

MAJA BOCZKOWSKA ¹
KATARZYNA BĄCZEK ²
ANNA PAWEŁCZAK ²
OLGA KOSAKOWSKA ²
ZENON WĘGLARZ ²

¹ Polska Akademia Nauk Ogród Botaniczny — Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie

² Katedra Roślin Warzywnych i Leczniczych, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie
maja.boczowska@gmail.com

Różnorodność genetyczna populacji kozłka lekarskiego (*Valeriana officinalis* L.) ze stanowisk naturalnych w Polsce*

Genetic diversity of common valerian (*Valeriana officinalis* L.) populations from natural sites in Poland

Kozłek lekarski jest jednym z najważniejszych uprawnych gatunków roślin leczniczych na świecie. W Polsce, obok mięty pieprzowej i rumianku lekarskiego, jest on najczęściej uprawianą rośliną z tej grupy. Dostarcza surowca farmakopealnego (kłącze z korzeniami), wykorzystywanego niemal wyłącznie do produkcji leków. Surowiec ten standaryzowany jest na zawartość kwasów walerenowych oraz olejku eterycznego, odpowiedzialnych za jego sedatywne i spazmolityczne działanie. Obecnie w uprawie kozłka znajdują się najczęściej odmiany miejscowe lub mało wydajne odmiany ulepszone. Dlatego poszukuje się form i populacji tego gatunku o ciekawych cechach plonotwórczych i wysokiej zawartości związków czynnych. Analiza zróżnicowania naturalnie występujących populacji kozłka lekarskiego jest pierwszą w skali świata próbą oceny wielkości i zasobności naturalnie występującej puli genetycznej z użyciem technologii GBS (Genotyping by Sequencing). W literaturze naukowej znajdują się jedynie pojedyncze doniesienia na temat prób oceny zróżnicowania genetycznego *Valeriana jatamansi* Jones (Syn. *V. wallichii* DC.) i *Valeriana wallrothii* Kreyer przy użyciu klasycznych technik markerów molekularnych takich jak ISSR (Inter Simple Sequence Repeats), AFLP

* Badania sfinansowano z grantu MINIATURA (projekt 2017/01/X/NZ9/01170) Narodowego Centrum Nauki. Obliczenia wykonano w Interdyscyplinarnym Centrum Modelowania Matematycznego i Komputerowego (ICM) Uniwersytetu Warszawskiego w ramach grantu obliczeniowego nr G72-19.

(Amplified Fragment Length Polymorphism) czy cpSSR (Chloroplast Simple Sequence Repeat). Wykorzystanie wysokorozdzielczej technologii DArTseq pozwoliło na analizę kilkunastu tysięcy *loci* w jednej reakcji. W chwili obecnej jest to jedna z najbardziej efektywnych i najtańszych z dostępnych technologii genotypowania przez sekwencjonowanie generująca wysoce powtarzalne wyniki.

Uzyskane wyniki pozwoliły na wstępną ocenę puli genowej kozłka lekarskiego na stanowiskach naturalnych w Polsce, określenie stopnia izolacji poszczególnych populacji i oszacowanie ryzyka erozji genetycznej, a po zestawieniu z danymi geograficznymi umożliwiły ocenę przestrzennego rozmieszczenia genotypów, relacji między populacjami na stanowiskach naturalnych oraz bogactwa allelicznego poszczególnych siedlisk. Wyniki stanowią również genetyczny odcisk palca który zostanie włączony do opisu próbek przekazanych do kolekcji Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych co pozwoli na monitorowanie ich integralności genetycznej w przyszłości. Ponadto uzyskane wyniki genotypowania zostaną w przyszłości zestawione z wynikami fenotypowania (cechy morfologiczne i biochemiczne), co umożliwi m.in. wykonanie mapowania asocjacyjnego.