CONERT H. J. (red.). 1998. Gustav Hegi Illustrierte Flora von Mitteleuropa. Spermatophyta: Angiospermae: Monocotyledones 1 (2), Poaceae. Band I, teil 3. ss. 928. Parey Buchverlag, Berlin.
- CORRADINI P., EDELIN C., BRUNEAU A. & BOUCHARD A. 2002. Architectural and genotypic variation in the clonal shrub *Taxus canadensis* as determined from random amplified polymorphic DNA and amplified fragment length polymorphism. – Can. J. Bot. **80**: 205–219.
- CZARNOCKI J. 1950. Klucz do oznaczania traw. ss. 347. Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, Warszawa.
- DESFONTAINES R. L. 1804. Tableau de l'école de botanique du Muséum d'histoire naturelle, Paris.
- DESVAUX N. A. 1810. Nouveau Bulletin des Sciences, publié par la Société Philomatique de Paris **2**: 191.
- DEWEY D. R. 1960. Salt tolerance of 25 strains of *Agropyron*. – Agron. J. **52**: 631–635.
- DEWEY D. R. 1962. The genome structure of intermediate wheatgrass. – J. Hered. **53**: 282–290.

- DEWEY D. R. 1963 a. Cytology and morphology of synthetic *Agropyron trichophorum* × *Agropyron desertorum* hybrid. – Amer. J. Bot. **50**(6): 552–562.
- DEWEY D. R. 1963 b. Morphology and cytology of synthetic hybrids of *Agropyron trichophorum* × *Agropyron cristatum*. – Amer. J. Bot. **50**(10): 1028–1034.
- DEWEY D. R. 1978. Intermediate wheatgrasses of Iran. – Crop Sci. **18**(1): 43–48.
- DEWEY D. R. 1984. The genomic system of classification as a guide to intergeneric hybridization with the perennial Triticeae. – W: J. P. GUSTAFSON (red.), Gene manipulation in plant improvement. Proc. 16th Stadler Genetics Symp. ss. 209–279. Plenum Publishing Corporation, New York.
- DUBOVİK O. N. 1976. Novye materialy k izučeniu roda *Elytrigia* Desv. – Nov. Syst. Pl. Vasc. (Kiev): 7–28.
- DU RIETZ G. E. 1930. The fundamental units of biological taxonomy. – Svensk bot. Tidskr. **24**: 333–428.
- DVORAK J. 1981. Genome relationships among *Elytrigia* (= *Agropyron*) *elongata*, *E. stipifolia*, “*E. elongata* 4X”, *E. caespitita*, *E. intermedia*, and “*E. elongata* 10X”. – Can. J. Genet. Cytol. **23**: 481–492.
- EHRENDORFER F. (red.). 1973. Liste der Gefäßpflanzen Mitteleuropas. Wyd. 2. ss. 318. G. Fischer, Stuttgart.
- ELLIS R. P. 1976. A procedure for standardizing comparative leaf anatomy in the Poaceae. I. The leaf blade as viewed in transverse section. – Bothalia **12**: 65–109.
- ELLIS R. P. 1986. A review of comparative leaf blade anatomy in the systematics of the Poaceae. – W: T. SODERSTROM i in. (red.), Grass systematics and evolution, ss. 3–10. Smithsonian Institution, Washington.
- ELLSTRAND N. C. & ROOSE M. L. 1987. Patterns of genotypic diversity in clonal plant species. – Amer. J. Bot. **74**(1): 123–131.
- ESCARAVAGE N., QUESTIAU S., PORNON A., DOCHE B. & TABERLET P. 1998. Clonal diversity in a *Rhododendron ferrugineum* L. (Ericaceae) population inferred from AFLP markers. – Mol. Ecol. **7**: 975–982.
- EVERITT B. S. 1977. The analysis of contingency tables. Chapman and Hall, London.
- EXCOFFIER L., SMOUSE P. E. & QUATTRO J. M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. – Genetics **131**: 479–491.
- FALIŃSKA K. 1997. Ekologia roślin. Podstawy teoretyczne, populacja, zbiorowisko, procesy. ss. 453. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa.
- FALKOWSKI M. (red.). 1982. Trawy polskie. ss. 565. Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, Warszawa.
- FEDAK G. 1985. Alien species as sources of physiological traits for wheat improvement. – Euphytica **34**: 673–680.
- FEDOROV AN. A. (red.). 1974. Flora evropejskoj casti SSSR. **1**. ss. 403. Izdatel'stvo Nauka, Leningrad.
- FERNALD M. L. 1933. Recent discoveries in the Newfoundland flora. – Rhodora **35**: 167–185.
- 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.
- FREY L., MIREK Z. & MIZIANTY M. 1977. Contribution to the chromosome numbers of Polish vascular plants. – Fragm. Flor. Geobot. **23**: 317–325.

- FRIEBE B., ZELLER F. J., MUKAI Y., FORSTER B. P., BARTOS P. & MCINTOSH R. A. 1992. Characterization of rust-resistant wheat-*Agropyron intermedium* derivatives by C-banding, in situ hybridization and isozyme analysis. – *Theor. Appl. Genet.* **83**: 775–782.
- GAERTNER J. 1770. Observationes et descriptiones botanicae. *Novi Comment. – Acad. Sci. Petrop.* **14**(1): 531–547.
- GLĄZEK T. 1995. Murawy i zarośla kserotermiczne projektowanego rezerwatu przyrody „Raj” w dolinie Wisły koło Solca (Wyżyna Małopolska). – *Ochrona Przyr.* **52**: 145–165.
- GOULD F. W. 1947. Nomenclatorial changes in *Elymus* with a key to the Californian species. – *Madroño* **9**: 120–128.
- GREUTER W. i in. (red.). 1994. International Code of Botanical Nomenclature (Tokyo Code). Adopted by Fifteenth International Botanical Congress, Yokohama, August – September 1993. ss. 389. Koeltz Scientific Books, Königstein.
- GUADAGNUOLO R., BIANCHI D. S., FELBER F. 2001. Specific genetic markers for wheat, spelt, and four wild relatives: comparison of isozymes, RAPDs, and wheat microsatellites. – *Genome* **44**(4): 610–621.
- HAMILTON C. W. & REICHARD S. H. 1992. Current practice in the use of subspecies, variety, and forma in the classification of wild plants. – *Taxon* **41**: 485–498.
- HAMRICK J. L. & HOLDEN L. R. 1979. Influence of microhabitat heterogeneity on gene frequency distribution and gametic phase disequilibrium in *Avena barbata*. – *Evolution* **33**: 521–533.
- HANSEN A. 1959. Die *Elytrigia*-Arten und -Hybriden an der polnischen Ostseeküste. – *Fragm. Flor. Geobot.* **5**(2): 182–189.
- HANSEN K. T., ELVEN R. & BROCHMANN C. 2000. Molecules and morphology in concert: tests of some hypotheses in arctic *Potentilla* (Rosaceae). – *Amer. J. Bot.* **87**(10): 1466–1479.
- HARPER J. L. 1977. Population biology of plants. ss. 892. Academic Press, New York.
- HEISER C. B. & WHITAKER T. W. 1948. Chromosome number, polyploidy and growth habit in California weeds. – *Amer. J. Bot.* **35**(3): 179–186.
- HENEEN W. K. 1962. Karyotype studies in *Agropyrum junceum*, *A. repens* and their spontaneous hybrids. – *Hereditas* **48**(3): 471–503.
- HOLMGREN P. K., HOLMGREN N. H. & BARNETT L. C. 1990. Index Herbariorum. Part I: The Herbaria of the World. – *Regnum Vegetabile* **120**: 1–693.
- HORVAT I., GLAVAC V. & ELLENBERG H. 1974. Vegetation Südosteuropas. ss. 768. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart.
- HSAM S. L. K. & ZELLER F. J. 1982. Relationships of *Agropyron intermedium* chromosomes determined by chromosome pairing and alcohol dehydrogenase isozymes in common wheat background. – *Theor. Appl. Genet.* **63**: 213–227.
- HSIAO C., CHATTERTON N. J., ASAY K. H. & JENSEN K. B. 1995. Molecular phylogeny of the *Pooideae* (Poaceae) based on nuclear rDNA (ITS) sequences. – *Theor. Appl. Genet.* **90**: 389–398.
- HULTÉN E. & FRIES M. 1986. Atlas of North European vascular plants. North of the Tropic of Cancer. **1**. ss. 498; **3**. ss. 1172. Koeltz Scientific Books, Königstein.
- JARVIE J. K. 1992. Taxonomy of *Elytrigia* sect. *Caespitosae* and sect. *Junceae* (Gramineae: Triticeae). – *Nord. J. Bot.* **12**(2): 155–169.
- JARVIE J. K. & BARKWORTH M. E. 1990. Isozyme similarity in *Thinopyrum* and its relatives (Triticeae: Graminae). – *Genome* **31**: 885–891.
- JARVIE J. K. & BARKWORTH M. E. 1992 a. Anatomical variation in some perennial Triticeae. – *Bot. J. Linn. Soc.* **108**: 287–301.

- JARVIE J. K. & BARKWORTH M. E. 1992 b. Morphological variation and genome constitution in some perennial Triticeae. – Bot. J. Linn. Soc. **108**: 167–180.
- JAOCHIMIAK A. 1994. Analiza kariotypu roślin. ss. 96. Skrypty Uczelniane nr 717, Nakładem Uniwersytetu Jagiellońskiego, Kraków.
- JIRÁSEK V. 1954. Příspěvek k systematice a taxonomii československých pýrů – *Agropyrum* Gaertn. – Preslia **26**: 159–176.
- KARP A., SEBERG O. & BUIATTI M. 1996. Molecular techniques in the assessment of botanical diversity. – Ann. Bot. **78**(2): 143–149.
- KAISER H. F. 1958. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. – Psychometrika **23**: 187–200.
- KELLOG E. A. 1989. Comments on genomic genera in the Triticeae (Poaceae). – Amer. J. Bot. **76**: 796–805.
- KENDALL M. G. 1975. Rank correlation methods. 4th edition. ss. 202. Charles Griffin, London.
- KERGUÉLEN M. 1975. Les Gramineae (Poaceae) de la flore française essai de mise au point taxonomique et nomenclaturale. – Lejeunia N. S. **75**: 1–343.
- KHAN I. A. 1999. Detection of wheat-alien recombinant chromosomes using co-dominant DNA markers. – Ann. Appl. Biol. **135**: 579–583.
- KHAN I. A. 2000. Molecular and agronomic characterization of wheat-*Agropyron intermedium* recombinant chromosomes. – Plant Breeding **119**: 25–29.
- KIMSA T. & SOKOŁOWSKA Z. 1973. Badania geobotaniczne w rezerwacie *Carlina onopordifolia* Bess. w Rogowie koło Hrubieszowa. – Ann. Univ. M. Curie-Skłodowska, Sect. C **28**: 215–231.
- KLEKOWSKI E. J. & GODFREY P. J. 1989. Ageing and mutation in plants. – Nature **340**: 389–391.
- KLIMKO M. 1992. Studia nad zmiennością współczesnych i kopalnych gatunków z rodzaju *Schoenoplectus* (Rchb.) Palla. ss. 146. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu.
- KOSINA R. 1995 a. Comments on the variation of spike morphology in selected species of *Elytrigia* and *Elymus* (Triticeae). – Acta Soc. Bot. Pol. **64**(4): 385–392.
- KOSINA R. 1995 b. Remarks on taxonomy of some species of *Elytrigia* s. l. (Triticeae) in the light of embriomorphology. – Acta Soc. Bot. Pol. **64**(3): 295–302.
- KOSTINA E. V. & AGAFONOV A. V. 2002. Izmenchivost' zapasnyh belkov i gistona H1 u *Elytrigia repens* (Poaceae) po dannym elektroforeza. – Bot. Žurn. **87**(3): 106–115.
- KOZŁOWSKA A. 1927 [1929]. Naskalne zbiorowiska roślin na Wyżynie Małopolski. – Rozpr. Wyzd. Mat.-Przyr. PAU ser. A/B **67**: 325–373.
- KRAUSS S. L. & PEAKALL R. 1998. An evaluation of the AFLP fingerprinting technique for the analysis of paternity in natural populations of *Perseosia mollis* (Proteaceae). – Aust. J. Bot. **46**: 533–546.
- KUTA E. 1992. Metody biologii molekularnej w biosystematyce roślin. – Kosmos **41**(2–3): 179–201.
- LARKIN P. J., BANKS P. M., LAGUDAH E. S., APPELS R., CHEN X., XIN Z. Y., OHM H. W. & MCINTOSH R. A. 1995. Disomic *Thinopyrum intermedium* addition lines in wheat with barley yellow dwarf virus resistance and with rust resistances. – Genome **38**: 385–394.
- LE THIERRY D'ENNEQUIN M., PANAUD O., TOUPANCE B. & SARR A. 2000. Assessment of genetic relationships between *Setaria italica* and its wild relative *S. viridis* using AFLP markers. – Theor. Appl. Genet. **100**: 1061–1066.
- LE TOURNEAU D. & HEGGENESS H. G. 1957. Germination and growth inhibitors in leafy spure foliage and quack-grass rhizomes. – Weeds **5**: 12–19.

- LEVAN A., FREDGA K. & SANDBERG A. A. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. – *Hereditas* **52**: 201–220.
- LI A. & GE S. 2001. Genetic variation and clonal diversity of *Psammochloa villosa* (Poaceae) detected by ISSR markers. – *Ann. Bot.* **87**: 585–590.
- LIEDLOFF A. 1999. Mantel Version 2.0. Mantel Non-Parametric Test Calculator. School of Natural Resource Sciences. Queensland University of Technology, Brisbane, Australia.
- LINHART Y. B., MITTON J. B., STURGEON K. B. & DAVIS M. L. 1981. Genetic variation in space and time in a population of ponderosa pine. – *Heredity* **46**: 407–426.
- LINNAEUS C. 1753. *Species plantarum, exhibentes plantas rite cognitatas, ad genera relatas, cum differentiis specificis, nomnibus trivialibus, synonymis selectis, locis natalibus secundum systema sexuale digestas*. 1. *Impensis Laurentii Salvii, Holmiae* [Stockholm]. Facsimile ed.: 1957, ed. Ray Society, London, with an introduction by W. Stearn: [iii] – xiv + 1–176 [1–2]: facsimile: [i–xii] + 1–560; and new index to genera and classes [1–6].
- LIU Z. W. & WANG R. R.-C. 1993. Genome analysis of *Elytrigia caespitosa*, *Lophopyrum nodosum*, *Pseudoroegneria geniculata* ssp. *scythica*, and *Thinopyrum intermedium* (Triticeae: Gramineae). – *Genome* **36**: 102–111.
- LÖVE Á. 1963. Cytotaxonomy and generic delimitation. – *Regnum Vegetabile* **27**: 45–51.
- LÖVE Á. 1984. Conspectus of the Triticeae. – *Feddes Repert.* **95**(7–8): 425–521.
- LÖVE Á. 1986. Some taxonomical adjustments in Eurasiatic wheatgrasses. – *Veröff. Geobot. Inst. Rübel Zürich* **87**: 43–52.
- I. LOVELESS M. D. & HAMRICK J. L. 1984. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. – *Ann. Rev. Ecol. Syst.* **15**: 65–95.
- ŁUSZCZYŃSKA B. 1998. Kserotermiczna flora wybranych subregionów Niecki Nidziańskiej (Garb Pińczowski, Płaskowyż Szaniecki, wschodnia część Niecki Soleckiej). – *Fragm. Flor. Geobot. Ser. Polonica* **5**: 55–87.
- MACARTHUR R. H. & CONNELL J. H. 1971. *Biologia populacji*. ss. 232. Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, Warszawa.
- MÁJOVSKÝ J. & MURÍN A. 1987. *Karyotaxonomický prehľad flóry Slovenska*. ss. 436. Vyd. Slovenskej akadémie vied, Bratislava.
- MANTEL N. A. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. – *Cancer Res.* **27**: 209–220.
- MARCZEWSKI W. 1997. AFLP – nowa metoda badawcza w genetyce roślin. – *Biotechnologia* **2**(37): 121–125.
- MARHOLD K. 1996. Multivariate morphometric study of the *Cardamine pratensis* group (Cruciferae) in the Carpathian and Pannonian area. – *Pl. Syst. Evol.* **200**: 141–159.
- MATUSZKIEWICZ W. 1984. *Przewodnik do oznaczania zbiorowisk roślinnych Polski*. Wyd 2. ss. 298. Państwowe Wydawnictwo Naukowe, Warszawa.
- MAX K. N., MOUCHATY S. K. & SCHWAEGERLE K. E. 1999. Allozyme and morphological variation in two subspecies of *Dryas octopetala* (Rosaceae) in Alaska. – *Amer. J. Bot.* **86**(11): 1637–1644.
- MAYR E. 1974. *Populacje, gatunki i ewolucja*. Wiedza Powszechna, Warszawa.
- MAZERANT-LESZKOWSKA A. 1990. *Mała księga ziół. Rady i porady*. ss. 280. Instytut Wydawniczy Związków Zawodowych, Warszawa.
- MCINTYRE C. L. 1988. Variation at isozyme loci in Triticeae. – *Pl. Syst. Evol.* **160**(1–2): 123–142.

- MEDWECKA-KORNAŚ A., KORNAŚ J., PAWŁOWSKI B. & ZARZYCKI K. 1972. Przegląd ważniejszych zespołów roślinnych Polski. – W: W. SZAFER & K. ZARZYCKI (red.), Szata Roślinna Polski. 1. ss. 279–479. Państwowe Wydawnictwo Naukowe, Warszawa.
- 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 (red.), Flora Europaea Notulae Systematicae ad Floram European spectantes No. 20. – Bot. J. Linn. Soc. 76(4): 369–384.
- MELDERIS A. 1980. *Elymus* L. – W: T. G. TUTIN, V. H. HEYWOOD, N. A. BURGESS, D. M. MOORE, D. H. VALENTINE, S. M. WALTERS & D. A. WEBB (red.), Flora europaea. 5. Alismataceae to Orchidaceae (Monocotyledones). ss. 192–198. Cambridge University Press, Cambridge.
- MELDERIS A. & MCCLINTOCK D. C. 1983. The genera *Elymus* L. and *Leymus* Hochst. in Britain. – *Watsonia* 14(4): 391–395.
- METCALFE C. R. 1960. Anatomy of the Monocotyledones. I. Gramineae. lxi + ss. 731. Clarendon Press, Oxford.
- MEUSEL H., JÄGER E. & WEINERT E. 1965. Vergleichende Chorologie der Zentraleuropäischen Flora. ss. 583 (Text) + ss. 258 (Karten). G. Fischer, Jena.
- MIKKELSEN K. S. & SEBERG O. 2001. Morphometric analysis of the *Bersama abyssinica* Fresen. complex (Melianthaceae) in East Africa. – *Pl. Syst. Evol.* 227: 157–182.
- MIREK Z., PIĘKOŚ-MIREK H., ZAJĄC A. & ZAJĄC M. 1995. Vascular plants of Poland – a checklist. – *Pol. Bot. Stud. Guideb. Ser.* 15: 1–303.
- MIREK Z., MUSIAŁ L. & WÓJCICKI J. J. 1997. Polish herbaria. – *Polish Bot. Stud. Guideb. Ser.* 18: 1–116.
- MIZIANTY M. & SZCZEPANIAK M. 1997. Remarks on the *Agropyron-Elymus* complex (Poaceae) with special reference to its representatives in Poland. – *Fragm. Flor. Geobot.* 42(2): 215–255.
- MIZIANTY M., FREY L. & SZCZEPANIAK M. 1999. The *Agropyron-Elymus* complex (Poaceae) in Poland: nomenclatural problems. – *Fragm. Flor. Geobot.* 44(1): 3–33.
- MIZIANTY M., FREY L. & SZCZEPANIAK M. 2001. The *Agropyron-Elymus* complex (Poaceae) in Poland: biosystematics. – W: L. FREY (red.), *Studies on grasses in Poland*. ss. 25–77. W. Szafer Institute of Botany, Polish Academy of Sciences, Kraków.
- MUELLER U. G. & WOLFENBARGER L. 1999. AFLP genotyping and fingerprinting. – *Trends Ecol. Evol.* 14: 389–394.
- NEI M. & LI W.H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. – *Proc. Nat. Acad. Sci.* 76: 5269–5273.
- NEVSKI S. A. 1933. Agrostologicheskie etjudy. IV. O sistieme tribu Hordeae. – *Tr. Bot. Inst. Akad. Nauk SSSR, Ser. 1, Fl. Sist. Vyssh. Rast.* 1: 9–32.
- NEVSKI S. A. 1936. Perechen' zlakov iz trib Lolieae, Nardeae, Leptureae i Hordeae flory SSSR. – *Acta Inst. Bot. Acad. Sci. URSS* 1, 2: 33–90.
- NOWIŃSKI M. 1967. Polskie zbiorowiska trawiaste i turzycowe. Szkic fitosocjologiczny. ss. 283. Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, Warszawa.
- OBERDORFER E. (red.). 2001. Pflanzensoziologische Excursionsflora für Deutschland und angrenzende Gebiete. 8 Auflage. ss. 1051. Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- OKTABA W. 1976. Elementy statystyki matematycznej i metodyka doświadczalnictwa. Wyd. 4. ss. 310. Państwowe Wydawnictwo Naukowe, Warszawa.
- PALISOT DE BEAUVOIS A. M. F. J. 1812. *Essai d'une nouvelle Agrostographie: ou nouveaux genres des Graminees*. ss. 285. Imprimerie de Fain, Paris.

- PALMER J. H. & SAGAR G. R. 1963. Biological flora of the British Isles: *Agropyron repens* (L.) Beauv. – J. Ecol. **51**: 783–794.
- PAPPERT R. A., HAMRICK J. L. & DONOVAN L. A. 2000. Genetic variation in *Pueraria lobata* (Fabaceae), an introduced, clonal, invasive plant of the southeastern United States. – Amer. J. Bot. **87**(9): 1240–1245.
- PAWŁOWSKA S. 1966. Floristic statistics and the elements of the Polish flora. – W: W. SZAFER (red.), The vegetatio of Poland. ss. 138–240. Polish Scientific Publishers, Warszawa.
- PETROVA O. A. 1975. O polimorfizmie pyreya polzuchevo *Elytrigia repens* (L.) Desv. i evo khchromosomnom chisle. – Citologia i Genetika **9**(2): 126–128.
- PIELOU E. C. 1969. An introduction to mathematical ecology. ss. 286. Wiley-Interscience, New York.
- PIĘKOŚ-MIRKOWA H. & MIREK Z. 1978. O rzadkich lub dotychczas z obszaru Tatr nie znanych gatunkach roślin naczyniowych. – Fragm. Flor. Geobot. **24**(3): 363–368.
- PILLAY M. & HILU K. W. 1995. Chloroplast-DNA restriction site analysis in the genus *Bromus* (Poaceae). – Amer. J. Bot. **82**: 239–249.
- PROKUDIN YU. N. & DRULEVA I. V. 1971. Pro gibridnu prirodu piriju zaostrenogo (*Elytrigia mucronata* (Opiz) Prokudin). – Ukr. Bot. Žurn. **28**(6): 712–717.
- PROKUDIN YU. N. & DRULEVA I. V. 1972. O gibridnoji prirode pyreja stepnogo (*Elytrigia tesquicola* Prokudin). – Bot. Žurn. **57**(5): 495–500.
- PROKUDIN YU. N. & DRULEVA I. V. 1977. Rod 4. *Elytrigia* Desv. – pyrej. – W: YU. N. PROKUDIN, A. G. VOVK, O. A. PETROVA, E. D. YERMOLENKO & YU. V. VERNICHENKO (eds). Zlaki Ukrainy, s. 52–76, Naukova Dumka, Kiev.
- PROKUDIN YU. N. 1982. Itogi kompleksnovo biosystematicheskovo izucheniya *Elytrigia repens* (Poaceae). – Bot. Žurn. **67**(2): 129–139.
- QI X. & LINDHOUT P. 1997. Development of AFLP markers in barley. – Mol. Gener. Gen. **254**: 330–336.
- RABOTNOV T. A. 1969. On coenopopulations of perennial herbaceous plants in natural coenoses. – Vegetatio **19**: 87–95.
- RATKIEWICZ M. & BORKOWSKA A. 2002. Zastosowanie technik molekularnych w ekologii. – Wiad. Ecol. **48**(2): 99–121.
- REEKIE E. G. 1991. Cost of seed versus rhizome production in *Agropyron repens*. – Can. J. Bot. **69**: 2678–2683.
- ROLDÁN-RUIZ I., VAN EEUWIJK F. A., GILLILAND T. J., DUBREUIL P., DILLMANN C., LALLEMAND J., DE LOOSE M. & BARIL C. P. 2001. A comparative study of molecular and morphological methods of describing relationships between perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) varieties. – Theor. Appl. Genet. **103**: 1138–1150.
- ROTHMALER W. 1994. Excursionsflora von Deutschland. **4**. ss. 811. G. Fischer Verlag, Jena – Stuttgart.
- ROYSTON J. P. 1982. An extension of Shapiro and Wilk's W test for normality to large samples. – App. Statistics **31**: 115–124.
- RUNEMARK H. & HENEEN W. K. 1968. *Elymus* and *Agropyron*, a problem of generic delimitation. – Bot. Not. **121**: 51–79.
- RUSSEL J. R., FULLER J. D., MACAULAY M., HATZ B. G., JAHOR A., POWELL W. & WAUGH R. 1997. Direct comparison of levels of genetic variation among barley accessions detected by RFLPs, AFLPs, SSRs and RAPDs. – Theor. Appl. Genet. **95**: 714–722.

- RUTKOWSKI L. 1998. Klucz do oznaczania roślin naczyniowych Polski niżowej. ss. 812. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa.
- RYCHLEWSKI J. 1980. *Agropyron*. – W: E. POGAN, J. RYCHLEWSKI i in., Further studies in chromosome numbers of Polish Angiosperms. Part XIV. – Acta Biol. Cracov. Ser. Botanica **22**: 129–153.
- RYCHLEWSKI J. 1985. *Agropyron, Elymus* – W: E. POGAN, R. CZAPIK & A. JANKUN i in., Further studies in chromosome numbers of Polish Angiosperms. Part XVIII. – Acta Biol. Cracov. Ser. Botanica **27**: 57–74.
- SAKAMOTO S. & MARAMATSU M. 1963. Chromosome number of Gramineae species collected in Pakistan, Afghanistan and Iran. – Ann. Rept. Natl. Inst. Genetic Japan **13**: 48–50.
- SALOMON B. & LU B. R. 1992. Genomic groups, morphology, and sectional delimitation in Eurasian *Elymus* (Poaceae, Triticeae). – Pl. Syst. Evol. **180**: 1–13.
- SCHLICHTING C. D. & LEVIN D. A. 1986. Phenotypic plasticity: an evolving plant character. – Biol. J. Linn. Soc. **29**: 37–47.
- SCHNEIDER S., ROESSLI D. & EXCOFFIER L. 2000. Arlequin ver. 2.000: A software for population genetic data analysis. Genetic and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland.
- SCHOLZ H. 1993. *Elytrigia arenosa* (Gramineae) – ein mitteleuropäischer Relikt-Endemit. – Bot. Jahrb. Syst. **115**(3): 351–366.
- SCHULTZ-SCHAEFFER J. & JURASITS P. 1962. Biosystematic investigations in the genus *Agropyron*. I. Cytological studies of species karyotypes. – Amer. J. Bot. **49**(9): 940–953.
- SCHULTZ-SCHAEFFER J. & JURA P. 1967. Biosystematic investigations in the genus *Agropyron*. IV. Species karyotype analysis, phylogeographic and other biosystematic studies – Zeit. Pflanzen. **57**: 146–166.
- SCHWARZ Z. & SZOBER J. 1960. Rośliny towarzyszące człowiekowi. ss. 116. Państwowe Zakłady Wydawnictw Szkolnych, Warszawa.
- SCOLES G. J., GILL B. S., XIN Z.-Y., CLARKE B. C., MCINTYRE C. L., CHAPMAN C. & APPELS R. 1988. Frequent duplication and deletion events in the 5S RNA genes and the associated spacer regions of the Triticeae. – Pl. Syst. Evol. **160**(1–2): 105–122.
- SEBERG O. 1989. Genome analysis, phylogeny and classification. – Pl. Syst. Evol. **166**: 159–171.
- SHAPIRO S. S., WILK M. B. & CHEN H. J. 1968. A comparative study of various tests of normality. – J. Amer. Statist. Assoc. **63**: 1343–1372.
- SHARMA D. & KNOTT D. R. 1966. The transfer of leaf-rust resistance from *Agropyron* to *Triticum* by irradiation. – Can. J. Genet. Cytol. **8**: 137–143.
- SHARMA H. C. & GILL B. S. 1982. Variability in spikelet disarticulation in *Agropyron* species. – Can. J. Bot. **60**: 1771–1775.
- SHARMA S. K., KNOX M. R., ELLIS T. H. N. 1996. AFLP analysis of the diversity and phylogeny of *Lens* and its comparison with RAPD analysis. – Theor. App. Genet. **93**: 751–758.
- SINGH D. N. 1964. Cytological studies in the Gramineae. III. – Sci. and Cult. **30**(8): 396–397.
- SNEATH P.H. & SOKAL R. R. 1973. Numerical taxonomy. ss. xv + ss. 573. W. H. Freeman, San Francisco.
- SNEDECOR G. W. 1956. Statistical methods. 5th Ed. ss. 267. Iowa University Press, Ames.
- SNYDER L. A. 1951. Cytology of inter-strain hybrids and the probable origin of variability in *Elymus glaucus*. – Amer. J. Bot. **38**: 195–202.
- SOKAL R. R. & ROHLF F. J. 1981. Biometry. Wyd. 2. ss. 859. W. H. Freeman, New York.

- STACE C. A. 1993. Taksonomia roślin i biosystematyka. ss. 340. Wydawnictwo Naukowe PWN, Warszawa.
- STANISZ A. 1998. Przystępny kurs statystyki w oparciu o program *STATISTICA PL* na przykładach z medycyny. ss. 362. StatSoft Polska, Kraków.
- STATSOFT Inc., 1984–1995. *STATISTICA for WINDOWS*, StatSoft, Inc., Tulsa.
- STEBBINS G. L. 1956. Taxonomy and the evolution of genera, with special reference to the family Gramineae. – *Evolution* **10**: 235–245.
- STEBBINS G. L. 1958. Zmienność i ewolucja roślin. ss. 470. Państwowe Wydawnictwo Naukowe, Warszawa.
- STEBBINS G. L. & PUN F. T. 1953. Artificial and natural hybridization in the Gramineae, tribe Hordeae, VI. Chromosome pairing in *Secale cereale* × *Agropyron intermedium* and the problem of genome homologies in the Triticineae. – *Genetics* **38**: 600–608.
- STEINER E. 1964. Incompatibility studies of *Oenothera*: the distribution of SI alleles in *biennis* *I* populations. – *Evolution* **18**: 370–378.
- STODDARD S. L., GILL B. S. & LOMMEL S. A. 1987. Genetic expression of wheat streak mosaic virus resistance in two wheat–wheatgrass hybrids. – *Crop Sci.* **27**: 514–519.
- SUN G. L., SALOMON B. & BOTHMER R. VON. 1997. Analysis of tetraploid *Elymus* species using wheat microsatellite markers and RAPD markers. – *Genome* **40**: 806–814.
- SUN G. L., DIAZ O., SALOMON B. & BOTHMER R. VON. 1999. Genetic diversity in *Elymus caninus* as revealed by isozyme, RAPD, and microsatellite markers. – *Genome* **42**(3): 420–431.
- 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.
- SYDES M. A. & PEAKALL R. 1998. Extensive clonality in the endangered shrub *Haloragodendron lucasii* (Haloragaceae) revealed by allozymes and RAPDs. – *Mol. Ecol.* **7**: 87–93.
- SZABÓ A. T. 1979. Wheatgrass variability (*Agropyron*, sect. *Elytrigia*) in a native collection from Transylvania, Romania. I. *Agropyron intermedium* complex. – *Not. Bot. Hort. Agrobot. Cluj.* **10**: 89–99.
- SZABÓ A. T. 1981. Wheatgrass variability (*Agropyron*, sect. *Elytrigia*) in a native collection from Transylvania. II. *Agropyron repens* (L.) P. Beauv. – *Not. Bot. Hort. Agrobot. Cluj.* **11**: 61–68.
- SZAFER W., KULCZYŃSKI S. & PAWŁOWSKI B. 1953. Rośliny polskie. ss. xxviii + 1020. Państwowe Wydawnictwo Naukowe, Warszawa.
- SZCZEPANIAK M. 2001. The *Agropyron-Elymus* (Poaceae) complex in Poland: occurrence of the *Elymus hispidus* subsp. *hispidus* i subsp. *barbulatus*. – W: L. FREY (red.), Studies on grasses in Poland. ss. 177–193. W. Szafer Institute of Botany, Polish Academy of Sciences, Kraków.
- 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.
- TAYLOR D. R. & AARSSSEN L. W. 1988. An interpretation of phenotypic plasticity in *Agropyron repens* (Gramineae). – *Amer. J. Bot.* **75**(3): 401–413.
- TAYLOR R. J. & MCCOY G. A. 1973. Proposed origin of tetraploid species of crested wheatgrass based on chromatographic and karyotype analyses. – *Amer. J. Bot.* **60**(6): 576–588.
- TOWPASZ K. & MITKA J. 2001. Grasses in xerothermic grassland on the Proszowice Plateau, southern Poland. – W: FREY L. (red.), Studies on grasses in Poland. ss. 303–311. W. Szafer Institute of Botany, Polish Academy of Sciences, Kraków.

- TOWPASZ K., KOTAŃSKA M. & MITKA J. 1999. *Elymus hispidus* (Poaceae) in xerothermic grassland on the Proszowice Plateau (Małopolska Upland, S Poland). – *Fragm. Flor. Geobot. Suppl.* 7: 107–113.
- TOWPASZ K., KOTAŃSKA M. & TRZCIŃSKA-TACIK H. 2001. Notatki florystyczne z Płaskowyżu Proszowickiego (Wyżyna Małopolska). Cz. 3. – *Fragm. Flor. Geobot. Polonica* 8: 21–27.
- TRIPATHI R. S. & HARPER J. L. 1973. The comparative biology of *Agropyron repens* (L.) Beauv. and *A. caninum* (L.) Beauv. I. The growth of mixed populations established from tillers and from seeds. – *J. Ecol.* 61(2): 353–368.
- TRIST P. J. O. 1995. *Elytrigia repens* (L.) Desv. ex Nevski subsp. *arenosa* (Spenner) Á. Löve (Poaceae) in north-western Europe. – *Watsonia* 20: 385–390.
- TSVELEV N. N. 1976. Zlaki SSSR. ss. 788. Izdatel'stvo Nauka, Leningrad.
- TUKEY J. W. 1949. Comparing individual means in the analysis of variance. – *Biometrics* 5(2): 99–114.
- VAN OOSTRUM H., STERK A. A. & WUSMAN H. J. W. 1985. Genetic variation in agamospermous microspecies of *Taraxacum* sect. *Erythrosperma* and sect. *Obliqua*. – *Heredity* 55: 223–228.
- VAZ PATTO M. C., AARDSE A., BUNTJER J., RUBIALES D., MARTIN A. & NIKS R. E. 2001. Morphology and AFLP markers suggest three *Hordeum chilense* ecotypes that differ in avoidance to rust fungi. – *Can. J. Bot.* 79: 204–213.
- VERSHININ A., SVITASHEV S., GUMMESSON P. O., SALOMON B., BOTHMER R. VON & BRYNGELSSON T. 1994. Characterization of a family of tandemly repeated DNA sequences in Triticeae. – *Theor. Appl. Genet.* 89: 217–225.
- VOS P., HOGERS R., BLEEKER M., REIJANS M., VAN DE LEE T., HORNES M., FRIJTERS A., POT J., PELEMAN J., KUIPER M. & ZABEAU M. 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. – *Nucl. Acids Res.* 23: 4407–4414.
- WANG R. R-C. 1989. An assessment of genome analysis based on chromosome pairing in hybrids of perennial Triticeae. – *Genome* 32: 179–189.
- WANG R. R-C., BOTHMER R. VON, DVORAK J., FEDAK G., LINDE-LAURSEN I. & MURAMATSU M. 1996. Genome symbols in the Triticeae (Poaceae). – *Proceedings of the 2nd International Triticeae Symposium* – Logan: 29–34.
- WATSON L. & DALLWITZ M. J. 1992. The grass genera of the world. ss. 1038. C. A. B. International, Wallingford.
- WELBANK P. J. 1963. Toxin production during decay of *Agropyron repens* (couchgrass) and other species. – *Weed Res.* 3: 205–214.
- 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.
- XIE Z., LU Y., GE S., HONG D. & LI F. 2001. Clonality in wild rice (*Oryza rufipogon*, Poaceae) and its implications for conservation management. – *Amer. J. Bot.* 88(6): 1058–1064.
- XIN Z. Y., BRETTELL R. I. S., CHENG E. M., WATERHOUSE P. M., APPELS R., BANKS P. M., ZHOU G. H., CHEN X. & LARKIN P. J. 1988. Characterization of a potential source of barley yellow dwarf virus resistance for wheat. – *Genome* 30: 250–257.
- ZAJĄC A. 1978. Atlas of distribution of vascular plants in Poland (ATPOL). – *Taxon* 27(5–6): 481–484.
- ZAJĄC A. & ZAJĄC M. (red.). 2001. Atlas rozmieszczenia roślin naczyniowych w Polsce. ss. 715. Nakładem Pracowni Chorologii Komputerowej Instytutu Botaniki Uniwersytetu Jagiellońskiego, Kraków.
- ZHANG L.-B., COMES H. P. & KADEREIT J. W. 2001. Phylogeny and quaternary history of the European montane / alpine endemic *Soldanella* (Primulaceae) based on ITS and AFLP variation. – *Am. J. Bot.* 88(12): 2331–2345.

ZAŁĄCZNIKI

Załącznik 1. Średnie arytmetyczne, odchylenie standardowe (SD), błąd standardowy średniej (SE) oraz minimum (Min) i maksimum (Max) cech morfologicznych prób populacji i odmian *Elymus repens* (L.) Gould; N – liczba okazów. Wartości cech podane w [mm]. Skróty nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18. Numery i skróty cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Załącznik 2. Średnie arytmetyczne, odchylenie standardowe (SD), błąd standardowy średniej (SE) oraz minimum (Min) i maksimum (Max) cech morfologicznych prób populacji i odmian *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis oraz mieszańców *E. ×mucronatus* (Opiz ex Bercht.) nothovar. *mucronatus* Szczepaniak, comb. nova i *E. ×mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *tesquicolus* (Czerniak.) Szczepaniak, comb. nova; N – liczba okazów. Wartości cech podane w [mm]. Skróty nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18. Numery i skróty cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Załącznik 3. Korelacje cech ilościowych *Elymus repens* (L.) Gould. Wyróżniono korelacje o wartości bezwzględnej $r \geq 0,6$. Wszystkie wartości istotne z $p < 0,001$. Numery cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Załącznik 4. Korelacje cech ilościowych *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis. Wyróżniono korelacje o wartości bezwzględnej $r \geq 0,6$. Wszystkie wartości istotne z $p < 0,001$. Numery cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Załącznik 5. Nieparametryczne korelacje morfotypów *Elymus repens*, położenia geograficznego zbioru prób populacji oraz cech jakościowych (nr 5, 7, 55) z cechami ilościowymi. Numery i skróty cech w tabeli (Tab.4) na stronie 26; N – liczba okazów. W tabeli przedstawiono najbardziej skorelowane zmienne w kolejności malejącej.

Załącznik 6. Nieparametryczne korelacje morfotypów *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis oraz cech jakościowych (33, 34, 47, 55, 56) z cechami ilościowymi. Numery i skróty cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26; N – liczba okazów. W tabeli przedstawiono najbardziej skorelowane zmienne w kolejności malejącej.

Załącznik 1. Średnie arytmetyczne, odchylenie standardowe (SD), błąd standardowy średniej (SE) oraz minimum (Min) i maksimum (Max) cech morfologicznych prób populacji i odmian *Elymus repens* (L.) Gould; N – liczba okazów. Wartości cech podane w [mm]. Skróty nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18. Numery i skróty cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Populacja	1. Długość źdźbła (DŻ)						4. Długość kłosa (DK)				
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max	Średnia	SD	SE	Min	Max
R-1	27	1068,96	144,39	27,79	667,00	1280,00	118,37	26,06	5,01	72,00	172,00
R-7	26	951,42	168,93	33,13	644,00	1365,00	111,65	21,79	4,27	78,00	176,00
R-8	25	1081,80	162,03	32,41	775,00	1440,00	108,60	22,34	4,47	71,00	151,00
R-10	30	1226,80	177,69	32,44	888,00	1660,00	110,23	12,35	2,25	95,00	142,00
R-10*	29	1273,00	131,63	24,44	857,00	1473,00	172,83	27,58	5,12	113,00	218,00
R-11	24	643,17	123,73	25,26	460,00	977,00	85,71	15,70	3,21	55,00	115,00
R-13	25	980,46	160,38	32,08	740,00	1279,00	131,98	32,52	6,64	83,00	195,00
R-14	27	1087,00	135,35	26,05	780,00	1350,00	131,11	15,19	2,92	106,00	164,00
R-16	25	987,48	129,15	25,83	765,00	1380,00	133,38	19,43	3,89	96,00	177,50
R-31	25	955,56	67,31	13,46	797,00	1065,00	118,08	17,92	3,58	90,00	160,00
R-32	25	797,68	95,72	19,14	648,00	1058,00	105,78	23,97	4,79	67,50	190,00
R-33	30	1095,47	161,72	29,53	857,00	1575,00	119,63	16,22	2,96	95,00	151,00
R-35	25	1050,72	157,87	31,57	822,00	1322,00	108,54	22,15	4,43	62,50	157,00
R-43	25	781,88	134,20	26,84	573,00	1112,00	77,34	20,02	4,00	52,00	125,00
R-46	25	1120,72	125,58	25,12	872,00	1380,00	139,94	23,51	4,70	82,00	177,00
R-47	25	870,04	93,69	18,74	640,00	1107,00	84,56	12,62	2,52	65,00	117,00
R-48	25	829,32	81,64	16,33	700,00	1000,00	110,36	18,83	3,77	74,00	146,00
R-49	30	872,50	115,73	21,13	652,00	1177,00	84,45	12,40	2,26	60,50	121,00
R-55	30	691,03	53,53	9,77	533,00	782,00	94,67	9,31	1,70	78,00	113,00
R-56	30	1106,73	106,93	19,52	942,00	1290,00	117,08	20,26	3,70	87,00	156,00
R-57	25	557,40	124,61	24,92	310,00	724,00	79,94	11,15	2,23	60,00	100,50
R-60	30	981,00	117,43	21,44	780,00	1173,00	144,13	19,64	3,59	110,00	195,00
R-61	25	1033,04	145,38	29,08	705,00	1295,00	122,56	17,50	3,50	91,00	157,00
R-63	28	1034,36	239,93	45,34	109,00	1342,00	128,68	14,57	2,75	97,00	156,00
R-64	29	1220,83	165,95	30,82	900,00	1544,00	137,03	31,21	5,80	91,50	195,00
R-65	28	1148,36	105,83	20,00	984,00	1384,00	143,11	15,70	2,97	110,00	171,00
R-67	30	951,40	128,38	23,44	739,00	1260,00	66,03	10,23	1,87	45,00	87,00
R-69	27	916,96	177,37	34,14	630,00	1305,00	94,56	12,46	2,40	76,00	118,00
R-70	25	1200,40	126,02	25,20	930,00	1444,00	128,10	17,53	3,51	97,00	163,50
R-71	30	1188,87	111,67	20,39	985,00	1380,00	127,93	18,31	3,34	100,50	165,00
R-72	29	855,38	103,94	19,30	635,00	1066,00	95,28	10,98	2,04	65,00	115,00
R-73	25	937,00	93,26	18,65	750,00	1122,00	96,22	12,86	2,57	74,00	123,00
R-75	25	717,92	120,20	24,04	531,00	964,00	83,44	10,29	2,06	59,00	100,00
R-78	30	1052,53	120,27	21,96	790,00	1296,00	139,03	18,60	3,40	102,00	173,00
R-81	25	944,96	49,46	9,89	851,00	1040,00	97,10	10,18	2,04	73,00	115,50
R-86	30	1218,07	189,81	34,66	852,00	1665,00	97,93	21,67	3,96	56,00	139,00
R-88	25	1063,28	148,65	29,73	810,00	1347,00	121,76	19,98	4,00	88,00	158,00
R-89	25	905,92	99,97	19,99	743,00	1098,00	89,02	10,43	2,09	68,50	108,00
R-91	31	1100,16	128,92	23,15	673,00	1300,00	102,81	13,98	2,51	68,00	134,00
R-94	23	909,09	109,60	22,85	740,00	1172,00	114,00	15,06	3,14	94,50	144,00
R-95	28	847,46	109,26	20,65	645,00	1105,00	95,27	11,64	2,20	65,00	113,50
R-99	25	1009,24	102,18	20,44	790,00	1187,00	108,56	11,59	2,32	88,00	128,00
R-101	25	686,28	90,87	18,17	507,00	860,00	69,14	13,56	2,71	48,00	99,00
R-106	25	977,44	102,72	20,54	740,00	1191,00	112,02	18,92	3,78	76,00	148,50
Σ	1181										
<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	655	984,09	205,10	8,01	109,00	1665,00	108,70	26,14	1,02	48,00	198,00
<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	353	941,72	216,79	11,54	310,00	1660,00	108,21	29,77	1,58	45,00	195,00
<i>Elymus repens</i> var. <i>subulatus</i>	173	1051,27	194,85	14,81	507,00	1490,00	123,49	32,16	2,44	60,50	218,00

Populacja	8. Liczba węzłów kłosa (LWK)						12. Długość międzywęźla (DM)				
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max	Średnia	SD	SE	Min	Max
R-1	27	18,52	2,12	0,41	13,00	23,00	5,31	1,12	0,21	3,30	8,60
R-7	26	18,81	2,47	0,48	13,00	23,00	4,99	0,65	0,13	3,80	6,20
R-8	25	17,16	3,54	0,71	13,00	25,00	5,20	0,65	0,13	3,50	6,50
R-10	30	16,13	3,23	0,59	10,00	28,00	6,12	1,00	0,18	4,50	8,40
R-10*	29	21,59	2,75	0,51	16,00	27,00	6,62	0,96	0,18	4,70	8,50
R-11	24	18,75	3,34	0,68	12,00	23,00	3,96	0,47	0,10	2,90	4,60
R-13	25	18,25	3,17	0,63	12,00	24,00	6,09	1,04	0,21	4,30	8,60
R-14	27	18,96	1,76	0,34	15,00	22,00	5,54	0,57	0,11	3,70	6,40
R-16	25	18,76	2,52	0,50	13,00	23,00	5,87	0,77	0,15	4,20	7,70
R-31	25	20,24	1,96	0,39	16,00	24,00	4,82	0,54	0,11	4,00	6,00
R-32	25	14,88	2,20	0,44	10,00	20,00	5,51	0,69	0,14	4,60	8,20
R-33	30	16,60	1,96	0,36	13,00	21,00	5,33	0,53	0,10	4,50	6,50
R-35	25	16,68	3,06	0,61	11,00	23,00	5,74	0,49	0,10	4,80	6,80
R-43	25	13,60	2,31	0,46	10,00	19,00	4,62	0,56	0,11	4,00	6,00
R-46	25	20,76	3,00	0,60	14,00	25,00	5,52	0,71	0,14	4,00	6,50
R-47	25	15,32	1,73	0,35	12,00	20,00	4,72	0,36	0,07	4,00	5,00
R-48	25	18,16	3,27	0,65	13,00	25,00	5,02	0,61	0,12	4,00	6,50
R-49	30	17,40	3,11	0,57	11,00	24,00	3,93	0,65	0,12	3,00	5,50
R-55	30	16,90	1,65	0,30	14,00	20,00	4,58	0,38	0,07	3,50	5,40
R-56	30	20,20	2,91	0,53	14,00	27,00	4,63	0,55	0,10	3,60	5,90
R-57	25	11,36	1,78	0,36	8,00	15,00	5,22	0,51	0,10	4,20	6,20
R-60	30	18,17	1,78	0,33	14,00	22,00	6,30	0,73	0,13	4,80	8,00
R-61	25	19,16	2,17	0,43	14,00	23,00	5,04	0,75	0,15	3,50	6,40
R-63	28	18,57	2,44	0,46	13,00	23,00	5,37	0,54	0,10	4,60	6,70
R-64	29	20,17	3,17	0,59	15,00	27,00	5,41	0,92	0,17	4,30	8,00
R-65	28	18,00	1,61	0,30	13,00	21,00	6,74	0,74	0,14	5,50	8,10
R-67	30	16,00	2,46	0,45	12,00	21,00	2,87	0,39	0,07	2,50	3,50
R-69	27	17,63	1,96	0,38	14,00	22,00	4,44	0,39	0,07	3,80	5,20
R-70	25	18,28	2,13	0,43	14,00	23,00	5,31	0,48	0,10	4,30	6,30
R-71	30	23,53	3,27	0,60	19,00	31,00	4,87	0,59	0,11	3,50	6,00
R-72	29	15,00	2,51	0,47	12,00	20,00	5,27	0,63	0,12	4,20	6,40
R-73	25	17,04	2,23	0,45	14,00	21,00	4,67	0,46	0,09	3,60	5,60
R-75	25	14,28	1,28	0,26	11,00	17,00	4,50	0,32	0,06	3,90	5,20
R-78	30	17,73	1,64	0,30	13,00	21,00	6,78	0,96	0,18	4,90	9,60
R-81	25	16,08	1,32	0,26	14,00	19,00	4,91	0,35	0,07	4,30	5,70
R-86	30	16,83	2,67	0,49	13,00	23,00	4,64	0,79	0,14	3,00	5,80
R-88	25	17,32	1,84	0,37	14,00	21,00	6,46	0,79	0,16	5,00	8,70
R-89	25	17,88	1,83	0,37	13,00	21,00	4,36	0,50	0,10	3,50	5,60
R-91	31	15,16	1,83	0,33	11,00	19,00	5,91	0,79	0,14	4,80	7,90
R-94	23	21,17	3,75	0,78	14,00	34,00	4,66	0,84	0,18	2,70	6,00
R-95	28	17,36	3,19	0,60	10,00	26,00	4,49	0,62	0,12	3,60	6,50
R-99	25	15,92	1,53	0,31	13,00	19,00	5,51	0,45	0,09	4,70	6,30
R-101	25	16,12	3,93	0,79	10,00	25,00	3,54	0,65	0,13	2,40	4,80
R-106	25	17,44	3,47	0,69	11,00	23,00	5,10	1,48	0,30	3,20	9,40
Σ	1181										
<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	655	17,78	3,28	0,13	10,00	34,00	5,05	1,01	0,04	2,40	9,60
<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	353	17,15	3,45	0,18	8,00	28,00	5,15	1,23	0,07	2,50	8,70
<i>Elymus repens</i> var. <i>subulatus</i>	173	17,90	3,19	0,24	10,00	27,00	5,56	0,90	0,07	3,50	8,60

Załącznik 1. c.d.

Populacja	19. Długość kłosa środkowego (DKł)						21. Liczba kwiatków w kłosku (LKwi)				
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max	Średnia	SD	SE	Min	Max
R-1	27	12,81	2,00	0,38	9,00	16,50	4,26	1,16	0,22	2,00	6,00
R-7	26	11,87	1,04	0,20	9,50	13,50	3,77	0,59	0,12	2,00	5,00
R-8	25	14,22	2,02	0,40	10,00	17,50	5,24	0,88	0,18	3,00	6,00
R-10	30	15,60	1,28	0,23	14,00	18,00	5,53	0,86	0,16	4,00	7,00
R-10*	29	15,69	0,94	0,17	14,00	17,50	5,90	0,67	0,13	5,00	7,00
R-11	24	10,08	1,54	0,31	7,00	13,50	3,25	0,61	0,12	2,00	5,00
R-13	25	13,76	2,06	0,42	10,00	17,50	4,71	1,20	0,24	3,00	7,00
R-14	27	13,30	1,59	0,31	10,50	16,50	4,15	0,95	0,18	3,00	6,00
R-16	25	14,13	1,83	0,37	10,50	17,50	5,48	0,96	0,19	4,00	7,00
R-31	25	12,46	1,66	0,33	9,50	15,50	3,28	1,14	0,23	2,00	5,00
R-32	25	14,18	1,28	0,26	12,00	16,00	4,56	0,87	0,17	3,00	6,00
R-33	30	13,23	1,25	0,23	11,00	15,50	4,60	0,89	0,16	3,00	6,00
R-35	25	13,97	1,16	0,23	11,50	16,00	4,80	0,82	0,16	3,00	6,00
R-43	25	11,82	1,14	0,23	10,00	15,50	3,12	1,24	0,25	2,00	6,00
R-46	25	13,66	1,35	0,27	11,00	17,00	4,44	0,82	0,16	3,00	6,00
R-47	25	10,96	1,19	0,24	9,00	13,00	2,76	0,60	0,12	2,00	4,00
R-48	25	11,84	1,60	0,32	10,00	15,00	3,56	0,96	0,19	2,00	6,00
R-49	30	10,72	1,32	0,24	8,50	14,00	3,70	1,39	0,25	2,00	7,00
R-55	30	11,47	0,73	0,13	10,00	12,50	3,70	0,47	0,09	3,00	4,00
R-56	30	11,23	1,12	0,20	9,00	13,50	3,97	0,67	0,12	3,00	5,00
R-57	25	13,30	1,06	0,21	11,00	15,50	4,00	0,50	0,10	3,00	5,00
R-60	30	14,10	1,58	0,29	10,50	17,00	5,40	1,00	0,18	4,00	8,00
R-61	25	12,72	1,31	0,26	10,50	15,00	4,88	0,93	0,19	4,00	7,00
R-63	28	16,27	1,61	0,30	13,00	19,00	5,93	0,72	0,14	4,00	7,00
R-64	29	14,26	1,61	0,30	10,50	17,50	5,00	0,76	0,14	3,00	6,00
R-65	28	14,46	1,26	0,24	12,50	17,00	5,21	0,83	0,16	4,00	7,00
R-67	30	9,07	1,50	0,27	7,00	12,00	2,83	0,87	0,16	2,00	5,00
R-69	27	13,52	1,41	0,27	11,00	16,50	4,33	0,78	0,15	3,00	6,00
R-70	25	12,54	1,24	0,25	10,50	14,50	3,24	0,66	0,13	2,00	4,00
R-71	30	15,40	1,88	0,34	11,50	19,00	6,10	1,18	0,22	4,00	8,00
R-72	29	12,60	1,23	0,23	9,50	14,50	3,97	0,63	0,12	3,00	5,00
R-73	25	14,49	1,23	0,25	12,50	16,50	5,92	0,64	0,13	5,00	7,00
R-75	25	11,22	1,05	0,21	9,00	13,50	3,88	0,73	0,15	2,00	5,00
R-78	30	14,07	1,25	0,23	11,00	16,00	5,27	0,74	0,14	4,00	7,00
R-81	25	12,26	0,84	0,17	10,50	14,00	4,08	0,57	0,11	3,00	5,00
R-86	30	11,82	1,24	0,23	10,00	14,50	4,27	0,78	0,14	3,00	6,00
R-88	25	13,63	1,96	0,39	10,50	17,00	4,76	1,36	0,27	3,00	7,00
R-89	25	11,06	0,96	0,19	9,50	13,00	3,40	0,50	0,10	3,00	4,00
R-91	31	12,27	1,18	0,21	9,50	15,00	4,16	0,73	0,13	3,00	6,00
R-94	23	12,63	1,56	0,33	10,00	15,50	4,13	0,85	0,18	3,00	6,00
R-95	28	12,82	0,88	0,17	11,50	15,50	4,18	0,67	0,13	3,00	6,00
R-99	25	14,56	1,05	0,21	13,00	17,50	3,72	0,61	0,12	3,00	5,00
R-101	25	10,49	1,16	0,23	8,00	12,50	2,84	0,69	0,14	2,00	4,00
R-106	25	13,28	2,31	0,46	10,50	19,00	4,72	0,98	0,20	3,00	7,00
Σ	1181										
<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	655	12,85	2,10	0,08	7,00	19,00	4,40	1,25	0,05	2,00	8,00
<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	353	12,73	2,14	0,11	7,00	18,50	4,29	1,16	0,06	2,00	7,00
<i>Elymus repens</i> var. <i>subulatus</i>	173	13,87	1,85	0,14	9,50	18,00	4,35	1,26	0,10	2,00	8,00

Załącznik 1. c.d.

Populacja	13. Dł. kłoska/dł. międzywęźla (DKI/DM)						27. Długość plewy dolnej (DPD)				
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max	Średnia	SD	SE	Min	Max
R-1	27	2,47	0,40	0,08	1,16	3,38	8,36	1,17	0,23	5,80	10,20
R-7	26	2,41	0,31	0,06	1,76	3,00	8,68	0,82	0,16	7,00	10,20
R-8	25	2,75	0,39	0,08	2,15	3,50	9,86	1,04	0,21	7,40	12,30
R-10	30	2,60	0,39	0,07	1,79	3,40	9,41	0,96	0,17	7,70	11,00
R-10*	29	2,41	0,34	0,06	1,94	3,40	10,74	0,79	0,15	9,20	12,20
R-11	24	2,55	0,33	0,07	2,07	3,13	7,31	1,30	0,27	5,50	11,70
R-13	25	2,29	0,33	0,07	1,86	3,30	8,87	1,37	0,28	6,70	11,30
R-14	27	2,41	0,31	0,06	1,88	3,11	9,86	1,05	0,20	8,20	11,60
R-16	25	2,43	0,32	0,06	1,94	3,30	8,45	1,43	0,29	6,20	11,90
R-31	25	2,59	0,22	0,04	2,10	3,11	8,88	0,93	0,19	7,20	10,40
R-32	25	2,60	0,28	0,06	1,83	2,93	10,38	1,11	0,22	8,10	12,30
R-33	30	2,49	0,21	0,04	2,08	2,82	8,85	0,81	0,15	7,30	10,50
R-35	25	2,44	0,23	0,05	2,05	3,02	8,96	0,59	0,12	8,00	10,50
R-43	25	2,58	0,29	0,06	2,08	3,11	8,08	0,66	0,13	7,10	10,00
R-46	25	2,52	0,42	0,08	1,83	3,63	10,49	1,32	0,26	8,30	13,60
R-47	25	2,33	0,31	0,06	1,80	3,13	8,59	0,68	0,14	7,20	10,00
R-48	25	2,39	0,40	0,08	2,00	3,50	8,20	0,69	0,14	6,60	9,70
R-49	30	2,77	0,38	0,07	2,11	3,67	8,28	0,92	0,17	6,60	10,10
R-55	30	2,52	0,27	0,05	2,02	3,29	8,03	0,43	0,08	7,00	8,80
R-56	30	2,44	0,23	0,04	1,95	3,06	8,29	0,72	0,13	7,00	9,70
R-57	25	2,56	0,22	0,04	2,18	2,98	8,10	0,63	0,13	7,10	9,80
R-60	30	2,25	0,17	0,03	1,88	2,60	9,14	0,65	0,12	8,00	10,60
R-61	25	2,58	0,47	0,09	1,92	3,49	8,88	0,82	0,16	7,50	10,20
R-63	28	3,04	0,30	0,06	2,42	3,60	9,43	0,87	0,16	7,80	10,70
R-64	29	2,68	0,42	0,08	1,80	3,33	8,69	0,95	0,18	6,70	10,50
R-65	28	2,16	0,18	0,03	1,81	2,55	8,52	0,59	0,11	7,40	9,70
R-67	30	3,18	0,46	0,08	2,43	4,60	6,28	0,90	0,16	4,90	8,60
R-69	27	3,05	0,25	0,05	2,60	3,78	10,32	0,82	0,16	8,70	12,10
R-70	25	2,37	0,21	0,04	2,00	2,79	8,57	0,52	0,10	7,80	10,00
R-71	30	3,20	0,48	0,09	2,09	4,13	8,73	0,82	0,15	6,50	10,50
R-72	29	2,41	0,23	0,04	1,79	2,89	7,97	0,75	0,14	6,10	9,40
R-73	25	3,12	0,32	0,06	2,23	3,75	9,36	0,78	0,16	8,00	10,90
R-75	25	2,49	0,17	0,03	2,22	2,77	8,24	0,61	0,12	7,10	9,70
R-78	30	2,10	0,27	0,05	1,61	2,76	10,32	0,81	0,15	9,00	12,67
R-81	25	2,50	0,17	0,03	2,22	2,76	8,59	0,44	0,09	7,90	9,50
R-86	30	2,61	0,49	0,09	2,13	3,64	7,92	0,78	0,14	6,50	9,40
R-88	25	2,11	0,18	0,04	1,84	2,58	8,20	0,83	0,17	6,50	9,70
R-89	25	2,55	0,21	0,04	2,17	3,14	7,66	0,71	0,14	6,60	9,80
R-91	31	2,11	0,32	0,06	1,62	2,70	7,34	0,79	0,14	5,90	8,90
R-94	23	2,77	0,42	0,09	2,04	3,70	8,23	0,79	0,16	7,00	9,80
R-95	28	2,91	0,44	0,08	1,77	3,68	8,09	0,50	0,09	7,30	9,60
R-99	25	2,65	0,18	0,04	2,25	2,94	10,50	0,53	0,11	9,00	11,30
R-101	25	3,05	0,63	0,13	2,20	5,00	6,85	0,83	0,17	5,50	8,20
R-106	25	2,69	0,41	0,08	1,86	3,59	8,54	0,79	0,16	7,00	10,00
Σ	1181										
<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	655	2,60	0,45	0,02	1,61	5,00	8,54	1,22	0,05	5,50	12,67
<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	353	2,55	0,42	0,02	1,16	4,60	8,25	1,04	0,06	4,90	11,00
<i>Elymus repens</i> var. <i>subulatus</i>	173	2,53	0,37	0,03	1,64	3,78	9,88	1,16	0,09	6,50	12,20

Załącznik 1. c.d.

Populacja	28. Szerokość plewy dolnej (SzPD)						29. Dł./szer. plewy dolnej "kształt" (DPD/SzPD)				
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max	Średnia	SD	SE	Min	Max
R-1	27	1,87	0,25	0,05	1,10	2,20	4,49	0,40	0,08	3,65	5,27
R-7	26	2,05	0,19	0,04	1,70	2,50	4,25	0,38	0,07	3,18	5,00
R-8	25	2,09	0,23	0,05	1,60	2,40	4,77	0,70	0,14	3,89	6,42
R-10	30	2,01	0,26	0,05	1,60	2,50	4,72	0,49	0,09	3,64	5,88
R-10*	29	2,03	0,19	0,04	1,70	2,50	5,33	0,63	0,12	3,88	6,26
R-11	24	1,78	0,23	0,05	1,40	2,30	4,12	0,57	0,12	3,24	5,57
R-13	25	1,80	0,31	0,06	1,40	2,50	4,98	0,69	0,14	3,72	6,19
R-14	27	1,61	0,20	0,04	1,30	2,00	6,17	0,79	0,15	4,10	7,07
R-16	25	1,84	0,41	0,08	1,30	2,90	4,65	0,44	0,09	3,31	5,25
R-31	25	1,80	0,19	0,04	1,47	2,20	4,96	0,45	0,09	4,21	5,88
R-32	25	2,20	0,18	0,04	1,80	2,50	4,73	0,37	0,07	4,19	5,52
R-33	30	1,85	0,19	0,03	1,50	2,30	4,82	0,47	0,09	3,48	5,67
R-35	25	2,06	0,13	0,03	1,80	2,30	4,37	0,28	0,06	3,87	4,83
R-43	25	1,71	0,23	0,05	1,30	2,20	4,79	0,55	0,11	3,73	5,73
R-46	25	2,02	0,26	0,05	1,60	2,80	5,25	0,87	0,17	3,62	6,80
R-47	25	1,58	0,16	0,03	1,20	2,00	5,48	0,48	0,10	4,67	6,71
R-48	25	1,76	0,21	0,04	1,10	2,00	4,69	0,55	0,11	3,79	6,55
R-49	30	1,75	0,29	0,05	1,30	2,40	4,82	0,66	0,12	3,54	6,07
R-55	30	1,82	0,14	0,02	1,60	2,10	4,42	0,27	0,05	3,90	5,06
R-56	30	1,87	0,17	0,03	1,60	2,30	4,45	0,35	0,06	3,75	5,12
R-57	25	1,99	0,12	0,02	1,70	2,20	4,08	0,36	0,07	3,55	5,44
R-60	30	1,77	0,11	0,02	1,50	1,90	5,18	0,35	0,06	4,71	5,76
R-61	25	2,05	0,20	0,04	1,70	2,50	4,36	0,41	0,08	3,36	5,47
R-63	28	1,95	0,16	0,03	1,60	2,40	4,85	0,47	0,09	4,04	5,71
R-64	29	1,83	0,14	0,03	1,50	2,00	4,77	0,58	0,11	3,60	6,07
R-65	28	1,94	0,13	0,02	1,70	2,20	4,39	0,32	0,06	3,85	5,11
R-67	30	1,46	0,15	0,03	1,20	1,70	4,32	0,50	0,09	3,67	5,42
R-69	27	1,82	0,14	0,03	1,60	2,10	5,68	0,42	0,08	4,76	6,75
R-70	25	1,54	0,15	0,03	1,20	1,80	5,63	0,61	0,12	4,65	7,08
R-71	30	2,14	0,16	0,03	1,80	2,40	4,09	0,31	0,06	3,25	4,57
R-72	29	1,66	0,22	0,04	1,30	2,10	4,92	0,89	0,17	3,30	6,46
R-73	25	2,03	0,18	0,04	1,70	2,40	4,62	0,30	0,06	4,09	5,44
R-75	25	1,98	0,09	0,02	1,80	2,10	4,15	0,24	0,05	3,71	4,62
R-78	30	2,20	0,16	0,03	1,87	2,40	4,70	0,33	0,06	4,09	5,29
R-81	25	2,31	0,14	0,03	2,00	2,60	3,73	0,22	0,04	3,27	4,30
R-86	30	1,93	0,16	0,03	1,50	2,30	4,11	0,31	0,06	3,57	4,78
R-88	25	2,03	0,17	0,03	1,60	2,30	4,05	0,29	0,06	3,50	4,65
R-89	25	1,82	0,12	0,02	1,50	2,00	4,22	0,41	0,08	3,70	5,16
R-91	31	1,77	0,22	0,04	1,40	2,40	4,19	0,61	0,11	3,25	5,56
R-94	23	2,00	0,17	0,03	1,70	2,40	4,14	0,45	0,09	3,29	5,06
R-95	28	1,88	0,23	0,04	1,50	2,30	4,37	0,48	0,09	3,64	5,27
R-99	25	1,82	0,09	0,02	1,70	2,00	5,76	0,33	0,07	5,00	6,47
R-101	25	1,52	0,10	0,02	1,40	1,70	4,50	0,52	0,10	3,63	5,71
R-106	25	1,89	0,19	0,04	1,60	2,30	4,53	0,35	0,07	3,91	5,26
Σ	1181										
<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	655	1,92	0,27	0,01	1,20	2,90	4,47	0,52	0,02	3,18	5,47
<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	353	1,85	0,24	0,01	1,10	2,50	4,49	0,46	0,02	3,50	5,44
<i>Elymus repens</i> var. <i>subulatus</i>	173	1,66	0,21	0,02	1,10	2,10	5,97	0,42	0,03	5,50	8,13

Załącznik 1. c.d.

Populacja	30. Długość ości plewy dolnej (DOPD)						31. Dł. plewy dolnej/dł. kłoska (DPD/DKl)				
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max	Średnia	SD	SE	Min	Max
R-1	27	2,07	0,85	0,16	0,60	3,80	0,66	0,05	0,01	0,58	0,79
R-7	26	1,07	0,66	0,13	0,30	2,80	0,73	0,06	0,01	0,61	0,83
R-8	25	1,75	0,68	0,14	0,00	2,70	0,65	0,09	0,02	0,54	0,88
R-10	30	2,28	0,74	0,14	1,30	4,80	0,61	0,06	0,01	0,45	0,75
R-10*	29	0,49	0,45	0,08	0,00	2,20	0,68	0,04	0,01	0,61	0,76
R-11	24	1,11	0,45	0,09	0,40	2,30	0,73	0,05	0,01	0,61	0,87
R-13	25	1,21	0,48	0,10	0,30	2,20	0,65	0,06	0,01	0,54	0,75
R-14	27	1,01	0,49	0,09	0,40	2,40	0,75	0,07	0,01	0,61	0,88
R-16	25	1,65	0,50	0,10	0,60	3,00	0,60	0,07	0,01	0,47	0,71
R-31	25	2,51	0,45	0,09	1,20	3,07	0,72	0,08	0,02	0,54	0,99
R-32	25	1,66	0,75	0,15	0,00	2,40	0,73	0,06	0,01	0,55	0,86
R-33	30	1,15	0,44	0,08	0,00	2,10	0,67	0,06	0,01	0,58	0,78
R-35	25	2,33	0,77	0,15	0,80	3,80	0,64	0,04	0,01	0,59	0,73
R-43	25	0,56	0,17	0,03	0,20	1,00	0,63	0,05	0,01	0,52	0,71
R-46	25	1,36	0,59	0,12	0,00	2,30	0,74	0,07	0,01	0,61	0,92
R-47	25	1,59	0,47	0,09	0,80	2,60	0,74	0,08	0,02	0,54	0,90
R-48	25	1,21	0,77	0,15	0,20	3,30	0,70	0,08	0,02	0,58	0,86
R-49	30	1,60	0,45	0,08	0,80	2,60	0,78	0,12	0,02	0,59	1,07
R-55	30	2,26	0,86	0,16	0,70	3,70	0,70	0,05	0,01	0,63	0,84
R-56	30	0,21	0,18	0,03	0,00	0,70	0,74	0,05	0,01	0,59	0,87
R-57	25	2,38	0,46	0,09	1,50	3,30	0,61	0,06	0,01	0,52	0,78
R-60	30	2,72	0,43	0,08	2,00	3,90	0,65	0,05	0,01	0,59	0,79
R-61	25	0,81	0,66	0,13	0,00	3,20	0,70	0,04	0,01	0,64	0,77
R-63	28	1,82	0,43	0,08	1,10	2,80	0,58	0,03	0,01	0,54	0,67
R-64	29	1,51	0,58	0,11	0,70	3,20	0,61	0,06	0,01	0,51	0,76
R-65	28	1,59	0,36	0,07	0,80	2,40	0,59	0,04	0,01	0,51	0,65
R-67	30	2,49	0,36	0,07	1,70	3,00	0,71	0,16	0,03	0,44	1,01
R-69	27	1,11	0,33	0,06	0,40	1,70	0,77	0,05	0,01	0,68	0,88
R-70	25	1,51	0,30	0,06	0,80	2,10	0,69	0,06	0,01	0,59	0,82
R-71	30	1,80	0,29	0,05	1,10	2,50	0,57	0,09	0,02	0,39	0,75
R-72	29	2,09	1,08	0,20	0,40	3,90	0,63	0,05	0,01	0,56	0,80
R-73	25	0,69	0,19	0,04	0,40	1,10	0,65	0,03	0,01	0,60	0,70
R-75	25	1,51	0,27	0,05	0,80	1,90	0,74	0,04	0,01	0,66	0,83
R-78	30	1,11	0,68	0,12	0,00	2,40	0,74	0,06	0,01	0,59	0,83
R-81	25	0,49	0,15	0,03	0,20	0,90	0,70	0,03	0,01	0,64	0,78
R-86	30	0,98	0,38	0,07	0,30	1,60	0,67	0,04	0,01	0,57	0,75
R-88	25	4,20	0,60	0,12	2,50	5,10	0,61	0,06	0,01	0,53	0,78
R-89	25	1,08	0,47	0,09	0,30	2,30	0,69	0,04	0,01	0,60	0,80
R-91	31	0,73	0,56	0,10	0,00	2,70	0,60	0,04	0,01	0,55	0,71
R-94	23	0,72	0,57	0,12	0,00	2,40	0,66	0,05	0,01	0,56	0,79
R-95	28	1,64	0,75	0,14	0,60	3,00	0,63	0,05	0,01	0,52	0,74
R-99	25	1,44	0,22	0,04	1,10	1,90	0,72	0,04	0,01	0,63	0,81
R-101	25	0,90	0,31	0,06	0,45	1,50	0,66	0,08	0,02	0,51	0,80
R-106	25	3,33	1,17	0,23	1,00	4,60	0,65	0,07	0,01	0,49	0,75
Σ	1181										
<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	655	1,08	0,62	0,02	0,00	3,20	0,67	0,08	0,00	0,39	0,94
<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	353	2,43	0,93	0,05	0,00	5,10	0,66	0,09	0,00	0,44	1,07
<i>Elymus repens</i> var. <i>subulatus</i>	173	1,46	0,76	0,06	0,00	3,90	0,72	0,08	0,01	0,54	0,99

Załącznik 1. c.d.

Populacja	35. Długość plewy górnej (DPG)						37. Długość ości plewy górnej (DOPG)				
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max	Średnia	SD	SE	Min	Max
R-1	27	8,92	1,10	0,21	6,60	10,60	2,17	1,02	0,20	0,60	4,60
R-7	26	8,99	0,75	0,15	7,50	10,40	1,05	0,62	0,12	0,30	2,20
R-8	25	9,86	1,04	0,21	7,40	12,30	1,75	0,68	0,14	0,00	2,70
R-10	30	9,97	0,97	0,18	8,00	11,50	2,38	1,00	0,18	1,00	6,00
R-10*	29	11,12	0,86	0,16	9,20	12,80	0,51	0,38	0,07	0,00	1,80
R-11	24	7,77	1,36	0,28	5,40	11,80	1,10	0,58	0,12	0,20	2,40
R-13	25	9,38	1,51	0,30	7,00	12,50	1,33	0,58	0,12	0,50	2,10
R-14	27	10,51	1,09	0,21	8,50	12,10	1,21	0,50	0,10	0,40	2,10
R-16	25	8,79	1,37	0,27	6,60	11,30	1,87	0,51	0,10	1,00	2,50
R-31	25	9,38	0,92	0,18	7,60	10,80	2,84	0,41	0,08	2,00	3,60
R-32	25	10,68	1,24	0,25	8,50	13,50	1,75	0,83	0,17	0,00	2,70
R-33	30	9,35	0,70	0,13	8,10	11,00	1,08	0,44	0,08	0,40	2,00
R-35	25	9,45	0,63	0,13	8,50	11,30	2,64	0,82	0,16	1,00	4,30
R-43	25	8,08	0,66	0,13	7,10	10,00	0,92	0,28	0,06	0,40	1,60
R-46	25	10,49	1,32	0,26	8,30	13,60	1,42	0,59	0,12	0,50	3,10
R-47	25	8,59	0,68	0,14	7,20	10,00	1,64	0,80	0,16	0,00	2,50
R-48	25	8,67	0,73	0,15	7,10	10,00	1,67	1,18	0,24	0,40	3,90
R-49	30	8,33	1,01	0,18	6,50	10,30	1,46	0,37	0,07	0,60	2,40
R-55	30	8,56	0,52	0,10	7,00	9,50	2,99	1,20	0,22	0,70	4,40
R-56	30	8,90	0,70	0,13	7,70	10,20	0,19	0,14	0,03	0,00	0,60
R-57	25	8,81	0,60	0,12	8,00	10,30	2,54	0,73	0,15	1,10	4,30
R-60	30	9,66	0,75	0,14	8,10	11,00	3,11	0,53	0,10	2,00	4,90
R-61	25	9,26	0,90	0,18	8,00	11,00	0,82	0,55	0,11	0,00	2,50
R-63	28	10,20	1,03	0,20	8,20	11,80	1,59	0,55	0,10	0,70	3,30
R-64	29	9,39	1,07	0,20	7,10	11,30	1,74	0,85	0,16	0,80	4,10
R-65	28	9,07	0,53	0,10	8,30	10,10	2,33	0,34	0,06	1,10	2,90
R-67	30	6,46	0,70	0,13	5,20	8,20	2,72	0,45	0,08	2,00	3,80
R-69	27	10,49	0,84	0,16	9,20	12,20	1,06	0,34	0,07	0,40	1,60
R-70	25	8,89	0,55	0,11	8,10	9,90	1,68	0,35	0,07	1,00	2,90
R-71	30	9,21	0,74	0,14	7,10	11,00	1,63	0,31	0,06	0,80	2,20
R-72	29	8,57	0,74	0,14	6,40	9,50	2,06	1,14	0,21	0,00	3,50
R-73	25	9,88	0,76	0,15	8,50	11,40	0,73	0,27	0,05	0,00	1,20
R-75	25	8,69	0,66	0,13	7,30	10,20	1,78	0,36	0,07	1,00	2,50
R-78	30	10,70	0,86	0,16	8,30	12,80	1,15	0,73	0,13	0,00	2,53
R-81	25	8,98	0,48	0,10	8,00	9,70	0,41	0,20	0,04	0,00	0,70
R-86	30	8,23	0,75	0,14	6,70	9,70	0,96	0,45	0,08	0,20	1,60
R-88	25	8,63	0,73	0,15	7,20	9,60	4,20	0,75	0,15	2,30	5,60
R-89	25	8,16	0,69	0,14	7,00	9,80	1,24	0,58	0,12	0,00	2,50
R-91	31	7,94	0,98	0,18	6,40	10,10	0,55	0,47	0,08	0,00	2,50
R-94	23	8,63	0,82	0,17	7,30	10,30	0,68	0,63	0,13	0,00	2,30
R-95	28	8,74	0,62	0,12	7,80	10,50	1,78	0,83	0,16	0,50	3,60
R-99	25	11,23	0,66	0,13	9,30	12,70	1,53	0,26	0,05	1,00	2,10
R-101	25	7,38	0,89	0,18	5,90	9,00	0,77	0,30	0,06	0,20	1,30
R-106	25	8,91	0,89	0,18	7,30	10,50	3,49	1,59	0,32	0,40	5,40
Σ	1181										
<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	655	9,01	1,23	0,05	5,40	13,50	1,08	0,67	0,03	0,00	3,50
<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	353	8,73	1,10	0,06	5,20	11,30	2,75	0,96	0,05	0,00	6,00
<i>Elymus repens</i> var. <i>subulatus</i>	173	10,41	1,22	0,09	7,20	13,60	1,56	0,85	0,06	0,00	4,90

Załącznik 1. c.d.

Populacja	38. Dł. plewy górnej/dł. plewy dolnej (DPG/DPD)						41. Długość plewki dolnej (DLem)				
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max	Średnia	SD	SE	Min	Max
R-1	27	1,07	0,06	0,01	0,97	1,23	9,67	0,96	0,18	7,60	11,50
R-7	26	1,04	0,04	0,01	0,94	1,15	9,54	0,61	0,12	8,70	11,50
R-8	25	1,08	0,05	0,01	1,00	1,22	9,85	0,72	0,14	8,20	11,20
R-10	30	1,06	0,08	0,01	0,80	1,24	11,28	0,74	0,13	9,50	13,00
R-10*	29	1,04	0,03	0,01	0,98	1,09	10,79	0,63	0,12	9,90	12,80
R-11	24	1,06	0,05	0,01	0,98	1,18	8,17	1,21	0,25	6,10	11,10
R-13	25	1,06	0,04	0,01	1,00	1,13	9,77	1,15	0,24	7,60	11,20
R-14	27	1,07	0,05	0,01	1,00	1,16	10,64	0,90	0,17	8,60	12,00
R-16	25	1,04	0,05	0,01	0,92	1,12	9,85	1,15	0,23	7,60	12,20
R-31	25	1,06	0,04	0,01	1,00	1,15	10,29	0,93	0,19	8,13	12,40
R-32	25	1,03	0,05	0,01	0,93	1,13	10,78	0,90	0,18	9,10	12,50
R-33	30	1,06	0,07	0,01	0,93	1,37	9,33	0,60	0,11	8,00	10,50
R-35	25	1,06	0,06	0,01	0,88	1,20	9,99	0,57	0,11	9,10	10,80
R-43	25	1,09	0,04	0,01	1,01	1,16	9,01	0,57	0,11	7,90	10,30
R-46	25	1,05	0,03	0,01	1,00	1,11	10,59	1,16	0,23	9,10	13,00
R-47	25	1,07	0,06	0,01	1,00	1,24	9,25	0,58	0,12	8,00	10,40
R-48	25	1,06	0,04	0,01	1,00	1,13	9,44	0,79	0,16	7,20	11,20
R-49	30	1,01	0,08	0,01	0,88	1,12	9,47	0,93	0,17	8,30	11,10
R-55	30	1,07	0,04	0,01	1,00	1,18	8,89	0,44	0,08	8,00	9,80
R-56	30	1,07	0,03	0,01	1,02	1,13	8,75	0,56	0,10	7,80	9,60
R-57	25	1,09	0,03	0,01	1,02	1,14	10,03	0,48	0,10	9,20	11,20
R-60	30	1,06	0,04	0,01	1,00	1,17	10,24	0,67	0,12	8,80	11,50
R-61	25	1,04	0,04	0,01	0,99	1,15	9,58	0,94	0,19	8,10	11,30
R-63	28	1,08	0,04	0,01	1,02	1,18	11,33	0,84	0,16	9,80	12,50
R-64	29	1,08	0,04	0,01	0,95	1,16	10,22	0,92	0,17	8,70	12,50
R-65	28	1,07	0,05	0,01	0,93	1,13	10,19	0,51	0,10	9,50	11,00
R-67	30	1,03	0,07	0,01	0,88	1,17	7,70	0,52	0,09	6,90	9,30
R-69	27	1,02	0,04	0,01	0,94	1,08	10,64	0,70	0,13	9,40	12,20
R-70	25	1,04	0,04	0,01	0,94	1,12	9,93	0,42	0,08	9,10	11,00
R-71	30	1,06	0,07	0,01	0,97	1,37	10,42	0,74	0,14	8,70	11,50
R-72	29	1,08	0,04	0,01	0,96	1,13	9,44	0,84	0,16	7,90	11,20
R-73	25	1,06	0,03	0,01	0,99	1,14	9,02	0,58	0,12	7,90	10,10
R-75	25	1,06	0,04	0,01	1,00	1,14	8,82	0,52	0,10	8,00	10,00
R-78	30	1,04	0,06	0,01	0,90	1,17	10,76	0,76	0,14	8,80	12,40
R-81	25	1,05	0,03	0,01	0,95	1,10	9,48	0,43	0,09	8,50	10,10
R-86	30	1,04	0,04	0,01	0,93	1,10	8,78	0,65	0,12	7,10	9,90
R-88	25	1,06	0,04	0,01	0,98	1,15	9,75	0,75	0,15	8,00	11,50
R-89	25	1,07	0,04	0,01	1,00	1,15	8,69	0,73	0,15	7,50	10,40
R-91	31	1,08	0,06	0,01	0,87	1,20	9,37	0,62	0,11	7,80	10,70
R-94	23	1,05	0,03	0,01	1,00	1,11	9,08	0,93	0,19	7,50	11,00
R-95	28	1,08	0,03	0,01	1,03	1,14	9,36	0,46	0,09	8,60	10,70
R-99	25	1,07	0,04	0,01	1,02	1,17	11,60	0,60	0,12	10,50	13,00
R-101	25	1,08	0,04	0,01	0,99	1,17	8,12	0,53	0,11	7,40	9,00
R-106	25	1,04	0,04	0,01	0,98	1,13	9,57	0,69	0,14	8,20	10,80
Σ	1181										
<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	655	1,06	0,05	0,00	0,87	1,37	9,54	1,10	0,04	6,10	12,50
<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	353	1,06	0,05	0,00	0,80	1,23	9,59	1,02	0,05	6,90	13,00
<i>Elymus repens</i> var. <i>subulatus</i>	173	1,06	0,05	0,00	0,94	1,24	10,68	0,99	0,08	8,00	13,00

Załącznik 1. c.d.

Populacja	43. Dł./szer. plewki dolnej "kształt" (DLem/SzLem)						44. Długość ości plewki dolnej (DOLem)				
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max	Średnia	SD	SE	Min	Max
R-1	27	3,71	0,32	0,06	3,00	4,26	3,37	1,97	0,38	0,30	6,70
R-7	26	3,92	0,41	0,08	3,38	5,65	1,28	0,66	0,13	0,30	2,60
R-8	25	3,72	0,50	0,10	3,26	5,60	2,86	0,80	0,16	1,20	4,30
R-10	30	3,73	0,30	0,06	2,97	4,32	3,33	2,33	0,43	1,20	10,00
R-10*	29	3,97	0,31	0,06	3,70	5,12	0,33	0,45	0,08	0,00	2,20
R-11	24	3,27	0,28	0,06	2,90	3,96	1,35	0,65	0,13	0,20	2,50
R-13	25	3,80	0,32	0,06	3,29	4,44	0,94	0,87	0,18	0,00	3,60
R-14	27	4,03	0,27	0,05	3,31	4,44	0,69	0,34	0,07	0,30	2,20
R-16	25	3,83	0,30	0,06	3,19	4,60	3,54	2,62	0,52	1,10	9,30
R-31	25	4,82	0,64	0,13	3,92	6,46	3,57	1,17	0,23	1,60	8,70
R-32	25	4,12	0,33	0,07	3,52	4,76	1,98	0,98	0,20	0,00	3,60
R-33	30	3,55	0,25	0,05	3,20	4,41	1,36	0,35	0,06	0,70	2,50
R-35	25	3,74	0,25	0,05	3,21	4,20	5,32	2,14	0,43	0,40	7,60
R-43	25	3,65	0,30	0,06	3,08	4,13	0,46	0,17	0,03	0,10	1,00
R-46	25	4,00	0,47	0,09	3,37	5,45	2,48	1,21	0,24	0,50	4,90
R-47	25	3,87	0,24	0,05	3,37	4,35	1,56	0,74	0,15	0,00	3,10
R-48	25	3,64	0,38	0,08	2,77	4,79	2,32	2,55	0,51	0,20	7,50
R-49	30	3,81	0,49	0,09	3,08	5,19	3,40	1,61	0,29	1,50	8,50
R-55	30	3,51	0,14	0,03	3,31	3,80	4,71	2,23	0,41	0,70	7,60
R-56	30	3,63	0,23	0,04	3,21	4,17	0,13	0,11	0,02	0,00	0,30
R-57	25	3,44	0,20	0,04	3,07	3,81	7,18	1,14	0,23	2,90	9,10
R-60	30	4,21	0,24	0,04	3,88	4,79	3,51	0,55	0,10	2,60	5,10
R-61	25	3,53	0,30	0,06	2,96	4,04	0,62	0,31	0,06	0,30	1,70
R-63	28	4,36	0,29	0,06	3,88	4,96	2,36	0,55	0,10	1,30	3,70
R-64	29	3,66	0,37	0,07	3,17	4,63	4,41	2,09	0,39	1,20	9,50
R-65	28	3,91	0,19	0,04	3,65	4,33	6,47	0,63	0,12	5,00	8,30
R-67	30	3,24	0,32	0,06	2,96	4,05	4,28	0,50	0,09	3,60	5,70
R-69	27	4,11	0,23	0,04	3,62	4,69	0,84	0,30	0,06	0,50	1,90
R-70	25	3,53	0,11	0,02	3,33	3,77	1,45	0,18	0,04	1,10	1,80
R-71	30	3,29	0,27	0,05	2,81	4,04	0,94	0,23	0,04	0,60	1,40
R-72	29	3,83	0,54	0,10	2,76	4,52	3,27	2,17	0,40	0,10	7,40
R-73	25	3,55	0,16	0,03	3,29	3,91	0,78	0,19	0,04	0,40	1,10
R-75	25	3,27	0,18	0,04	2,93	3,70	5,20	0,65	0,13	3,90	6,40
R-78	30	3,82	0,21	0,04	3,45	4,23	0,81	0,57	0,10	0,00	2,13
R-81	25	3,46	0,19	0,04	3,04	3,77	0,54	0,17	0,03	0,20	0,80
R-86	30	3,54	0,23	0,04	2,96	3,96	0,74	0,37	0,07	0,00	1,60
R-88	25	3,94	0,33	0,07	3,48	4,60	6,69	0,93	0,19	5,40	9,20
R-89	25	3,62	0,28	0,06	3,29	4,19	1,17	0,72	0,14	0,30	3,10
R-91	31	3,70	0,20	0,04	3,26	4,04	1,16	0,53	0,10	0,40	2,70
R-94	23	3,32	0,32	0,07	2,82	4,40	0,82	1,30	0,27	0,00	4,90
R-95	28	3,65	0,22	0,04	3,26	4,29	3,43	2,22	0,42	0,90	8,30
R-99	25	4,57	0,52	0,10	4,15	6,71	2,09	0,34	0,07	1,40	2,90
R-101	25	3,62	0,27	0,05	3,13	4,10	0,80	0,41	0,08	0,20	1,60
R-106	25	3,69	0,21	0,04	3,37	4,36	5,56	2,10	0,42	1,90	10,20
Σ	1181										
<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	655	3,67	0,37	0,01	2,76	5,65	1,13	0,79	0,03	0,00	3,00
<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	353	3,71	0,45	0,02	2,93	6,06	5,41	1,52	0,08	3,10	10,20
<i>Elymus repens</i> var. <i>subulatus</i>	173	4,16	0,49	0,04	3,31	6,71	1,76	1,47	0,11	0,00	9,50

Populacja	48. Długość plewki górnej (DPal)						50. Dł./szer. plewki górnej "kształt" (DPal/SzPal)				
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max	Średnia	SD	SE	Min	Max
R-1	27	8,46	0,69	0,13	6,80	9,70	6,64	0,63	0,12	5,31	8,08
R-7	26	8,31	0,51	0,10	7,30	9,30	6,82	0,61	0,12	5,62	8,30
R-8	25	8,42	0,61	0,12	7,90	10,00	5,13	0,58	0,12	3,50	5,79
R-10	30	9,29	0,43	0,08	8,60	10,00	4,61	0,52	0,10	3,91	6,27
R-10*	29	8,90	0,50	0,09	7,70	9,60	6,26	0,37	0,07	5,50	7,08
R-11	24	7,37	0,86	0,18	5,80	8,90	6,00	0,56	0,12	4,93	7,42
R-13	25	8,39	0,87	0,18	6,80	9,40	6,53	0,64	0,13	5,57	8,00
R-14	27	8,61	0,53	0,10	7,50	9,50	6,55	0,55	0,11	5,64	7,92
R-16	25	8,32	0,99	0,20	6,60	10,00	6,47	0,42	0,08	5,67	7,08
R-31	25	8,39	0,60	0,12	6,93	10,13	5,96	0,50	0,10	4,25	6,92
R-32	25	9,14	0,66	0,13	7,80	10,00	6,90	0,42	0,08	6,00	7,69
R-33	30	8,09	0,48	0,09	6,70	8,80	6,47	0,49	0,09	5,62	7,45
R-35	25	8,56	0,31	0,06	8,10	9,20	6,24	0,46	0,09	5,67	7,58
R-43	25	7,73	0,52	0,10	5,90	8,50	6,64	0,68	0,14	5,36	7,70
R-46	25	8,54	0,67	0,13	7,50	9,70	6,36	0,82	0,16	5,25	7,83
R-47	25	7,58	0,49	0,10	6,60	8,60	6,42	0,46	0,09	5,69	7,30
R-48	25	7,93	0,36	0,07	7,30	8,70	5,91	0,73	0,15	4,50	7,25
R-49	30	7,61	0,87	0,16	5,50	9,50	6,38	0,51	0,09	5,44	7,27
R-55	30	7,44	0,21	0,04	6,80	7,70	6,68	0,38	0,07	5,92	7,50
R-56	30	7,61	0,38	0,07	6,90	8,40	5,72	0,36	0,07	5,00	6,67
R-57	25	8,69	0,26	0,05	8,20	9,30	6,31	0,31	0,06	5,80	7,00
R-60	30	8,38	0,36	0,07	7,60	9,00	6,89	0,42	0,08	6,07	7,64
R-61	25	8,18	0,51	0,10	7,20	9,00	5,90	0,47	0,09	5,07	6,77
R-63	28	8,69	0,41	0,08	7,90	9,40	6,50	0,29	0,06	6,08	7,23
R-64	29	8,80	0,54	0,10	7,80	10,00	6,55	0,53	0,10	5,31	7,50
R-65	28	8,34	0,22	0,04	8,00	8,80	6,09	0,24	0,04	5,60	6,46
R-67	30	6,85	0,39	0,07	5,70	7,60	6,13	0,54	0,10	5,08	7,40
R-69	27	8,67	0,30	0,06	8,00	9,20	6,16	0,27	0,05	5,71	6,77
R-70	25	9,30	0,33	0,07	8,70	10,00	6,13	0,25	0,05	5,63	6,64
R-71	30	8,75	0,47	0,09	7,50	9,50	6,38	0,52	0,09	4,94	7,18
R-72	29	8,34	0,65	0,12	6,80	9,20	7,01	0,85	0,16	5,31	8,27
R-73	25	8,07	0,43	0,09	7,30	8,90	6,20	0,32	0,06	5,59	6,92
R-75	25	7,08	0,35	0,07	6,50	7,90	5,60	0,30	0,06	4,93	6,35
R-78	30	8,61	0,50	0,09	7,40	9,47	5,61	0,48	0,09	4,65	6,50
R-81	25	8,33	0,22	0,04	7,80	8,70	6,27	0,33	0,07	5,33	7,08
R-86	30	7,51	0,43	0,08	6,50	8,30	6,21	0,41	0,08	5,21	7,09
R-88	25	8,59	0,49	0,10	7,70	9,50	6,78	0,62	0,12	5,87	8,00
R-89	25	7,84	0,63	0,13	7,00	9,10	6,70	0,54	0,11	6,15	7,83
R-91	31	7,49	0,42	0,08	6,30	8,30	5,82	0,48	0,09	5,07	7,00
R-94	23	8,04	0,59	0,12	6,80	9,10	6,43	0,59	0,12	5,14	8,00
R-95	28	8,28	0,35	0,07	7,90	9,30	6,67	0,29	0,05	6,07	7,22
R-99	25	9,24	0,32	0,06	8,60	10,10	7,31	0,47	0,09	6,43	8,08
R-101	25	7,18	0,38	0,08	6,60	8,30	6,80	0,38	0,08	6,00	7,55
R-106	25	8,21	0,46	0,09	7,60	9,30	6,45	0,45	0,09	5,50	7,33
Σ	1181										
<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	655	8,15	0,76	0,03	5,80	10,00	6,25	0,68	0,03	3,52	8,30
<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	353	8,10	0,77	0,04	5,50	10,00	6,27	0,69	0,04	3,50	8,09
<i>Elymus repens</i> var. <i>subulatus</i>	173	8,76	0,66	0,05	6,60	10,13	6,57	0,70	0,05	4,60	8,27

Załącznik 1. c.d.

Populacja	52. Dł. plewki dolnej/dł. plewki górnej (DLem/DPal)						54. Szerokość liścia (SzLiś)				
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max	Średnia	SD	SE	Min	Max
R-1	27	1,14	0,04	0,01	1,07	1,20	6,44	1,09	0,21	3,00	6,00
R-7	26	1,15	0,06	0,01	1,07	1,36	5,19	0,85	0,17	4,50	8,00
R-8	25	1,18	0,12	0,02	0,83	1,32	6,22	1,03	0,21	3,00	6,50
R-10	30	1,22	0,09	0,02	1,02	1,41	8,38	1,53	0,28	5,00	7,00
R-10*	29	1,21	0,08	0,01	1,11	1,36	8,33	1,15	0,21	4,50	8,00
R-11	24	1,11	0,06	0,01	1,00	1,25	4,60	0,64	0,13	5,50	11,50
R-13	25	1,16	0,07	0,01	1,07	1,29	6,43	1,18	0,25	3,00	6,50
R-14	27	1,24	0,07	0,01	1,03	1,39	5,96	0,92	0,18	5,00	8,50
R-16	25	1,18	0,04	0,01	1,13	1,27	6,22	0,82	0,16	4,50	9,50
R-31	25	1,23	0,06	0,01	1,10	1,36	6,72	1,16	0,23	4,50	7,50
R-32	25	1,18	0,07	0,01	1,06	1,31	7,18	0,71	0,14	5,50	9,00
R-33	30	1,16	0,08	0,01	1,08	1,49	7,03	1,21	0,22	4,00	7,00
R-35	25	1,17	0,05	0,01	1,05	1,24	7,86	1,32	0,26	5,00	9,00
R-43	25	1,17	0,08	0,02	1,07	1,47	4,18	0,69	0,14	5,00	12,50
R-46	25	1,24	0,13	0,03	1,06	1,55	5,64	0,53	0,11	4,00	6,50
R-47	25	1,22	0,06	0,01	1,14	1,39	4,40	0,48	0,10	3,50	5,00
R-48	25	1,19	0,10	0,02	0,90	1,47	6,64	0,97	0,19	4,00	7,00
R-49	30	1,25	0,11	0,02	1,13	1,55	4,40	0,74	0,13	4,50	8,50
R-55	30	1,19	0,04	0,01	1,11	1,27	3,45	0,42	0,08	3,50	6,00
R-56	30	1,15	0,05	0,01	1,05	1,30	5,50	0,57	0,10	5,00	8,00
R-57	25	1,15	0,03	0,01	1,08	1,22	4,40	0,69	0,14	2,50	4,00
R-60	30	1,22	0,05	0,01	1,13	1,31	5,37	0,73	0,13	5,00	8,00
R-61	25	1,17	0,06	0,01	1,07	1,27	6,12	0,90	0,18	4,50	9,00
R-63	28	1,30	0,05	0,01	1,22	1,43	5,88	0,92	0,17	6,50	10,50
R-64	29	1,16	0,07	0,01	1,05	1,37	6,14	0,77	0,14	4,50	8,00
R-65	28	1,22	0,04	0,01	1,16	1,31	4,80	0,55	0,10	3,50	6,00
R-67	30	1,13	0,05	0,01	1,06	1,26	6,83	0,76	0,14	3,50	6,00
R-69	27	1,23	0,05	0,01	1,15	1,37	4,41	0,44	0,08	3,50	8,00
R-70	25	1,07	0,02	0,00	1,03	1,10	6,42	0,84	0,17	4,00	8,00
R-71	30	1,19	0,06	0,01	1,10	1,37	7,72	1,25	0,23	3,00	6,00
R-72	29	1,13	0,04	0,01	1,02	1,22	4,34	0,82	0,15	4,50	8,50
R-73	25	1,12	0,04	0,01	1,04	1,19	6,54	1,08	0,22	6,00	8,50
R-75	25	1,25	0,05	0,01	1,14	1,36	4,12	0,75	0,15	5,00	8,00
R-78	30	1,25	0,06	0,01	1,12	1,39	7,88	0,90	0,16	6,00	11,00
R-81	25	1,14	0,04	0,01	1,06	1,20	4,85	0,62	0,13	4,00	10,00
R-86	30	1,17	0,06	0,01	1,04	1,27	5,73	0,74	0,14	6,00	9,50
R-88	25	1,13	0,05	0,01	1,04	1,26	6,24	1,12	0,24	4,00	9,50
R-89	25	1,11	0,03	0,01	1,05	1,19	6,29	0,64	0,13	3,00	6,00
R-91	31	1,25	0,05	0,01	1,10	1,35	5,40	1,19	0,21	4,00	7,00
R-94	23	1,13	0,06	0,01	1,03	1,28	7,68	0,82	0,18	4,50	7,50
R-95	28	1,13	0,04	0,01	1,06	1,20	6,88	1,46	0,28	4,00	8,50
R-99	25	1,26	0,05	0,01	1,19	1,40	5,46	0,72	0,14	4,00	8,00
R-101	25	1,13	0,05	0,01	1,03	1,21	4,94	0,82	0,16	3,50	5,00
R-106	25	1,16	0,04	0,01	1,08	1,29	6,12	1,12	0,22	5,00	9,00
Σ	1181										
<i>Elymus repens</i> var. <i>repens</i>	655	1,19	0,39	0,02	0,83	1,51	6,11	1,45	0,06	3,00	11,50
<i>Elymus repens</i> var. <i>aristatus</i>	353	1,18	0,07	0,00	1,03	1,55	5,72	1,66	0,09	2,50	12,50
<i>Elymus repens</i> var. <i>subulatus</i>	173	1,22	0,09	0,01	1,05	1,55	5,75	1,42	0,11	3,00	10,50

Załącznik 2. Średnie arytmetyczne, odchylenie standardowe (SD), błąd standardowy średniej (SE) oraz minimum (Min) i maksimum (Max) cech morfologicznych prób populacji i odmian *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis oraz mieszańców *E. ×mucronatus* (Opiz ex Bercht.) nothovar. *mucronatus* Szczepaniak, comb. nova i *E. ×mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *tesquicolus* (Czerniak.) Szczepaniak, comb. nova; N – liczba okazów. Wartości cech podane w [mm]. Skróty nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18. Numery i skróty cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

Populacja	1. Długość źdźbła (DŻ)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	1 101,67	147,49	26,93	828,00	1 440,00
H-49	30	883,63	100,90	18,42	698,00	1 135,00
H-50	30	922,23	142,68	26,05	638,00	1 155,00
H-53	30	787,20	89,87	16,41	585,00	1 020,00
H-76	25	1 149,44	132,41	26,48	937,00	1 400,00
H-77	25	1 010,88	128,96	25,79	747,00	1 266,00
H-79	25	1 041,88	127,13	25,43	840,00	1 317,00
H-80	30	1 085,90	163,84	29,91	720,00	1 350,00
H-82	25	926,42	101,92	20,80	730,00	1 048,00
H-104	25	1 190,80	149,75	29,95	815,00	1 450,00
H-106	30	1 104,07	173,22	31,63	768,00	1 530,00
H-108	28	959,46	137,16	25,92	683,00	1 276,00
H-110	25	1 110,48	176,24	35,25	720,00	1 378,00
H-111	25	962,84	188,83	37,77	596,00	1 368,00
106ir	30	1 117,30	206,46	37,69	663,00	1 543,00
V-3	25	861,88	115,71	23,14	618,00	1 097,00
V-6	25	792,54	105,51	21,54	610,00	965,00
V-49	25	1 020,16	148,22	29,64	687,00	1 293,00
V-51	27	879,59	158,00	30,41	600,00	1 420,00
V-52	25	905,16	101,63	20,33	752,00	1 067,00
V-53	28	846,89	142,25	26,88	700,00	1 446,00
V-54	30	792,35	110,29	20,14	579,00	980,00
V-106	18	1 057,06	210,83	49,69	618,00	1 470,00
V-108	11	967,55	77,47	23,36	810,00	1 071,00
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	1 034,81	182,44	10,94	596,00	1 530,00
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	887,82	160,53	12,07	579,00	1 470,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	994,38	181,35	15,55	585,00	1 543,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	901,67	147,52	24,59	600,00	1 420,00

Załącznik 2. c.d.

Populacja	4. Długość kłosa (DK)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	137,97	28,92	5,28	102,00	205,00
H-49	30	144,07	26,68	4,87	92,00	216,00
H-50	30	160,23	40,93	7,47	93,50	223,00
H-53	30	127,52	16,49	3,01	92,00	162,00
H-76	25	134,42	16,71	3,34	103,00	163,00
H-77	25	130,68	25,83	5,17	90,00	184,00
H-79	25	142,70	24,50	4,90	96,00	180,00
H-80	30	151,97	18,36	3,35	114,00	203,00
H-82	25	118,21	14,08	2,87	99,00	145,50
H-104	25	206,56	41,76	8,35	122,00	273,00
H-106	30	178,15	35,90	6,55	101,00	257,00
H-108	28	152,96	52,09	9,84	77,00	250,00
H-110	25	148,82	18,51	3,70	121,00	188,00
H-111	25	132,14	23,38	4,68	90,00	177,00
106ir	30	177,47	51,51	9,40	93,50	277,00
V-3	25	134,94	12,90	2,58	104,00	153,00
V-6	25	130,13	26,97	5,50	87,00	198,50
V-49	25	169,70	30,65	6,13	110,00	222,00
V-51	27	148,41	22,38	4,31	99,00	183,00
V-52	25	173,90	23,48	4,70	116,00	216,50
V-53	28	105,77	13,69	2,59	81,50	137,50
V-54	30	114,90	19,40	3,54	81,00	153,00
V-106	18	167,94	47,17	11,12	102,00	254,00
V-108	11	131,09	20,54	6,19	102,50	153,50
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	152,01	37,77	2,27	77,00	273,00
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	139,73	36,31	2,73	81,00	254,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	146,09	39,00	3,34	90,00	277,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	145,43	21,86	3,64	99,00	183,00
Populacja	8. Liczba węzłów kłosa (LWK)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	16,20	1,95	0,36	13,00	22,00
H-49	30	18,77	3,29	0,60	13,00	25,00
H-50	30	17,77	3,97	0,73	11,00	25,00
H-53	30	17,10	1,83	0,33	13,00	20,00
H-76	25	19,28	2,25	0,45	16,00	25,00
H-77	25	16,40	2,31	0,46	13,00	21,00
H-79	25	15,76	2,80	0,56	10,00	20,00
H-80	30	15,63	2,67	0,49	12,00	23,00
H-82	25	15,33	1,09	0,22	14,00	17,00
H-104	25	18,92	2,58	0,52	14,00	24,00
H-106	30	18,00	2,53	0,46	14,00	25,00
H-108	28	18,82	2,97	0,56	12,00	26,00
H-110	25	17,04	2,61	0,52	13,00	23,00
H-111	25	14,56	2,08	0,42	12,00	20,00
106ir	30	17,93	3,41	0,62	11,00	25,00
V-3	25	14,80	1,68	0,34	10,00	17,00
V-6	25	15,71	1,27	0,26	13,00	18,00
V-49	25	15,56	2,06	0,41	11,00	20,00
V-51	27	17,48	1,97	0,38	13,00	21,00
V-52	25	15,92	1,82	0,36	13,00	19,00
V-53	28	14,64	1,79	0,34	12,00	18,00
V-54	30	14,47	2,16	0,39	9,00	19,00
V-106	18	17,72	3,61	0,85	14,00	25,00
V-108	11	17,45	2,21	0,67	14,00	20,00
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	17,37	3,07	0,18	11,00	25,00
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	15,41	2,25	0,17	9,00	25,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	16,85	2,73	0,23	10,00	26,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	17,61	1,96	0,33	13,00	21,00

Populacja	12. Długość międzywęźla (DM)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	7,25	0,84	0,15	6,00	9,50
H-49	30	6,72	0,76	0,14	5,00	8,00
H-50	30	7,78	0,83	0,15	6,00	9,00
H-53	30	6,68	0,61	0,11	5,00	8,00
H-76	25	6,59	0,42	0,08	5,60	7,30
H-77	25	7,01	0,75	0,15	5,90	8,90
H-79	25	8,03	1,08	0,22	6,10	10,40
H-80	30	8,85	1,25	0,23	7,00	12,00
H-82	25	6,55	0,58	0,12	5,10	7,30
H-104	25	9,51	1,55	0,31	6,70	13,00
H-106	30	8,27	1,20	0,22	5,20	10,40
H-108	28	6,99	1,61	0,30	4,50	10,40
H-110	25	7,75	1,12	0,22	5,60	10,60
H-111	25	8,47	1,67	0,33	5,50	10,80
106ir	30	8,52	1,79	0,33	5,30	12,10
V-3	25	7,98	0,84	0,17	6,40	10,30
V-6	25	7,71	1,33	0,27	5,50	11,00
V-49	25	8,52	1,37	0,27	6,00	12,00
V-51	27	7,41	0,73	0,14	6,00	8,50
V-52	25	9,52	0,61	0,12	8,40	11,30
V-53	28	6,02	0,50	0,09	5,00	7,00
V-54	30	6,88	0,70	0,13	5,00	8,00
V-106	18	8,20	1,40	0,33	6,60	11,30
V-108	11	6,19	0,51	0,15	5,50	7,00
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	7,72	1,50	0,09	4,50	13,00
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	7,74	1,47	0,11	5,00	12,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	7,56	1,30	0,11	5,30	12,10
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	7,12	0,85	0,14	5,50	8,50
Populacja	19. Długość kłosa środkowego (DKł)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	14,00	2,04	0,37	11,00	18,00
H-49	30	13,27	1,96	0,36	9,00	17,00
H-50	30	15,60	2,05	0,37	12,00	20,50
H-53	30	12,73	0,94	0,17	10,50	15,50
H-76	25	13,13	1,11	0,22	10,50	14,75
H-77	25	13,98	1,66	0,33	11,00	17,00
H-79	25	14,22	1,70	0,34	11,50	17,00
H-80	30	14,58	1,46	0,27	12,50	18,00
H-82	25	11,51	0,97	0,19	9,75	13,50
H-104	25	17,32	2,61	0,52	12,75	23,00
H-106	30	14,75	1,62	0,30	11,50	17,50
H-108	28	13,80	3,07	0,58	10,00	22,50
H-110	25	14,20	1,49	0,30	11,50	17,75
H-111	25	13,10	1,61	0,32	10,50	16,00
106ir	30	16,05	3,22	0,59	11,00	24,00
V-3	25	11,65	1,04	0,21	10,25	13,50
V-6	25	12,04	1,79	0,36	9,00	16,00
V-49	25	15,56	2,40	0,48	10,50	21,50
V-51	27	13,98	1,67	0,32	10,00	17,50
V-52	25	14,94	1,16	0,23	13,00	16,75
V-53	28	12,27	1,32	0,25	10,00	14,50
V-54	30	11,27	0,98	0,18	9,50	13,00
V-106	18	13,75	2,57	0,61	9,50	17,50
V-108	11	13,45	1,49	0,45	11,50	16,00
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	14,14	2,33	0,14	9,00	23,00
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	12,98	2,26	0,17	9,00	21,50
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	14,30	2,43	0,21	10,50	24,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	13,88	1,64	0,27	10,00	17,50

Załącznik 2. c.d.

Populacja	21. Liczba kwiatków w kłosku środkowym (LKwi)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	4,87	1,25	0,23	3,00	7,00
H-49	30	4,10	0,80	0,15	3,00	6,00
H-50	30	5,30	0,95	0,17	4,00	7,00
H-53	30	4,77	0,63	0,11	4,00	6,00
H-76	25	4,52	0,77	0,15	3,00	6,00
H-77	25	5,44	1,00	0,20	4,00	7,00
H-79	25	4,08	0,91	0,18	2,00	5,00
H-80	30	4,83	0,83	0,15	3,00	7,00
H-82	25	2,88	0,54	0,11	2,00	4,00
H-104	25	6,28	1,21	0,24	4,00	9,00
H-106	30	5,00	0,91	0,17	3,00	7,00
H-108	28	4,89	1,73	0,33	3,00	10,00
H-110	25	4,88	0,88	0,18	3,00	7,00
H-111	25	4,00	0,87	0,17	3,00	6,00
106ir	30	5,37	1,10	0,20	3,00	7,00
V-3	25	3,76	0,66	0,13	3,00	5,00
V-6	25	4,17	1,05	0,21	3,00	6,00
V-49	25	4,60	1,12	0,22	3,00	8,00
V-51	27	5,52	1,09	0,21	3,00	8,00
V-52	25	5,48	0,92	0,18	4,00	7,00
V-53	28	4,14	0,80	0,15	3,00	5,00
V-54	30	3,60	0,50	0,09	3,00	4,00
V-106	18	4,17	1,29	0,31	2,00	6,00
V-108	11	4,18	0,87	0,26	3,00	5,00
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	4,66	1,24	0,07	2,00	9,00
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	4,25	1,06	0,08	2,00	8,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	4,99	1,17	0,10	2,00	10,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	5,19	1,19	0,20	3,00	8,00
Populacja	13. Dł. kłoska/dł. międzywęźla (DKI/DM)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	1,94	0,27	0,05	1,39	2,77
H-49	30	1,97	0,17	0,03	1,69	2,38
H-50	30	2,00	0,16	0,03	1,67	2,29
H-53	30	1,92	0,18	0,03	1,64	2,40
H-76	25	2,00	0,15	0,03	1,62	2,27
H-77	25	1,99	0,12	0,02	1,76	2,22
H-79	25	1,78	0,16	0,03	1,41	2,08
H-80	30	1,67	0,20	0,04	1,24	2,13
H-82	25	1,76	0,12	0,03	1,59	2,06
H-104	25	1,83	0,19	0,04	1,48	2,20
H-106	30	1,81	0,23	0,04	1,50	2,40
H-108	28	1,99	0,23	0,04	1,53	2,50
H-110	25	1,86	0,25	0,05	1,32	2,43
H-111	25	1,59	0,26	0,05	1,25	2,08
106ir	30	1,90	0,24	0,04	1,44	2,37
V-3	25	1,47	0,12	0,02	1,25	1,69
V-6	25	1,58	0,21	0,04	1,05	1,92
V-49	25	1,83	0,16	0,03	1,50	2,23
V-51	27	1,89	0,20	0,04	1,33	2,25
V-52	25	1,57	0,10	0,02	1,42	1,80
V-53	28	2,04	0,14	0,03	1,75	2,33
V-54	30	1,64	0,09	0,02	1,50	1,90
V-106	18	1,69	0,26	0,06	1,37	2,13
V-108	11	2,17	0,18	0,05	1,88	2,50
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	1,86	0,25	0,02	1,24	2,77
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	1,70	0,25	0,02	1,05	2,37
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	1,90	0,20	0,02	1,41	2,50
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	1,96	0,23	0,04	1,33	2,50

Załącznik 2. c.d.

Populacja	27. Długość plewy dolnej (DPD)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	7,06	0,64	0,12	6,00	8,10
H-49	30	6,47	0,74	0,14	4,30	7,80
H-50	30	6,19	0,51	0,09	5,20	7,20
H-53	30	5,72	0,48	0,09	5,00	7,10
H-76	25	7,16	0,41	0,08	6,10	7,80
H-77	25	7,51	0,64	0,13	6,20	8,70
H-79	25	9,12	0,83	0,17	7,60	10,50
H-80	30	6,78	0,50	0,09	5,80	7,90
H-82	25	5,86	0,34	0,07	5,20	6,70
H-104	25	6,92	0,75	0,15	5,40	8,10
H-106	30	6,58	0,91	0,17	4,40	8,70
H-108	28	5,97	1,17	0,22	4,50	8,90
H-110	25	6,72	0,73	0,15	5,10	7,70
H-111	25	5,76	0,73	0,15	4,00	6,90
106ir	30	6,40	0,91	0,17	4,90	8,50
V-3	25	6,14	0,86	0,17	5,00	8,50
V-6	25	5,21	0,57	0,12	4,10	6,50
V-49	25	5,81	0,70	0,14	4,40	7,30
V-51	27	5,76	0,71	0,14	4,80	7,90
V-52	25	6,67	0,53	0,11	5,70	7,60
V-53	28	5,48	0,49	0,09	4,20	6,20
V-54	30	5,20	0,48	0,09	4,40	6,60
V-106	18	7,21	0,85	0,20	6,00	8,70
V-108	11	6,35	0,79	0,24	4,90	7,60
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	6,42	0,82	0,05	4,00	8,70
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	5,88	0,92	0,07	4,10	8,70
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	7,15	1,34	0,11	4,90	10,50
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	5,96	0,77	0,13	4,80	7,90
Populacja	28. Szerokość plewy dolnej (SzPD)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	1,78	0,18	0,03	1,50	2,30
H-49	30	1,98	0,20	0,04	1,50	2,30
H-50	30	2,01	0,23	0,04	1,50	2,50
H-53	30	1,82	0,12	0,02	1,60	2,00
H-76	25	2,08	0,14	0,03	1,90	2,40
H-77	25	2,18	0,14	0,03	1,90	2,40
H-79	25	2,04	0,10	0,02	1,80	2,20
H-80	30	2,10	0,17	0,03	1,80	2,40
H-82	25	1,89	0,12	0,02	1,70	2,20
H-104	25	2,31	0,22	0,04	1,90	2,80
H-106	30	2,30	0,24	0,04	1,60	2,70
H-108	28	1,98	0,23	0,04	1,70	2,70
H-110	25	2,12	0,28	0,06	1,70	2,70
H-111	25	1,95	0,19	0,04	1,60	2,30
106ir	30	2,04	0,21	0,04	1,60	2,40
V-3	25	1,94	0,15	0,03	1,70	2,30
V-6	25	1,91	0,21	0,04	1,60	2,40
V-49	25	1,80	0,18	0,04	1,50	2,20
V-51	27	1,90	0,13	0,03	1,70	2,30
V-52	25	1,87	0,12	0,02	1,60	2,10
V-53	28	1,80	0,16	0,03	1,40	2,10
V-54	30	1,94	0,15	0,03	1,60	2,20
V-106	18	2,16	0,26	0,06	1,60	2,50
V-108	11	1,83	0,20	0,06	1,60	2,20
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	2,06	0,24	0,01	1,50	2,80
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	1,90	0,20	0,02	1,40	2,50
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	1,98	0,23	0,02	1,50	2,70
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	1,89	0,15	0,02	1,60	2,30

Załącznik 2. c.d.

Populacja	29. Dł./szer. plewy dolnej „kształt” (DPD/SzPD)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	4,01	0,57	0,10	6,00	8,10
H-49	30	3,28	0,31	0,06	4,30	7,80
H-50	30	3,10	0,27	0,05	5,20	7,20
H-53	30	3,16	0,30	0,05	5,00	7,10
H-76	25	3,45	0,24	0,05	6,10	7,80
H-77	25	3,45	0,25	0,05	6,20	8,70
H-79	25	4,47	0,41	0,08	7,60	10,50
H-80	30	3,25	0,33	0,06	5,80	7,90
H-82	25	3,10	0,17	0,03	5,20	6,70
H-104	25	3,00	0,31	0,06	5,40	8,10
H-106	30	2,86	0,25	0,05	4,40	8,70
H-108	28	3,01	0,39	0,07	4,50	8,90
H-110	25	3,20	0,31	0,06	5,10	7,70
H-111	25	2,97	0,46	0,09	4,00	6,90
106ir	30	3,15	0,47	0,08	4,90	8,50
V-3	25	3,16	0,41	0,08	5,00	8,50
V-6	25	2,73	0,21	0,04	4,10	6,50
V-49	25	3,24	0,26	0,05	4,40	7,30
V-51	27	3,03	0,23	0,04	4,80	7,90
V-52	25	3,56	0,19	0,04	5,70	7,60
V-53	28	3,05	0,19	0,04	4,20	6,20
V-54	30	2,68	0,17	0,03	4,40	6,60
V-106	18	3,35	0,22	0,05	6,00	8,70
V-108	11	3,47	0,24	0,07	4,90	7,60
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	3,13	0,35	0,02	1,90	4,12
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	3,09	0,39	0,03	2,40	4,25
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	3,64	0,66	0,06	2,29	5,15
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	3,15	0,30	0,05	2,53	3,74
Populacja	30. Długość ości plewy dolnej (DOPD)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-49	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-50	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-53	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-76	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-77	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-79	25	0,27	0,25	0,05	0,00	0,60
H-80	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-82	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-104	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-106	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-108	28	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-110	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-111	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
106ir	30	0,02	0,06	0,01	0,00	0,20
V-3	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-6	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-49	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-51	27	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-52	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-53	28	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-54	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-106	18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-108	11	0,02	0,06	0,02	0,00	0,20
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	0,05	0,15	0,01	0,00	0,60
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	0,01	0,03	0,01	0,00	0,20

Populacja	31. Dł. plewy dolnej/dł. kłoska (DPD/DKł)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	0,51	0,07	0,01	0,35	0,63
H-49	30	0,49	0,05	0,01	0,38	0,59
H-50	30	0,40	0,03	0,01	0,33	0,46
H-53	30	0,45	0,03	0,00	0,39	0,51
H-76	25	0,55	0,03	0,01	0,50	0,60
H-77	25	0,54	0,03	0,01	0,48	0,59
H-79	25	0,64	0,05	0,01	0,57	0,77
H-80	30	0,47	0,04	0,01	0,38	0,55
H-82	25	0,51	0,03	0,01	0,45	0,58
H-104	25	0,40	0,04	0,01	0,35	0,51
H-106	30	0,45	0,05	0,01	0,34	0,53
H-108	28	0,44	0,04	0,01	0,37	0,52
H-110	25	0,48	0,06	0,01	0,37	0,58
H-111	25	0,44	0,04	0,01	0,35	0,52
106ir	30	0,40	0,04	0,01	0,35	0,50
V-3	25	0,53	0,05	0,01	0,44	0,64
V-6	25	0,44	0,04	0,01	0,37	0,52
V-49	25	0,38	0,03	0,01	0,32	0,44
V-51	27	0,41	0,04	0,01	0,36	0,48
V-52	25	0,45	0,02	0,00	0,41	0,49
V-53	28	0,45	0,03	0,01	0,38	0,50
V-54	30	0,46	0,03	0,00	0,42	0,54
V-106	18	0,53	0,05	0,01	0,47	0,65
V-108	11	0,47	0,05	0,02	0,36	0,54
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	0,46	0,06	0,00	0,33	0,60
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	0,46	0,06	0,00	0,32	0,65
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	0,51	0,09	0,01	0,35	0,77
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	0,43	0,05	0,01	0,36	0,54
Populacja	35. Długość plewy górnej (DPG)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	7,79	0,73	0,13	6,30	9,00
H-49	30	7,08	0,75	0,14	5,00	8,20
H-50	30	6,99	0,51	0,09	5,90	7,90
H-53	30	6,89	0,43	0,08	6,00	8,30
H-76	25	7,61	0,43	0,09	6,60	8,20
H-77	25	8,11	0,68	0,14	6,60	9,50
H-79	25	9,56	0,83	0,17	8,10	11,00
H-80	30	7,75	0,58	0,11	6,70	8,80
H-82	25	6,50	0,39	0,08	5,50	7,20
H-104	25	7,95	0,89	0,18	6,30	9,60
H-106	30	7,26	0,89	0,16	5,20	9,10
H-108	28	6,73	1,30	0,25	5,00	9,60
H-110	25	7,38	0,77	0,15	5,80	8,40
H-111	25	6,54	0,79	0,16	5,00	7,90
106ir	30	7,12	0,95	0,17	5,70	9,50
V-3	25	7,18	0,93	0,19	6,10	9,90
V-6	25	6,07	0,65	0,13	4,90	7,80
V-49	25	6,64	0,76	0,15	5,10	8,20
V-51	27	6,59	0,62	0,12	5,70	7,90
V-52	25	7,92	0,51	0,10	7,00	8,90
V-53	28	6,08	0,49	0,09	4,90	6,80
V-54	30	5,84	0,37	0,07	5,00	6,60
V-106	18	7,93	1,01	0,24	6,50	9,50
V-108	11	7,11	0,75	0,23	6,10	8,40
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	7,16	0,87	0,05	5,00	9,60
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	6,72	1,04	0,08	4,90	9,90
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	7,90	1,19	0,10	5,70	11,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	6,77	0,70	0,12	5,70	8,40

Populacja	37. Długość ości plewy górnej (DOPG)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-49	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-50	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-53	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-76	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-77	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-79	25	0,32	0,24	0,05	0,00	0,80
H-80	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-82	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-104	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-106	30	0,01	0,04	0,01	0,00	0,20
H-108	28	0,01	0,06	0,01	0,00	0,30
H-110	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-111	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
106ir	30	0,04	0,10	0,02	0,00	0,30
V-3	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-6	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-49	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-51	27	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-52	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-53	28	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-54	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-106	18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-108	11	0,05	0,10	0,03	0,00	0,30
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	0,00	0,02	0,00	0,00	0,30
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	0,07	0,17	0,01	0,00	0,80
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	0,01	0,06	0,01	0,00	0,30
Populacja	38. Dł. plewy górnej/dł. plewy dolnej (DPG/DPD)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	1,10	0,04	0,01	1,00	1,22
H-49	30	1,10	0,05	0,01	1,01	1,18
H-50	30	1,13	0,03	0,01	1,07	1,21
H-53	30	1,21	0,06	0,01	1,09	1,32
H-76	25	1,06	0,03	0,01	1,00	1,11
H-77	25	1,08	0,03	0,01	1,01	1,14
H-79	25	1,05	0,03	0,01	1,00	1,11
H-80	30	1,14	0,04	0,01	1,08	1,24
H-82	25	1,11	0,03	0,01	1,02	1,18
H-104	25	1,15	0,05	0,01	1,07	1,24
H-106	30	1,11	0,03	0,01	1,05	1,18
H-108	28	1,13	0,04	0,01	1,03	1,27
H-110	25	1,10	0,03	0,01	1,05	1,17
H-111	25	1,14	0,04	0,01	1,06	1,27
106ir	30	1,12	0,04	0,01	1,03	1,18
V-3	25	1,17	0,04	0,01	1,09	1,28
V-6	25	1,17	0,05	0,01	1,08	1,25
V-49	25	1,14	0,04	0,01	1,01	1,20
V-51	27	1,15	0,06	0,01	0,94	1,23
V-52	25	1,19	0,04	0,01	1,12	1,28
V-53	28	1,11	0,04	0,01	1,04	1,19
V-54	30	1,13	0,07	0,01	0,88	1,22
V-106	18	1,10	0,03	0,01	1,05	1,21
V-108	11	1,12	0,05	0,02	1,05	1,24
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	1,12	0,05	0,00	1,00	1,29
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	1,14	0,06	0,00	0,88	1,28
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	1,11	0,06	0,01	1,00	1,32
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	1,14	0,06	0,01	0,94	1,23

Populacja	41. Długość plewki dolnej (DLem)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	9,32	0,57	0,10	8,20	10,80
H-49	30	9,01	0,95	0,17	7,70	10,80
H-50	30	9,05	0,56	0,10	7,90	9,90
H-53	30	8,63	0,37	0,07	7,90	9,70
H-76	25	8,96	0,36	0,07	8,00	9,60
H-77	25	9,08	0,58	0,12	7,70	9,90
H-79	25	10,47	0,79	0,16	9,50	11,90
H-80	30	9,62	0,55	0,10	8,80	11,20
H-82	25	8,49	0,39	0,08	7,60	9,30
H-104	25	9,66	0,77	0,15	8,60	11,60
H-106	30	8,89	0,71	0,13	6,70	10,00
H-108	28	8,55	1,12	0,21	7,20	11,60
H-110	25	9,02	0,58	0,12	7,70	10,10
H-111	25	8,42	0,87	0,17	6,70	10,00
106ir	30	8,88	0,90	0,16	7,60	10,50
V-3	25	8,58	0,82	0,16	7,70	10,90
V-6	25	7,78	0,71	0,14	6,70	9,50
V-49	25	8,88	0,71	0,14	7,70	10,50
V-51	27	7,93	0,55	0,11	7,00	9,10
V-52	25	9,60	0,44	0,09	8,80	10,30
V-53	28	8,22	0,67	0,13	6,30	9,10
V-54	30	7,79	0,35	0,06	7,00	8,40
V-106	18	9,22	0,91	0,22	7,60	10,60
V-108	11	8,51	0,56	0,17	7,70	9,60
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	8,97	0,81	0,05	6,70	11,60
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	8,53	0,91	0,07	6,30	10,90
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	9,28	0,92	0,08	7,60	11,90
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	8,09	0,62	0,10	7,00	9,60
Populacja	43. Dł./szer. plewki dolnej „kształt” (DLem/SzLem)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	3,55	0,43	0,08	2,65	4,41
H-49	30	2,83	0,24	0,04	2,43	3,45
H-50	30	2,78	0,16	0,03	2,40	3,13
H-53	30	2,96	0,14	0,03	2,73	3,40
H-76	25	3,08	0,10	0,02	2,93	3,31
H-77	25	3,24	0,22	0,04	2,82	3,63
H-79	25	3,79	0,21	0,04	3,39	4,25
H-80	30	3,18	0,19	0,03	2,81	3,50
H-82	25	3,03	0,12	0,03	2,72	3,26
H-104	25	3,14	0,24	0,05	2,65	3,63
H-106	30	2,94	0,22	0,04	2,42	3,54
H-108	28	2,96	0,22	0,04	2,57	3,52
H-110	25	3,06	0,18	0,04	2,74	3,48
H-111	25	2,97	0,26	0,05	2,39	3,67
106ir	30	3,10	0,30	0,05	2,57	3,59
V-3	25	3,31	0,39	0,08	2,93	4,36
V-6	25	2,84	0,19	0,04	2,63	3,42
V-49	25	3,29	0,28	0,06	2,83	4,10
V-51	27	2,71	0,14	0,03	2,42	3,12
V-52	25	3,69	0,11	0,02	3,42	3,92
V-53	28	2,65	0,10	0,02	2,42	2,93
V-54	30	2,89	0,11	0,02	2,61	3,12
V-106	18	3,15	0,14	0,03	2,86	3,34
V-108	11	3,18	0,13	0,04	2,96	3,43
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	3,00	0,25	0,01	2,39	3,72
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	3,10	0,39	0,03	2,42	4,36
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	3,31	0,40	0,03	2,57	4,41
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	2,83	0,25	0,04	2,42	3,43

Populacja	44. Długość ości plewki dolnej (DOLeM)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	0,71	0,67	0,12	0,00	2,60
H-49	30	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
H-50	30	0,11	0,14	0,02	0,00	0,50
H-53	30	0,97	0,56	0,10	0,00	1,90
H-76	25	0,02	0,09	0,02	0,00	0,40
H-77	25	1,10	0,33	0,07	0,60	2,10
H-79	25	0,37	0,21	0,04	0,00	0,80
H-80	30	0,02	0,13	0,02	0,00	0,70
H-82	25	0,03	0,08	0,02	0,00	0,30
H-104	25	0,05	0,11	0,02	0,00	0,30
H-106	30	0,22	0,24	0,04	0,00	1,10
H-108	28	0,07	0,12	0,02	0,00	0,40
H-110	25	0,02	0,07	0,01	0,00	0,30
H-111	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
106ir	30	5,53	2,82	0,52	2,00	13,20
V-3	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-6	25	0,06	0,12	0,03	0,00	0,50
V-49	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-51	27	0,46	0,24	0,05	0,00	1,30
V-52	25	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-53	28	0,24	0,21	0,04	0,00	0,70
V-54	30	0,01	0,05	0,01	0,00	0,20
V-106	18	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
V-108	11	0,32	0,32	0,10	0,00	1,10
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	0,05	0,13	0,01	0,00	1,10
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	0,05	0,13	0,01	0,00	0,70
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	1,92	2,41	0,21	0,00	13,20
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	0,44	0,26	0,04	0,00	1,30
Populacja	48. Długość plewki górnej (DPal)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	7,86	0,83	0,15	6,40	10,20
H-49	30	9,16	0,72	0,13	7,20	10,10
H-50	30	8,93	0,43	0,08	8,00	10,00
H-53	30	7,82	0,27	0,05	7,20	8,40
H-76	25	8,82	0,31	0,06	8,00	9,30
H-77	25	8,20	0,41	0,08	7,30	9,00
H-79	25	9,55	0,58	0,12	8,30	10,50
H-80	30	9,38	0,50	0,09	7,80	10,20
H-82	25	8,20	0,37	0,08	7,40	8,90
H-104	25	9,19	0,56	0,11	8,40	10,40
H-106	30	8,50	0,60	0,11	6,70	9,40
H-108	28	8,21	0,91	0,17	6,90	10,70
H-110	25	8,86	0,52	0,10	7,50	9,90
H-111	25	8,42	0,75	0,15	7,00	9,50
106ir	30	8,42	0,66	0,12	7,30	9,50
V-3	25	7,80	0,52	0,10	7,10	9,20
V-6	25	7,50	0,63	0,13	6,50	8,90
V-49	25	9,09	0,63	0,13	7,60	10,20
V-51	27	7,78	0,34	0,07	7,10	8,50
V-52	25	9,05	0,37	0,07	8,00	9,60
V-53	28	8,29	0,64	0,12	6,50	9,10
V-54	30	7,75	0,34	0,06	7,00	8,30
V-106	18	8,43	0,69	0,16	7,00	9,50
V-108	11	8,29	0,47	0,14	7,60	9,00
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	8,74	0,73	0,04	6,50	10,40
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	8,25	0,80	0,06	6,50	10,20
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	8,40	0,85	0,07	6,40	10,70
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	7,94	0,45	0,08	7,10	9,00

Załącznik 2. c.d.

Populacja	50. Dł./szer. plewki górnej „kształt” (DPal/SzPal)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	5,55	1,05	0,19	3,14	7,60
H-49	30	4,83	0,39	0,07	3,71	5,44
H-50	30	4,06	0,15	0,03	3,78	4,35
H-53	30	4,26	0,16	0,03	3,90	4,65
H-76	25	5,87	0,22	0,04	5,44	6,21
H-77	25	4,97	0,15	0,03	4,72	5,25
H-79	25	5,57	0,30	0,06	5,29	6,92
H-80	30	4,99	0,47	0,09	3,90	5,76
H-82	25	4,59	0,37	0,08	4,11	5,93
H-104	25	4,45	0,45	0,09	3,36	5,17
H-106	30	4,02	0,27	0,05	3,57	4,58
H-108	28	4,42	0,35	0,07	3,65	4,94
H-110	25	4,66	0,33	0,07	4,14	5,52
H-111	25	4,56	0,32	0,06	4,00	5,44
106ir	30	4,46	0,50	0,09	3,73	5,92
V-3	25	4,56	0,30	0,06	4,10	5,41
V-6	25	4,21	0,24	0,05	3,76	4,69
V-49	25	4,61	0,19	0,04	4,25	4,94
V-51	27	4,09	0,20	0,04	3,76	4,73
V-52	25	4,94	0,20	0,04	4,65	5,29
V-53	28	4,26	0,17	0,03	3,95	4,67
V-54	30	4,48	0,23	0,04	4,05	4,93
V-106	18	4,23	0,25	0,06	3,95	4,67
V-108	11	4,84	0,34	0,10	4,37	5,44
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	4,64	0,64	0,04	3,14	6,70
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	4,48	0,33	0,02	3,76	5,41
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	4,93	0,72	0,06	3,73	7,60
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	4,29	0,42	0,07	3,76	5,44
Populacja	52. Dł. plewki dolnej/dł. plewki górnej (DLem/DPal)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	1,19	0,10	0,02	1,02	1,36
H-49	30	0,98	0,08	0,01	0,89	1,17
H-50	30	1,01	0,05	0,01	0,89	1,10
H-53	30	1,10	0,03	0,01	1,02	1,17
H-76	25	1,02	0,02	0,00	0,97	1,07
H-77	25	1,11	0,03	0,01	1,04	1,17
H-79	25	1,10	0,05	0,01	1,02	1,20
H-80	30	1,03	0,05	0,01	0,95	1,17
H-82	25	1,03	0,02	0,00	1,00	1,06
H-104	25	1,05	0,04	0,01	1,00	1,17
H-106	30	1,05	0,03	0,01	1,00	1,11
H-108	28	1,04	0,05	0,01	0,95	1,19
H-110	25	1,02	0,03	0,01	0,96	1,09
H-111	25	1,00	0,03	0,01	0,91	1,05
106ir	30	1,05	0,04	0,01	1,00	1,14
V-3	25	1,10	0,05	0,01	1,04	1,21
V-6	25	1,04	0,04	0,01	0,99	1,12
V-49	25	0,98	0,04	0,01	0,92	1,06
V-51	27	1,02	0,03	0,01	0,96	1,09
V-52	25	1,06	0,03	0,01	1,01	1,11
V-53	28	0,99	0,02	0,00	0,96	1,05
V-54	30	1,01	0,03	0,01	0,95	1,10
V-106	18	1,09	0,06	0,01	0,97	1,16
V-108	11	1,03	0,03	0,01	0,97	1,07
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	1,03	0,06	0,00	0,89	1,34
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	1,03	0,06	0,00	0,92	1,21
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	1,11	0,07	0,01	1,00	1,36
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	1,02	0,03	0,01	0,96	1,09

Załącznik 2. c.d.

Populacja	54. Szerokość liścia (SzLiś)					
	N	Średnia	SD	SE	Min	Max
H-8	30	7,60	0,65	0,12	7,00	8,50
H-49	30	5,23	1,01	0,18	3,00	7,50
H-50	30	5,90	0,94	0,17	4,00	8,00
H-53	30	4,78	0,67	0,12	4,00	7,00
H-76	25	5,00	0,69	0,14	4,00	6,00
H-77	25	5,99	0,90	0,18	4,50	8,00
H-79	25	5,48	0,64	0,13	4,00	6,50
H-80	30	5,68	0,62	0,11	4,00	7,00
H-82	25	4,65	0,50	0,10	4,00	5,50
H-104	25	6,03	0,81	0,16	5,00	7,25
H-106	30	6,15	1,24	0,23	4,00	9,00
H-108	28	5,68	1,15	0,22	4,00	8,50
H-110	25	5,22	0,62	0,12	4,00	6,50
H-111	25	4,52	0,78	0,16	3,00	6,50
106ir	30	6,12	1,36	0,25	4,00	8,00
V-3	25	5,36	0,71	0,14	4,00	6,50
V-6	25	5,17	0,78	0,16	4,00	7,00
V-49	25	3,96	0,85	0,17	2,50	5,50
V-51	27	4,93	0,65	0,12	3,50	6,50
V-52	25	4,54	0,76	0,15	3,50	6,00
V-53	28	4,79	0,62	0,12	3,50	6,00
V-54	30	5,20	0,64	0,12	4,00	6,50
V-106	18	5,31	1,45	0,34	3,00	9,00
V-108	11	5,68	0,68	0,21	5,00	7,00
Σ	627					
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>hispidus</i>	278	5,42	1,02	0,06	3,00	9,00
<i>Elymus hispidus</i> var. <i>villosus</i>	177	4,90	0,94	0,07	2,50	9,00
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i>	136	5,68	1,13	0,10	4,00	8,50
<i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	36	5,13	0,75	0,13	3,50	7,00

Załącznik 3. Korelacje cech ilościowych *Elymus repens* (L.) Gould. Wyróżniono korelacje o wartości bezwzględnej $r \geq 0,6$. Wszystkie wartości istotne z $p < 0,001$. Numery cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

nr cechy	1	2	4	8	12	13	15	17	19	21	23	25	27	28	29	30	31	32	35	36	37	38	39	41	42	43	44	45	46	48	49	50	52	53	54	60			
1	1,00																																						
2	0,28	1,00																																					
4	0,59	-	1,00																																				
8	0,42	-	0,64	1,00																																			
12	0,38	-	0,67	-	1,00																																		
13	-	-	-0,24	0,19	-0,63	1,00																																	
15	0,43	-	0,55	-	0,61	-	1,00																																
17	0,36	-	0,46	-	0,46	-	0,80	1,00																															
19	0,47	-	0,61	0,17	0,63	0,17	0,83	0,66	1,00																														
21	0,45	-	0,55	0,24	0,48	0,18	0,69	0,72	0,80	1,00																													
23	0,54	-	0,70	0,27	0,64	-	0,78	0,62	0,91	0,75	1,00																												
25	0,50	-	0,53	0,27	0,44	0,24	0,65	0,69	0,76	0,85	0,81	1,00																											
27	0,36	-	0,58	0,21	0,52	-	0,60	0,45	0,69	0,53	0,68	0,52	1,00																										
28	0,20	-	0,29	0,16	0,28	-	0,40	0,40	0,42	0,49	0,47	0,50	0,47	1,00																									
29	0,16	-	0,29	-	0,25	-	0,24	-	0,27	-	0,25	-	0,53	-0,49	1,00																								
30	-	-	-	-0,12	0,14	-	0,15	0,15	0,13	-	0,14	-	-	-	-	1,00																							
31	-0,18	-	-0,13	-	-0,22	-0,23	-0,42	-0,35	-0,50	-0,41	-0,44	-0,39	0,26	-	0,26	-0,19	1,00																						
32	0,14	-	0,20	0,20	0,11	-	0,18	0,20	0,21	0,20	0,22	0,25	0,20	0,35	-0,13	-	-	1,00																					
35	0,36	-	0,58	0,19	0,54	-	0,62	0,46	0,71	0,53	0,71	0,54	0,94	0,42	0,52	-	0,16	0,20	1,00																				
36	0,23	-	0,33	0,15	0,33	-	0,48	0,44	0,48	0,52	0,54	0,54	0,47	0,83	-0,33	-	-	0,29	0,47	1,00																			
37	-	-	-	-0,10	0,12	-	0,15	0,15	0,11	-	-	-	-	-	-	0,89	-0,16	-	-	-	1,00																		
38	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,24	-0,18	-	-	-0,32	-	-	-	-	1,00																	
39	-0,21	-	-0,15	-	-0,22	-0,26	-0,44	-0,37	-0,52	-0,44	-0,40	-0,40	0,18	-	0,25	-0,18	0,92	-	0,21	-0,10	-0,18	-	1,00																
41	0,39	-	0,55	0,13	0,57	-	0,69	0,54	0,76	0,54	0,75	0,61	0,82	0,39	0,44	0,17	-	0,19	0,83	0,41	0,14	-	-	1,00															
42	0,27	-	0,29	0,11	0,28	0,10	0,42	0,42	0,48	0,48	0,48	0,57	0,38	0,51	-0,10	-	-0,16	0,24	0,38	0,51	-	-	-0,18	0,46	1,00														
43	0,16	-	0,29	-	0,32	-	0,31	0,15	0,35	0,14	0,31	-	0,49	-	0,52	0,19	0,10	-	0,50	-	0,17	-	0,10	0,61	-0,41	1,00													
44	-0,13	-	-	-0,19	0,11	-	-	-	-	-	-	-	-0,12	-	-0,11	0,73	-0,21	-	-0,11	-	0,77	-	-0,21	-	-	1,00													
45	-0,18	-	-0,11	-0,19	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,21	-	-0,14	0,72	-0,19	-0,11	-0,20	-	0,76	-	-0,19	-	-	0,99	1,00												
46	0,13	-	0,26	0,13	0,19	-	-	-	0,17	0,16	0,21	0,19	0,14	-	-	-	-	0,14	0,15	-	-	-	-	0,15	0,22	-	-	-	1,00										
48	0,38	-	0,52	0,14	0,53	-	0,63	0,51	0,71	0,49	0,72	0,61	0,72	0,39	0,34	0,18	-	0,17	0,73	0,41	0,15	-	-0,11	0,82	0,50	0,39	-	-	0,15	1,00									
49	0,37	0,18	0,31	-	0,36	-	0,42	0,33	0,46	0,41	0,48	0,44	0,43	0,35	-	-	-0,10	0,12	0,43	0,40	-	-	-0,12	0,51	0,52	-	-	-	0,11	0,54	1,00								
50	-0,13	-0,16	-	-	-	-	-	-	-	-0,10	-	-	-	-0,12	0,19	0,15	-	-	-	-0,17	0,12	-	-	-	-0,21	0,24	-	-	-	0,18	-0,70	1,00							
52	0,14	-	0,22	-	0,24	-	0,33	0,23	0,31	0,24	0,32	0,22	0,40	0,12	0,28	-	-	-	0,40	0,12	-	-	-	0,57	-	0,50	-	-	-	-	0,13	-0,16	1,00						
53	0,56	0,15	0,60	0,32	0,45	-0,14	0,51	0,38	0,43	0,30	0,59	0,39	0,38	-	0,31	-	-0,14	0,10	0,39	0,14	-	-	-0,14	0,45	0,24	0,24	-0,13	-0,19	0,17	0,46	0,33	-	0,13	1,00					
54	0,48	0,17	0,46	0,37	0,29	-	0,28	0,24	0,44	0,40	0,50	0,45	0,34	0,32	-	-	-0,16	0,17	0,33	0,35	-	-	-0,19	0,33	0,34	-	-0,12	-0,15	0,14	0,38	0,39	-0,16	-	0,50	1,00				
60	0,31	-	0,24	0,21	0,15	-	0,21	0,19	0,25	0,28	0,31	0,31	0,16	0,18	-	-	-0,13	0,11	0,18	0,22	-0,13	-	-0,12	0,12	0,22	-	-0,12	-0,14	0,13	0,17	0,24	-0,15	-	0,21	0,39	1,00			

Załącznik 4. Korelacje cech ilościowych *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis. Wyróżniono korelacje o wartości bezwzględnej $r \geq 0,6$. Wszystkie wartości istotne z $p < 0,001$. Numery cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.

nr cechy	1	2	4	8	12	13	15	17	19	21	23	25	27	28	29	30	31	32	35	36	37	38	39	41	42	43	44	45	46	48	49	50	52	53	54	60			
1	1,00																																						
2	-	1,00																																					
4	0,55	-	1,00																																				
8	0,40	-	0,66	1,00																																			
12	0,37	-	0,68	-	1,00																																		
13	0,19	-	-	0,45	-0,48	1,00																																	
15	0,46	-	0,55	-	0,55	0,30	1,00																																
17	-	-	0,33	-	0,27	0,31	0,72	1,00																															
19	0,57	-	0,82	0,39	0,68	0,30	0,81	0,56	1,00																														
21	0,46	-	0,69	0,43	0,48	0,37	0,61	0,64	0,85	1,00																													
23	0,58	-	0,75	0,31	0,64	0,27	0,72	0,49	0,88	0,75	1,00																												
25	0,41	-	0,60	0,27	0,48	0,28	0,58	0,54	0,74	0,79	0,88	1,00																											
27	0,51	-	0,47	0,24	0,43	-	0,52	0,33	0,55	0,41	0,62	0,45	1,00																										
28	0,47	-	0,51	0,31	0,41	-	0,28	-	0,49	0,46	0,43	0,37	0,49	1,00																									
29	0,22	-	0,14	-	0,17	-	0,32	0,23	0,24	-	0,29	-	0,74	-0,22	1,00																								
30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,35	-	0,33	1,00																							
31	-	0,15	-0,33	-0,14	-0,23	-0,22	-0,40	-0,30	-0,44	-0,44	-0,38	-0,40	0,50	-	0,54	0,32	1,00																						
32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1,00																					
35	0,48	-	0,52	0,20	0,54	-	0,53	0,36	0,60	0,47	0,61	0,45	0,96	0,47	0,71	0,32	0,40	-	1,00																				
36	0,52	-	0,54	0,39	0,37	-	0,37	0,23	0,53	0,50	0,54	0,44	0,53	0,83	-	-	-	0,15	0,50	1,00																			
37	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,41	-	0,40	0,81	0,34	-	0,36	-	1,00																		
38	-0,29	-	-	-0,22	0,14	-0,27	-	-	-	-	-	-	-0,47	-0,26	-0,32	-0,18	-0,43	-	-0,20	-0,26	-0,24	1,00																	
39	-0,14	0,16	-0,39	-0,24	-0,21	-0,35	-0,46	-0,33	-0,52	-0,50	-0,48	-0,47	0,37	-	0,47	0,28	0,94	-	0,36	-	0,27	-	1,00																
41	0,52	-	0,56	0,16	0,61	-	0,64	0,32	0,71	0,51	0,64	0,43	0,84	0,44	0,60	0,25	0,16	-	0,88	0,47	0,29	-0,18	-	1,00															
42	0,26	-0,15	0,38	0,35	0,16	0,32	0,28	0,23	0,45	0,43	0,34	0,29	0,21	0,51	-0,16	-	-0,25	-	0,20	0,53	-	-0,14	-0,33	0,33	1,00														
43	0,27	0,15	0,21	-0,13	0,42	-0,18	0,34	-	0,29	-	0,27	-	0,60	-	0,68	0,28	0,34	-	0,65	-	0,31	-	0,36	0,66	-0,49	1,00													
44	0,14	-0,14	-	-	-	0,17	-	-	0,17	0,17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,14	-	-	-	1,00												
45	-	0,28	-0,20	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,35	0,38	-	0,21	-0,21	-	-0,29	-	0,21	0,31	-	-0,20	-	1,00	1,00											
46	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,29	-0,24	-	-	1,00									
48	0,48	-	0,56	0,22	0,55	-	0,53	-	0,68	0,45	0,59	0,39	0,65	0,47	0,36	0,21	-	-	0,67	0,47	0,22	-0,21	-	0,81	0,49	0,36	-	-0,35	0,17	1,00									
49	0,23	-0,14	0,56	0,26	0,43	-	0,43	0,33	0,58	0,50	0,48	0,47	-	0,47	-0,27	-	-0,51	-0,13	0,13	0,46	-	-	-0,55	0,31	0,68	-0,26	-	-0,30	0,23	0,47	1,00								
50	0,16	0,11	-0,16	-	-	-	-	-	-	-0,18	-	-0,20	0,43	-0,14	0,60	0,25	0,56	-	0,39	-	0,27	-0,25	0,52	0,30	-0,35	0,56	-	-	-0,17	0,22	-0,73	1,00							
52	0,15	0,19	-	-	0,16	-	-	-	-	0,15	-	-	0,39	-	0,45	-	0,29	-	0,44	-	-	-	0,33	0,42	-0,20	0,55	0,15	0,47	-0,25	-0,19	-0,24	0,19	1,00						
53	0,27	0,23	0,32	0,16	0,26	-	-	-	0,23	0,14	0,23	-	0,26	0,22	0,14	-	-	-	0,28	0,21	-	-	-	0,35	0,14	0,23	-	-	-	0,28	0,25	-	0,20	1,00					
54	0,40	-	0,52	0,45	0,25	0,22	-	0,21	0,48	0,47	0,33	0,31	0,40	0,50	-	-	-	-	0,38	0,56	-	-0,25	-0,15	0,35	0,41	-	0,15	-	0,25	0,40	-0,17	0,25	0,26	1,00					
60	0,36	-	0,47	0,30	0,33	-	0,32	-	0,39	0,31	0,35	0,24	0,31	0,42	-	-	-	-	0,34	0,43	-	-	-	0,36	0,27	0,14	-	-0,30	-	0,29	0,40	-0,15	0,19	0,42	0,41	1,00			

Załącznik 5. Nieparametryczne korelacje morfotypów *Elymus repens*, położenia geograficznego zbioru prób populacji oraz cech jakościowych (nr 5, 7, 55) z cechami ilościowymi. Numery i skróty cech w tabeli (Tab.4) na stronie 26; N – liczba okazów. W tabeli przedstawiono najbardziej skorelowane zmienne w kolejności malejącej.

	N	korelacja Tau Kendalla	Z	poziom p
morfotyp: DOLem (44)	1 181	- 0,49	- 25,16	0,00
morfotyp:DOPG (37)	1 181	- 0,38	- 19,70	0,00
morfotyp: DOPD (30)	1 181	- 0,35	- 18,21	0,00
siedlisko: szer. geograficzna	1 181	- 0,35	- 17,87	0,00
morfotyp: DPD/SzPD (29)	1 181	0,32	16,64	0,00
siedlisko: liczba węzłów żdźbła (2)	1 181	0,29	14,76	0,00
dł. geograficzna: szer. geograficzna	1 181	- 0,25	- 13,06	0,00
morfotyp: DPD (27)	1 181	0,25	13,03	0,00
morfotyp: DPG (35)	1 181	0,25	12,62	0,00
siedlisko: DM (12)	1 181	0,23	11,83	0,00
owł. osi kłosa (5): owł. liścia (55)	1 156	0,22	11,22	0,00
owł. liścia (55): liczba węzłów żdźbła (2)	1 156	- 0,22	- 11,17	0,00
siedlisko: DLiś (53)	1 164	0,20	10,47	0,00
nalot (7): DŻ (1)	1 180	- 0,20	- 10,33	0,00
morfotyp: DLem/SzLem (43)	1 181	0,18	9,40	0,00
siedlisko: DK (4)	1 181	0,18	9,35	0,00
morfotyp: DPD/DKl (31)	1 181	0,18	9,26	0,00
nalot (7): SzLiś (54)	1 169	- 0,18	- 9,04	0,00
nalot (7): DOLem (44)	1 181	0,18	9,05	0,00
owł. liścia (55):: dł. geograficzna	1 156	- 0,17	- 8,55	0,00
dł. geograficzna: owł. liścia (55):	1 156	- 0,17	- 8,55	0,00
morfotyp: DPG/DKl (39)	1 181	0,17	8,56	0,00
morfotyp: DPal (48)	1 181	0,16	8,39	0,00
szer. geograficzna: owł. liścia (55):	1 156	0,16	8,30	0,00
nalot (7): DOPG (37)	1 181	0,16	8,25	0,00
siedlisko: DŻ (1)	1 180	0,16	8,24	0,00
morfotyp: DLem (41)	1 181	0,16	8,22	0,00
dł. geograficzna: liczba węzłów żdźbła (2)	1 181	0,16	8,11	0,00
dł. geograficzna: DKl/DM (13)	1 181	- 0,16	- 8,01	0,00
siedlisko: DKl/DM (13)	1 181	- 0,16	- 8,00	0,00
morfotyp: DLiś (53)	1 164	0,15	7,80	0,00
siedlisko: owł. liścia (55)	1 156	- 0,15	- 7,70	0,00
siedlisko: SzLiś (54)	1 169	0,15	7,64	0,00
szer. geograficzna: liczba węzłów żdźbła (2)	1 181	- 0,15	- 7,65	0,00
nalot (7): DOPD (30)	1 181	0,15	7,63	0,00
siedlisko: DLem/SzLem (43)	1 181	0,15	7,52	0,00
owł. osi kłosa (5): LWK (8)	1 181	0,15	7,52	0,00
siedlisko: DPal (48)	1 181	0,14	7,44	0,00
owł. osi kłosa (5): dł. geograficzna	1 181	- 0,14	- 7,26	0,00
dł. geograficzna: l. nerwów pl. dolnej (46)	1 181	0,14	7,14	0,00
owł. osi kłosa (5): DK (4)	1 181	0,13	6,89	0,00
szer. geograficzna: l. nerwów pl. dolnej (46)	1 181	- 0,13	- 6,81	0,00

dł. geograficzna: SzPG (36)	1 181	0,13	6,74	0,00
owł. liścia (55): DLem/SzLem (43)	1 156	- 0,13	- 6,62	0,00
nalot (7): szer. geograficzna	1 181	0,13	6,64	0,00
siedlisko: DKł (19)	1 181	0,12	6,39	0,00
owł. osi kłosa (5): dł. języczka (60)	1 169	- 0,12	- 6,35	0,00
morfotyp: DŻ (1)	1 180	0,12	6,25	0,00
dł. geograficzna: SzPD (28)	1 181	0,12	6,08	0,00
dł. geograficzna: DPal/SzPal (50)	1 181	- 0,12	- 5,94	0,00
nalot (7): l. nerwów plewy dolnej (32)	1 181	- 0,11	- 5,81	0,00
morfotyp: SzPD (28)	1 181	- 0,11	- 5,77	0,00
siedlisko: DLem (41)	1 181	0,11	5,70	0,00
nalot (7): DLiś (53)	1 164	- 0,11	- 5,45	0,00
siedlisko: DPD/DKł (31)	1 181	- 0,11	- 5,45	0,00
szer. geograficzna: DPD (27)	1 181	- 0,10	- 5,39	0,00
szer. geograficzna: DPG (35)	1 181	- 0,10	- 5,23	0,00
morfotyp: DK (4)	1 181	0,10	5,12	0,00
morfotyp: DKł (19)	1 181	0,10	5,12	0,00
nalot (7): LWK (8)	1 181	- 0,10	- 5,10	0,00
siedlisko: DPG/DKł (39)	1 181	- 0,10	- 5,08	0,00
owł. osi kłosa (5): LKwi (21)	1 181	0,10	4,99	0,00
szer. geograficzna: DPD/DKł (31)	1 181	- 0,10	- 4,97	0,00

Załącznik 6. Nieparametryczne korelacje morfotypów *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis oraz cech jakościowych (33, 34, 47, 55, 56) z cechami ilościowymi. Numery i skróty cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26; N – liczba okazów. W tabeli przedstawiono najbardziej skorelowane zmienne w kolejności malejącej.

	N	korelacja Tau Kendalla	Z	poziom p
morfotyp: OwIPD (34)	627	0,81	30,42	0,00
SzczLem (47): DO Lem/DLem (45):	284	0,72	18,21	0,00
SzczLem (47): DO Lem (44)	627	0,69	25,81	0,00
SzczPD (33): DOPG (37)	627	0,48	17,83	0,00
SzczPD (33): DOPD (30)	627	0,43	16,15	0,00
SzczPD (33): DPD/SzPD (29)	627	0,37	13,73	0,00
morfotyp: SzLem (42)	627	- 0,34	- 12,55	0,00
OwIPD (34): SzPG (36)	627	- 0,33	- 12,51	0,00
SzczPD (33): DLem/SzLem (43)	627	0,31	11,49	0,00
SzczPD (33): DPD (27)	627	0,31	11,48	0,00
morfotyp: SzPG (36)	627	- 0,31	- 11,46	0,00
SzczPD (33): DPG (35)	627	0,31	11,45	0,00
SzczPD (33): DPD/DKI (31)	627	0,29	11,04	0,00
SzczPD (33): DPal/SzPal (50)	627	0,29	11,03	0,00
OwIPD (34): DPD (27)	627	- 0,29	- 10,97	0,00
OwIPD (34): DŻ (1)	627	- 0,29	- 10,69	0,00
SzczPD (33): DO Lem (44)	627	0,28	10,66	0,00
morfotyp: NKI (23)	284	- 0,28	- 7,04	0,00
morfotyp: WKI (15)	284	- 0,28	- 6,94	0,00
owł. liścia górą (55): OwIPD (34)	601	0,27	10,02	0,00
OwIPD (34): DLem (41)	627	- 0,27	- 10,22	0,00
SzczLem (47): DPal (48)	627	- 0,27	- 10,17	0,00
morfotyp: DŻ (1)	627	- 0,27	- 10,03	0,00
OwIPD (34): SzLem (42)	627	- 0,27	- 9,96	0,00
SzczLem (47): DLem/DPal (52)	627	0,27	9,93	0,00
owł. liścia górą (55): LWŻ (2)	601	0,26	9,55	0,00
OwIPD (34): DPG (35)	627	- 0,26	- 9,72	0,00
SzczLem (47): DLiś (53)	596	- 0,25	- 9,04	0,00
owł. liścia górą (55): SzLem (42)	601	- 0,24	- 8,80	0,00
morfotyp: SzPD (28)	627	- 0,24	- 8,94	0,00
SzczPD (33): DLem/DPal (52)	627	0,23	8,76	0,00
OwIPD (34): SzPD (28)	627	- 0,23	- 8,75	0,00
OwIPD (34): DPG/DPD (38)	627	0,23	8,71	0,00
morfotyp: DPal (48)	627	- 0,23	- 8,67	0,00
SzczPD (33): DLem (41)	627	0,22	8,38	0,00
SzczPD (33): SzPal (49)	627	- 0,22	- 8,08	0,00
morfotyp: LWK (8)	627	- 0,21	- 7,96	0,00
OwIPD (34): SzLiś (54)	596	- 0,21	- 7,75	0,00
OwIPD (34): WKI (15)	284	- 0,21	- 5,30	0,00
OwIPD (34): DPal (48)	627	- 0,21	- 7,86	0,00
owł. liścia górą (55): owł. liścia dołem (56)	601	0,21	7,57	0,00
OwIPD (34): DKI/DM (13)	627	- 0,20	- 7,67	0,00
SzczLem (47): LKwi (21)	627	0,20	7,63	0,00
SzczLem (47): DKI/DM (13)	627	0,20	7,62	0,00
SzczLem (47): SzczPD (33)	627	0,20	7,61	0,00

owł. liścia dołem (56): DOLEM/DLEM (45):	284	- 0,20	- 5,09	0,00
OwłPD (34): LWK (8)	627	- 0,20	- 7,51	0,00
owł. liścia dołem (56): DPD/DKl (31)	626	- 0,20	- 7,49	0,00
owł. liścia dołem (56): SzczLem (47)	626	- 0,20	- 7,37	0,00
OwłPD (34): NKl (23)	284	- 0,20	- 4,93	0,00
owł. liścia górą (55): DKl/DM (13)	601	- 0,18	- 6,76	0,00
morfotyp: dł. jęczyczka (60)	596	- 0,18	- 6,70	0,00
owł. liścia dołem (56): DKl (19)	626	0,18	6,83	0,00
owł. liścia górą (55): DOPD (30)	601	- 0,18	- 6,67	0,00
SzczPD (33): SzLem (42)	627	- 0,18	- 6,79	0,00
morfotyp: owł. liścia górą (55)	601	0,18	6,58	0,00
owł. liścia górą (55): LWK (8)	601	- 0,18	- 6,54	0,00
owł. liścia dołem (56): DK (4)	626	0,18	6,63	0,00
morfotyp: DPG/DPD (38)	627	0,18	6,62	0,00
owł. liścia dołem (56): DOLEM (44)	626	- 0,18	- 6,58	0,00
SzczPD (33): DPG/DPD (38)	627	- 0,18	- 6,57	0,00
owł. liścia górą (55): DOLEM (44)	601	- 0,18	- 6,42	0,00
OwłPD (34): DKl (19)	627	- 0,17	- 6,55	0,00
morfotyp: DPD (27)	627	- 0,17	- 6,48	0,00
morfotyp: DLEM (41)	627	- 0,17	- 6,41	0,00
owł. liścia górą (55): DOPG (37)	601	- 0,17	- 6,26	0,00
owł. liścia dołem (56): SzPal (49)	626	0,17	6,39	0,00
OwłPD (34): DOLEM (44)	627	- 0,17	- 6,30	0,00
owł. liścia dołem (56): LWŻ (2)	626	0,17	6,27	0,00
morfotyp: SzczLem (47) (47)	627	0,17	6,27	0,00
owł. liścia dołem (56): DPal (48)	626	0,17	6,18	0,00
owł. liścia górą (55): SzczPD (33)	601	- 0,16	- 5,99	0,00
morfotyp: DKl/DM (13)	627	- 0,16	- 6,10	0,00
owł. liścia dołem (56): DŻ (1)	626	0,16	6,09	0,00
SzczLem (47): SzPal (49)	627	- 0,16	- 6,02	0,00
OwłPD (34): DPal/SzPal (50)	627	- 0,16	- 6,00	0,00
morfotyp: SzLiś (54)	596	- 0,16	- 5,78	0,00
OwłPD (34): dł. jęczyczka (60)	596	- 0,16	- 5,75	0,00
owł. liścia dołem (56): DM (12)	626	0,16	5,81	0,00
morfotyp: DKl (19)	627	- 0,15	- 5,80	0,00
OwłPD (34): LWŻ (2)	627	0,15	5,62	0,00
SzczLem (47): dł. jęczyczka (60)	596	- 0,15	- 5,32	0,00
SzczLem (47): DPD/SzPD (29)	627	0,15	5,45	0,00
SzczPD (33): WKl (15)	284	0,14	3,59	0,00
SzczPD (33): I. ner. plewki dolnej (46)	627	- 0,14	- 5,26	0,00
morfotyp: LWŻ (2)	627	0,14	5,15	0,00
morfotyp: DPG (35)	627	- 0,14	- 5,09	0,00
SzczPD (33): SzLiś (54)	596	0,13	4,91	0,00
owł. liścia górą (55): SzLiś (54)	595	- 0,13	- 4,87	0,00
OwłPD (34): DPD/SzPD (29)	627	- 0,13	- 4,98	0,00
owł. liścia dołem (56): DLEM/DPal (52)	626	- 0,13	- 4,96	0,00
OwłPD (34): SzczPD (33)	627	- 0,13	- 4,92	0,00
OwłPD (34): LKwi (21)	627	- 0,13	- 4,91	0,00
owł. liścia górą (55): SzPal (49)	601	- 0,12	- 4,57	0,00
owł. liścia dołem (56): SzczPD (33)	626	- 0,12	- 4,57	0,00
OwłPD (34): DLEM/DPal (52)	627	- 0,12	- 4,54	0,00
SzczLem (47): DM (12)	627	- 0,12	- 4,53	0,00

SzczLem (47): SzPD (28)	627	- 0,12	- 4,48	0,00
owł. liścia górą (55): NKł (23)	259	- 0,12	- 2,84	0,00
OwłPD (34): DOPG (37)	627	- 0,12	- 4,35	0,00
morfortyp: SzPal (49)	627	- 0,11	- 4,28	0,00
owł. liścia dołem (56): dt. języczka (60)	595	0,11	4,02	0,00
owł. liścia dołem (56): WKł (15)	284	0,11	2,73	0,01
owł. liścia dołem (56): LKwi (21)	626	0,11	4,00	0,00
morfortyp: DK (4)	627	- 0,11	- 3,98	0,00
SzczLem (47): SzLem (42)	627	- 0,11	- 3,97	0,00
OwłPD (34): DOPD (30)	627	- 0,10	- 3,88	0,00
owł. liścia dołem (56): DLIś (53)	595	0,10	3,77	0,00
OwłPD (34): DPD/DKł (31)	627	- 0,10	- 3,86	0,00
owł. liścia górą (55): DPG/DPD (38)	601	0,10	3,63	0,00
owł. liścia górą (55): SzPG (36)	601	- 0,10	- 3,56	0,00
owł. liścia górą (55): DKł (19)	601	- 0,10	- 3,53	0,00
owł. liścia górą (55): DLIś (53)	595	0,10	3,47	0,00

SPIS RYCIN

- Ryc. 1. Oryginalny opis *Triticum repens* L. autorstwa Linneusza, pochodzący ze „Species Plantarum” 1: 86, 1753. 3
- Ryc. 2. Arkusz zielnikowy z *Triticum repens* L. (syntyp), pochodzący z drugiej części zielnika Linneusza, znajdujący się w Szwedzkim Muzeum Historii Naturalnej (Department of Phanerogamic Botany Swedish Museum of Natural History, S-LINN, numer mikrofiszy: IDC 48.7). 4
- Ryc. 3. Rycina podpisana: *Triticum junceum* L., pochodząca z dzieła Hosta (N. T. Host „Icones et descriptiones graminum austriacorum”, 1805), jednak opis gatunku, odnoszący się do tej ryciny, odpowiada opisowi *Triticum intermedium* Host. 7
- Ryc. 4. Zasięg występowania *Elymus repens* (L.) Gould według Hultena & Friesa (1986). 9
- Ryc. 5. Zasięg występowania *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis; zestawienie na podstawie różnych źródeł (Ehrendorfer 1973; Fedorov 1974; Horvat i in. 1974; Tselev 1976; Jarvie 1992). 12
- Ryc. 6. Rozmieszczenie stanowisk badanych prób populacji *Elymus repens* (L.) Gould. Opis stanowisk w tabeli (Tab. 3) na stronie 18. 23
- Ryc. 7. Rozmieszczenie stanowisk badanych prób populacji *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis; ▲ – *E. hispidus* var. *hispidus*, △ – *E. hispidus* var. *villosus*, ✱ – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus*, ✱ – *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*. Opis stanowisk w tabeli (Tab. 3) na stronie 18. 24
- Ryc. 8. Sposób wykonywania pomiarów cech morfologicznych budowy kłosa i kłoska okazów *Elymus* sp., z dokładnością do 0,01 mm; PG – plewa górna, PD – plewa dolna, nkw – najniższy kwiatek w kłosku środkowym. Plewę górną (PG) mierzono analogicznie jak plewę dolną (PD). Skrótów nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26. 29
- Ryc. 9. Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu 44 populacji *Elymus repens* (L.) Gould i 24 populacji *E. hispidus* (Opiz) Melderis względem czynnika 1 i 2; □ – *E. repens* var. *repens*, ● – *E. repens* var. *aristatus*, ◆ – *E. repens* var. *subulatus*, ▲ – *E. hispidus* var. *hispidus*, ■ – *E. hispidus* var. *villosus*, + – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus*, ● – *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*, △ – populacje mieszane *E. repens*, ○ – populacje mieszane *E. hispidus*. 40
- Ryc. 10. Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu 9 cech ilościowych względem czynnika 1 i 2, na podstawie zmierzonych 1181 okazów *Elymus repens* i 627 okazów *E. hispidus*. Skrótów nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26. 41
- Ryc. 11. Średnie arytmetyczne, odchylenia standardowe, minimum i maksimum dla 9 cech (DPD/DK1, DPal/SzPal, DPD/SzPD, DLem/DPal, DOPG, DPG, DLem/SzLem, DOlem, DLem), odróżniających gatunki *Elymus repens* i *E. hispidus*. Skrótów nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26. 42
- Ryc. 12. Budowa kłosek: A – *Elymus repens*, B – *E. hispidus*; a – kłosek, b – plewa dolna, c – plewa górna, d – plewka dolna, e – plewka górna. Skala równa 10 mm. 44
- Ryc. 13A i B. Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu okazów z 44 prób populacji *Elymus repens* (L.) Gould względem czynnika 1 i 2; kolor niebieski – *E. repens* var. *repens*, czerwony – *E. repens* var. *aristatus*, zielony – *E. repens* var. *subulatus*, szary – populacje w których występowały więcej niż jedna odmiana. Poszczególne próby zaznaczono odrębnymi symbolami graficznymi znajdującymi się w legendzie. W celu uzyskania przejrzystości wykresów, zmierzony materiał populacyjny podzielono na dwie dobrane grupy tak, aby reprezentowane były wszystkie typy morfologiczne występujące w granicach zakresu zmienności *E. repens*. Skrótów nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18. 48
- Ryc. 14A i B. Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu okazów z 44 prób populacji *Elymus repens* (L.) Gould względem czynnika 2 i 3; kolor niebieski – *E. repens* var. *repens*, czerwony – *E. repens* var. *aristatus*, zielony – *E. repens* var. *subulatus*, szary – populacje w których występowały więcej niż jedna odmiana. Poszczególne próby zaznaczono odrębnymi symbolami graficznymi znajdującymi się w legendzie. W celu uzyskania przejrzystości wykresów, zmierzony materiał populacyjny podzielono na dwie dobrane grupy tak, aby reprezentowane były wszystkie typy morfologiczne występujące w granicach zakresu zmienności *E. repens*. Skrótów nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18. 49
- Ryc. 15. 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*. Skrótów nazw cech znajdujących się w tabeli (Tab. 4) na stronie 26. 51
- Ryc. 16a–c. Rozmieszczenie 44 prób populacji *Elymus repens* (L.) Gould względem kolejnych czynników uzyskane na podstawie analizy PCA. 52
- Ryc. 17. Kanoniczna analiza dyskryminacji (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*. 55

- Ryc. 18.** Odmiany *Elymus repens*: **A** – *E. repens* var. *repens*, **B** – *E. repens* var. *subulatus*, **C** – *E. repens* var. *aristatus*; **a** – kłosek, **b** – plewa dolna, **c** – plewa górna, **d** – plewka dolna, **e** – plewka górna. Skala równa 10 mm57
- Ryc. 19.** Populacje jednorodne *Elymus repens* var. *repens*. ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, + – okazy o osi kłosa owłosionej pojedynczymi włoskami. Skrótów prób populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18.59
- Ryc. 20.** Populacje jednorodne *Elymus repens* var. *aristatus*; ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, ● – okazy o gęsto owłosionej osi kłosa.60
- Ryc. 21.** Populacje jednorodne *Elymus repens* var. *subulatus*; ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, ● – okazy o gęsto owłosionej osi kłosa.61
- Ryc. 22.** Zróżnicowane morfologicznie populacje *Elymus repens* (var. *repens* + var. *aristatus*); ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, ● – okazy o gęsto owłosionej osi kłosa, + – okazy o osi kłosa owłosionej pojedynczymi włoskami.62
- Ryc. 23.** Zróżnicowane morfologicznie populacje *Elymus repens* (var. *repens* + var. *subulatus*); ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, ● – okazy o gęsto owłosionej osi kłosa, + – okazy o osi kłosa owłosionej pojedynczymi włoskami.63
- Ryc. 24.** Zróżnicowane morfologicznie populacje *Elymus repens* (var. *repens* + var. *aristatus* + var. *subulatus*); ○ – okazy o nieowłosionej osi kłosa, ● – okazy o gęsto owłosionej osi kłosa, + – okazy o osi kłosa owłosionej pojedynczymi włoskami.64
- Ryc. 25.** Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu okazów prób populacji *Elymus hispidus*, *E. repens* oraz mieszańców względem czynnika 1 i 2; kolor czarny – *E. repens*, różowy – *E. hispidus* var. *hispidus*, oliwkowy – *E. hispidus* var. *villosus*, bordowy – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus*, pomarańczowy – *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*, szary – populacja zróżnicowana, w której występowały okazy „czyste” i mieszańce (H–8). Poszczególne populacje zaznaczono odrębnymi symbolami graficznymi znajdującymi się w legendzie. Skrótów nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18.66
- Ryc. 26.** Analiza składowych głównych (PCA) – diagram rozrzutu okazów prób populacji *Elymus hispidus*, *E. repens* oraz mieszańców względem czynnika 2 i 3; kolor czarny – *E. repens*, różowy – *E. hispidus* var. *hispidus*, oliwkowy – *E. hispidus* var. *villosus*, bordowy – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus*, pomarańczowy – *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*, szary – populacja zróżnicowana, w której występowały okazy „czyste” i mieszańce (H–8). Poszczególne populacje zaznaczono odrębnymi symbolami graficznymi znajdującymi się w legendzie. Skrótów nazw populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18.67
- Ryc. 27.** Średnie arytmetyczne, odchylenia standardowe, minimum i maksimum 6 cech (DŻ, LWK, DPal, DPD, DLEM i DPG/DPD), charakteryzujących odmiany *Elymus hispidus* – var. *hispidus* i var. *villosus*. Skrótów nazw cech znajdują się w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.69
- Ryc. 28.** Budowa kłosek odmian *Elymus hispidus*: **A** – *Elymus hispidus* var. *hispidus*, **B** – *Elymus hispidus* var. *villosus*; **a** – kłosek, **b** – plewa dolna, **c** – plewa górna, **d** – plewka dolna, **e** – plewka górna. Skala równa 10 mm.71
- Ryc. 29.** Budowa kłosek mieszańców: **A** – *Elymus ×mucronatus* nothovar. *mucronatus*, **B** – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* f. *aristatus*, **C** – *E. ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus*; **a** – kłosek, **b** – plewa dolna, **c** – plewa górna, **d** – plewka dolna, **e** – plewka górna. Skala równa 10 mm.73
- Ryc. 30.** Analiza zróżnicowania wewnątrzpopulacyjnego *Elymus hispidus* (razem z *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus*) w układzie pary cech: kształtu plewy dolnej (DPD/SzPD) do cechy długości plewy dolnej w stosunku do długości kłosa (DPD/DKl); linią ciągłą zaznaczono zakres zmienności *E. hispidus*, linią przerywaną zakres zmienności *E. repens*, □ – okazy o tępo lub ścięto zakończonych plewkach dolnych, ▲ – okazy o ostro zakończonych plewkach dolnych. Skrótów nazw prób populacji znajdują się w tabeli (Tab. 3) na stronie 18; skrótów nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.74
- Ryc. 31.** Analiza zróżnicowania wewnątrzpopulacyjnego *Elymus ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus* w układzie pary cech: kształtu plewy dolnej (DPD/SzPD) do cechy długości plewy dolnej w stosunku do długości kłosa (DPD/DKl); linią ciągłą zaznaczono zakres zmienności *E. hispidus*, linią przerywaną zakres zmienności *E. repens*, □ – okazy o tępo lub ścięto zakończonych plewkach dolnych, ▲ – okazy o ostro zakończonych plewkach dolnych. Skrótów nazw prób populacji znajdują się w tabeli (Tab. 3) na stronie 18; skrótów nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.75
- Ryc. 32.** Analiza zróżnicowania wewnątrzpopulacyjnego – diagram rozrzutu okazów *Elymus* sp. ze Smoniwic oraz charakteryzujących je cech względem 1 i 2 czynnika (PCA); Δ – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* krótkoocisty (H–106), ◆ – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* krótkoocisty o pojedynczo owłosionych plewach i plewkach dolnych (H–106), ▲ – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* forma *aristatus* (106ir), ■ – *E. hispidus* var. *villosus* (V–106), ○ – *E. repens* (V–106). Skrótów nazw prób populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18, skrótów cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.76

- Ryc. 33.** Analiza zróżnicowania wewnątrzpopulacyjnego – diagram rozrzutu okazów *Elymus* sp. ze Smoniwic oraz charakteryzujących je cech względem 2 i 3 czynnika (PCA); Δ – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* krótkooszczysty (H–106), \blacklozenge – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* krótkooszczysty o pojedynczo owłosionych plewach i plewkach dolnych (H–106), \blacktriangle – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* forma *aristatus* (106ir), \blacksquare – *E. hispidus* var. *villosus* (V–106), \circ – *E. repens* (V–106). Skróty nazw prób populacji w tabeli (Tab. 3) na stronie 18, skróty cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.77
- Ryc. 34.** Obraz żelu agarozowego z rozdziałem fragmentów DNA po wstępnym PCR dla *Elymus repens* i *E. hispidus*.80
- Ryc. 35.** Obraz żelu poliakrylamidowego w układzie pary starterów: I. E-ACT/M-CCG, II. E-ACC/M-CCA; a – prążki różnicujące, charakterystyczne dla *Elymus repens*, b – prążki różnicujące, charakterystyczne dla *Elymus hispidus*.82
- Ryc. 36.** Dendrogram podobieństw genetycznych *Elymus repens* i *E. hispidus* oparty na współczynnikach podobieństwa Nei i Li (1979), z zastosowaniem metody średnich połączeń (UPGMA).83
- Ryc. 37.** Dendrogram podobieństw genetycznych okazów rodzicielskich *Elymus repens* i *E. hispidus* oraz form mieszańcowych, oparty na współczynnikach podobieństwa Nei i Li (1979), z zastosowaniem metody średnich połączeń (UPGMA). Skróty nazw populacji znajdują się w tabeli 5 na stronie 32.91
- Ryc. 38.** Chromatogram związków fenolowych stwierdzonych w liściach *Elymus repens* i *E. hispidus*.92
- Ryc. 39.** Budowa anatomiczna blaszki liściowej; **A.** *Elymus repens* (pow. 4x), **B.** *E. repens* (pow. 10x), **C.** *E. hispidus* (pow. 4x), **D.** *E. hispidus* (pow. 10x); **ab** – strona dolna liścia (abaxialna), **ad** – strona górna liścia (adaxialna), **nl** – nerw liściowy, **sk** – sklerenchyma, **sz** – aparaty szparkowe, **w** – włoski jednokomórkowe, **wp** – wiązki przewodzące, **z** – komórki zawiasowe.96
- Ryc. 40.** Budowa anatomiczna blaszki liściowej: *Elymus ×mucronatus* (pow. 4x); **ab** – strona dolna liścia (abaxialna), **ad** – strona górna liścia (adaxialna), **nl** – nerw liściowy, **sk** – sklerenchyma, **sz** – aparaty szparkowe, **w** – włoski jednokomórkowe, **wp** – wiązki przewodzące, **z** – komórki zawiasowe.97
- Ryc. 41.** Budowa anatomiczna plewy: **A.** *Elymus repens*, **B.** *E. hispidus*, **C.** *E. ×mucronatus*; **ab** – strona dolna plewy (abaxialna), **ad** – strona górna plewy (adaxialna), **m** – miękisz asymilacyjny, **ng** – nerw główny, **sk** – sklerenchyma, **w** – włoski jednokomórkowe, **wp** – wiązki przewodzące, pow. 20x.99
- Ryc. 42.** Płytki metafazowa *Elymus repens* (L.) Gould (R–33), 2n=42. Powiększenie 1200x.100
- Ryc. 43.** Płytki metafazowa *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *hispidus* (H–82), 2n=42. Powiększenie 1200x.101
- Ryc. 44.** Płytki metafazowa *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *villosus* (Hack.) Assadi (V–52), 2n=42. Powiększenie 1200x.102
- Ryc. 45.** Idiogram haploidalnego zestawu chromosomów *Elymus hispidus* var. *hispidus* (2n=42). Chromosomy zostały ułożone według typów z tabeli (Tab. 26). Jednostka skali równa jest 1 μ m.102
- Ryc. 46.** Idiogram haploidalnego zestawu chromosomów *Elymus hispidus* var. *villosus* (2n=42). Chromosomy zostały ułożone według typów z tabeli (Tab. 27). Jednostka skali równa jest 1 μ m.105
- Ryc. 47.** Rozmieszczenie *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *hispidus*: \circ – stanowisko z literatury, \bullet – stanowisko z zielników oraz na podstawie własnych zbiorów terenowych, Δ – stanowisko antropogeniczne. Rozmieszczenie *Elymus ×mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *mucronatus* (Opiz) Szczepaniak comb. nova; \times – stanowisko z zielników oraz na podstawie własnych zbiorów terenowych (na podstawie Szczepaniak 2001, zmienione).106
- Ryc. 48.** Rozmieszczenie *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *villosus* (Hackel) Assadi: \circ – stanowisko z literatury, \bullet – stanowisko z zielników oraz na podstawie własnych zbiorów terenowych. Rozmieszczenie *Elymus ×mucronatus* (Opiz ex Bercht.) Conert nothovar. *tesquicolus* (Czerniak.) Szczepaniak comb. nova; \times – stanowisko z zielników oraz na podstawie własnych zbiorów terenowych (na podstawie Szczepaniak 2001, zmienione).107
- Ryc. 49.** Kłoski, plewy, plewki dolne i górne odmian *Elymus repens*; **A** – *E. repens* var. *repens* (R–56), **B** – *E. repens* var. *subulatus* (R–69). Skala równa 10 mm.130
- Ryc. 50.** Kłoski, plewy, plewki dolne i górne odmian *Elymus repens*; **A** – *E. repens* var. *aristatus* o dużych kłoskach (R–88), **B** – *E. repens* var. *aristatus* o drobnych kłoskach (R–67). Skala równa 10 mm.131
- Ryc. 51.** Kłoski, plewy, plewki dolne i górne odmian *Elymus hispidus*; **A** – *E. hispidus* var. *hispidus* (H–50), **B** – *E. hispidus* var. *villosus* (V–49). Skala równa 10 mm.132
- Ryc. 52.** Kłoski, plewy, plewki dolne i górne *Elymus ×mucronatus*; **A** – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* forma długooszczysta (106 ir), **B** – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* forma krótkooszczysta (H–53); **C** – *E. ×mucronatus* nothovar. *mucronatus* forma podobna do *E. repens* (H–79). Skala równa 10 mm.133
- Ryc. 53.** Kłoski, plewy, plewki dolne i górne *Elymus ×mucronatus* nothovar. *tesquicolus* (V–108). Skala równa 10 mm.134

SPIS TABEL

Tabela 1. Porównanie przynależności taksonomicznej <i>Elymus repens</i> i jednostek wewnątrzgatunkowych występujących w Polsce.	5
Tabela 2. Porównanie przynależności taksonomicznej <i>Elymus hispidus</i> i taksonów wewnątrzgatunkowych występujących w Polsce.	8
Tabela 3. Wykaz stanowisk zbioru prób populacji <i>Elymus repens</i> i <i>E. hispidus</i> ; R – <i>Elymus repens</i> , H – <i>E. hispidus</i> var. <i>hispidus</i> , V – <i>E. hispidus</i> var. <i>villosus</i> , ir – <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i> , * – dla odróżnienia dwóch prób oznaczonych liczbą 10. Numery kwadratów ATPOL podano według Zajac (1978) oraz Zajac & Zajac (2001).	18
Tabela 4. Wykaz analizowanych cech ilościowych i jakościowych; pogrubioną czcionką zaznaczono cechy odróżniające <i>Elymus repens</i> od <i>E. hispidus</i> ; kursywą – cechy wyróżniające odmiany i formy w obrębie <i>E. repens</i> ; podkreśloną czcionką – cechy wyróżniające odmiany w obrębie <i>E. hispidus</i> oraz mieszańce.	26
Tabela 5. Stanowiska zbioru okazów rodzicielskich <i>Elymus repens</i> i <i>E. hispidus</i> oraz mieszańców do uzupełniających badań genetycznych metodą AFLP; R – <i>Elymus repens</i> , H – <i>E. hispidus</i> var. <i>hispidus</i> , V – <i>E. hispidus</i> var. <i>villosus</i> , M – <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i> , Te – <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i>	33
Tabela 6. Zestawienie prób populacji objętych różnymi badaniami. Opis stanowisk w tabeli (Tab. 3) na stronie 18 oraz w tabeli (Tab. 5) na stronie 33.	38
Tabela 7. Wyniki analizy składowych głównych (PCA) dla populacji <i>Elymus repens</i> i <i>E. hispidus</i> – wyjaśniana wariancja oraz ładunki czynnikowe dla 9 cech i 3 czynników. Pogrubiona czcionką zaznaczono wartości korelacji cech z czynnikami o $r \geq 0,60$. Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.	39
Tabela 8. Wyniki jednoczynnikowej analizy wariancji przeprowadzonej dla <i>Elymus repens</i> i <i>E. hispidus</i> ; wartość <i>F</i> dla 2 grup ($df = 1$) i 1623 okazów ($df = 1621$). Różnice są istotne z $p < 0,05$ Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.	41
Tabela 9. Wyniki analizy funkcji dyskryminacyjnej dla okazów <i>Elymus repens</i> i <i>E. hispidus</i> jako OTUs; wartości mocy dyskryminacyjnej dla 9 wybranych cech ilościowych odróżniających gatunki, $p < 0,05$. Skróty nazw cech znajdują się w tabeli (Tab. 4), na stronie 26.	43
Tabela 10. Wyniki analizy składowych głównych (PCA) dla okazów <i>Elymus repens</i> – wyjaśniana wariancja oraz ładunki czynnikowe dla 11 cech i 3 czynników. Pogrubiona czcionką zaznaczono wartości korelacji cech z czynnikami o $r \geq 0,60$. Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.	46
Tabela 11. Wyniki jednoczynnikowej analizy wariancji przeprowadzonej dla prób populacji <i>Elymus repens</i> ; wartość <i>F</i> dla 3 grup ($df = 2$) i 1181 okazów ($df = 1178$). Różnice istotne z $p < 0,05$ zaznaczono *. Skróty nazw cech znajdują się w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.	50
Tabela 12. Wyniki kanonicznej analizy dyskryminacji (CDA) dla okazów <i>Elymus repens</i> jako OTUs; wartości mocy dyskryminacyjnej dla 10 wybranych cech ilościowych odróżniających odmiany, $p < 0,05$. Skróty nazw cech znajdują się w tabeli (Tab. 4), na stronie 26.	53
Tabela 13. Wyniki kanonicznej analizy dyskryminacji (CDA) dla okazów <i>Elymus repens</i> jako OTUs; współczynniki struktury czynnikowej, reprezentujące korelacje pomiędzy cechami morfologicznymi a pierwszymi dwoma kanonicznymi funkcjami dyskryminacyjnymi (CAN 1 – CAN 2). Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.	54
Tabela 14. Wyniki kanonicznej analizy dyskryminacji (CDA); macierz klasyfikacji okazów do poszczególnych odmian <i>Elymus repens</i> (L.) Gould.	55
Tabela 15. Porównanie wartości minimalnych, maksymalnych i średnich dla wybranych 11 cech morfologicznych u odmian <i>Elymus repens</i> (L.) Gould. Pogrubioną czcionką zaznaczono wartości średnie cech odróżniających odmiany <i>E. repens</i> var. <i>subulatus</i> oraz <i>E. repens</i> var. <i>aristatus</i> od odmiany typowej. Wszystkie wartości podano w [mm].	56
Tabela 16. Wyniki analizy składowych głównych (PCA) dla okazów <i>Elymus hispidus</i> , <i>E. repens</i> oraz mieszańców – wyjaśniana wariancja oraz ładunki czynnikowe dla 8 cech i 3 czynników. Pogrubiona czcionką zaznaczono wartości korelacji cech z czynnikami o $r \geq 0,60$. Skróty nazw cech w tabeli (Tab. 4) na stronie 26.	65
Tabela 17. Wyniki analizy wariancji i analizy funkcji dyskryminacyjnej dla 2 odmian (morfotypów) ($df = 1$) i 442 typowych okazów ($df = 440$) <i>Elymus hispidus</i> . Skróty nazw cech znajdują się w tabeli (Tab. 4) na stronie 26, * – cechy istotne statystycznie w ANOVA z $p < 0,05$	68
Tabela 18. Porównanie wybranych cech morfologicznych, odróżniających odmiany <i>Elymus hispidus</i> , <i>E. repens</i> i mieszańce – <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>mucronatus</i> oraz <i>E. ×mucronatus</i> nothovar. <i>tesquicolus</i> . Dla poszczególnych cech zamieszczono minimum, maksimum i średnią arytmetyczną. Wartości mierzone podano w [mm].	79

- Tabela 19.** Liczba polimorficznych i monomorficznych fragmentów DNA wyróżnionych metodą AFLP, przy użyciu 4 par selektywnych starterów łącznie dla obu gatunków *Elymus repens* i *Elymus hispidus*.81
- Tabela 20.** Wyniki molekularnej analizy wariacji (AMOVA) dla 70 roślin z 7 populacji *Elymus repens* i 60 roślin z 6 populacji *E. hispidus*, opartej na uzyskanych 365 fragmentach AFLP. Poziom istotności został oparty na bazie 1023 permutacji; d.f. – ilość stopni swobody.....84
- Tabela 21.** Liczba fenotypów AFLP (G), proporcja wyróżnialnych genotypów (G/N) oraz zróżnicowanie genetyczne (D) stwierdzone w 13 populacjach (130 roślin) *Elymus repens* i *E. hispidus*, oparte na 365 markerach AFLP, porównane ze średnimi wartościami dla roślin klonalnych (Ellstrand & Roose 1987; Hansen i in. 2000; Li & Ge 2001; Xie i in. 2001).85
- Tabela 22.** Liczba polimorficznych i monomorficznych fragmentów DNA wyróżnionych metodą AFLP, przy użyciu 4 par selektywnych starterów dla *Elymus repens* i *Elymus hispidus*.86
- Tabela 23.** Wyniki molekularnej analizy wariacji (AMOVA) dla 70 roślin z 7 populacji *Elymus repens*, opartej na 279 fragmentach AFLP. Poziom istotności został oparty na 1023 permutacjach; d.f. – ilość stopni swobody.87
- Tabela 24.** Wyniki molekularnej analizy wariacji (AMOVA) dla 60 roślin z 6 populacji *Elymus hispidus*, opartej na 261 fragmentach AFLP. Poziom istotności został oparty na 1023 permutacjach.89
- Tabela 25.** Występowanie plam związków fenolowych stwierdzonych w liściach *Elymus repens* i *E. hispidus*; „+” plama obecna, „-” plama nieobecna. Numery i kolory plam na rysunku (Ryc. 38). Kolorem niebieskim zaznaczono populacje *E. repens* var. *repens*, czerwonym – *E. repens* var. *aristatus*, zielonym – *E. repens* var. *subulatus*, szarym – populację zróżnicowaną *E. repens*, różowym – *E. hispidus* var. *hispidus*, oliwkowym – *E. hispidus* var. *villosus*. Skróty nazw populacji znajdują się w tabeli 3 na stronie 18.93
- Tabela 26.** Struktura genomu (kariotyp) *Elymus hispidus* var. *hispidus* (2n=42). Wartości podano w μm . Boldem zaznaczono chromosomy gdzie w niektórych płytkach metafazowych stwierdzono obecność przewężenia wtórnego (SAT-chromosomy). 103
- Tabela 27.** Struktura genomu (kariotyp) *Elymus hispidus* var. *villosus* (2n=42). Wartości podano w μm 104



