## Gromadzenie i zachowanie w kolekcjach polowych, in vitro i kriokonserwacja, charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie zasobów genetycznych i informacji w zakresie roślin rolniczych oraz innych roślin użytkowych, spokrewnionych dzikich gatunków i roślin towarzyszących - – działalność w latach 2013 - 2016

Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych (KCRZG) IHAR-PIB jest koordynatorem Krajowego Programu Ochrony Roślinnych Zasobów Genowych Roślin Użytkowych, którego celem nadrzędnym jest ochrona bioróżnorodności na terenie Polski. Podstawowe działania w tym zakresie to gromadzenie materiału genetycznego roślin użytkowych oraz innych gatunków roślin mających znaczenie dla wyżywienia i rolnictwa, ich zachowanie w stanie żywym i czystości genetycznej w formie *ex situ* w kolekcjach polowych (rośliny rozmnażane wegetatywnie) oraz wykorzystując techniki takie jak kriokonserwacja, *in vitro* a następnie ich charakterystyka, ocena, dokumentacja i udostępnianie. Na terenie Polski obserwowany jest od dłuższego czasu spadek uprawy odmian lokalnych i zaniechanie ich indywidualnego rozmnażania przez rolników. Wyjazdy kolekcyjne umożliwiają zebranie i zabezpieczenie tych zasobów genowych na potrzeby nauki i hodowli.

W latach 2013-2016 we współpracy z innymi jednostkami podczas 48 wyjazdów terenowych (30 ekspedycji i 18 wyjazdów krótkoterminowych). Spenetrowano województwa: świętokrzyskie, małopolskie, mazowieckie oraz obszar Polski Zachodniej. Zebrano 1427 obiektów z grupy roślin rolniczych, spokrewnionych z nimi gatunków dzikich gatunków i roślin im towarzyszących oraz zrazy drzew owocowych. Zrealizowano również wyjazdy zagraniczne, do krajów ościennych - i na terenach Litwy, Łotwy i Estonii zebrano 665 obiektów: nasiona roślin ogrodniczych, stare odmiany warzyw i zbóż, miejscowe odmiany drzew owocowych. Jedynie na podstawie właściwie prowadzonej i systematycznej ocenie erozji genetycznej, na terenach gdzie może posuwać się ona najszybciej można podejmować działania, które temu będą zapobiegać - opracować programy czynnej „ochrony *in* situ” oraz *on farm* (miejscowych odmian wraz z całym spectrum roślin im towarzyszących). Dlatego w latach 2013 – 2016 oprócz zbioru materiału genetycznego (odmian lokalnych i roślin im towarzyszących) na terenie Polski wykonano łącznie 70 zdjęć fitosocjologicznych zazwyczaj w dwóch różnych terminach: jeden na wiosnę w celu odnotowania gatunków chwastów wiosennych oraz drugi tuż przed zbiorem roślin uprawnych w celu wyłonienia całego spectrum gatunków towarzyszących uprawom polowym. Zdjęcia sią wprowadzane były do bazy danych, która na stan obecny zawiera ponad 1000 rekordów. Jest to pierwsza baza danych roślin segetalnych w Polsce i w Europie. Materiały zebrane w trakcie ekspedycji po identyfikacji, namnożeniu trafiają do przechowalni długoterminowej lub są zabezpieczane w innej formie. Identyfikację prowadzi się metodami tradycyjnymi na podstawie opracowanych deskryptorów morfologicznych ale również z wykorzystaniem nowoczesnych metod molekularnych. W latach 2013-2016: dokonano identyfikacji taksonomicznej 98 obiektów z rodzaju *Avena:* (10 obiektów przypisano do właściwego gatunku, dla 4 obiektów potwierdzono poprawność opisu w bazie, dla 11 obiektów wykazano niewłaściwe przypisanie taksonomiczne), opracowano metodykę molekularnej identyfikacji dla 3 gatunków (*A. damascena*, *A. insularis, A. clauda*), wyróżniono dziewięć pozycji w regionie diagnostycznym cpDNA *trnH-psbA* o potencjalnym zastosowaniu taksonomicznym dla rodzaju *Avena*. Badania opierają się na sekwencjonowaniu i resekwencjonowaniu wybranych regionów DNA genomowego i chloroplastowego oraz na analizie długości fragmentów markerów klasycznych, a następnie porównania wyników z materiałem referencyjnym umieszczonym w bazach danych lub analizowanym równolegle przez laboratorium KCRZG. Regiony poddane analizie są wybierane na podstawie danych literaturowych o ich użyteczności w badaniach taksonomicznych. Praca ma na celu jednoznaczną i wiarygodną weryfikację taksonomiczną jak największej ilości obiektów z kolekcji; równocześnie dąży do opracowania szybkiej i prostej metody weryfikacji DNA-barkoding. Dzięki temu, materiały zgromadzone w KCRZG są dobrze postrzegane na całym świecie, i umożliwia to właściwą wymianę.

Średnio, w latach 2013, 2015 i 2016, corocznie w kolekcjach polowych zabezpieczonych / utrzymywanych było ponad 1900 obiektów roślin rolniczych oraz innych roślin użytkowych, spokrewnionych dzikich gatunków i roślin towarzyszących w tym ziemniaka, buraka, roślin łąkowo-pastwiskowych, traw i innych jednoliściennych, roślin rekultywacyjnych i na cele energetyczne, motylkowatych drobnonasiennych. Zasoby genowe ziemniaka zabezpieczone były w kulturach *in vitro* i w ciekłym azocie. Zgromadzona kolekcja genotypów ziemniaka *in vitro* jest unikalna w skali Europy. Stan zgromadzonych i utrzymywanych corocznie zasobów genowych *in vitro* wynosił ponad 1600 form, w tym 1535 stanowią odmiany z 23 krajów świata. Odmiany polskie w ilości 301 odmian stanowią około 20% kolekcji. Najstarszą polską odmianą jest odmiana Świteź (1902 r.).

W latach 2013, 2015 i 2016 na bieżąco, we współpracy z innymi instytucjami prowadzono ocenę zgromadzonych zasobów genowych roślin rolniczych oraz innych użytkowych z uwzględnieniem cech świadczących o ich wartości gospodarczej. Średnio, corocznie waloryzowanych było ponad 1200 obiektów.

Do zarządzania informacją powiązaną z obiektami banku genów wykorzystywany jest system informacyjny EGISET, opracowany i prowadzony przez KCRZG. Gromadzone dane obejmują dane paszportowe dotyczące próbek nasion przechowywanych *ex situ* (przechowalnia długoterminowa, ciekły azot, kultury in vitro) oraz *in situ* (kolekcje wegetatywne, kolekcje starych odmian drzew owocowych), dane ewaluacyjne opisujące główne cechy morfologiczne i odpornościowe gatunków i odmian, oraz dane opisujące kondycję przechowywanych prób nasion w przechowalni długoterminowej (wilgotność, zdolność kiełkowania, wielkość próby).

W latach 2013 – 2016 do systemu informacyjnego EGISET włączono dane paszportowe ponad 1300 obiektów a dane oceny dla 2 572 obiektów. Do Systemu wielostronnego – Multilateral System (MLS) włączono ponad 15 500 obiektów, zaktualizowano status praw osób trzecich dla 22 520 obiektów, co umożliwia ich zamawianie. Do modułu kiełkowania zaimportowano wyniki kiełkowania z lat 2002-2007 dla 7 216 obiektów. Do EURISCO (European Seed Catalogue) przekazano dane paszportowe dla 69 418 obiektów.

Pod koniec 2016 roku liczba rekordów w centralnej bazie danych zawierającej informacje o obiektach zgromadzonych w banku genów przekroczyła 82 tysiące.