

ZESZYTY NAUKOWE
INSTYTUTU OGRODNICTWA

MONOGRAFIE I ROZPRAWY

**Zarządzanie kolekcjami nasion
zasobów genowych roślin
warzywnych**

Skierniewice 2021

INSTYTUT OGRODNICTWA

Zarządzanie kolekcjami nasion zasobów genowych roślin
warzywnych

Skierniewice 2021

Autor: dr Mariusz Chojnowski

Zakład Odmianoznawstwa, Szkółkarstwa i Zasobów Genowych

Recenzent:

dr Wiesław Podyma

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików

Redaktor serii: dr hab. Mirosława Cieślińska, prof. IO

ISBN 978-83-65903-89-1

Spis treści

1	Wstęp.....	6
1.1	Polskie warzywnictwo na tle Unii Europejskiej.....	6
1.2	Udział warzywnictwa w krajowej produkcji roślinnej.....	8
1.3	Ochrona zasobów genowych roślin warzywnych na świecie.....	8
2	Ochrona zasobów genowych roślin warzywnych w Polsce.....	12
2.1	Struktura kolekcji nasion zasobów genowych wybranych gatunków warzyw zgromadzonych przez Instytut Ogrodnictwa – PIB.....	13
2.1.1	Fasola.....	13
2.1.2	Bób.....	14
2.1.3	Pomidor.....	15
2.1.4	Papryka.....	17
2.1.5	Dynia.....	18
2.1.6	Ogórek.....	19
2.1.7	Kapusta.....	20
2.1.8	Marchew.....	22
2.1.9	Salata.....	23
2.1.10	Cebula.....	24
3	Regulacje prawne.....	26
3.1.1	Konwencja o Różnorodności Biologicznej	26
3.1.2	Międzynarodowy Traktat o Zasobach Genetycznych dla Wyżywienia i Rolnictwa.....	26
3.1.2.1	Udostępnianie materiałów obligatoryjnie objętych systemem MLS (znajdujących się w Aneksie I do traktatu):.....	26
3.1.2.2	Udostępnianie materiałów spoza Aneksu I.....	27
3.1.3	Krajowe regulacje prawne.....	28
3.1.4	Prawa i obowiązki użytkowników materiału genetycznego.....	28
3.1.4.1	Kontrola użytkowników zasobów genetycznych.....	28
4	Zarządzanie nasionami w banku genów.....	30
4.1	Rodzaje prób.....	30
4.2	Strategia zbioru materiałów i zarządzanie nimi w banku genów.....	31
4.2.1	Podział lub łączenie obiektów.....	31
4.3	Standardy i wymagania.....	31
4.3.1	Standardy banku genów dla nasion typowych.....	32
4.3.2	Przyjęcie nasion.....	33
4.3.3	Czyszczenie nasion.....	35
4.3.4	Ocena ilościowa.....	35
4.3.5	Początkowa ocena żywotności nasion.....	36
4.3.6	Suszenie nasion.....	40
4.3.7	Pakowanie i przygotowanie nasion.....	41
4.3.8	Przechowywanie nasion.....	42
4.3.9	Testy żywotności nasion w trakcie przechowywania.....	43
4.3.9.1	Długowieczność nasion.....	44
4.3.9.2	Zależność długowieczności nasion od genotypu.....	45
4.3.9.3	Zależność długowieczności nasion od roku zbioru.....	47
4.3.9.4	Ocena wigoru nasion.....	48
4.3.10	Regeneracja/rozmnożenie genotypów.....	50
4.3.11	Udostępnianie materiałów genetycznych i informacji o zasobach genowych.....	51
4.4	Wymogi bezpieczeństwa.....	52
4.4.1	Bezpieczeństwo kolekcji.....	52

4.4.2 Bezpieczeństwo personelu.....	53
4.4.3 Personel.....	53
4.5 Dokumentacja zasobów genowych.....	54

1 Wstęp

1.1 Polskie warzywnictwo na tle Unii Europejskiej

Warzywa i owoce ze względu na swe właściwości dietetyczne i zdrowotne powinny stanowić co najmniej 50% składników pożywienia człowieka. Szacunki Światowej Organizacji Zdrowia (WHO) wskazują, że w roku 2017 z powodu niewystarczającej ilości warzyw i owoców w diecie, na świecie zmarło około 3,9 mln osób WHO, 2021a. Minimalna zalecana przez WHO dawka warzyw i owoców to 400 g dostarczonych w 5-6 porcjach pożywienia w ciągu dnia.

Produkcja warzyw na świecie jest silnie promowana zarówno przez FAO jak i WHO (WHO, 2021b), w efekcie systematycznie rośnie. Polska jest jednym z czołowych producentów warzyw w Unii Europejskiej (EUROSTAT, 2021a). Z powierzchnią 190,1 tys. ha (8,87% powierzchni upraw w UE) Polska jest czwartym co do powierzchni upraw producentem warzyw w UE po Włoszech, Hiszpanii i Francji (Tabela 1.).

Tabela 1: Wielkość powierzchni upraw warzywnych (w tys. ha) w Unii Europejskiej (EUROSTAT, 2021a)

KRAJ/LATA	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
UE - 28 krajów	1960,1	1799,76	2 069,4	2 074,1	2 167,5	2 148,6	2 126,4	2 143,2
Włochy	403,77	349,31	426,63	422,90	430,00	418,38	418,12	420,86
Hiszpania	318,22	318,51	355,81	354,68	373,77	380,08	372,88	380,22
Francja	243,19	186,53	243,11	235,53	249,50	259,14	257,82	256,18
Polska	235,30	187,80	184,40	188,80	217,44	191,98	190,39	190,10
Rumunia	170,66	166,06	149,76	150,57	141,50	138,56	140,35	143,31
Niemcy	111,46	109,06	111,26	110,90	117,39	124,96	122,69	123,86
Wielka Brytania			115,00	113,14	109,10	114,40	112,68	114,07
Holandia	72,43	73,87	75,31	86,80	87,94	92,50	92,18	97,40
Węgry	77,54	76,38	79,88	84,48	92,53	94,11	91,01	89,31
Grecja	92,01	95,19	97,59	82,00	81,69	82,70	78,66	69,52
Belgia	52,14	45,97	47,05	58,44	59,63	64,29	65,62	67,33
Portugalia	46,79	48,45	53,30	51,19	52,43	53,88	47,80	50,42
Bułgaria	20,40	23,45	19,55	25,57	38,84	28,05	28,40	28,68
Austria	15,00	15,63	15,92	15,67	17,33	17,78	17,64	18,00
Szwajcaria			15,95		16,02	13,69	13,60	13,53
Szwecja	16,46	17,13	18,25	18,25	17,70	10,79	11,85	13,09
Dania	10,78	10,91	10,75	10,44	10,68	11,32	11,67	12,22
Finlandia	14,08	13,72	15,13	10,23	11,24	12,28	12,24	12,12
Litwa	11,57	11,72	11,06	9,95	10,98	10,13	11,04	11,64
Czechy	8,34	8,56	9,21	9,19	10,20	10,24	10,40	10,22
Chorwacja	6,83	8,11	6,03	8,55	9,62	9,42	9,77	8,71
Słowacja	8,21	7,84	7,11	7,88	8,45	6,24	5,97	7,00
Słowenia	4,45	4,93	5,14	5,00	5,52	5,43	5,25	6,43

KRAJ/LATA	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Irlandia	4,10	4,10	4,07	4,07	4,32	4,28	4,24	4,32
Łotwa	3,00	3,60	2,80	2,80	2,70	2,40	2,80	3,28
Cypr	2,86	2,99	2,91	2,90	2,92	2,79	2,73	2,68
Estonia	1,80	1,70	2,30	2,10	2,04	2,35	2,09	2,06
Islandia	0,00	0,00		1,02	0,35	0,05	0,15	0,39
Luksembur	0,04	0,06	0,07	0,07	0,11	0,13	0,15	0,16
Malta	0,00	0,00	0,00	1,99	1,99	0,00	0,00	0,00
Norwegia	8,67	8,18	8,59					

Podobnie wygląda sytuacja jeżeli chodzi o udział Polski w produkcji warzyw w gospodarstwach ekologicznych. Polska z powierzchnią upraw ekologicznych 28 409 ha zajmuje trzecie miejsce w UE po Włoszech i Francji (EUROSTAT, 2021b). Należy zaznaczyć, że do roku 2016 Polska była największym producentem warzyw w gospodarstwach ekologicznych w Unii Europejskiej z powierzchnią blisko 52 tys. ha w roku 2016. W kolejnych latach pojawił się bardzo silny trend spadkowy i w ciągu trzech lat nastąpił spadek powierzchni upraw ekologicznych warzyw w Polsce o ponad 45% (Tabela 2.)

Tabela 2: Wielkość powierzchni upraw warzywnych w gospodarstwach ekologicznych (w ha) w Unii Europejskiej (EUROSTAT, 2021b)

KRAJ/LATA	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
UE – 28 Krajów	82 305	112 807	123 233	148 530	184 853	193 105	204 260	214 989
Włochy	21 156	21 947	25 930	29 362	43 646	54 718	60 732	64 762
Francja	13 600	14 268	15 554	16 663	18 064	20 866	26 363	30 690
Polska		24 698	26 664	40 564	51 866	37 251	29 841	28 409
Hiszpania	10 236	8 654	11 690	13 422	17 013	20 331	22 105	22 022
Niemcy	10 574	11 049	10 792	10 750	12 681	14 010	14 295	14 778
Holandia	4 931	5 499	6 003	6 231	6 792	7 297	7 887	9 008
Wielka Brytania	10 646	10 024	5 885	7 180	6 318	5 326	5 681	5 451
Węgry	1 813	2 204	1 854	1 628	2 765	3 446	3 976	4 743
Austria		2 537	2 842	3 051	3 446	3 998	4 242	4 416
Dania		1 796	2 015	2 596	3 120	3 683	3 915	4 092
Portugalia				1 445	1 790	2 312	3 276	3 944
Belgia	788	880	1 039	1 211	1 647	1 846	2 576	2 934
Szwajcaria	1 525	1 669	1 990	1 916	2 034	2 348	2 458	2 631
Bułgaria	1 308	877	1 000	1 605	3 432	2 648	3 014	2 433
Grecja	1 509	1 324	2 063	1 719	1 251	1 487	1 870	2 353
Szwecja	991	1 247	1 380	1 784	1 860	1 997	2 379	2 169
Finlandia		155	176	229	197	590	1 223	1 099
Rumunia	894		1 913	1 189	1 161	1 442	968	775
Słowacja	968	265	228	308	278	199	517	624
Łotwa	116	242	262	269	329	379		424
Litwa	82	60	68	255	135	372	446	408
Norwegia	217	179	223	435	437	721	420	372
Irlandia			213	225	282	328	273	367
Czechy	454	167	110	227	186	248	260	339

KRAJ/LATA	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Słowenia	180	229	209	271	259	217	235	298
Chorwacja	157	148	300	337	318	353	416	239
Estonia	110	131	111	90	95	212	217	126
Cypr	50	46	30	37	57	61	71	92
Islandia		0				21		13
Malta		1	3	5	5	4	6	5
Luksemburg								

1.2 Udział warzywnictwa w krajowej produkcji roślinnej

Produkcja warzyw zajmuje bardzo ważne miejsce w krajowej produkcji rolniczej stanowiąc w 2019 roku 27,64% towarowej produkcji roślinnej. W latach 2010-2019 przyrost wartości produkcji towarowej warzyw wyniósł 110,68% - wzrost z 4,455 mld PLN do 9,385 mld PLN (Tabela 3.) Wraz z produkcją sadowniczą stanowi łącznie 41,65% wartości całkowitej towarowej produkcji roślinnej w Polsce (GUS, 2020).

Tabela 3: Towarowa produkcja rolnicza wg produktów (ceny bieżące w mln zł)

WYSZCZEGÓLNIENIE	2010	2015	2017	2018	2019
O G Ó Ł E M	59 357,1	74 202,7	85 061,7	85 870,4	89 282,2
Produkcja roślinna	26 116,3	30 815,4	33 437,2	32 549,9	33 959,2
Zboża	8 100,8	8 317,0	9 399,7	7 283,3	8 904,8
Ziemniaki	2 288,5	1 681,3	2 438,8	2 440,3	3 598,8
Przemysłowe	5 091,3	5 391,6	5 108,7	4 796,4	5 047,8
Warzywa	<u>4 454,8</u>	<u>7 576,8</u>	<u>8 208,9</u>	<u>8 334,4</u>	<u>9 385,3</u>
Owoce	3 111,6	5 327,8	4 936,8	4 928,0	4 756,0
Pozostałe	3 112,8	2 821,2	3 060,0	4 453,8	2 516,4

W aspekcie rosnącego znaczenia warzyw w żywieniu człowieka oraz związanego z tym rosnącego udziału warzywnictwa w produkcji rolniczej bardzo ważnym jest zachowanie bioróżnorodności roślin warzywnych. Bioróżnorodność ta z jednej strony związana jest z dziedzictwem kulturowym i tradycjami żywieniowymi na terenie naszego kraju, a z drugiej strony stanowi rezerwuariusz genów dla hodowli nowych odmian, zarówno pod względem bogactwa form roślinnych, wartości smakowych jak i w obliczu nowych wyzwań takich jak zmiany klimatu i związane z tym zagrożenia stresami biotycznymi czy abiotycznymi.

1.3 Ochrona zasobów genowych roślin warzywnych na świecie

Szacuje się, że na świecie istnieje około 350 tys. gatunków roślin wyższych (Antonelli i wsp. 2020), z czego 35 tys. to gatunki uprawne, natomiast w Europie występuje około 11,5 tys. gatunków roślin wyższych, z czego ok. 10 tys. to gatunki uprawne, wliczając w to gatunki leśne i ozdobne (Khoshbakht i Hammer 2008). Zgromadzone na świecie zasoby genowe obejmują około 46% wszystkich występujących na ziemi gatunków roślin wyższych (Tabela 4.). Szacuje się, że na

świecie znanych jest ponad 7 tys. roślin jadalnych należących do 2319 rodzajów z 288 rodzin botanicznych. Jadalne rośliny naczyniowe należą do 2300 rodzajów z 272 rodzin. Najwięcej rodzajów roślin jadalnych na świecie należy do Fabaceae – 625, Arecaeae – 325, Poaceae – 314, Malvaceae – 257 oraz Asteraceae – 251 (Antonelli i wsp. 2020). Według FAO zaledwie 15 gatunków uprawnych ma swój udział w żywieniu 90% ludności na świecie, a ponad cztery miliardy ludzi zależy wyłącznie od ryżu, kukurydzy i pszenicy.

Miliony ludzi na całym świecie cierpią głód lub chorują z powodu złego odżywiania, ponieważ brakuje im zrównoważonej, pożywnej diety. Liczba ta prawdopodobnie wzrośnie, gdyż szacuje się, że globalna populacja osiągnie do 2050 r. dziesięć miliardów (Antonelli i wsp. 2020).

Tabela 4: Szacowana liczba gatunków roślin wyższych, zgromadzonych jako roślinne zasoby genowe oraz występujących jako gatunki uprawne łącznie z roślinami ozdobnymi i leśnymi (Antonelli i wsp. 2020; Khoshbakht i Hammer 2008).

	Gatunki roślin wyższych	Roślinne zasoby genowe	Gatunki roślin uprawnych
Europa	11,500	5,290	10,000
Świat	250,000	115,000	35,000

Aktualnie, co najmniej 350 ogrodów botanicznych w 74 krajach gromadzi nasiona roślin dzikich. Posiadają one w swoich zbiorach co najmniej 57 tys. gatunków (17% roślin nasiennych). W tej liczbie znajduje się ponad 9 tys. gatunków zagrożonych wyginięciem. Drugi raport światowy o stanie roślinnych zasobów genowych dla wyżywienia i rolnictwa przygotowany przez FAO w 2010 roku (FAO, 2010) podaje, że na świecie zgromadzonych jest ponad 7,4 mln obiektów¹, z czego 1,9 do 2,2 mln to obiekty unikalne, występujące tylko w pojedynczych kolekcjach. Zasoby te zgromadzone są w ponad 1750 bankach genów i w ponad 2500 ogrodach botanicznych.

Tabela 5: Stan zasobów genowych na podstawie Drugiego Raportu Światowego o stanie PGRFA (FAO, 2010).

Liczba banków genów	>1750
Liczba zgromadzonych obiektów	7 mln 400 tys.
Liczba odrębnych obiektów*	1,9-2,2 mln
Liczba ogrodów botanicznych	>2 500

*) Nie zabezpieczonych w formie duplikatów

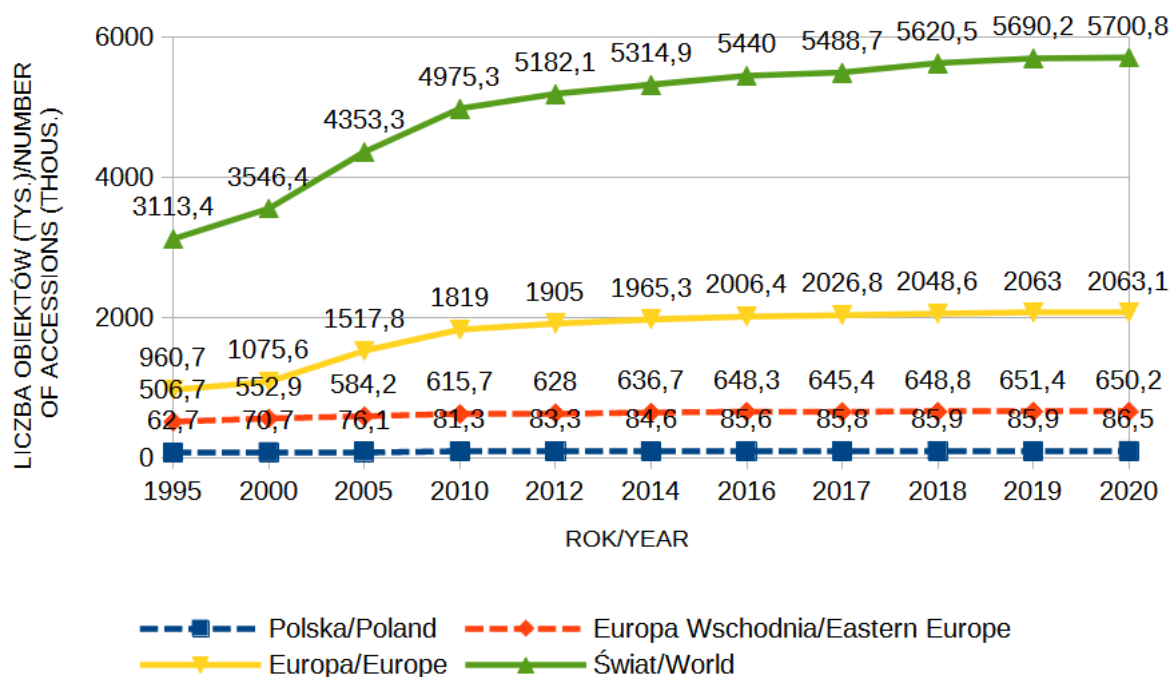
Przyjmuje się, że około 90% zasobów genowych są to gatunki wytwarzające nasiona tzw. typowe, czyli takie, które znoszą desykację do zawartości wody około 5% i mogą być wtedy przechowywane długoterminowo w temperaturze poniżej 0°C, zwykle -18 lub -20°C (Bochenek i wsp. 2000). Teoretyczne wyliczenia wskazują, że w zależności od wilgotności początkowej, składu chemicznego nasion i warunków przechowywania długowieczność nasion może wynosić od kilkuset do ponad tysiąca lat. Jednakże kilkudziesięcioletnia praktyka wielu banków genów na świecie weryfikuje te teoretyczne założenia i praktycznie przyjmuje się, że przy rygorystycznym przestrzeganiu wszystkich procedur i kontroli zidentyfikowanych czynników ryzyka prowadzącym do nieuchronnego starzenia się nasion takich jak wilgotność, temperatura, występowanie tlenu lub wolnych rodników w pojemnikach z nasionami, ich żywotność można określić na kilkadziesiąt lat w temperaturze 0°C i około 150-400 lat przy przechowywaniu w temperaturze -20°C zalecanej dla nasion w kolekcji bazowej (Whitehouse i wsp. 2020; Solberg i wsp. 2020).

W Drugim Globalnym Planie Działania na rzecz Zasobów Genetycznych Roślin dla Wyżywienia i Rolnictwa, w Celu Zrównoważonego Rozwoju 2, w ramach celu 2.5 Zero Głodu przygotowanym przez FAO uznano, że ochrona różnorodności genetycznej roślin odgrywa kluczową rolę w bezpieczeństwie żywnościowym. Światowy System Informacji i Wczesnego Ostrzegania o Genetycznych Zasobach Roślinnych dla Wyżywienia i Rolnictwa - WIEWS (World Information

1 Odrębna, jednoznacznie identyfikowalna próbka nasion reprezentujących odmianę, linię hodowlaną lub populację, która jest przechowywana w celu zachowania i wykorzystania (WIEWS, 2021).

and Early Warning System on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture) zapewnia dostęp do oficjalnych danych dotyczących wdrażania Drugiego Globalnego Planu Działania na rzecz Zasobów Genetycznych Roślin dla Wyżywienia i Rolnictwa oraz wskaźnika celu 2.5.1.a Drugiego Globalnego Planu Działania – liczby zasobów genetycznych roślin dla wyżywienia i rolnictwa zabezpieczonych średnio- lub długoterminowo. System ten na bieżąco raportuje realizację wskaźników Drugiego Planu Działania i na stronie FAO/WIEWS (FAO, 2021b) można uzyskać aktualną informację o zgromadzonych i przechowywanych roślinnych zasobach genowych dla wyżywienia i rolnictwa.

Na rysunku 1. przedstawiono zmiany liczby obiektów zgromadzonych w skali kraju, Europy (w tym Europy Wschodniej) oraz świata w latach 1995-2000 (FAO, 2021c). Podczas gdy w ciągu ostatnich 25 lat przyrost zgromadzonych zasobów w skali świata wynosił ponad 83% i prawie 115% w Europie, to w Europie Wschodniej przyrost ten wyniósł około 28% a w Polsce nieco więcej, blisko 38% (czterokrotnie mniej niż w Europie).



Rysunek 1: Liczba zasobów genowych dla wyżywienia i rolnictwa przechowywanych średnio lub długoterminowo (FAO, 2021c – zmodyfikowane).

Dane udostępniane przez WIEWS nie dostarczają informacji o wszystkich zgromadzonych zasobach genowych, gdyż dane z wielu krajów jeszcze nie w pełni znajdują się w światowych bazach danych, w tym w bazie WIEWS – stąd różnica pomiędzy wielkościami dostępnymi w bazie WIEWS a wynikami Drugiego Raportu Światowego (FAO, 2021c). Aktualnie dostępne dane są przedstawione w Tabeli 6.

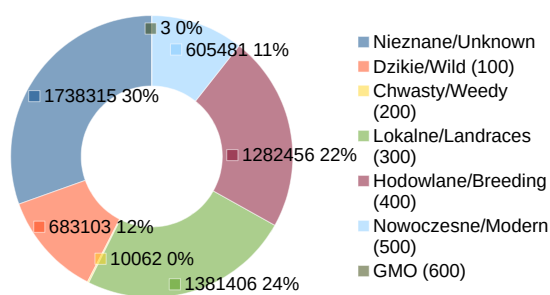
Tabela 6: Liczba zasobów genowych roślin dla wyżywienia i rolnictwa utrzymywanych ex situ² (FAO, 2021c)

REJON/Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki Genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Afryka/Africa	330,249	1,588	4,718	60	28
Ameryki/Americas	1,135,423	3,111	17,012	209	21
Azja/Asia	984,019	1,712	6,407	86	25

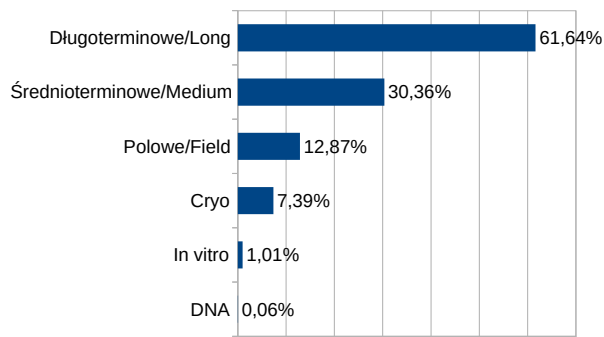
² „Ochrona ex situ” oznacza ochronę zasobów genetycznych roślin dla wyżywienia i rolnictwa poza ich naturalnym środowiskiem (ITPGRFA).

REJON/Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki Genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Europa/Europe	2,029,842	6,343	41,872	449	37
Oceania/Oceania	287,112	761	3,889	8	3
Regionalne/Regional	72,252	455	996	7	-
International/ Międzynarodowe	861,929	672	3,449	12	-
RAZEM/TOTAL	5,700,826	7,420	54,306	831	114

Rysunki 2 i 3 przedstawiają strukturę przechowywanych zasobów genowych dla wyżywienia i rolnictwa w zależności od statusu zgromadzonych prób (ich pochodzenia) oraz od sposobu przechowywania. Należy zwrócić uwagę, że w tym drugim przypadku suma wartości procentowych przekracza 100, gdyż niektóre genotypy mogą być w kilku formach, np. nasiona mogą być przechowywane długo- i średnio-terminowo.



Rysunek 2: Liczba zgromadzonych na świecie zasobów genowych dla wyżywienia i rolnictwa na świecie w zależności od statusu prób (wg FAO WIEWS 2021 zmienione)



Rysunek 3: Procentowy udział zgromadzonych zasobów genowych dla wyżywienia i rolnictwa w zależności od sposobu przechowywania (wg FAO WIEWS 2021 zmienione)

Aktualnie w bazie danych WIEWS raportowanych jest ponad 5 mln. 700 tys. obiektów, z czego 30% o nieznanym statusie (Rys. 2). Około 24 procent to odmiany lokalne. Niewiele mniej bo około 22% stanowią materiały hodowlane. Blisko 62% zasobów genetycznych przechowywanych jest długoterminowo w formie nasion (Rys. 3) a około 30% średnioterminowo. Niespełna 13% znajduje się w kolekcjach polowych a około 7,4% w kolekcjach krio. Kolekcje *in vitro* i banki DNA łącznie gromadzą 1,07% zgromadzonych roślinnych zasobów genowych.

2 Ochrona zasobów genowych roślin warzywnych w Polsce

Gromadzenie zasobów genowych przez Instytut Warzywnictwa rozpoczęło się w roku 1960, kiedy to pierwsza odmiana fasoli – Piękny Jaś – została przywieziona do Instytutu Warzywnictwa z okolic Bochni. Przez następne 20 lat prowadzona kolekcja polowa fasoli zwiększyła się do pięciu odmian, których nasiona zostały zdeponowane w banku genów w IHAR w 1982 roku. Z tego roku pochodzą również najstarsze zdeponowane w IHAR nasiona innych gatunków warzyw. W roku 1980 zgromadzone zostały pierwsze 23 genotypy do kolekcji wegetatywnej rodzaju *Allium* (Tabela 4.). W roku 1982 do zasobów genowych włączono 86 nowych obiektów, a ich łączna ilość wyniosła 121 obiektów. W tym samym roku oddano pierwsze nasiona z rozmnożeń w roku 1981 do depozytu w przechowalni w IHAR. W ciągu 40 lat do depozytu w przechowalni długoterminowej IHAR-PIB przekazane zostały przez Instytut Ogrodnictwa nasiona ponad 10 tys. obiektów (odmian, linii hodowlanych, odmian i populacji lokalnych oraz gatunków dzikich pokrewnych roślinom uprawnym).

Aktualnie w Instytucie Ogrodnictwa-Państwowym Instytucie Badawczym prowadzona jest inwentaryzacja i restrukturyzacja kolekcji zdeponowanej w IHAR-PIB. Weryfikowana jest zarówno wielkość zgromadzonych prób jak również oceniana jest ich jakość. Próby nasion, które nie spełniają minimalnych wymogów są regenerowane (następuje rozmnożenie materiału z zachowaniem warunków gwarantujących odtworzenie puli genowej danego genotypu/populacji). Dla prób o wystarczającej ilości i jakości nasion przygotowywane są próbki do kolekcji bazowej, która ponownie zostanie zdeponowana w centralnej przechowalni długoterminowej Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR-PIB. Dla każdego obiektu przygotowywane są również dwie próbki duplikatów bezpieczeństwa, które są przeznaczone do umieszczenia w światowym banku nasion (Global Seed Vault) na norweskiej wyspie Svalbard oraz w innym banku genów, zgodnie z umowami zawartymi przez IHAR-PIB, który jest instytucją koordynującą ochronę zasobów genowych roślin użytkowych w Polsce.

Tabela 7: Zestawienie obiektów zgromadzonych w Instytucie Warzywnictwa w latach 1960-1982

1960	1
Fasola – <i>Phaseolus vulgaris</i> Piękny Jaś	1
1971	1
Fasola – <i>Phaseolus vulgaris</i> Fana	1
1979	3
Fasola – <i>Phaseolus vulgaris</i> : Saba, Sara, Sisal	3
1980	25
Czosnek – <i>Allium</i>	23
Fasola – <i>Phaseolus vulgaris</i> Segal	1
Kukurydza – <i>Zea mays</i> C30	1
1981	10
Czosnek – <i>Allium sativum</i>	6
Fasola – <i>Phaseolus vulgaris</i> Złota Saxa	1
Pietruszka – <i>Petroselinum sativum</i> : Berlińska, Lenka	2
Rzodkiewka – <i>Raphanus sativus</i> Tetra Poznańska	1
1982	86
Bób – <i>Vicia faba</i> : Hangdown Biały, Hangdown Zielony, Windsor Biały	3
Brukiew – <i>Brassica napobrassica</i> Wilhelmsburska	1
Burak czerwony – <i>Beta vulgaris</i> : Czerwona Kula, Egipski Crosby, Okragły Ciemnoczerwony	3
Cebula – <i>Allium cepa</i> : Dako, Kutnowska, Rawska, Wolska, Żytawska	5

Czosnek – <i>Allium sativum</i>	11
Kalafior – <i>Brassica oleracea</i> Pionier	1
Kalarepa – <i>Brassica oleracea</i> : Delikates Biała, Niebieska Masłowa, Wiedeńska Biała	3
Kapusta biała – <i>Brassica oleracea</i> : Amager, Brunszwicka, Ditmarska Najwcześniejsza, Grembałowska, Jubileuszowa, Langendijker, Pierwszy Zbiór, Sława z Enkhuizen, Stulecie Ulricha, Zimowa z Mor	10
Kapusta czerwona – <i>Brassica oleracea</i> : Kisendrup, Koda, Langendijker	3
Kapusta włoska – <i>Brassica oleracea</i> : Langendijker Dauer, Przodownica, Verna	3
Marchew – <i>Daucus carota</i> : Amsterdamska, Lenka, Pierwszy Zbiór	3
Ogórek – <i>Cucumis sativus</i> : Alfa, Delicius, Mikor	3
Papryka – <i>Capsicum annuum</i> : Remi, Bronowicka Ostra, Długa z Mor, Poznańska Słodka,	4
Pomidor – <i>Lycopersicon esculentum</i> : Break O'day, Grand, Jasta, Kirys, Kujawski, Najwcześniejszy, New Yorker, Potentat, Riposta, Rubin, Tempo, Unita, V-548, Venture	14
Rzodkiewka – <i>Raphanus sativus</i> : Cherry Belle, Krakowianka, Saxa, Sopel Lodu, Szkarłatna z Białym Końcem, Tetra Hłowiecka, Wurzburska	7
Salata – <i>Lactuca sativa</i> : As-44, Cud Voorburgu, Dippego, Krolowa Majowych, Nochowska	5
Szparag – <i>Asparagus officinalis</i> – 7/19, Eros 7/14	2
Szpinak – <i>Spinacia oleracea</i> : Olbrzym Zimowy,	1

(źródło - GRIN-Global INHORT – baza zasobów genowych roślin ogrodniczych Instytutu Ogrodnictwa-PIB)

Obecnie w krajowej bazie danych zasobów genowych roślin uprawnych EGISET prowadzonej przez IHAR-PIB zgromadzone są dane paszportowe 15641 obiektów roślin warzywnych. W tworzeniu tej kolekcji, zbierając materiały w licznych ekspedycjach prowadzonych w kraju i na świecie, poza pracownikami naukowymi Instytutu Ogrodnictwa (do 2010 roku Instytutu Warzywnictwa) brali udział pracownicy naukowcy z innych ośrodków, m. in. z Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR-PIB oraz Katedry Hodowli i Biotechnologii Roślin Ogrodniczych SGGW.

2.1 Struktura kolekcji nasion zasobów genowych wybranych gatunków warzyw zgromadzonych przez Instytut Ogrodnictwa – PIB.

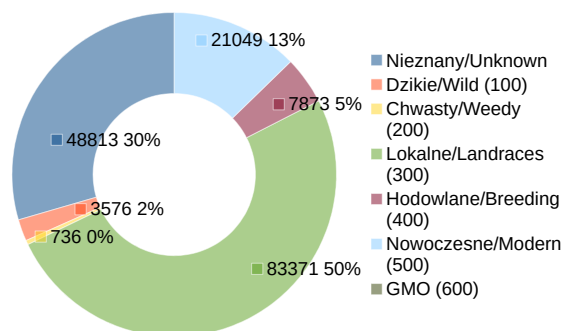
2.1.1 Fasola

Jest to warzywo najliczniej reprezentowane w światowych kolekcjach – łącznie w bazie WIEWS znajduje się ponad 165 tys. obiektów, z czego prawie 58 tys. w obu Amerykach i ponad 49 tys. w Europie (Tab. 8). Połowa tych obiektów to są odmiany lokalne a 30% ma status nieznany (Rys. 4). Nasiona ponad 75% tych obiektów znajdują się w przechowywaniu długoterminowym, a ponad 35% w przechowywaniu średnioterminowym (Rys. 5).

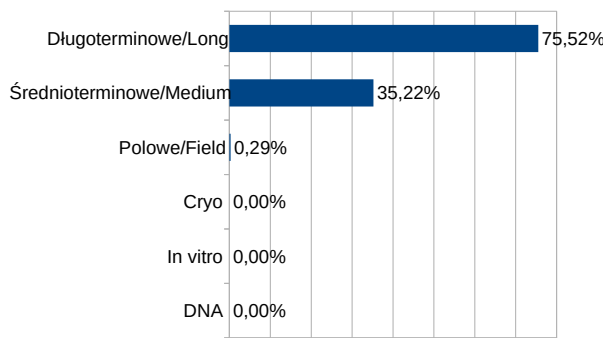
Tabela 8. Liczba obiektów fasoli zgromadzonych w światowych kolekcjach *ex situ* (FAO, 2021c).

Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Afryka/ Africa	7,677	1	2	21	18
Ameryki/ Americas	57,801	1	11	41	16
Azja/ Asia	9,939	1	5	31	20
Europa/ Europe	49,301	1	9	62	28
Oceania/ Oceania	3,694	1	6	2	2
Regionalne/ Regional	1,997	1	4	3	-
Imiędzynarodowe/ International	35,009	1	10	5	-

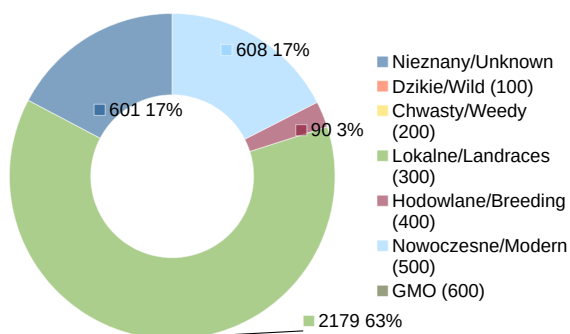
Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
RAZEM/ TOTAL	165,418	1	11	165	84



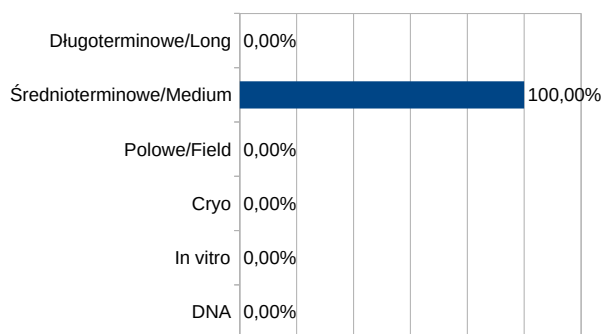
Rysunek 4: Liczba zgromadzonych na świecie zasobów genowych fasoli wg statusu prób (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 5: Struktura zgromadzonych na świecie zasobów genowych fasoli wg sposobu przechowywania (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 6: Liczba zgromadzonych w Polsce zasobów genowych fasoli wg statusu prób (INHORT, 2021)



Rysunek 7: Struktura zgromadzonych w Polsce zasobów genowych fasoli wg sposobu przechowywania (INHORT 2021)

W kolekcji zgromadzonej przez Instytut Ogrodnictwa – PIB znajduje się 3478 obiektów fasoli, z czego 2572 zostało zdeponowanych w przechowalni długoterminowej IHAR – PIB. Większość z nich (76%) to odmiany lokalne, a 21% to odmiany nowoczesne (Rys 6). Z tej liczby 1852 obiekty zebrane zostały przez IO – PIB a 1609 obiektów przez IHAR – PIB. Nasiona wszystkich genotypów są przechowywane wg standardów dla przechowywania średnioterminowego (Rys. 7).

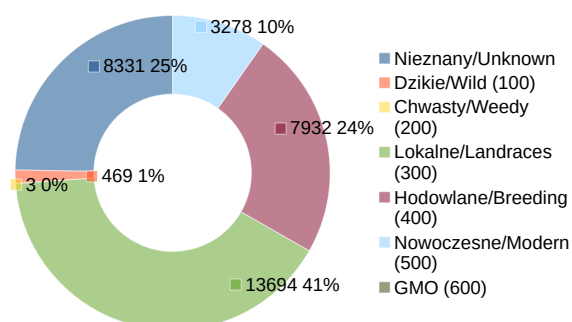
2.1.2 Bób

Drugim pod względem liczebności obiektów warzywem strączkowym w kolekcji zgromadzonej przez Instytut Ogrodnictwa – PIB jest bób. W światowych kolekcjach *ex situ* znajduje się 33 707 obiektów bobu, z czego najwięcej (12 836) w Europie (Tab. 9). W tej liczbie 25% to obiekty o nieznanym statusie, 41% stanowią odmiany lokalne a 24% materiały hodowlane (Rys. 8). Około 64,3% światowych kolekcji bobu jest przechowywanych długoterminowo, natomiast 44,36% obiektów znajduje się w kolekcjach przechowywanych średnioterminowo (Rys. 9).

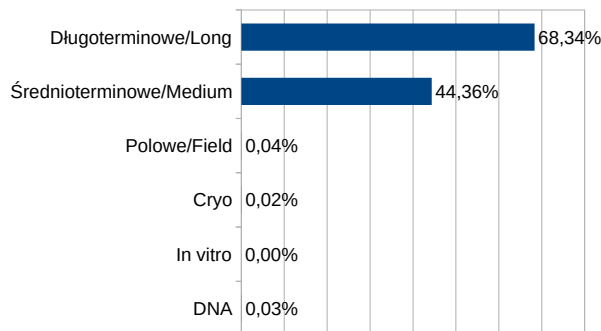
Tabela 9. Liczba obiektów bobu zgromadzonych w światowych kolekcjach *ex situ* (FAO, 2021c).

Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Afryka/ Africa	2,762	2	3	9	9
Ameryki/ Americas	2,976	2	4	17	10

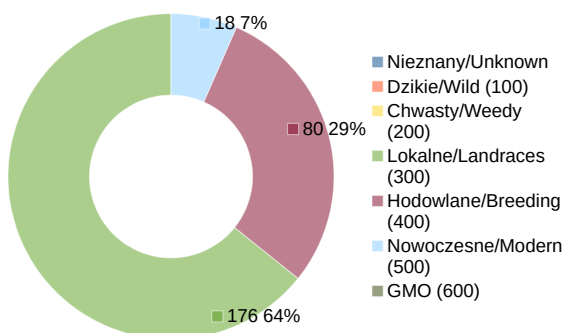
Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Azja/ Asia	2,092	2	6	20	16
Europa/ Europe	12,836	2	8	52	26
Oceania/ Oceania	3,075	1	5	2	2
Regionalne/ Regional	135	1	1	1	-
Międzynarodowe International	9,831	1	6	3	-
TOTAL	33,707	2	9	104	63



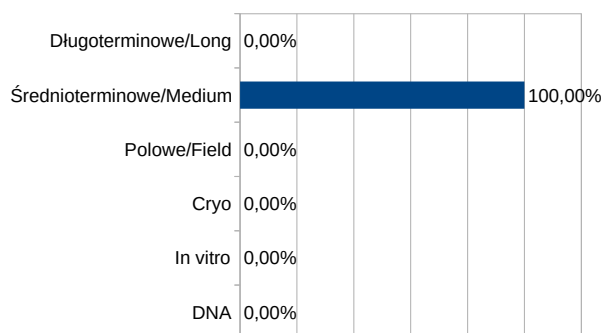
Rysunek 8: Liczba zgromadzonych na świecie zasobów genowych bobu wg statusu prób (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 9: Struktura zgromadzonych na świecie zasobów genowych bobu wg sposobu przechowywania (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 10: Liczba zgromadzonych w Polsce zasobów genowych bobu wg statusu prób (INHORT 2021)



Rysunek 11: Struktura zgromadzonych w Polsce zasobów genowych bobu wg sposobu przechowywania (INHORT 2021)

W kolekcji zgromadzonej przez Instytut Ogrodnictwa – PIB znajdują się 274 obiekty, z czego 64% to odmiany lokalne, 29% materiały hodowlane a 7% to odmiany nowoczesne (Rys. 10). W tej liczbie 227 zostało zebrane przez IO – PIB a 47 przez IHAR – PIB. Wszystkie te obiekty znajdują się w warunkach przechowywania średnioterminowego (Rys. 11).

2.1.3 Pomidor

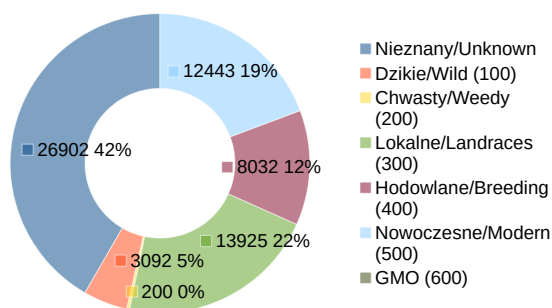
Pomidor jest drugim co do liczebności obiektów zgromadzonych przez Instytut Ogrodnictwa – PIB warzywem. Światowe kolekcje pomidora *ex situ* obejmują 63 804 obiekty, z czego w Europie jest zgromadzonych 23 331 obiektów, a w obu Amerykach 21 007 (Tab. 10). Około 42% obiektów posiada nieznany status, 22% to odmiany lokalne a 19% stanowią odmiany nowoczesne (Rys. 12).

Długoterminowo przechowywane są nasiona blisko 73,9% obiektów, a średnioterminowo 47,64% (Rys. 13).

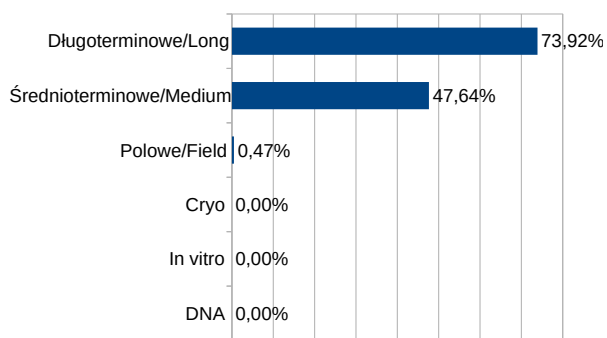
Tabela 10. Liczba obiektów pomidora zgromadzonych w światowych kolekcjach ex situ (FAO, 2021c).

Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Afryka/ Africa	923	2	11	17	17
Ameryki/ Americas	21,007	2	27	34	17
Azja/ Asia	8,861	2	14	27	18
Europa/ Europe	23,331	2	30	57	28
Oceania/ Oceania	1,233	2	10	2	2
Regionalne/ Regional	623	2	7	4	-
Międzynarodowe/ International	7,826	1	18	2	-
RAZEM/ TOTAL	63,804	2	35	143	82

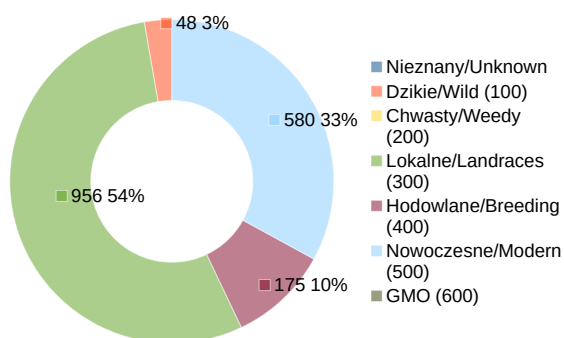
Przez Instytut Ogrodnictwa – PIB zgromadzono dotychczas 1759 obiektów pomidora, z czego 1402 obiekty są zdeponowane w przechowalni długoterminowej IHAR-PIB. W tej liczbie 54% to odmiany lokalne, 33% odmiany nowoczesne a 10% stanowią materiały hodowlane (Rys. 14). ze zgromadzonych obiektów 1654 zostało zebrane przez IO – PIB a 105 przez IHAR – PIB. Wszystkie te obiekty są przechowywane średnioterminowo, a 2% z nich długoterminowo w kolekcji bazowej (Rys. 15).



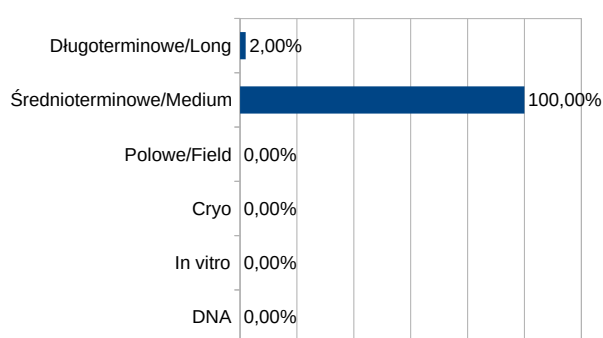
Rysunek 12: Liczba zgromadzonych na świecie zasobów genowych pomidora wg statusu prób (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 13: Struktura zgromadzonych na świecie zasobów genowych pomidora wg sposobu przechowywania (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 14: Liczba zgromadzonych w Polsce zasobów genowych pomidora wg statusu prób (INHORT 2021)



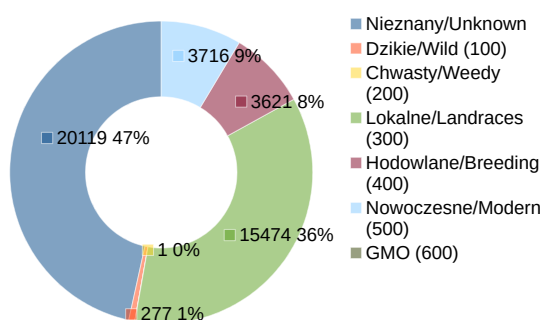
Rysunek 15: Struktura zgromadzonych w Polsce zasobów genowych pomidora wg sposobu przechowywania (INHORT 2021)

2.1.4 Papryka

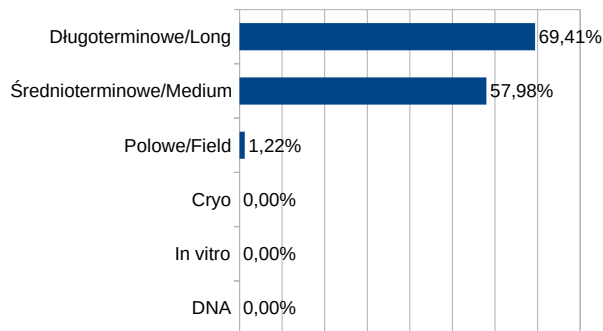
Papryka jest drugim co do liczby zgromadzonych przez Instytut Ogrodnictwa – PIB obiektów warzywem psiankowatym. W zasobach światowych *ex situ* jest zgromadzonych 43 208 obiektów papryki. Liczby obiektów zgromadzonych w obu Amerykach, Europie i Azji są zbliżone i wynoszą odpowiednio 12 415; 11 461 i 10 608 obiektów (Tab. 11). Obiekty o nieznanym statusie stanowią 47%, odmiany lokalne 36% a odmiany nowoczesne i materiały hodowlane odpowiednio 9 i 8% (Rys. 16).

Tabela 11. Liczba obiektów papryki zgromadzonych w światowych kolekcjach *ex situ* (FAO, 2021c)

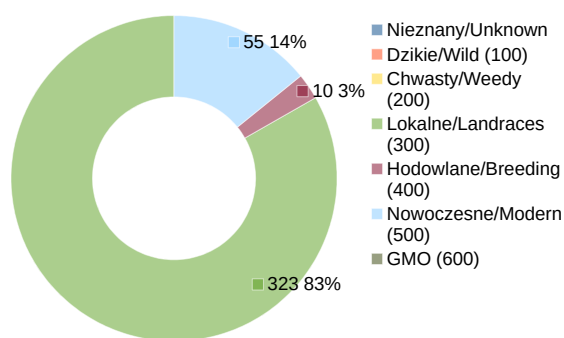
Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Afryka/ Africa	871	1	3	15	15
Ameryki/ Americas	12,415	1	9	31	15
Azja/ Asia	10,608	1	6	27	18
Europa/ Europe	11,461	1	9	52	26
Regionalne/ Regional	845	1	6	4	-
Międzynarodowe/ International	7,008	1	8	1	-
RAZEM/TOTAL	43,208	1	9	130	74



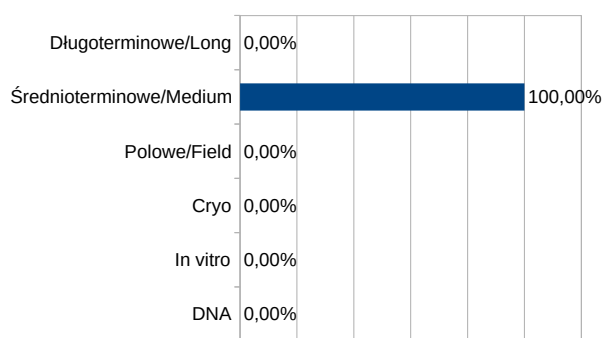
Rysunek 16: Liczba zgromadzonych na świecie zasobów genowych papryki wg statusu prób (FAO WIEWS 2021)



Rysunek 17: Struktura zgromadzonych na świecie zasobów genowych papryki wg sposobu przechowywania (FAO WIEWS 2021)



Rysunek 18: Liczba zgromadzonych w Polsce zasobów genowych papryki wg statusu prób (INHORT 2021)



Rysunek 19: Struktura zgromadzonych w Polsce zasobów genowych papryki wg sposobu przechowywania (INHORT 2021)

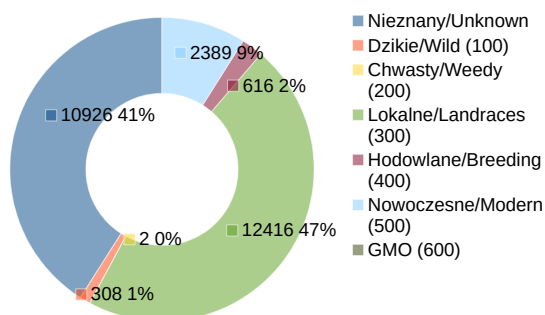
Wśród 388 zgromadzonych przez Instytut Ogrodnictwa-PIB obiektów papryki 330 jest zdeponowanych w przechowalni długoterminowej IHAR-PIB. Odmiany lokalne stanowią 83%, odmiany nowoczesne 14% a materiały hodowlane 3% (Rys. 18). Wśród nich 315 zostało zgromadzone przez IO – PIB a 73 przez IHAR – PIB. Nasiona wszystkich zgromadzonych genotypów są przechowywane średnioterminowo (Rys. 19).

2.1.5 Dynia

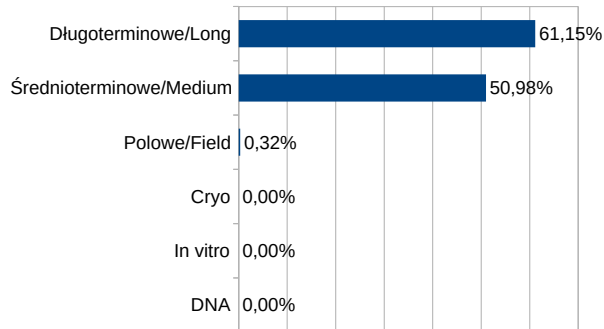
Wśród warzyw dyniowatych w Instytucie Ogrodnictwa – PIB zgromadzone zostały zbliżone ilości dyni i ogórków. Światowe kolekcje *ex situ* dyni ujęte w bazie WIEWS obejmują 26 567 obiektów, z czego w obu Amerykach zgromadzone są 11 403 obiekty, w Europie 6 872 obiekty a w Azji 3 398 obiektów (Tab. 12). Odmiany lokalne stanowią 47% zebranych obiektów, a 41% ma status nieznany, natomiast odmiany nowoczesne stanowią 9% (Rys. 20). Spośród nich nasiona 61,15% przechowywane są długoterminowo, a nasiona 50,98% obiektów przechowywane są średnioterminowo (Rys. 21).

Tabela 12. Liczba obiektów dyni zgromadzonych w światowych kolekcjach *ex situ* (FAO, 2021c)

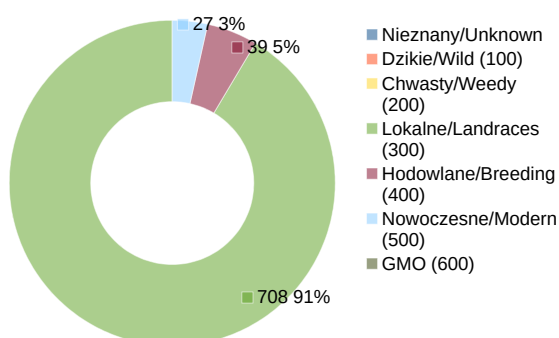
Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Afryka/ Africa	2,029	1	4	17	16
Ameryki/ Americas	11,403	1	12	35	15
Azja/ Asia	3,398	1	5	28	20
Europa/ Europe	6,872	1	10	46	23
Regionalne/ Regional	1,970	1	6	4	-
Międzynarodowe/ International	985	1	4	2	-
RAZEM/TOTAL	26,657	1	12	132	74



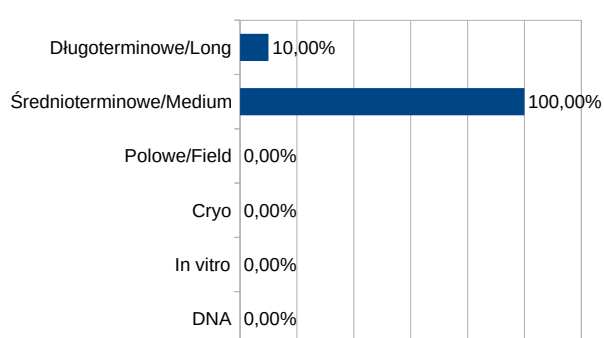
Rysunek 20: Liczba zgromadzonych na świecie zasobów genowych dyni wg statusu prób (FAO świat zasobów genowych dyni wg sposobu WIEWS 2021)



Rysunek 21: Struktura zgromadzonych na świecie zasobów genowych dyni wg sposobu przechowywania (FAO WIEWS 2021)



Rysunek 22: Liczba zgromadzonych w Polsce zasobów genowych dyni wg statusu prób (INHORT 2021)



Rysunek 23: Struktura zgromadzonych w Polsce zasobów genowych dyni wg sposobu przechowywania (INHORT 2021)

Spośród 774 zgromadzonych obiektów dyni w przechowalni długoterminowej IHAR zdeponowane są 542 obiekty. W tej liczbie 91% stanowią odmiany lokalne, 5% materiały hodowlane i 3% odmiany nowoczesne (Rys. 22). Nasiona wszystkich są zabezpieczone w przechowywaniu średnioterminowym, a 10% z nich przechowywanych jest długoterminowo w kolekcji bazowej (Rys. 23).

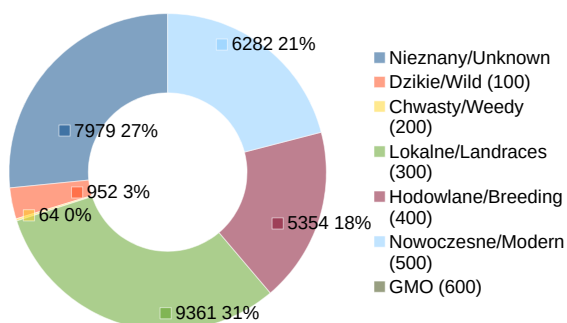
2.1.6 Ogórek

W światowych kolekcjach *ex situ* wg WIEWS znajdują się 29 992 obiekty ogórka (Tab. 13). Najwięcej w Azji – 11 363 obiekty, następnie w Europie – 9 562 obiekty i w obu Amerykach – 6 422 obiekty. Obiekty o nieznanym statusie stanowią 27%, odmiany lokalne stanowią 31%, odmiany nowoczesne 21% i materiały hodowlane 18% (Rys. 24). W przechowywaniu długoterminowym znajduje się 77,67%, natomiast w przechowywaniu średnioterminowym 24,14% obiektów (Rys. 25).

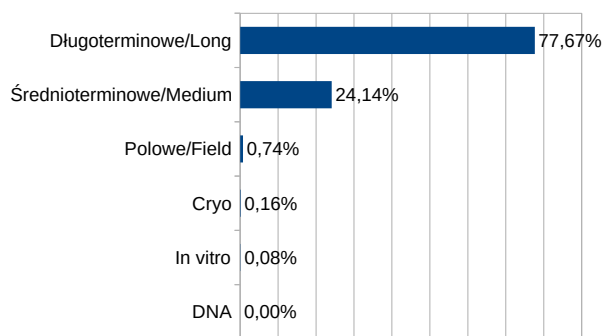
Tabela 13. Liczba obiektów ogórka zgromadzonych w światowych kolekcjach *ex situ* (FAO, 2021c)

Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Afryka/ Africa	1,882	1	17	19	18
Ameryki/ Americas	6,422	1	18	20	12
Azja/ Asia	11,363	1	13	29	21
Europa/ Europe	9,562	1	23	52	25
Regionalne/	172	1	3	4	-

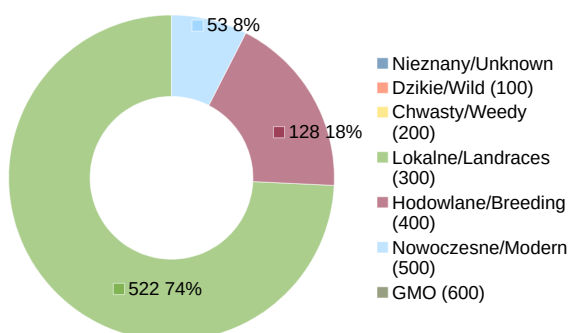
Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Regional					
Międzynarodowe/ International	591	1	2	3	-
RAZEM/ TOTAL	29,992	1	31	127	76



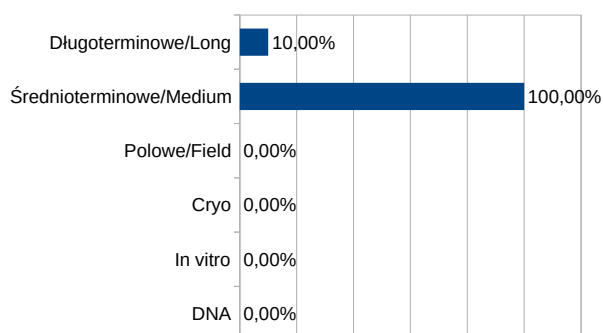
Rysunek 24: Liczba zgromadzonych na świecie zasobów genowych ogórka wg statusu prób (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 25: Struktura zgromadzonych na świecie zasobów genowych ogórka wg sposobu przechowywania (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 26: Liczba zgromadzonych w Polsce zasobów genowych ogórka wg statusu prób (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 27: Struktura zgromadzonych w Polsce zasobów genowych ogórka wg sposobu przechowywania (INHORT 2021)

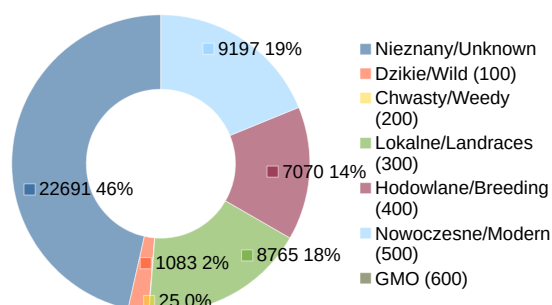
W kolekcji Instytutu Ogrodnictwa-PIB znajdują się 703 obiekty ogórka, z czego w przechowalni długoterminowej IHAR-PIB zdeponowane są nasiona 597 obiektów. Odmiany lokalne stanowią 74%, materiały hodowlane 18% i odmiany nowoczesne 8% (Rys. 26). Spośród wszystkich obiektów ogórka 586 zostało zgromadzone przez IO – PIB a 117 przez IHAR – PIB. Nasiona wszystkich obiektów są przechowywane średnioterminowo, a 10% z nich znajduje się w kolekcji bazowej zlokalizowanej w IHAR-PIB (Rys. 27).

2.1.7 Kapusta

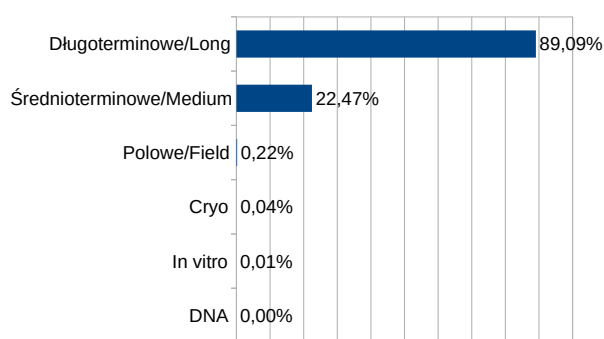
Wg WIEWS w światowych kolekcjach *ex situ* znajduje się 48 831 obiektów kapusty. Najwięcej w Europie – 18 419 obiektów i w Azji – 16 969 obiektów. W obu Amerykach łącznie zgromadzonych jest 5 406 obiektów (Tab. 14). Obiekty o nieznanym statusie stanowią w tej liczbie 46%, odmiany nowoczesne 19%, odmiany lokalne 18% a materiały hodowlane 14% (Rys. 28). Długoterminowo przechowywane są nasiona 89,09% obiektów, średnioterminowo natomiast 22,47% obiektów (Rys. 29).

Tabela 14. Liczba obiektów kapusty zgromadzonych w światowych kolekcjach *ex situ* (FAO, 2021c)

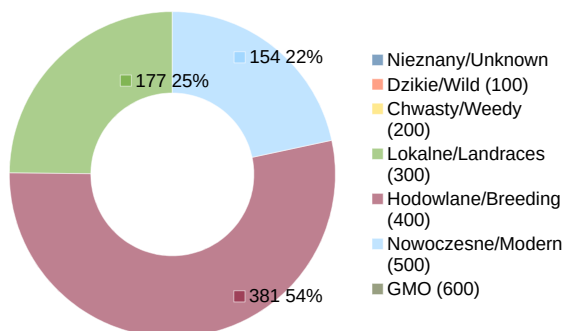
Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Afryka/ Africa	981	1	6	12	12
Ameryki/ Americas	5,406	1	18	14	9
Azja/ Asia	16,969	1	7	26	20
Europa/ Europe	18,419	1	18	65	30
Oceania/ Oceania	4,795	1	15	3	2
Regionalne/ Regional	713	1	4	3	-
Międzynarodowe/ International	1,548	1	4	3	-
RAZEM/ TOTAL	48,831	1	18	126	73



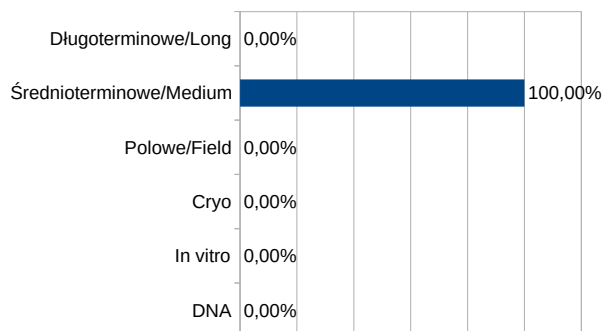
Rysunek 28: Liczba zgromadzonych na świecie zasobów genowych kapusty wg statusu prób (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 29: Struktura zgromadzonych na świecie zasobów genowych kapusty wg sposobu przechowywania (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 30: Liczba zgromadzonych w Polsce zasobów genowych kapusty wg statusu prób (INHORT 2021)



Rysunek 31: Struktura zgromadzonych w Polsce zasobów genowych kapusty wg sposobu przechowywania (INHORT 2021)

Wśród 712 obiektów warzyw kapustnych z rodzaju *Brassica* zgromadzonych przez Instytut Ogrodnictwa-PIB 54% stanowią materiały hodowlane, 25% odmiany lokalne i 22% odmiany nowoczesne (Rys. 30). Z tej liczby 604 obiekty zostały zgromadzone przez IO – PIB a 108 przez IHAR – PIB. Nasiona wszystkich zgromadzonych obiektów są przechowywane średnioterminowo (Rys. 31) w IHAR – PIB.

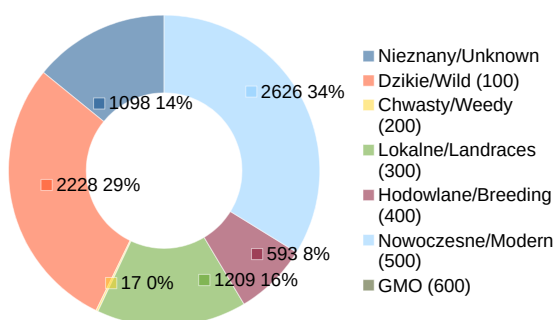
2.1.8 Marchew

Światowe kolekcje zasobów genowych marchwi przechowywane *ex situ* wg WIEWS liczą 7 771 obiektów. Największą ich liczbę zgromadzono w Europie – 4 385 obiektów, następnie w obu

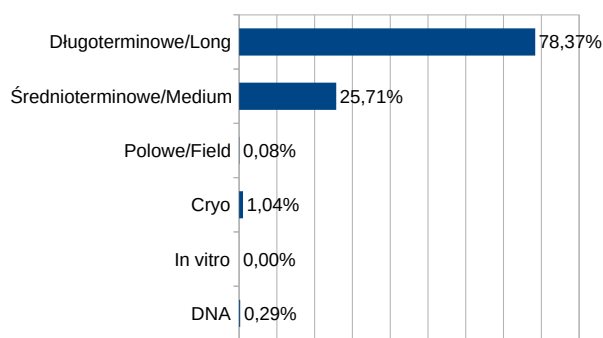
Amerykach – 1 732 i w Azji – 1 114 obiektów (Tab. 15). Wśród tych zasobów 34% stanowią odmiany nowoczesne, 39% gatunki dzikie, 16% odmiany lokalne i 8% materiały hodowlane (Rys. 32). W przechowywaniu długoterminowym znajdują się nasiona 78,37% obiektów, w przechowywaniu średnioterminowym 25,71% a w kolekcjach krio – 1,04% obiektów (Rys 33.).

Tabela 15. Liczba obiektów marchwi zgromadzonych w światowych kolekcjach ex situ (FAO, 2021c)

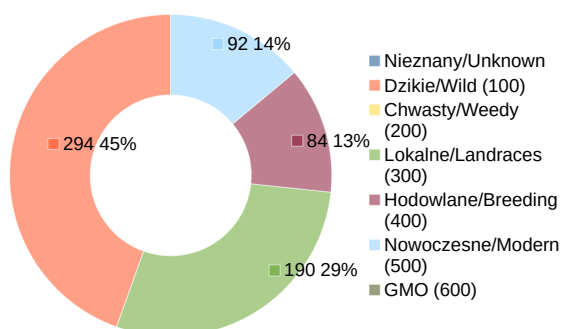
Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki Genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Afryka/ Africa	321	2	10	6	6
Ameryki/ Americas	1,732	1	20	11	7
Azja/ Asia	1,114	2	7	25	18
Europa/ Europe	4,385	1	20	45	26
Oceania/ Oceania	3	1	2	2	2
Regionalne/ Regional	196	1	1	1	-
Międzynarodowe/ International	20	1	1	1	-
RAZEM/ TOTAL	7,771	2	29	91	59



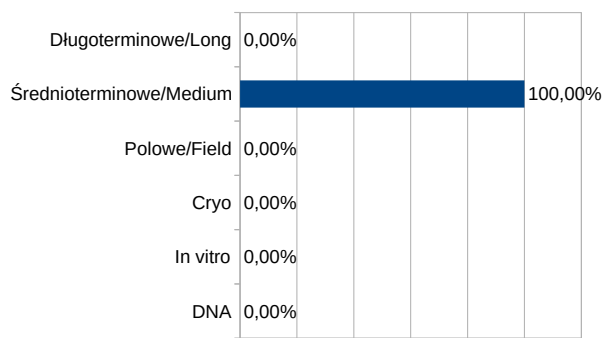
Rysunek 32: Liczba zgromadzonych na świecie zasobów genowych marchwi wg statusu prób (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 33: Struktura zgromadzonych na świecie zasobów genowych marchwi wg sposobu przechowywania (FAO WIEWS, 2021)



Rysunek 34: Liczba zgromadzonych w Polsce zasobów genowych marchwi wg statusu prób (INHORT 2021)



Rysunek 35: Struktura zgromadzonych w Polsce zasobów genowych marchwi wg sposobu przechowywania (INHORT 2021)

Wśród 660 obiektów zgromadzonych przez Instytut Ogrodnictwa – PIB 652 są zdeponowane w przechowalni długoterminowej IHAR-PIB. Gatunki dzikie podobnie jak w kolekcjach światowych ex situ dominują i stanowią 45% ogólnej liczby obiektów. Odmiany lokalne stanowią 29%,

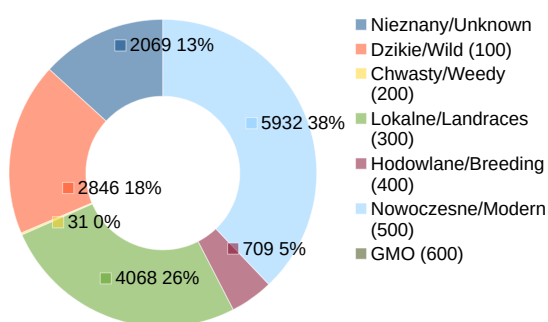
odmiany nowoczesne 14% a materiały hodowlane 13% ogólnej liczby zgromadzonych obiektów (Rys. 35). Z całkowitej liczby zebranych obiektów 561 zostało zebranych przez IO – PIB a 99 przez IHAR – PIB. Wszystkie obiekty znajdują się w przechowywaniu średnioterminowym (Rys. 35).

2.1.9 Sałata

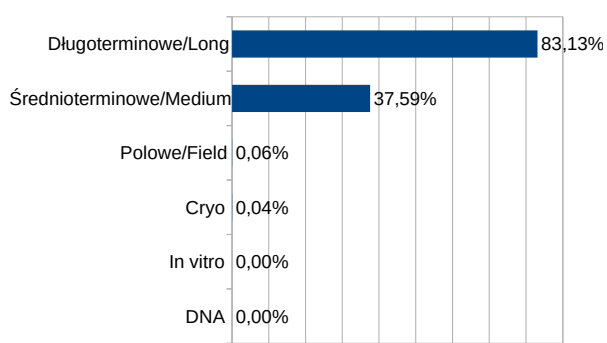
W światowych kolekcjach zasobów genowych *ex situ* wg WIEWS zgromadzonych jest 16 655 obiektów sałaty. Zasoby zgromadzone w Europie stanowią blisko 72,3% wszystkich obiektów i wynoszą 11 314 obiektów. W zasobach tego gatunku, podobnie jak w przypadku marchwi dużą część (18%) stanowią gatunki dzikie. Dominują odmiany nowoczesne, których zgromadzono 38%, odmiany lokalne stanowią 26% a 13% obiektów ma nieznany status (Rys. 36). Materiały hodowlane sałaty stanowią 5%. Nasiona 83,13% obiektów są przechowywane długoterminowo a 37,59% jest przechowywanych średnioterminowo (Rys. 37).

Tabela 16. Liczba obiektów sałaty zgromadzonych w światowych kolekcjach *ex situ* (FAO, 2021c)

Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Afryka/ Africa	61	1	3	5	5
Ameryki/ Americas	2,970	1	12	9	7
Azja/ Asia	1,081	1	8	18	16
Europa/ Europe	11,314	1	13	45	26
Oceania/ Oceania	2	1	1	1	1
Regionalne/ Regional	160	1	2	1	-
Międzynarodowe/ International	67	1	1	2	-
RAZEM/ TOTAL	15,655	1	13	81	55

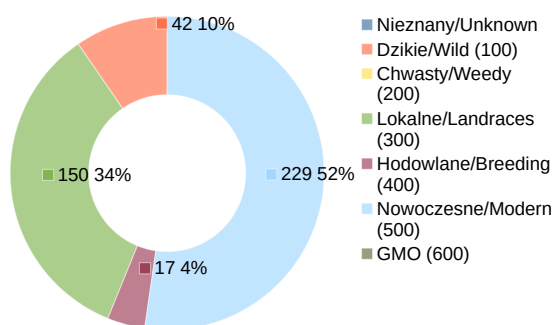


Rysunek 36: Liczba zgromadzonych na świecie zasobów genowych sałaty wg statusu prób (FAO WIEWS 2021)

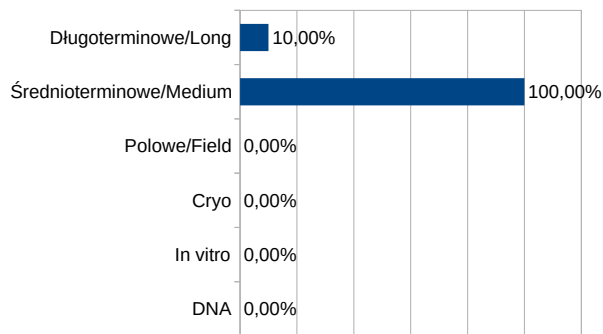


Rysunek 37: Struktura zgromadzonych na świecie zasobów genowych sałaty wg sposobu przechowywania (FAO WIEWS 2021)

Z liczby 438 obiektów zgromadzonych przez Instytut Ogrodnictwa-PIB, 415 jest zdeponowanych w przechowalni długoterminowej IHAR-PIB. Odmiany nowoczesne stanowią 52% ogólnej liczby zgromadzonych obiektów, odmiany lokalne 34% natomiast gatunki dzikie 10%. Materiały hodowlane stanowią 4% wszystkich obiektów (Rys. 38). Wśród nich 413 obiektów zostało zebrane przez IO – PIB a 25 przez IHAR – PIB. Wszystkie obiekty są przechowywane średnioterminowo, natomiast 10% obiektów jest przechowywanych długoterminowo w kolekcji bazowej (Rys. 39).



Rysunek 38: Liczba zgromadzonych w Polsce zasobów genowych sałaty wg statusu prób (INHORT 2021)



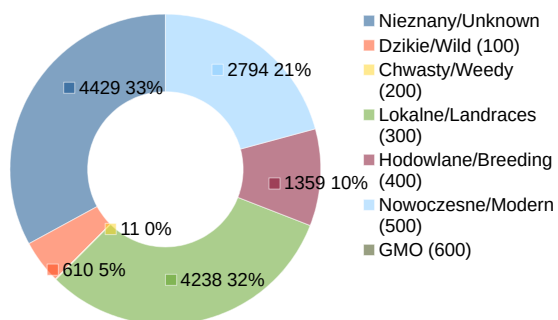
Rysunek 39: Struktura zgromadzonych w Polsce zasobów genowych sałaty wg sposobu przechowywania (INHORT 2021)

2.1.10 Cebula

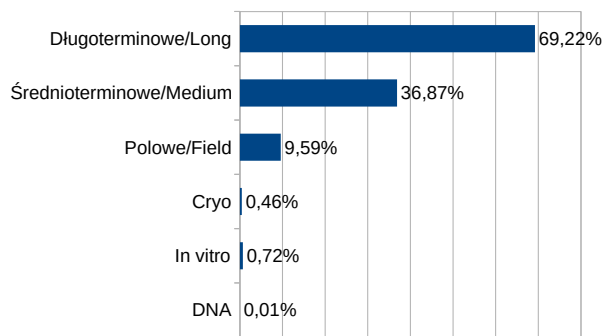
Na 13 441 obiektów zgromadzonych *ex situ* w światowych kolekcjach cebuli, 55% – 7 392 z nich znajduje się w Europie (Tab. 17). W kolekcjach zlokalizowanych w Azji znajduje się 2 719 obiektów a w obu Amerykach 2 340. Obiekty o nieznanym statusie stanowią 33% a odmiany lokalne 32%. Odmiany nowoczesne stanowią 21% a materiały hodowlane 10% ogólnej liczby zgromadzonych obiektów (Rys. 40). Długoterminowo jest przechowywanych 69,22% obiektów, średnioterminowo – 36,87%, w kolekcjach polowych – 9,59%, in vitro – 0,72% i krio – 0,46% (Rys. 41).

Tabela 17. Liczba obiektów cebuli zgromadzonych w światowych kolekcjach *ex situ* (FAO, 2021c)

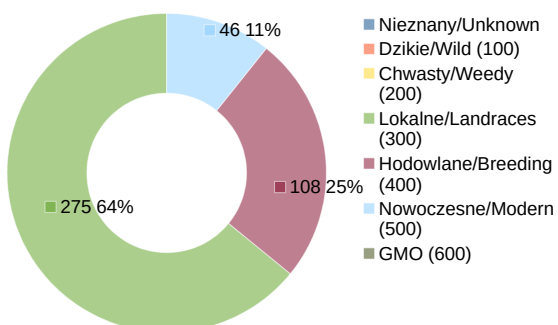
Regiony/ Regions	Obiekty/ Accessions	Rodzaje/ Genera	Gatunki/ Species	Banki genów/ Gene Banks	Kraje/ Countries
Afryka/ Africa	171	1	2	12	12
Ameryki/ Americas	2,340	1	15	17	11
Azja/ Asia	2,719	1	34	26	18
Europa/ Europe	7,392	1	26	80	30
Oceania/ Oceania	40	1	4	1	1
Regionalne/ Regional	265	1	4	2	-
Międzynarodowe/ International	514	1	3	2	-
TOTAL	13,441	1	36	140	72



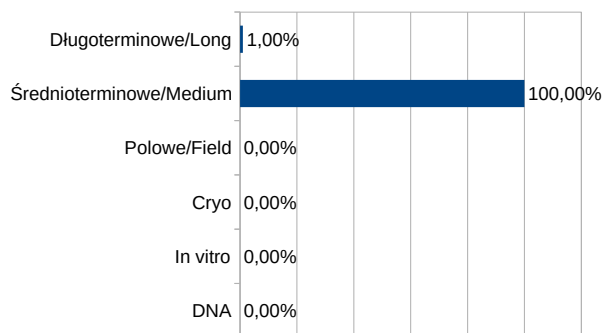
Rysunek 40: Liczba zgromadzonych na świecie zasobów genowych cebuli wg statusu prób (FAO WIEWS 2021)



Rysunek 41: Struktura zgromadzonych na świecie zasobów genowych cebuli wg sposobu przechowywania (FAO WIEWS 2021)



Rysunek 42: Liczba zgromadzonych w Polsce zasobów genowych cebuli wg statusu prób (INHORT 2021)



Rysunek 43: Struktura zgromadzonych w Polsce zasobów genowych cebuli wg sposobu przechowywania (INHORT 2021)

W kolekcji cebuli zgromadzonej przez Instytut Ogrodnictwa – PIB liczącej 429 obiektów 64% stanowią odmiany lokalne, 25% materiały hodowlane i 11% odmiany nowoczesne (Rys. 42). Spośród nich 370 obiektów zostało zebranych przez IO – PIB a 59 przez IHAR – PIB. Wszystkie obiekty znajdują się w przechowywaniu średnioterminowym a 1% jest przechowywany długoterminowo w kolekcji bazowej (Rys. 43).

3 Regulacje prawne

Dostęp do zasobów genowych na świecie oraz sprawiedliwy podział korzyści wynikający z użytkowania tych zasobów i tradycyjnej wiedzy z nimi związanych w ciągu ostatnich trzydziestu lat stał się przedmiotem regulacji prawnych w tym zakresie. Określają one zasady udostępniania zasobów genowych, w tym zarówno prawa jak i obowiązki dawcy zasobów genowych oraz odbiorców tych materiałów.

3.1.1 Konwencja o Różnorodności Biologicznej³.

Konwencja o Różnorodności Biologicznej sporządzona w Rio de Janeiro dnia 5 czerwca 1992 r. stwierdza, że ochrona różnorodności biologicznej jest wspólną sprawą ludzkości, oraz że państwa mają suwerenne prawa do własnych zasobów biologicznych. Wynika z niej, że to na państwach ciąży obowiązek ochrony swojej różnorodności biologicznej oraz za zrównoważone użytkowanie własnych zasobów biologicznych.

Konwencja uznała zależność od zasobów biologicznych wielu społeczności lokalnych prowadzących tradycyjny tryb życia. W związku z tym uznała, że istnieje potrzeba sprawiedliwego podziału korzyści wynikających z wykorzystania tradycyjnej wiedzy związanej z ochroną różnorodności biologicznej oraz jej zrównoważonego użytkowania. Konwencja stworzyła podstawy do wprowadzenia mechanizmów sprawiedliwego dostępu do zasobów genetycznych i tradycyjnej wiedzy z nimi związanej oraz sprawiedliwego podziału korzyści wynikających z ich użytkowania.

3.1.2 Międzynarodowy Traktat o Zasobach Genetycznych dla Wyżywienia i Rolnictwa⁴.

Celami Międzynarodowego Traktatu o Roślinnych Zasobach Genetycznych dla Wyżywienia i Rolnictwa są ochrona i zrównoważone użytkowanie zasobów genetycznych roślin oraz sprawiedliwy i równoprawny podział korzyści wynikający z ich użytkowania. Cele te mają być realizowane zgodnie z Konwencją o różnorodności biologicznej, na rzecz zrównoważonego rolnictwa i bezpieczeństwa żywnościowego.

Podstawą realizacji niniejszych celów jest ustanowienie bliskiej więzi tego traktatu z Organizacją Narodów Zjednoczonych ds. Wyżywienia i Rolnictwa oraz Konwencją o różnorodności biologicznej.

Postanowienia traktatu wprowadzają w życie założenia równego i ułatwionego dostępu do zasobów genetycznych dla wyżywienia i rolnictwa oraz sprawiedliwy podział korzyści poprzez wdrożenie Wielostronnego systemu dostępu i podziału korzyści (Multilateral System of Access and Benefit-sharing – MLS).

3.1.2.1 Udostępnianie materiałów obligatoryjnie objętych systemem MLS (znajdujących się w Aneksie I do traktatu):

Udostępnianie materiałów z kolekcji zasobów genowych przeznaczonych dla celów naukowych, hodowli roślin oraz edukacyjnych odbywa się na zasadach określonych przez dokument standardowego porozumienia o transferze materiałów genetycznych – sMTA (Standard Material

³ Dz. U. z dnia 6 listopada 2002 r.

⁴ Dz. U. z dnia 6 września 2006 r.

Transfer Agreement) i dotyczy kolekcji utrzymywanych przez państwa sygnatariuszy Międzynarodowego Traktatu o Zasobach Genowych dla Wyżywienia i Rolnictwa (ITPGRFA). Umowa ta (sMTA) określa zakres praw i obowiązków obu stron – Dawcy i Odbiorcy materiału genetycznego.

Włączenie posiadanych w kolekcji zasobów genowych do wielostronnego systemu dostępu i podziału korzyści (MLS – multilateral system acces and benefit sharing) wymaga określenia statusu prawnego posiadanych materiałów.

- W pierwszej kolejności należy wyodrębnić materiały objętym Aneksiem I do ITPGRFA. Gatunki ujęte w Aneksie I do traktatu, a znajdujące się w kolekcjach zarządzanych przez państwo obligatoryjnie są włączone do MLS. Jest to podstawowy ale nie jedyny warunek włączenia genotypów do systemu MLS.
- Kolejnym warunkiem jest legalność pozyskania materiałów do kolekcji. Niezbędna jest weryfikacja czy istnieją dokumenty świadczące o legalnym pozyskaniu do kolekcji obiektów pochodzenia zagranicznego (Material Transfer Agreement, Acquisition Material Agreement itp.).
- Konieczne jest również zidentyfikowanie przez kuratorów/ opiekunów kolekcji obiektów w poszczególnych kolekcjach należących do domeny publicznej – oznaczenie i wyłączenie z Wielostronnego Systemu odmian podlegających polskiemu lub unijnemu wyłącznemu prawu do odmiany (Ustawa o ochronie prawnej odmian roślin - Dz. U. Nr 137 poz. 1300) – odmiany obciążone prawami osób trzecich (np. wyłączne prawo do odmiany lub patent roślinny) nie mogą być włączone do systemu MLS.
- Należy wyodrębnić materiały pozyskane przed 30 grudnia 1993 r – przed wejściem w życie Konwencji o Bioróżnorodności – w stosunku do tych materiałów nie wymaga się dokumentów legalności pozyskania o ile pochodzą z krajów sygnatariuszy Międzynarodowego Traktatu o Zasobach Genowych dla Wyżywienia i Rolnictwa (ITPGRFA).
- Wyodrębnienie materiałów roślin dostępnych w handlu – zasoby genetyczne odmian znajdujących się w handlu również nie podlegają systemowi MLS.

3.1.2.2 *Udostępnianie materiałów spoza Aneksu I*

Udostępnianie materiałów genetycznych spoza Aneksu I do ITPGRFA pozostawione zostało do suwerennej decyzji krajów – właścicieli tych materiałów. Polska nie ogranicza dostępu do własnych zasobów genetycznych. Udostępnianie zasobów genetycznych roślin uprawnych będących w gestii kolekcji finansowanych przez państwo i utrzymywanych przez instytucje państwowe, a nie objętych Aneksiem I do traktatu, zgodnie z wytycznymi MRiRW powinno mieć miejsce również na zasadach określonych przez system wielostronny (MLS) po podpisaniu standardowego porozumienia o transferze materiału (sMTA).

Udostępnianie materiałów genetycznych z banków genów dla rolników, ogrodników i hobbystów w celach innych niż zapisane w traktacie powinno odbywać się na podstawie „Porozumienia o transferze materiału dla celów niekomercyjnych” zaakceptowanego przez MRiRW, które jest stosowane przez Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – PIB oraz Instytut Ogrodnictwa – PIB. W porozumieniu tym, które ma charakter oświadczenia określony jest zakres w jakim materiał genetyczny może być wykorzystywany przez odbiorcę.

3.1.3 Krajowe regulacje prawne

Gromadzenie i udostępnianie zasobów genetycznych roślin powinno uwzględniać krajowe prawodawstwo w zakresie prawnej ochrony odmian i przepisów o nasiennictwie:

- Ustawa z dnia 26 czerwca 2003 r. o ochronie prawnej odmian roślin⁵
- USTAWA z dnia 9 listopada 2012 r. o nasiennictwie⁶
- Rozporządzenie Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 22 kwietnia 2013 r. w sprawie jednostek odpowiedzialnych za genetyczne zasoby roślin⁷

3.1.4 Prawa i obowiązki użytkowników materiału genetycznego

Poza systemem wielostronnym dostępu do zasobów genowych i podziału korzyści, który dotyczy zasobów genowych dla wyżywienia i rolnictwa, wykorzystanie zasobów genetycznych do innych celów niż te określone w traktacie o zasobach genetycznych roślin dla wyżywienia i rolnictwa, obowiązki odbiorców zasobów genowych i prawa ich właścicieli – suwerennych państw określa Protokół z Nagoi. Protokół ten jest traktatem międzynarodowym przyjętym w dniu 29 października 2010 r. przez strony Konwencji o różnorodności biologicznej.

Na obszarze Wspólnoty Europejskiej postanowienia Protokołu z Nagoi wdrażają następujące akty prawne:

- Rozporządzenie Parlamentu Europejskiego i Rady UE Nr 511/2014 z dnia 16 kwietnia 2014 r.
- Rozporządzenie wykonawcze KE nr 2015/1866 z dnia 13 października 2015r.;
- Natomiast w zakresie prawa krajowego wdrożenie Protokołu z Nagoi reguluje USTAWA z dnia 19 lipca 2016 r o dostępie do zasobów genetycznych i podziale korzyści z ich wykorzystania (Dz. U. z dnia 26 sierpnia 2016 r.)

Protokół z Nagoi ustanawia obowiązek promowania i propagowania badań związanych z różnorodnością biologiczną, w szczególności badań dla celów niekomercyjnych. W celu zapewnienia skutecznego wdrożenia Protokołu z Nagoi wszyscy użytkownicy zasobów genetycznych i tradycyjnej wiedzy związanej z zasobami genetycznymi powinni z należytą starannością upewnić się, czy zasoby genetyczne i związaną z nimi tradycyjną wiedzę pozyskali zgodnie z mającymi zastosowanie wymogami prawa lub przepisami oraz by – w odpowiednich przypadkach – korzyści były dzielone uczciwie i sprawiedliwie. W związku z tym właściwe organy krajowe powinny przyjmować uznane na szczeblu międzynarodowym świadectwa zgodności jako dowód na to, że objęte nimi zasoby genetyczne udostępniono legalnie i że ustalono wzajemnie uzgodnione warunki w odniesieniu do danego użytkownika oraz określono w tych warunkach zakres wykorzystania zasobów.

3.1.4.1 Kontrola użytkowników zasobów genetycznych

Wszyscy beneficjenci korzystający z zasobów genetycznych, przede wszystkim instytucje naukowe, hodowlane, edukacyjne a także beneficjenci realizujący projekty, w których wykorzystywane są zasoby genetyczne zobligowani są do przestrzegania przepisów w tym zakresie. Podmiotami odpowiedzialnymi za kontrole wykorzystania zasobów genetycznych są Wojewódzkie Inspektoraty Ochrony Środowiska, które działają na podstawie Rozporządzenia Ministra Środowiska z dnia 16 stycznia 2018r. w sprawie szczegółowego zakresu kontroli użytkowników. Kontrole te dotyczą wykorzystania zasobów genetycznych i związanej z nimi tradycyjnej wiedzy:

5 Dz. U. Nr 137 poz. 1300

6 Dz. U. z 2012 r., poz. 1512

7 Dz. U. 2013 poz. 506

- Pozyskanych spoza Rzeczypospolitej Polskiej, z krajów będących stroną Protokołu z Nagoi, które regulują dostęp do swoich zasobów genetycznych i mają legislację krajową w tym zakresie.
- Materiałów pozyskanych po dniu 12 października 2014r w celu prowadzenia prac badawczo-rozwojowych.

Zakresem przedmiotowym stosowania rozporządzenia UE Nr 511/2014 są:

- Zasoby genetyczne – żywe mikroorganizmy, materiał roślinny, zwierzęcy, mikrobiologiczny lub innego pochodzenia zawierający funkcjonalne jednostki dziedziczności oraz ich pochodne np. enzymy lub inne białka, metabolity, lipidy, flawonoidy, olejki eteryczne (naturalnie występujące związki chemiczne otrzymane na skutek ekspresji genów lub metabolity zasobów biologicznych lub genetycznych) – ale tylko i wyłącznie jeśli dostęp do pochodnej jest połączony z dostępem do zasobów genetycznych.
- Dostęp do zasobów genetycznych nastąpił po 12.10.2014r.
- Zasoby genetyczne zostały wykorzystane do prowadzenia prac badawczo-rozwojowych nad ich genetycznym lub biochemicznym składem także przez zastosowanie biotechnologii.
- Przedmiotem rozporządzenia jest również tradycyjna wiedza związana z zasobami genetycznymi obejmuje również innowacje i praktyki stosowane przez społeczności tubylcze i lokalne prowadzące tradycyjny tryb życia przyjazny dla bioróżnorodności i która może przyczyniać się do naukowego odkrycia nowych właściwości zasobów genowych – opisana w zawartym kontrakcie MAT.

Regulacje te nie dotyczą zasobów genowych objętych odrębnymi regulacjami międzynarodowymi, zgodnymi z celami Protokołu z Nagoi (np. ITPGRFA).

Użytkownik ma obowiązek wykazania należytej staranności w zakresie pozyskania zasobów genowych i tradycyjnej wiedzy:

- Powinny być one pozyskane legalnie zgodnie z prawem kraju – dawcy.
- Przekazywanie i wykorzystywanie zasobów genowych powinno być zgodnie z dokumentami pozyskania tych materiałów
- Zgromadzone dokumenty powinny być przechowywane przez 20 lat
- Dalszym użytkownikom powinny być przekazane międzynarodowe świadectwo zgodności (IRCC) oraz informacje dotyczące pozyskania zasobów genowych i tradycyjnej wiedzy.
- Jeżeli użytkownik nie posiada powyższych informacji i nie można udowodnić, że dostęp był zgodny z prawem powinien odstąpić od ich wykorzystywania i udostępniania.
- Na etapie badań naukowych użytkownik ma obowiązek złożenia oświadczenia o dopełnieniu należytej staranności przy staraniu się o środki na badania
- Na końcowym etapie opracowania produktu użytkownik ma obowiązek złożenia oświadczenia o dopełnieniu należytej staranności oraz wymaganych informacji o użytkowanych zasobów genetycznych i tradycyjnej wiedzy, a na żądanie także dowodów.

W niniejszym rozdziale przedstawione zostały podstawowe wymagania dotyczące gromadzenia, udostępniania i użytkowania materiału genetycznego w świetle obowiązujących regulacji prawnych. Bardziej szczegółowe dane oraz analizę potencjalnych konsekwencji wdrożenia Protokołu z Nagoi można znaleźć na stronie <http://biodiv.gdos.gov.pl/protokol-z-nagoi/ekspertyzy> oraz w ekspertyzie dotyczącej konsekwencji wdrożenia Protokołu z Nagoi na wykorzystanie zasobów genowych roślin uprawnych w rolnictwie i ogrodnictwie (Podyma 2014).

4 Zarządzanie nasionami w banku genów

4.1 Rodzaje prób

Celem funkcjonowania banku genów jest zachowanie w stanie żywym materiałów genetycznych reprezentujących bioróżnorodność zarówno międzygatunkową jak i wewnątrzgatunkową. Około 90 % zasobów genowych na świecie przechowywanych jest długoterminowo w formie nasion. Takiej formie przechowywania mogą być poddane nasiona typowe (ang. orthodox), które mogą być poddane desykcji do zawartości wody rzędu 3-7% i następnie przechowywane w temperaturze ujemnej. Zalecana przez standardy FAO temperatura to $-18\pm 3^{\circ}\text{C}$. Wyliczenia teoretyczne prezentowane przez niektórych autorów (Ellis i Roberts 1980) wskazują na możliwość przechowywania nasion typowych przez okres ponad tysiąca lat, w zależności od ich składu chemicznego. Dotychczasowe doświadczenia wskazują, że w warunkach rekomendowanych przez FAO, nasiona mogą być przechowywane od 150 do kilkuset lat (Hay i Whitehouse 2017; Whitehouse i wsp. 2020). Jest jednak szereg warunków, których spełnienie jest wymagane, aby osiągnąć ten cel. Techniczne i teoretyczne możliwości przechowywania nasion, nakładają na personel banku genów wymóg szczególnej staranności we właściwym doborze materiałów do przechowywania, ich przygotowaniu i dalszym zarządzaniu.

Przechowywane materiały genetyczne powinny być zarządzane w oparciu o tzw. najbardziej oryginalną próbę – MOS (most original sample – Engels i Visser 2003; FAO, 2014). Jest to próba reprezentująca oryginalną populację – może być częścią oryginalnej próby nasion. Jeżeli oryginalna próba wymaga regeneracji, może to być próba nasion z pierwszej regeneracji. Próbką MOS musi być przygotowana i przechowywana z zachowaniem najwyższych standardów, w optymalnych warunkach do długoterminowego przechowywania. W oparciu o najbardziej oryginalne próby tworzone są kolekcje materiałów genetycznych o różnym przeznaczeniu.

- Kolekcja bazowa (-20°C) – jest przeznaczona do długoterminowego przechowywania nasion w celu zachowania informacji genetycznej. Jest to zestaw obiektów:
 - Charakteryzujących się odrębnością,
 - Integralnych genetycznie z oryginalną próbą,
 - Przechowywanych długoterminowo,
 - Niedostępnych do dystrybucji.
- Kolekcja aktywna ($0-5^{\circ}\text{C}$) – ma na celu udostępnianie zasobów genetycznych do celów naukowych, hodowlanych, edukacyjnych.
- Kolekcja duplikatów bezpieczeństwa – materiały genetyczne z innych banków zdeponowane w celu zabezpieczenia kolekcji tych banków.
- Kolekcje zarchiwizowane – depozyty lub obiekty nie zarządzane aktywnie.

Struktura kolekcji w oparciu o próbę MOS.

Minimalna wielkość próbki bazowej powinna wynosić co najmniej 500-3000 nasion, najlepiej jeżeli jest utworzona z pierwotnej próby MOS, w tym:

- 200-900 nasion przeznaczonych do regeneracji – ilość ta powinna pozwolić na co najmniej trzykrotną regenerację
- 150-500 nasion do testów kiełkowania (5 x 30-100 nasion)
- 100-600 nasion do rozmnożenia kolekcji aktywnej
- Dwa duplikaty bezpieczeństwa (50-500 nasion najlepiej, jeżeli zostały utworzone z wtórnej próby MOS)
- Próba aktywna (100-2000 nasion) zawiera nasiona przeznaczone do dystrybucji.

Podane powyżej wielkości należy traktować jako minimalne ilości, które są zależne od długowieczności nasion, współczynnika rozmnożenia roślin, sposobu ich zapylania oraz od wielkości nasion. Dla przykładu, przechowywanie stosunkowo dużych ilości nasion roślin samopylnych o wysokim współczynniku rozmnożenia i drobnych nasionach nie będzie generowało dodatkowych kosztów regeneracji i przechowywania nasion – w tym wypadku ilość nasion w próbie może znacznie przekroczyć podane minima.

4.2 Strategia zbioru materiałów i zarządzanie nimi w banku genów

Decyzje podejmowane w momencie zbioru materiałów w terenie są kluczowe dla kształtu kolekcji bazowej. Błędy popełnione na tym etapie najczęściej są nieodwracalne

W kolekcjach *ex situ* każdy klon lub genotyp może być zarządzany jako odrębna całość (obiekt). U roślin obcopylnych, jednostką która jest zarządzana w banku nasion jest populacja. Aktywne zarządzanie kolekcjami w banku genów może wymagać dzielenia lub łączenia obiektów.

4.2.1 Podział lub łączenie obiektów

Podział obiektów przeprowadza się w celu redukcji zmienności genetycznej wewnątrz obiektów i/lub w celu zachowania alleli występujących z niską częstotliwością. Zmniejszenie zmienności wewnątrz obiektów powinno istotnie ułatwić ich przechowywanie i zarządzanie nimi oraz zwiększyć ich przydatność dla użytkowników. Jeżeli dwa lub więcej obiektów są genetycznie podobne można je łączyć w celu obniżenia kosztów ich przechowywania. Celowe jest to jedynie w wypadku kolekcji aktywnej. W takiej sytuacji wskazane jest jednak pozostawienie oryginalnych obiektów w kolekcji podstawowej lub w kolekcji zarchiwizowanej.

Jeżeli oryginalna populacja składa się z materiałów genetycznych zróżnicowanych (np. różny kolor nasion) należy je rozmnażać i opisywać osobno, jednakże dla celów odtworzenia kolekcji bazowej (po regeneracji) nasiona należy połączyć w proporcji występującej w najbardziej oryginalnej próbie

4.3 Standardy i wymagania

Schemat działania banku genów powinien być zaplanowany i opisany w podręczniku operacyjnym danego banku. Wiele banków genów działa w oparciu o system zarządzania jakością oparty o normy ISO9000. W tych instytucjach wszystkie procedury są szczegółowo opisane i kontrolowane w trakcie realizacji. System zarządzania jakością ISO9000 jest wdrożony w takich instytucjach jak bank genów IPK w Gatersleben w Niemczech, w CGN w Wageningen w Holandii czy bank genów RCI w Pradze w Czechach. Ponieważ wdrożenie i stosowanie systemu zarządzania ISO jest stosunkowo drogie oraz bardzo zbiurokratyzowane, nie wszystkie instytucje macierzyste banków genów (które najczęściej są częścią instytutów, uniwersytetów lub innych instytucji) decydują się na wdrożenie tego systemu. Europejskie banki genów, które współpracują w ramach ECPGR (European Cooperative Program for Plant Genetic Resources) i tworzą wspólnie AEGIS (A European Genebank Integrated System – wirtualny europejski system banków genów) są zobligowane do wdrożenia systemu AQUAS (System Jakości AEGIS). System ten jest zbiorem polityk, procesów i procedur, stworzonym w celu zapewnienia odpowiedniej jakości działań w AEGIS. System ten w założeniach ma być zdecydowanie mniej zbiurokratyzowany, nastawiony na rozwiązania pragmatyczne (Engels i wsp. 2021). W ramach tego systemu każdy bank genów powinien opracować własny podręcznik jakości oparty o stosowane procedury i posiadane możliwości techniczne. W ramach systemu AQUAS Grupy Robocze ECPGR opracowują standardy

specyficzne dla poszczególnych grup roślin w celu uszczegółowienia standardów ogólnych (FAO, 2014) lub opisanie wyjątków od tych standardów.

4.3.1 Standardy banku genów dla nasion typowych

W celu stworzenia wspólnych wytycznych dla funkcjonowania banków genów IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute – Międzynarodowy Instytut Zasobów Genetycznych Roślin) wydał w 1994 roku Standardy dla banków genów (FAO, 1994), które zostały zaktualizowane w 2014 r (FAO, 2014). Standardy te w zakresie przechowywania nasion typowych określają szereg norm postępowania obejmujących następujące rozdziały:

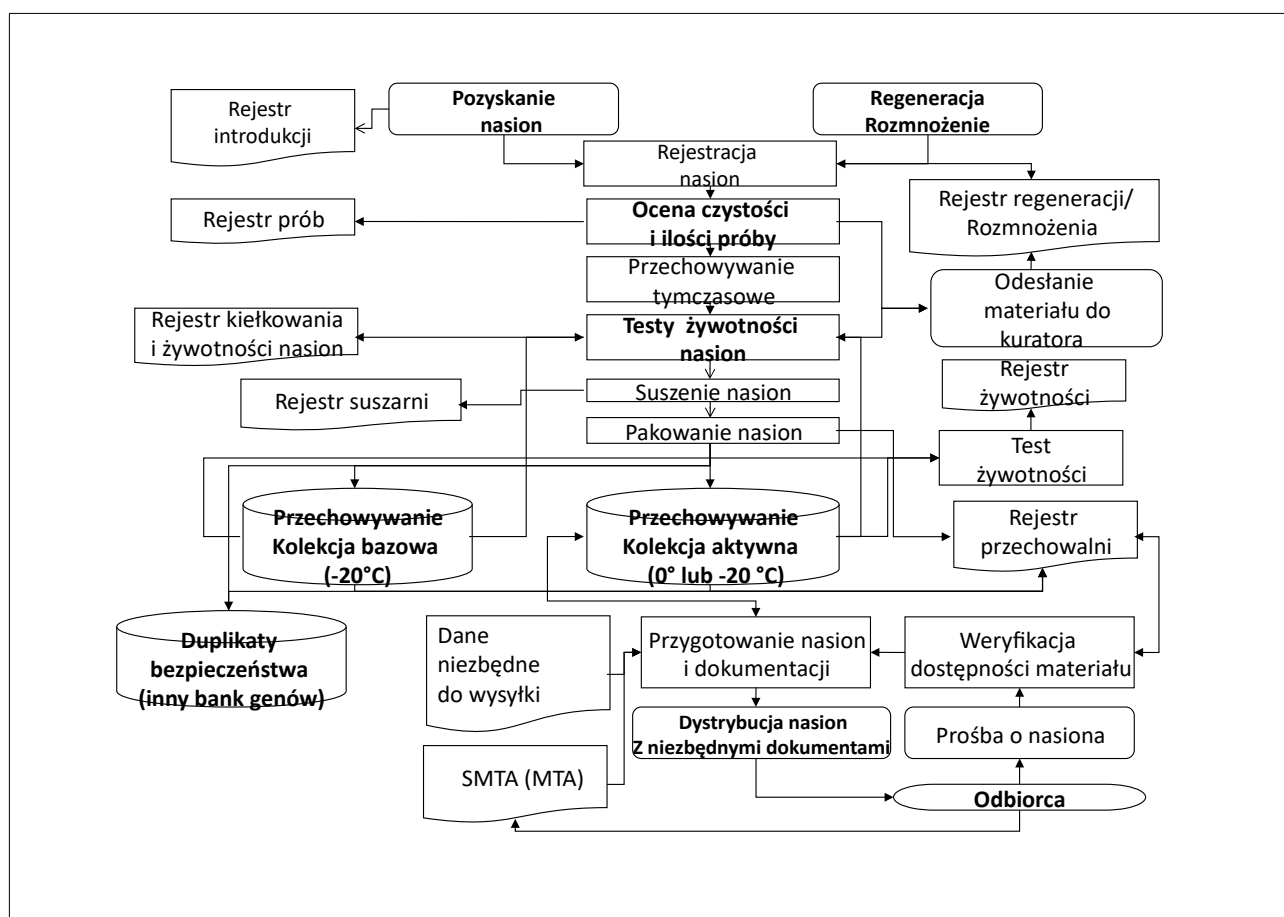
- Standardy dotyczące nabywania zasobów genowych.
- Standardy dotyczące suszenia i przechowywania nasion
- Standardy monitorowania żywotności nasion.
- Standardy regeneracji/rozmnożenia
- Standardy charakterystyki
- Standardy ewaluacji
- Standardy dotyczące dokumentacji
- Standardy dystrybucji i wymiany
- Standardy dotyczące bezpiecznych duplikatów
- Standardy bezpieczeństwa i personelu

Wspomniane wcześniej opracowywane w ramach Grup Roboczych ECPGR (ECPGR WG) standardy specyficzne dla poszczególnych grup roślin odnoszą się szczegółowo do zawartych w standardach FAO rozdziałów. Dotychczas Grupy Robocze ECPGR w zakresie przechowywania nasion typowych opracowały standardy specyficzne dla następujących grup warzyw:

- Warzywa baldaszkowe (Maggioni i wsp. 2014)
- Burak (ECPGR, 2016).
- Warzywa dyniowate (ECPGR, 2015)
- Warzywa liściowe (Maggioni i wsp. 2014a; ECPGR, 2016a.)
- Warzywa psiankowate – (ECPGR, 2016b)

Nasiona pozyskane do banku genów poddane są ocenie formalnej pod względem prawidłowości pozyskania, a następnie ocenie ilościowej i jakościowej. Nasiona spełniające wymagane kryteria są suszone w celu osiągnięcia odpowiedniej wilgotności do długoterminowego przechowywania. Po osiągnięciu właściwej wilgotności (ok. 3-7% zawartości wody, w zależności od gatunku) całość nasion danego obiektu powinna być podzielona na próby przeznaczone do poszczególnych kolekcji (aktywna, bazowa i duplikaty bezpieczeństwa). Wszystkie próby powinny być zapakowane osobno, gdyż najczęściej są one przeznaczone do różnych lokalizacji, lub wyjmowane z przechowalni wg różnych harmonogramów, w zależności od potrzeb. Na każdym etapie uzupełnianie powinny być towarzyszące konkretnym procedurom rejestry w systemie dokumentacji. Wdrożony system dokumentacji powinien być stworzony w oparciu o zintegrowaną bazę danych pozwalającą na zarządzanie często bardzo specyficznymi informacjami oraz powinien udostępniać dane paszportowe i ewaluacyjne wg ogólnie przyjętych zasad dla zasobów genowych. Standardem w tym zakresie jest format MCPD v 2.1 (Alercia i wsp. 2015)

Całość procedur związanych z zarządzaniem kolekcjami nasion w banku genów przedstawiono schematycznie na rysunku 80.



4.3.2 Przyjęcie nasion

USTAWA z dnia 9 listopada 2012 r. o nasiennictwie⁸

Rozporządzenie Rady Ministrów z dnia 18 grudnia 2020 r. w sprawie nadania Instytutowi Ogrodnictwa w Skierniewicach statusu państwowego instytutu badawczego¹⁰.

8 Dz. U. z 2012 r., poz. 1512

Instytucją koordynującą ochronę zasobów genetycznych roślin uprawnych w Polsce jest Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, w którym w roku 1979 na podstawie porozumienia międzyresortowego powstał Zakład Krajowych Zasobów Genowych (obecnie Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych - KCRZG) oraz Program Ochrony Zasobów Genowych Roślin Użytkowych (Podyma 2014). KCRZG prowadzi przechowalnię długoterminową, gdzie gromadzi zasoby własne oraz m. in. depozyty nasion Instytutu Ogrodnictwa – PIB oraz centralną bazę danych o zasobach genowych roślin uprawnych.

Szczegółowe procedury przyjęcia nasion do banku genów zależą zarówno od rodzaju nasion (gatunku) jak i sposobu ich pozyskania. Podstawową formą pozyskania nasion odmian uprawnych lub materiałów hodowlanych jest otrzymanie ich próbek z firm nasiennych. Tego rodzaju materiały charakteryzują się wysoką jakością, najczęściej kompletem danych paszportowych i szczegółową charakterystyką. Otrzymana ilość nasion pozwala na pełne zabezpieczenie próbek (kolekcja bazowa, aktywna i duplikaty bezpieczeństwa) bez dodatkowego rozmnożenia.

Odmiany lub populacje lokalne pozyskiwane są najczęściej w wyniku ekspedycji terenowych. Nasiona są pozyskiwane na targach lub u indywidualnych rolników czy ogrodników. W tym wypadku zarówno ilość jak i jakość pozyskanych materiałów może być niewystarczająca do przechowywania w banku genów. Materiały takie powinny zostać poddane wstępnemu rozmnożeniu (zwanemu też regeneracją) w celu uzyskania wystarczającej ilości nasion o jakości pozwalającej na ich długoterminowe przechowywanie.

Nasiona roślin dzikich pokrewnych roślinom uprawnym lub czasami odmiany lub populacje lokalne roślin uprawnych mogą być zbierane bezpośrednio w terenie lub w uprawach ogrodniczych, wówczas należy pamiętać o podstawowych zasadach:

- Nasiona należy zbierać w okresie ich optymalnej dojrzałości, w dobrych warunkach pogodowych, tak aby wilgotność nasion była jak najniższa (Groot i de Groot 2008).
- Nasiona suche, bezpośrednio po zbiorze mogą mieć 20-30% zawartości wody, w związku z tym umieszczenie ich w zamkniętych pojemnikach może spowodować rozwój infekcji grzybowych i obniżenie ich jakości – należy je umieścić w papierowych torbach, najlepiej w pojemnikach z suchym żelom krzemionkowym.
- Nasiona znajdujące się w owocach (np. warzyw psiankowatych lub dyniowatych) o ile to możliwe przewożymy w owocach tak aby proces czyszczenia nasion mógł być przeprowadzony w optymalnych warunkach, a nasiona wymagające osiągnięcia optimum dojrzałości w owocach (np. dyniowate) mogą wymagać nawet kilku tygodni dojrzewania posprzętnego. Personel dokonujący zbioru powinien posiadać odpowiednią wiedzę w zakresie biologii nasion danego gatunku.
- Podczas zbioru nasion w środowisku naturalnym zebrane być powinno nie więcej niż 20% nasion z danej populacji. Aby uzyskać prawdopodobieństwo jednego zestawu alleli na poziomie 95% docelowej populacji z częstotliwością co najmniej 0,05, konieczne jest zebranie nasion z co najmniej 30 roślin obcopylnych i co najmniej z 60 roślin gatunków samopylnych (FAO, 2014).
- Docelowo, jeśli jest to możliwe, liczba zebranych nasion powinna być wystarczająca do stworzenia prób do każdego rodzaju kolekcji bez potrzeby dodatkowego rozmnożenia.

4.3.3 Czyszczenie nasion

Czyszczenie nasion jest kolejnym po zbiorze, kluczowym zabiegiem decydującym o jakości przechowywanych nasion. Podczas czyszczenia usuwane są pozostałości roślin matecznych (kwiatostanów, owocostanów i owoców) oraz niewykształcone lub uszkodzone nasiona. Dla wszystkich delikatnych nasion podstawą jest czyszczenie ręczne. Czyszczenie mechaniczne wymaga wyspecjalizowanych urządzeń, z których przed wprowadzeniem kolejnej próby powinny być usunięte pozostałości po poprzednim materiale roślinnym. Procedura czyszczenia nie powinna dopuścić do mechanicznego uszkodzenia nasion, gdyż każdy ubytek nasion może prowadzić do zawężenia zmienności genetycznej danej populacji. Czyszczenie powinno być przeprowadzone po wstępnym podsuszeniu nasion na roślinach lub w owocach/ owocostanach, gdyż pozwoli wówczas uzyskać nasiona w odpowiednim stadium dojrzałości, odporne na uszkodzenia mechaniczne i infekcje.

Pomieszczenie, w którym nasiona są czyszczone powinno odpowiednio być do tego procesu przystosowane. Układ wentylacji pomieszczenia z wyciągami powietrza zlokalizowanymi nad każdym stanowiskiem jest kluczowy dla zachowania bezpieczeństwa pracowników. System oczyszczania powietrza powinien być zabezpieczony przed możliwością wybuchu podczas automatycznego czyszczenia filtrów, jeżeli zagęszczenie pyłów może przekroczyć 20g/m^3 powietrza.

Urządzenia do czyszczenia nasion powinny umożliwić czyszczenie małych partii nasion, z możliwością dokładnego usunięcia nasion pozostałych po czyszczeniu poprzedniej próbki. Bardzo dobrze z tej funkcji wywiązują się urządzenia laboratoryjne z szerokim zakresem ustawień. W zestawie takich urządzeń powinny się znaleźć co najmniej separator powietrzny, separator sitowy oraz zestaw sit ręcznych do doczyszczenia, tryjer laboratoryjny, stół wibracyjny, a do pozyskiwania nasion z owoców dyniowatych lub psiankowatych macerator do rozdrabniania owoców i pojemniki do fermentacji pulpy i przemywania nasion.

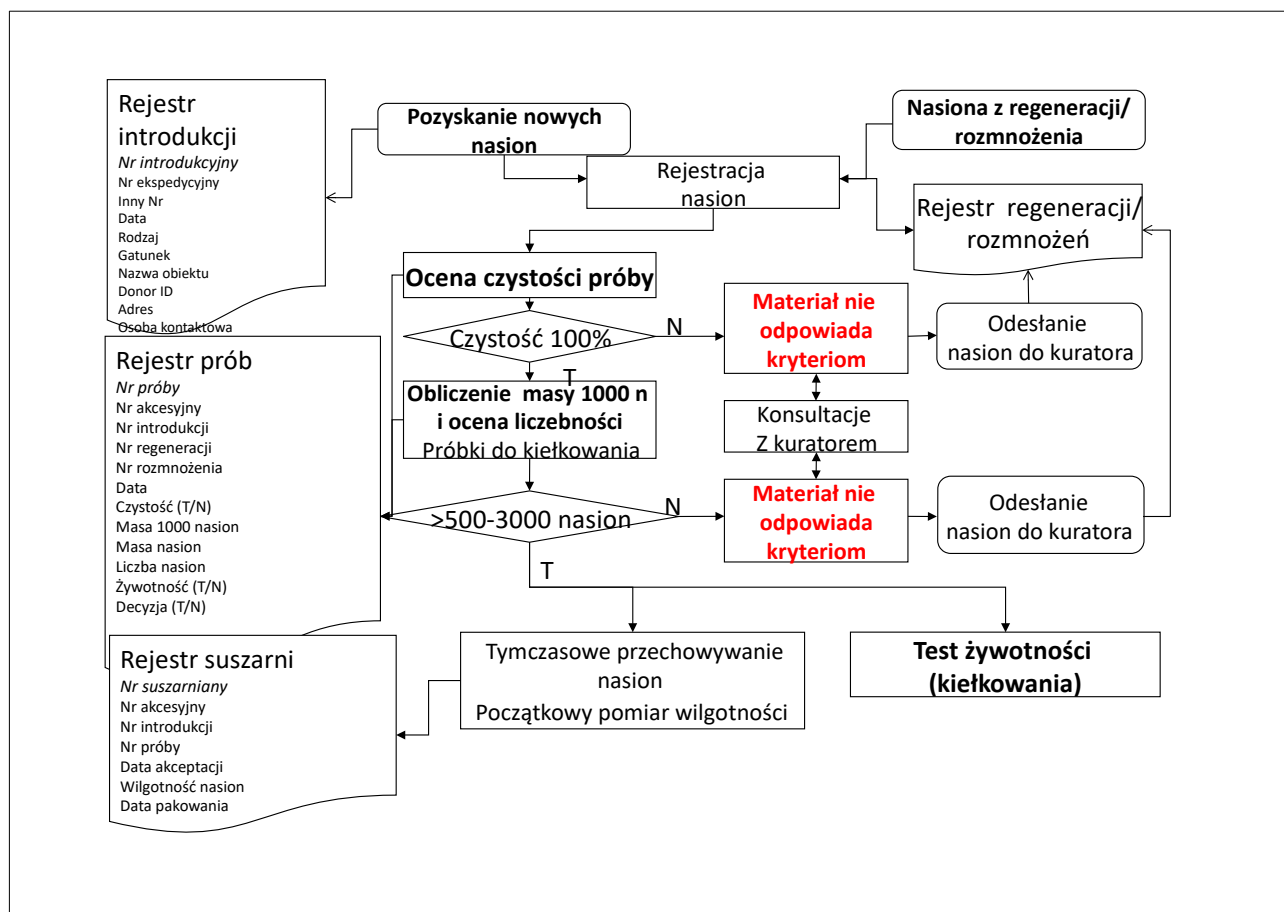
4.3.4 Ocena ilościowa

Następnym etapem jest przeprowadzenie oceny ilościowej nasion oraz oceny ich czystości i zdrowotności, których wyniki zadecydują czy zostaną poddane dalszym procedurom przygotowania do umieszczenia w kolekcji.

Praktycznie wszystkie próby nasion powinny mieć czystość 100%. Niedopuszczalne jest umieszczanie do przechowywania długoterminowego nasion zanieczyszczonych. Jeżeli jest to możliwe, nasiona powinny zostać doczyszczone ręcznie, jeżeli nie ma takiej możliwości, dalsze postępowanie powinno zostać uzgodnione z kuratorem. Podobnie, konsultacja z kuratorem powinna mieć miejsce jeżeli nie ma wystarczającej ilości nasion, których w zależności od gatunku powinno być od 500 szt. do 3 tys. w zależności od wielkości nasion, sposobu zapylenia i współczynnika rozmnażania roślin.

Jeżeli te podstawowe wymagania zostaną spełnione, wówczas oczyszczone nasiona powinny niezwłocznie zostać umieszczone w suszarni do przechowywania tymczasowego. Ten pierwszy etap suszenia powinien przebiegać w warunkach pozwalających na łagodne obniżanie wilgotności nasion, gdyż zbyt gwałtowne osuszanie nasion może prowadzić do ich uszkodzenia i zmniejszenia ich długowieczności. Optymalne warunki w pomieszczeniu do dosuszania nasion podczas przechowywania tymczasowego na tym etapie to $15\text{--}25^\circ\text{C}$ i ok. 20-30% RH. Jeżeli bank genów nie dysponuje pomieszczeniami pozwalającymi utrzymać te parametry, doskonałym i stosunkowo tanim rozwiązaniem jest stosowanie do dosuszania żelu krzemionkowego ze wskaźnikiem

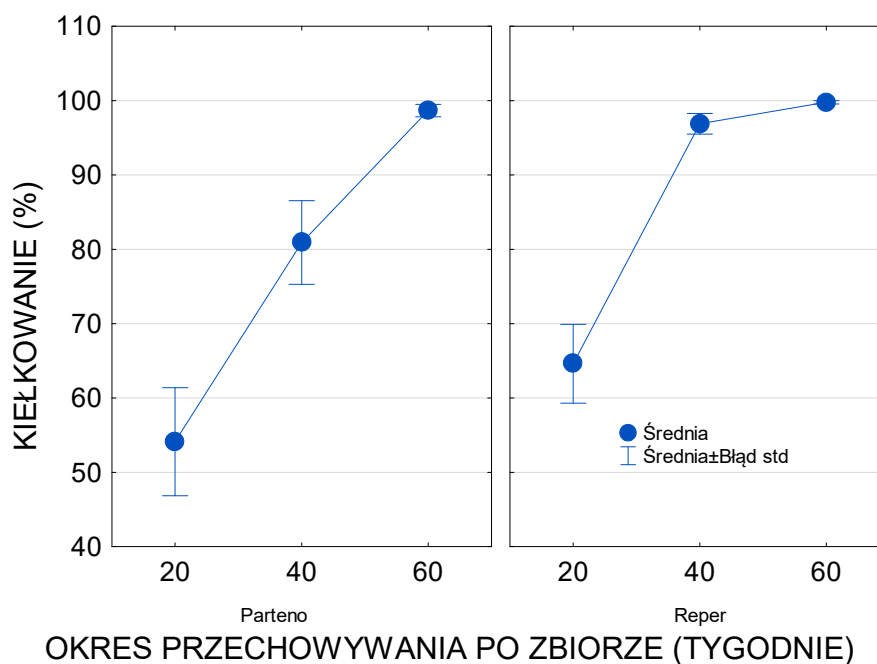
wilgotności. Obecnie dostępne są żele krzemionkowe z barwnikami organicznymi, nieszkodliwymi dla personelu pracującego z nasionami. Żel ten absorbuje wilgoć z otoczenia, zmieniając jednocześnie barwę pod wpływem absorbowanej wody. Pełni więc funkcję desykanta w wypadku nasion wilgotnych, a dodany do pojemników z nasionami o niskiej wilgotności przechowywanymi długoterminowo pełni funkcję markera sygnalizującego wzrost wilgotności w pojemniku np. na skutek jego rozszczelnienia. Schemat na rysunku 45 przedstawia zestaw procedur postępowania i powiązane z tymi procedurami rejestry dokumentacji.



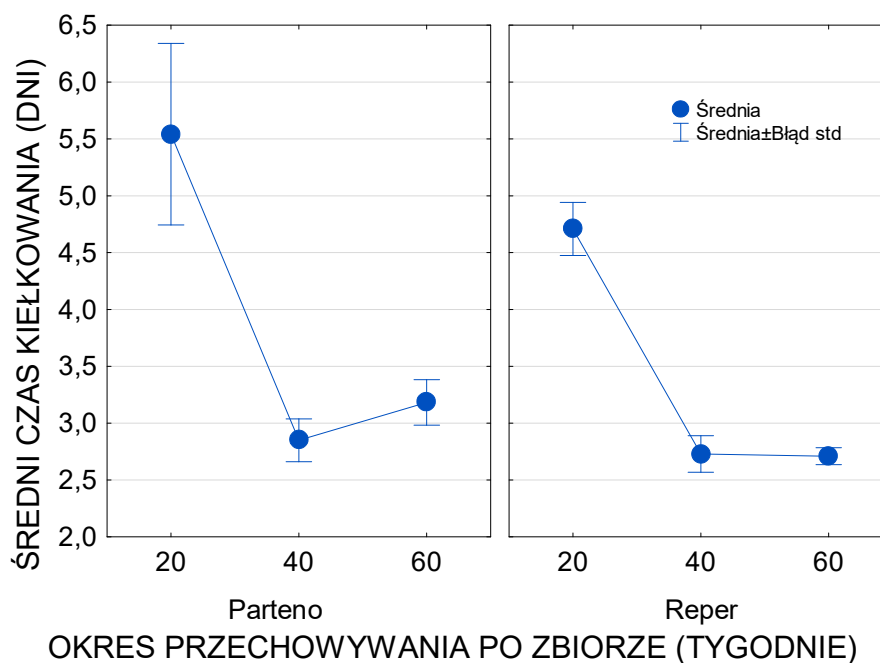
Rysunek 45: Schemat procedur przyjęcia nasion do banku genów oraz ich oceny i związanej z tymi procesami dokumentacji

4.3.5 Początkowa ocena żywotności nasion

Jeżeli materiał przeznaczony do banku genów spełnia wstępne kryteria, wówczas nasiona powinny być ocenione pod względem żywotności. Zgodnie ze standardami (FAO, 2014) test początkowy powinien być przeprowadzony po wyczyszczeniu i wysuszeniu nasion w ciągu 12 miesięcy od przyjęcia nasion do banku genów. Dla niektórych gatunków warzyw wykonanie testu kiełkowania bezpośrednio po zbiorze może dawać zniekształcone wyniki ze względu na występowanie spoczynku pierwotnego (Foley 2001; Chojnowski i Wawrzyniak 2021).



Rysunek 46: Kielkowanie nasion dwóch odmian pomidora (*Solanum lycopersicum* L.) w zależności od okresu przechowywania po zbiorze (Chojnowski i Wawrzyniak 2021)



Rysunek 47: Średni czas kielkowania nasion dwóch odmian pomidora (*Solanum lycopersicum* L.) w zależności od okresu przechowywania po zbiorze (Chojnowski i Wawrzyniak 2021)

Podstawowym testem jest ocena kielkowania, która powinna być przeprowadzona w oparciu o przepisy ISTA (ISTA, 2021). Odstępstwem w stosunku do przepisów może być ilość nasion użytych w teście, która może być zmniejszona nawet do 2 x 25 nasion lub 2 x 50 nasion. Ponieważ niektóre gatunki warzyw lub roślin dzikich wykazują pewien poziom spoczynku pierwotnego nasion, ich kielkowanie nie może być jedynym kryterium. W wypadku kielkowania nie spełniającego

minimalnych wymagań należy wykonać dodatkowe testy np. test tetrazolinowy, lub wdrożyć specyficzne dla gatunku testy przełamania spoczynku (Davies i wsp. 2015b). Test kiełkowania, zwłaszcza przeprowadzony na podłożu agarowym, pozwoli zebrać dodatkowe informacje w zakresie zdrowotności nasion.



Rysunek 48: Test kiełkowania nasion kapusty białej Stulecie Ulricha z roku zbioru 1981 wykonany na agarze. Zdjęcie wykonane w czwartym dniu kiełkowania.

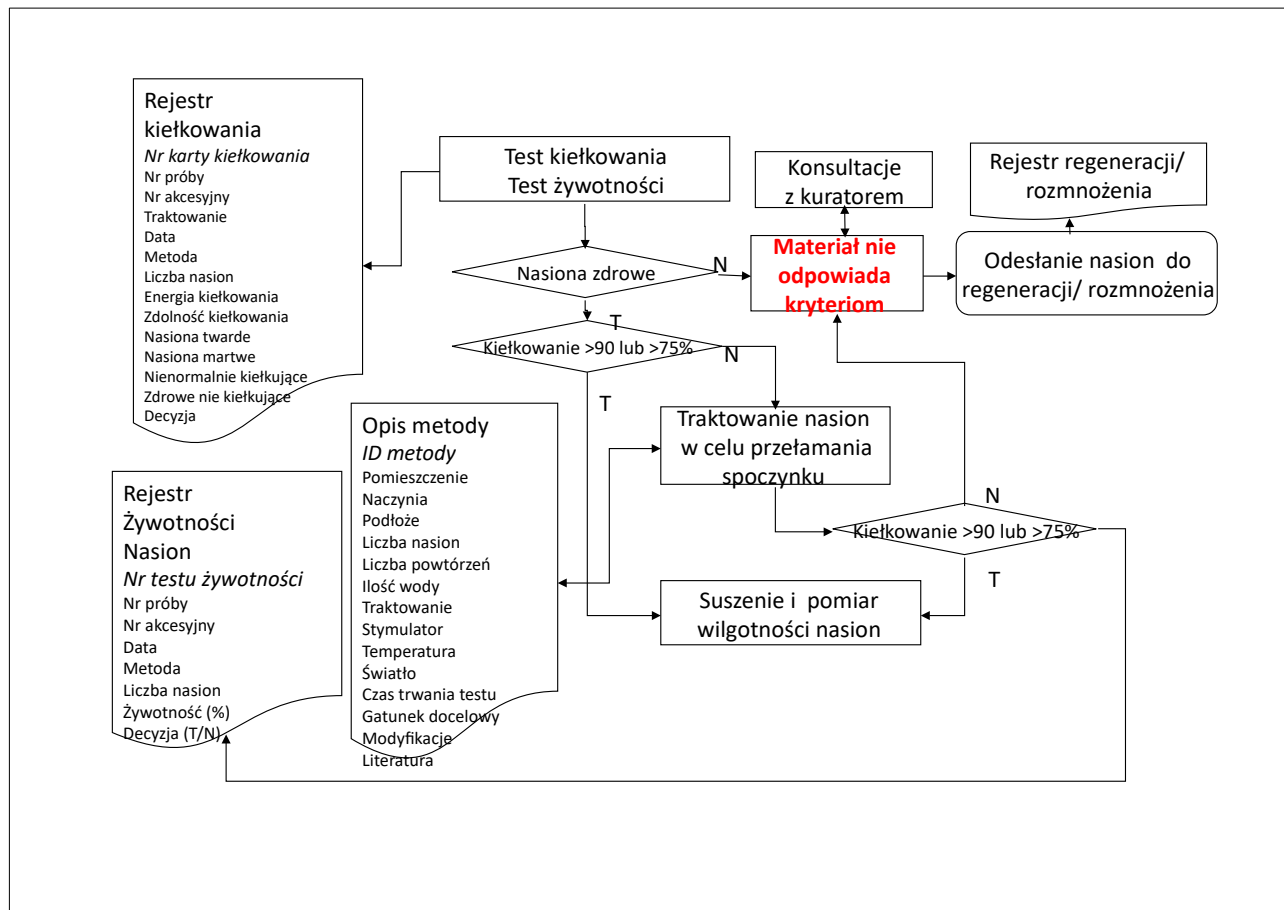
Ponieważ analizowany materiał genetyczny może być bardzo cenny, a procedury regeneracji genotypów niektórych roślin warzywnych są bardzo kosztowne, w każdym wypadku decyzja o włączeniu bądź o wykluczeniu nasion nie spełniających kryteriów stosowanych przez bank genów powinna być skonsultowana z kuratorem i podjęta w oparciu o całokształt posiadanych informacji.

Standardy dla banków genów (FAO, 2014) jako minimalną wartość kiełkowania dla przyjmowanych nasion do banku genów dla większości gatunków roślin uprawnych zalecają 85%. W wypadku gatunków leśnych lub dzikich wartość ta może być niższa. W wypadku nasion licznych genotypów warzyw, które nie wykazują spoczynku bez problemu można uzyskać nasiona o żywotności bliskiej 100%. Dla tych obiektów można przyjąć jako granicę żywotności nasion powyżej której nasiona odpowiadają wymogom długoterminowego przechowywania 90%. Dla gatunków dzikich i odmian lokalnych za tę granicę można przyjąć 75%, jednakże wszystkie obiekty o kiełkowaniu poniżej 90% powinny być indywidualnie analizowane, z uwzględnieniem zdrowotności i spoczynku nasion.

Spoczynek nasion występujących w nasionach warzyw może mieć zróżnicowany charakter. Podstawowe typy spoczynku, które mogą występować w nasionach warzyw lub gatunków dzikich pokrewnych to:

- Spoczynek fizjologiczny, który występuje w nasionach w pełni wykształconych i charakteryzuje się tym, że nasiona wchłaniają wodę, ale zarodki mają bariery natury fizjologicznej, często połączone z oddziaływaniem okryw nasiennych lub owoców. Ten rodzaj spoczynku występuje n.p. w rodzinach *Asteraceae*, *Brassicaceae*, *Cucurbitaceae* czy *Solanaceae* (Foley 2001; Kildischeva i wsp. 2020).

- Spoczynek fizyczny występuje, gdy okrywy nasienne stanowią barierę dla wody i nasiona nie pęcznieją (tzw. nasiona twarde) – wśród warzyw są to rodziny *Cucurbitaceae* i *Fabaceae*.
- Spoczynek morfologiczny – występuje w nasionach, które nie mają w pełni wykształconego zarodka. Wśród warzyw są to gatunki należące do rodziny *Apiaceae*.



Rysunek 49: Schemat procedur oceny początkowej żywotności nasion i dokumentacji z nią związanej

W zależności od gatunku a nawet od genotypu spoczynek nasion może mieć charakter łączony np. morfologiczno-fizjologiczny – np. gatunki należące do rodziny *Apiaceae* czy fizyczno-fizjologiczny – występujący u gatunków z rodziny *Fabaceae* (Foley 2001; Kildischeva i wsp. 2020).

Spoczynek, który powstaje w czasie rozwoju nasion na roślinie i występuje bezpośrednio po zbiorze nazywany jest spoczynkiem pierwotnym. Spoczynek wtórny występuje gdy zostaje zaindukowany w nasionach niespoczynkowych pod wpływem czynników zewnętrznych. Banki genów gromadzące gatunki dzikie dysponują szczegółowymi procedurami kiełkowania oraz metodykami postępowania w celu określenia spoczynku nasion (Davies i wsp. 2015a; Davies i wsp. 2015b). Celowym jest adaptacja tych metod do oceny żywotności nasion roślin uprawnych, w tym warzyw, które wykazują pewien poziom spoczynku. Do kwestii testowania żywotności nasion w kolekcjach zasobów genowych należy podchodzić bardzo metodycznie (Hay i Whitehouse 2017). Ponieważ nasiona są bardzo cenne, a ich ilość jest zwykle ograniczona zaleca się testowania nasion sekwencyjne (Hay i wsp. 2019; Kildischeva i wsp. 2020). Jeżeli istnieje taka możliwość do banku genów powinna być przyjęta większa ilość nasion z poszczególnych obiektów z przeznaczeniem do

oceny żywotności oraz wykonania testów i doświadczeń pozwalających ocenić długowieczność nasion konkretnych genotypów (Hay i Whitehouse 2017).

4.3.6 Suszenie nasion

Nasiona typowe przeznaczone do przechowywania długoterminowego powinny być doprowadzone do poziomu zawartości wody w granicach 3-7%. Kontrola wilgotności nasion w trakcie suszenia powinna być prowadzona w ścisłej korelacji z kontrolą wilgotności względnej i temperatury suszenia w pomieszczeniu suszarni. Pozwoli to na kontrolę poziomu wilgotności równoważnej dla poszczególnych gatunków. Wilgotność równoważną dla niektórych gatunków roślin warzywnych w temperaturze 25°C przedstawiono w tabeli (Rao i wsp. 2006)¹¹.

Tabela 18: Wilgotność równoważna nasion wybranych gatunków roślin warzywnych, w zależności od wilgotności względnej powietrza.

Gatunki/Species	Wilgotność Względna (%) / Relative Humidity (%)							
	10	15	20	30	45	60	75	90
Burak/ Beet	2,1		4	5,8	7,6	9,4	11,2	
Kapusta/ Cabbage	2,9	4,6	5,4	6,4	7,6	9,6		
Marchew/ Carrot	4,5		5,9	6,8	7,9	9,2	11,6	
Ogórek/ Cucumber	2,6		4,3	5,6	7,1	8,4	10,1	
Bakłażan/ Egg plant	3,1		4,9	6,3	8	9,8	11,9	
Salata/ Lettuce	2,8		4,2	5,1	5,9	7,1	9,6	
Kukurydza/ Maize	3,8		5,8	8,4	10,2	12,7	14,4	18,8
Cebula/ Onion	4,6		6,8	8	9,5	11,2	13,4	
Rzodkiewka/ Radish	2,6		3,8	5,1	6,8	8,3	10,2	
Groch/ Pea	5,4		7,3	8,6	10,1	11,9	15	
Dynia/ Squash	3		4,3	5,6	7,4	9	10,8	
Pomidor/ Tomato	3,2		5	6,3	7,8	9,2	11,1	
Rzepa/ Turnip	2,6		4	5,1	6,3	7,4	9	
Arbuz/ Watermelon	3		4,8	6,1	7,6	8,8	9	

Proces suszenia powinien być powolny, aby nie doprowadzić do wewnętrznych uszkodzeń nasion, które w efekcie doprowadziłyby do obniżenia długowieczności nasion. Natomiast testy kiełkowania tak wysuszonych nasion wymagają wstępnego ich uwodnienia, z analogicznych przyczyn – woda wnika gwałtownie do bardzo suchych nasion może powodować tzw. uszkodzenia imbibicyjne.

Suszarnia nasion w banku genów powinna składać się z przynajmniej dwóch pomieszczeń – pomieszczenia suszenia wstępnego, w którym utrzymywana będzie wilgotność w zakresie 20-30%RH oraz temperatura w zakresie 15-25°C. (Rao i wsp. 2006; Groot i de Groot 2008) oraz suszarni właściwej. Może to być osobne pomieszczenie lub specjalnie do tego celu przeznaczona suszarnia komorowa o parametrach pracy w zakresie 5-20°C oraz 10-25%RH. Wymiana powietrza w suszarni powinna być regulowana w taki sposób, aby spadek wilgotności nasion nie był zbyt gwałtowny, ze względu na ryzyko uszkodzenia nasion. Taka suszarnia powinna pracować w sposób ciągły, ze względów bezpieczeństwa powinna być więc zaopatrzona w podwójne systemy

11 Rao NK, Hanson J, Dulloo ME, Ghosh K, Nowell D and Larinde M. 2006. Manual of seed handling in genebanks. Handbooks for Genebanks No. 8. Bioversity International, Rome, Italy. Compiled from: Roberts, E.H. (ed.). 1972. Seed Viability. Chapman and Hall, London; Harrington, J. F. 1972. Seed Biology, Vol III. Academic press, New York: 145–245; and Justice O.L. and Bass L.N. 1978. Principles and practices of seed storage, Agriculture Handbook No. 506. USDA, Washington D.C, USA.

chłodzenia i suszenia pracujące naprzemiennie, tak aby ewentualna awaria nie przerwała ciągłości pracy.

Pomiędzy pomieszczeniami suszarni a pozostałymi pomieszczeniami powinna być zlokalizowana śluza, która będzie zapobiegać gwałtownemu wzrostowi wilgotności w suszarni. Zintegrowanym elementem suszarni powinno być pomieszczenie przeznaczone do pakowania nasion, tak aby podczas pakowania nasion do przechowania długoterminowego lub dystrybucji nie następował wzrost ich wilgotności. Funkcję tę może pełnić pomieszczenie do suszenia wstępnego.

4.3.7 Pakowanie i przygotowanie nasion

Pakowanie nasion jest kluczowym etapem zapewniającym bezpieczeństwo materiałów przechowywanych długoterminowo. Właściwe opakowania mają na celu wyeliminowanie czynników wpływających na starzenie się nasion takich jak:

- Wilgotność – zawartość wody w nasionach jest czynnikiem determinującym przebieg procesów życiowych w nasionach. Podczas procesu suszenia świeżych nasion następuje stopniowe ograniczanie metabolizmu. Spadek wilgotności do ok. 30% zawartości wody następuje podczas dojrzewania nasion na roślinie. Jeżeli zbiór nasion jest wykonywany jednorazowo, część nasion może mieć zawartość wody powyżej tej granicy. Procedura suszenia powinna uwzględniać takie przypadki i nie pozwolić na zbyt gwałtowne suszenie nasion powodujące spadek ich jakości i w efekcie długowieczności. Nasiona przygotowane do długoterminowego przechowywania powinny posiadać zawartość wody w granicach 3-7% w zależności od gatunku. Kluczowym jest aby w procesie pakowania i następnie podczas przechowywania nie następował wzrost ich wilgotności, ponieważ suche nasiona bardzo szybko absorbują wodę z wilgotnego powietrza. W związku z tym pakowanie powinno odbywać się w pomieszczeniu o wilgotności zbliżonej do wilgotności równoważnej w zakresie optymalnym dla danego gatunku. Ponadto należy zwrócić uwagę, aby nasiona na etapie przemieszczania z suszarni do pomieszczenia, w którym przebiega pakowanie nie były narażone na wchłanianie wilgoci. Optymalnym rozwiązaniem jest transport nasion w pojemnikach z zawartością osuszonego żelu krzemionkowego.
- Tlen – ograniczenie dostępu tlenu do nasion jest czynnikiem zdecydowanie przedłużającym długowieczność nasion. Standardy FAO nie określają jednoznacznie dostępu tlenu lub wolnych rodników jako czynników przyspieszających starzenie, jednak ostatnie doniesienia naukowe wyraźnie wskazują, że mają one bardzo duże znaczenie w postępie tego procesu (Groot i wsp. 2012; Groot i wsp. 2015; Nagel i wsp. 2016). Wynika to z oddziaływania procesów utleniania, które przebiegają w nasionach jako proces fizyczny nawet przy całkowitym zatrzymaniu procesów fizjologicznych i przemian biochemicznych. Aktywność tlenu w przechowywanych nasionach skutkuje w pierwszej kolejności uszkodzeniami błon cytoplazmatycznych a następnie kwasów nukleinowych. W celu uniknięcia tego niekorzystnego zjawiska nasiona należy pakować próżniowo lub w atmosferze pozbawionej tlenu. W obu wypadkach wpływa to bardzo korzystnie na przedłużenie długowieczności nasion.

Pojemniki do przechowywania długoterminowego – podstawową funkcją pojemników jest utrzymanie przez cały okres przechowywania szczelności i niedopuszczenie pary wodnej i tlenu do atmosfery otaczającej nasiona. Najczęściej stosuje się pojemniki ze szkła, metalu lub z folii aluminiowej jako materiałów inertnych chemicznie (Gómez-Campo 2002). Pojemniki szklane pozwalają na zastosowanie żelu krzemionkowego jako desykanta i jednocześnie markera wilgotności nasion. Pozwala to na szybką weryfikację wizualną potencjalnie rozszczelnionych

pojemników. Utrata szczelności przez pojemniki może mieć miejsce jeżeli do przechowywania stosuje się słoje z metalowymi zakrętkami. Metalowe zamknięcia po pewnym czasie mogą ulec trwałemu odkształceniu, a zmiany temperatury powodujące zmiany objętości powietrza w pojemniku mogą doprowadzić do rozszczelnienia zamknięcia. Zmiana zabarwienia żelu w pojemniku jest jednoznacznym sygnałem do podjęcia działań zaradczych, które powinny polegać na weryfikacji jakości danej próby nasion i ponownym jej zapakowaniu.



Rysunek 50: Słoje z przykryciem szklanym i zamknięciem sprężynowym stosowane do przechowywania nasion warzyw w kolekcji aktywnej Instytutu Ogrodnictwa – PIB. W każdym słoju umieszczany jest żel ze wskaźnikiem wilgotności.

Poszczególne próbki z jednego obiektu powinny być oznaczone odpowiednimi etykietami, najlepiej o różnych kolorach dla prób jednego rodzaju (Taba i wsp. 2004). Jeśli nie ma możliwości zróżnicowania kolorów etykiet, można wówczas zróżnicować wielkość etykiet w zależności od rodzaju próby i jej przeznaczenia. Na etykiecie powinny znajdować się przynajmniej: numer akcesyjny (ACCENUMB), rodzaj (GENUS), gatunek (SPECIES), nazwa obiektu (ACCENAME), rodzaj próby, nr lokalizacji w przechowalni. Szczegółowe procedury powinny być tak zaplanowane, aby na żadnym etapie nie mogło nastąpić zamieszanie próbek.

Nasiona pakowane zarówno w naczynia szklane jak i w torebki z folii aluminiowej powinny być pakowane z użyciem pakowarki próżniowej. Podciśnienie przy pakowaniu w opakowaniach z folii aluminiowej nie powinno być zbyt duże, tak aby nie następowało pękanie torebek na ostrych krawędziach nasion niektórych gatunków. Wskazane jest aby zarówno w kolekcji bazowej jak i aktywnej nasiona były poporcjowane i zapakowane jako niezależne podpróby, tak aby wyjmować z przechowywania tylko niezbędną ilość nasion bez narażania pozostałych na oddziaływanie niekorzystnych warunków zewnętrznych.

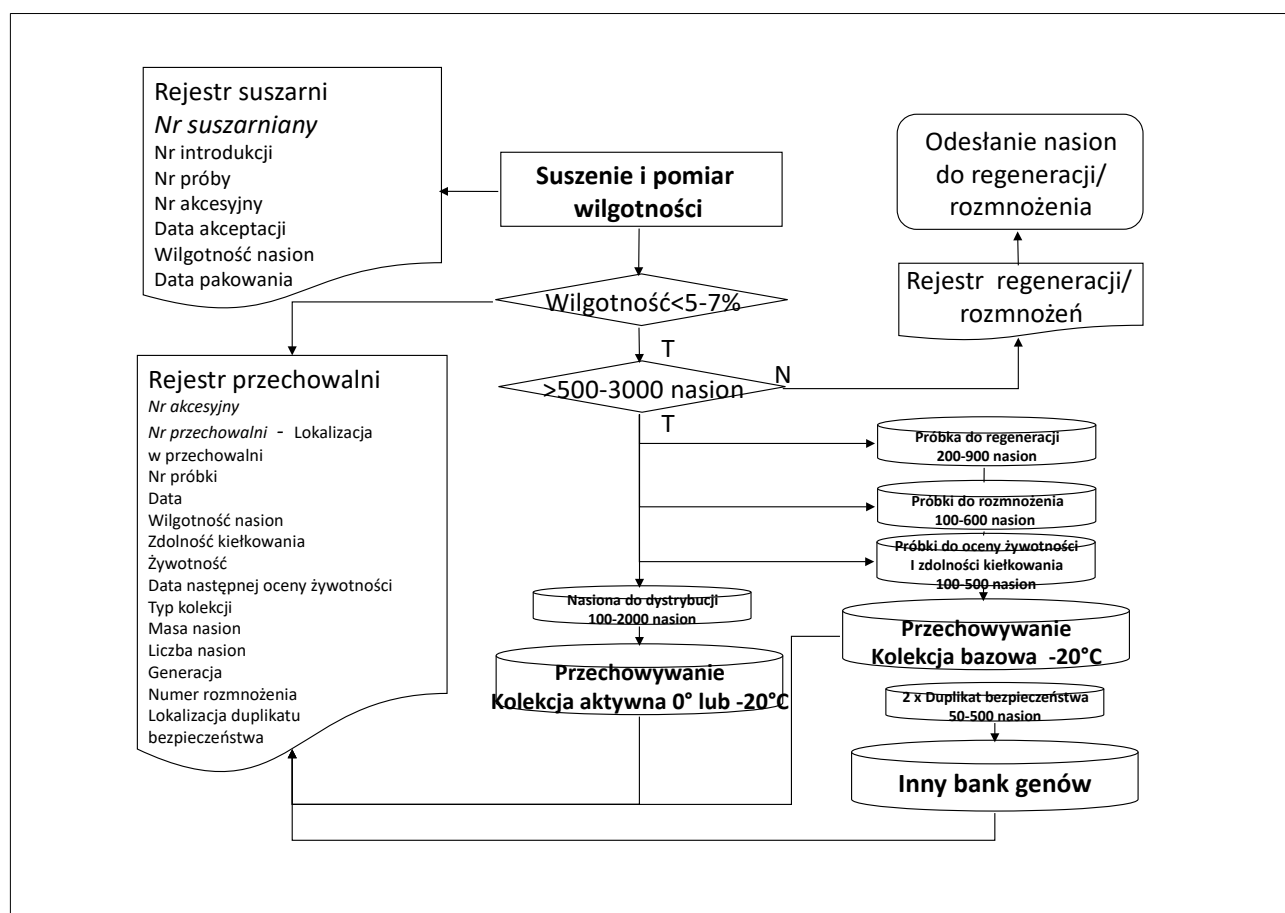
4.3.8 Przechowywanie nasion

Wymagania dla pomieszczeń przechowalni – standardy dla banków genów (FAO, 2014) zalecają aby nasiona przechowywane długoterminowo były umieszczone w pomieszczeniu o temperaturze

-18±3°C. W wypadku nasion przeznaczonych do dystrybucji do odbiorców (kolekcji aktywnej) wymagania mogą być nieco niższe tj. temperatura 0-5°C. Jednakże banki genów posiadające możliwości techniczne preferują przechowywanie całej kolekcji aktywnej (IPK Gatersleben, Niemcy) lub jej części (CGN Wageningen, Holandia) w takiej samej temperaturze jak kolekcja bazowa. Aktualne dane zestawione na podstawie licznych publikacji z wieloletnich obserwacji w bankach genów wskazują, że przechowywanie nasion w temperaturze -20°C pozwala na wydłużenie okresu pomiędzy przyjęciem nasion do banku genów a obniżeniem ich żywotności do poziomu wymagającego regeneracji do co najmniej 150 lat przy zachowaniu wszystkich niezbędnych procedur (Whitehouse i wsp. 2020; Solberg i wsp. 2020).

Wg standardów FAO (FAO, 2014) suma rocznych odchyień w komorze mroźni poza zakres tolerancji temperatury ±3°C nie powinna przekroczyć jednego tygodnia. Aby to osiągnąć niezbędne jest zabezpieczenie komór mroźni w dwa niezależne układy mrożenia pracujące naprzemiennie, tak aby ich eksploatacja była równomierna, aby w razie awarii jednego można było dokonać naprawy bez unieruchomienia drugiego układu mrożenia. Pomieszczenia mroźni powinny posiadać stały monitoring temperatury i wilgotności, pozwalający na podjęcie natychmiastowej interwencji w wypadku awarii. Dane z monitoringu powinny być archiwizowane aby możliwa była ich późniejsza analiza.

Całość procedur omówionych powyżej przedstawiono schematycznie na rysunku 51.



Rysunek 51: Schemat procedur suszenia, pakowania i przechowywania nasion oraz związanej z tymi procesami dokumentacji

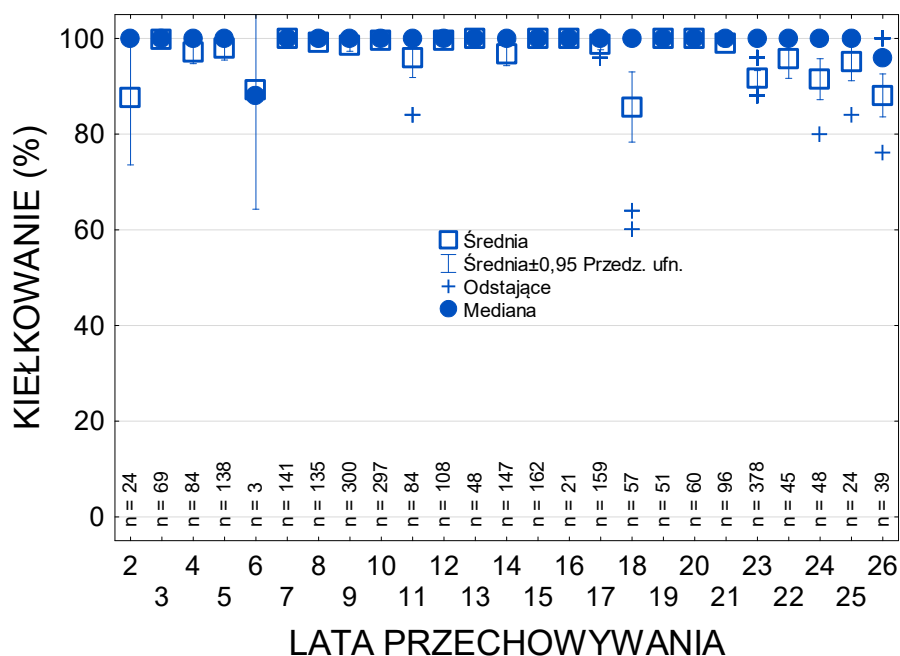
4.3.9 Testy żywotności nasion w trakcie przechowywania

Ocena żywotności nasion przeprowadzanej dla nasion znajdujących się w trakcie przechowywania długoterminowego jest kluczowym etapem zarządzania bankiem nasion. Jej wyniki decydują o

terminie następnej oceny oraz o liczbie obiektów przeznaczonych do regeneracji. Są to dwa etapy najbardziej pracochłonne i kosztowne w prowadzeniu kolekcji nasion zasobów genowych. Standardy FAO określają, że testy żywotności powinny być wykonywane po okresie 1/3 przewidywanego okresu przechowywania do obniżenia się żywotności do 85% żywotności wyjściowej, jednak nie dłużej niż co 40 lat (FAO, 2014). Jeżeli szczegółowa charakterystyka długowieczności nasion danego gatunku/ genotypu nie jest znana, wówczas w kolekcji przechowywanej długoterminowo (-18 lub -20°C) gatunki, które mają nasiona długowieczne należy testować co dziesięć lat, a gatunki o nasionach krótkowiecznych należy testować co pięć lat (FAO, 2014). Na długowieczność nasion wpływ mają zarówno czynniki agrotechniczne, klimatyczne jak i genetyczne (Nagel i wsp. 2009; Schwember i Bradford 2010; Whitehouse i wsp. 2015; Colville i Pritchard 2019; Yamasaki i wsp. 2020). Ponieważ żywotność nasion zależy od tak wielu czynników zaleca się, o ile istnieje dostępna ilość nasion, prowadzenie testów żywotności w sposób metodyczny pozwalający na poznanie specyfiki przechowywanych nasion. Również po spadku żywotności nasion do poziomu wymagającego regeneracji obiektów, zaleca się pozostawienie nasion w kolekcjach zarchiwizowanych, pozwalających na dalsze prowadzenie obserwacji i badań naukowych (Hay i Whitehouse 2017; Hay i wsp. 2019; Whitehouse i wsp. 2020). Jest to szczególnie ważne podczas przechowywania kolekcji aktywnej w temperaturze 0 – 5°C, dla której przewidywany okres przechowywania jest co najmniej trzykrotnie krótszy niż dla temperatury -18 – -20°C (Solberg i wsp. 2020).

4.3.9.1 Długowieczność nasion

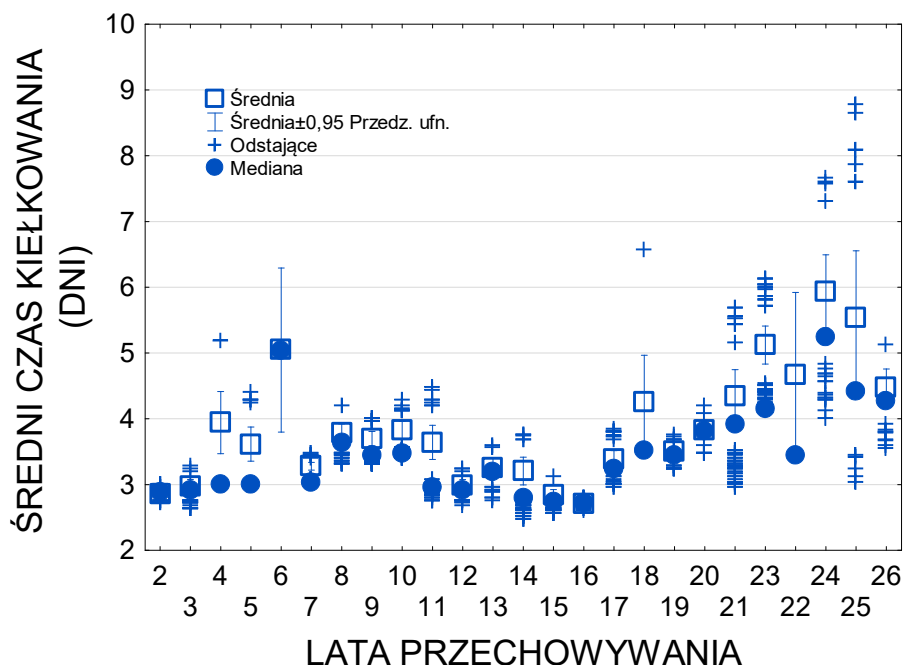
W badaniach własnych nasiona pomidora przechowywane w temperaturze $4\pm 2^{\circ}\text{C}$ widoczne symptomy starzenia wykazywały po 22-26 latach przechowywania.



Rysunek 52: Procent kiełkowania nasion pomidora (*Solanum lycopersicum* L.) przechowywanych w temperaturze 4°C .

Średni procent kiełkowania nasion pomidora zaczął spadać po 22 latach przechowywania, choć nadal co najmniej 50% prób kiełkowało w 100%. Mediana kiełkowania była niższa od 100% dla nasion przechowywanych 26 lat (Rys. 52). Również po analogicznym okresie przechowywania (22-26 lat) wyraźnie zaczął się wydłużać średni czas kiełkowania (Rys. 53). Wynika to z pojawiającego

się w tym okresie wyraźnego zróżnicowania żywotności nasion pomiędzy badanymi obiektami. Podobne zależności obserwowano dla nasion jęczmienia i pszenicy (Nagel i wsp. 2009; van Treuren i wsp. 2018). Należy zaznaczyć, że badano nasiona ze zbioru w różnych latach, w związku z czym należy wziąć również pod uwagę wpływ warunków pogodowych w kolejnych latach zbioru, zmiennych procedur, warunków zbioru, czyszczenia i suszenia nasion.

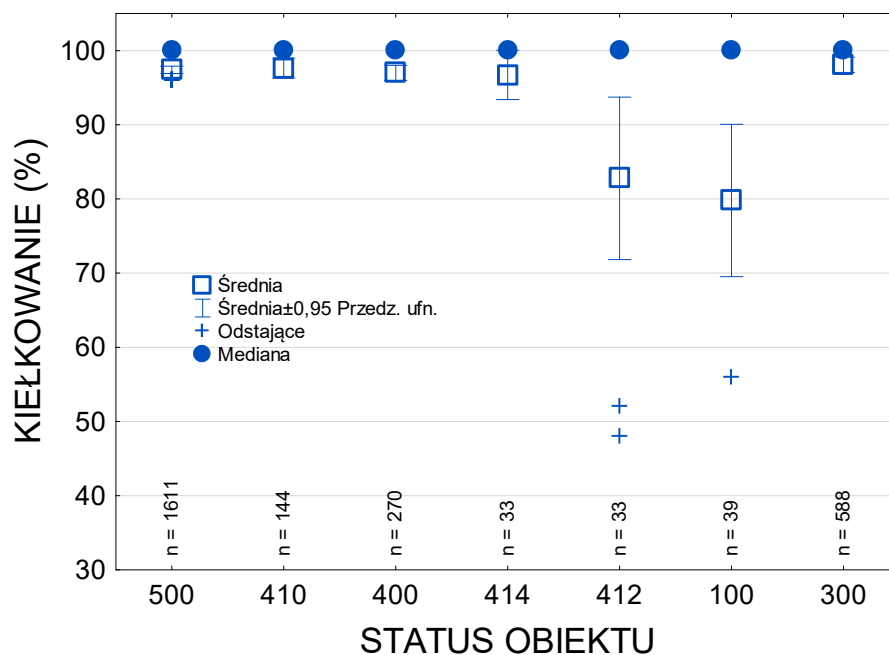


Rysunek 53: Średni czas kiełkowania nasion pomidora (*Solanum lycopersicum* L.) przechowywanych w hermetycznych pojemnikach w temperaturze 4°C.

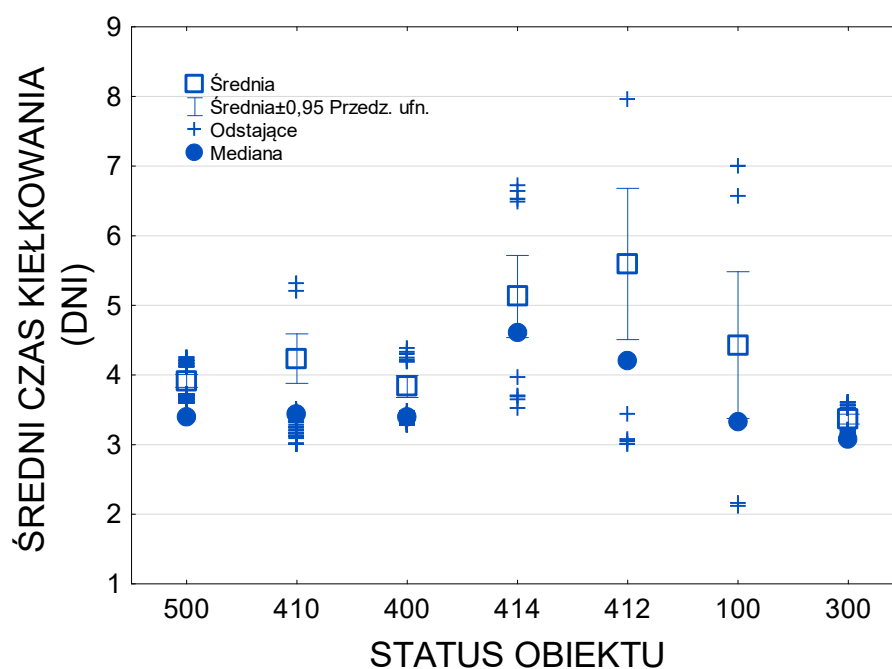
4.3.9.2 Zależność długowieczności nasion od genotypu

Kiełkowanie przechowywanych nasion pomidora było zróżnicowane również w zależności od rodzaju badanych genotypów (statusu próby). Najwyższy procent kiełkowania miały odmiany konwencjonalne i lokalne, natomiast najniższy odmiany mieszańcowe i gatunki dzikie. Należy jednak ostrożnie interpretować te dane ze względu na możliwość wystąpienia spoczynku w nasionach odmian mieszańcowych (np. Faraon F₁) i u gatunków dzikich (Rys. 54).

Na występowanie spoczynku wskazuje również średni czas kiełkowania, który w wypadku gatunków dzikich, linii wsobnych i odmian heterozyjnych był wyższy o 0,5 – 1,5 dnia od pozostałych, a nasiona pojedynczych obiektów kiełkowały o 2 – 3 dni dłużej (Rys. 55). Generalnie, niższe kiełkowanie w wymienionych grupach odmian miało miejsce u nasion o czasie przechowywania krótszym niż maksymalne 26 lat. Rzutowało to na zróżnicowanie kiełkowania nasion pochodzących z lat, w których liczba zgromadzonych obiektów była stosunkowo niewielka (Rys. 52).



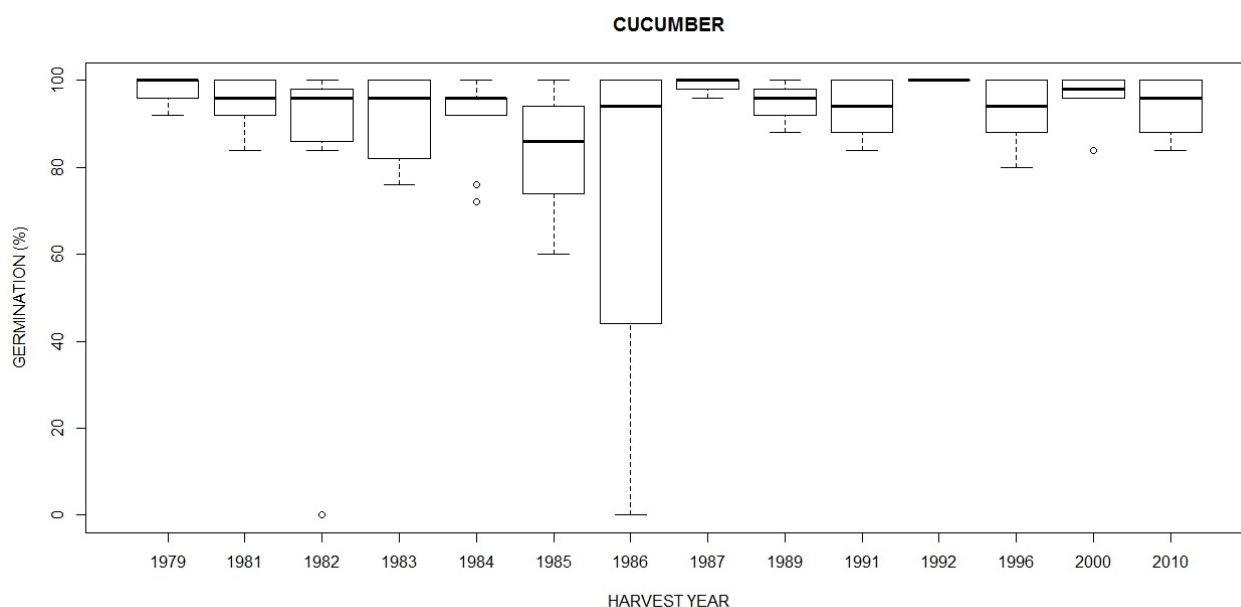
Rysunek 54: Kiełkowanie przechowywanych nasion pomidora w zależności od statusu obiektów. Oznaczenia: 100 – gatunki dzikie; 300 – odmiany lokalne; 400 – materiały hodowlane/badawcze; 410 – linie hodowlane; 412 – odmiany mieszańcowe; 414 – linie wsobne; 500 – odmiany konwencjonalne.



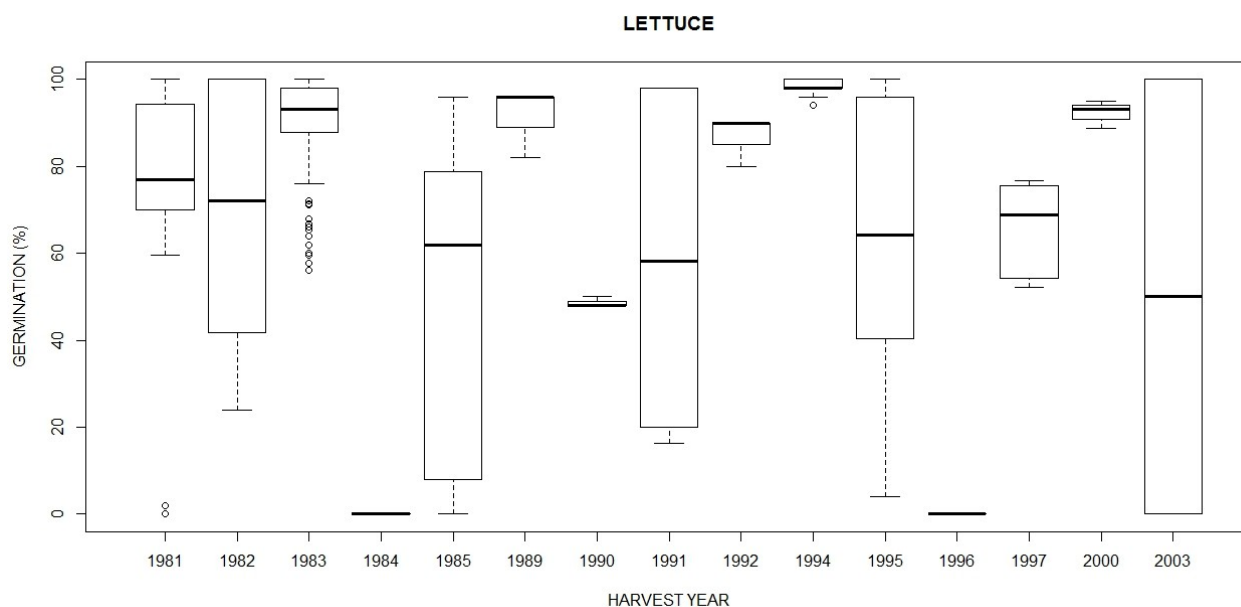
Rysunek 55: Średni czas kiełkowania przechowywanych nasion pomidora w zależności od statusu obiektów. Oznaczenia: 100 – gatunki dzikie; 300 – odmiany lokalne; 400 – materiały hodowlane/badawcze; 410 – linie hodowlane; 412 – odmiany mieszańcowe; 414 – linie wsobne; 500 – odmiany konwencjonalne.

4.3.9.3 Zależność długowieczności nasion od roku zbioru

Badania wykonane na przechowywanych nasionach ogórka, sałaty i cebuli wskazują, że rok zbioru jest istotnym czynnikiem determinującym jakość przechowywanych nasion (Rys. 56 – 58). W wypadku nasion ogórka wszystkie badane genotypy kiełkowały stosunkowo dobrze. Większość w granicach 90 – 100% – mediana kiełkowania nasion pochodzących z lat 1979 – 2010 mieściła się w granicach 92.21% – 100% (Rys. 56).

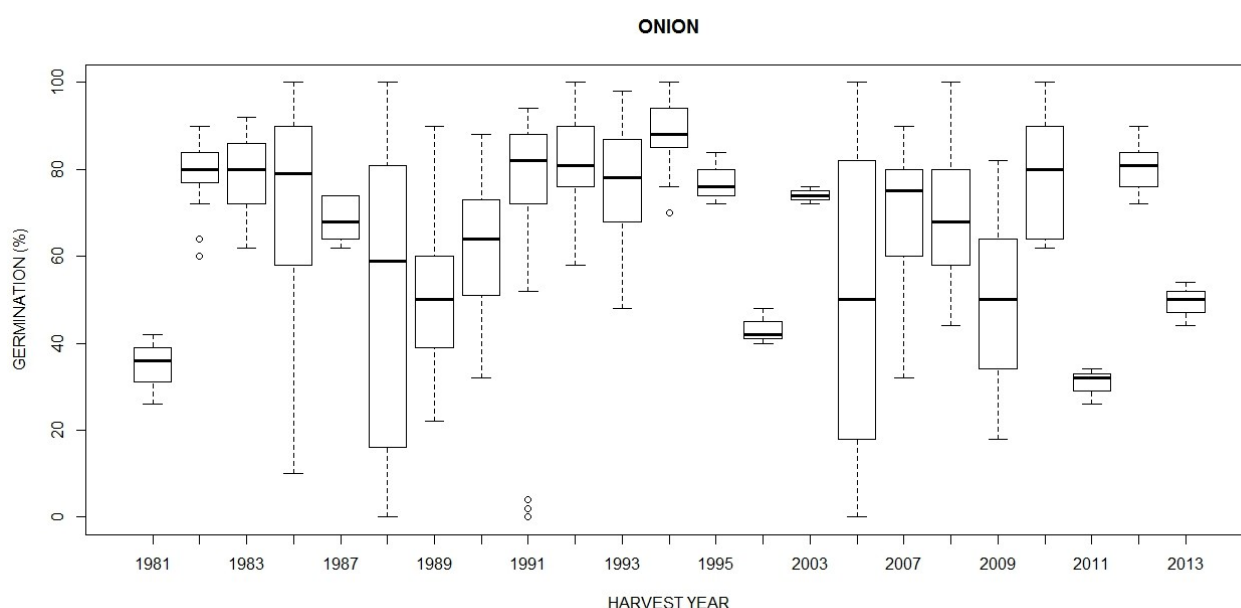


Rysunek 56: Kiełkowanie nasion genotypów ogórka z różnych lat zbioru po przechowywaniu w hermetycznych pojemnikach w temperaturze 4°C (Chojnowski i wsp. 2018).



Rysunek 57: Kiełkowanie nasion genotypów sałaty z różnych lat zbioru po przechowywaniu w hermetycznych pojemnikach w temperaturze 4°C (Chojnowski i wsp. 2018).

Zdecydowanie niższą długowiecznością charakteryzowały się nasiona sałaty dla których mediana kiełkowania nasion ze zbioru w latach 1981 – 2003 mieściła się w granicach 0 – 100% (Rys. 57), a najniższą długowiecznością charakteryzowały się nasiona cebuli (mediana kiełkowania również w zakresie 0 – 100% w zależności od roku) (Rys. 58). Kiełkowanie nasion sałaty i cebuli jednoznacznie wskazuje, że ich jakość jest związana z rokiem zbioru a nie z okresem przechowywania, bowiem wiele z nich kiełkuje lepiej po kilkudziesięciu latach przechowywania niż po kilkunastu. W tym aspekcie jawi się konieczność szczegółowego badania żywotności nasion bezpośrednio po zbiorze, po oczyszczeniu i wysuszeniu nasion, ale przed umieszczeniem w pomieszczeniu o temperaturze -20°C. Do czasu wykonania testów kiełkowania można je umieścić w temperaturze 0 – 4°C, gdyż w tych warunkach może występować proces ustępowania spoczynku pierwotnego (Chojnowski i Wawrzyniak 2021).



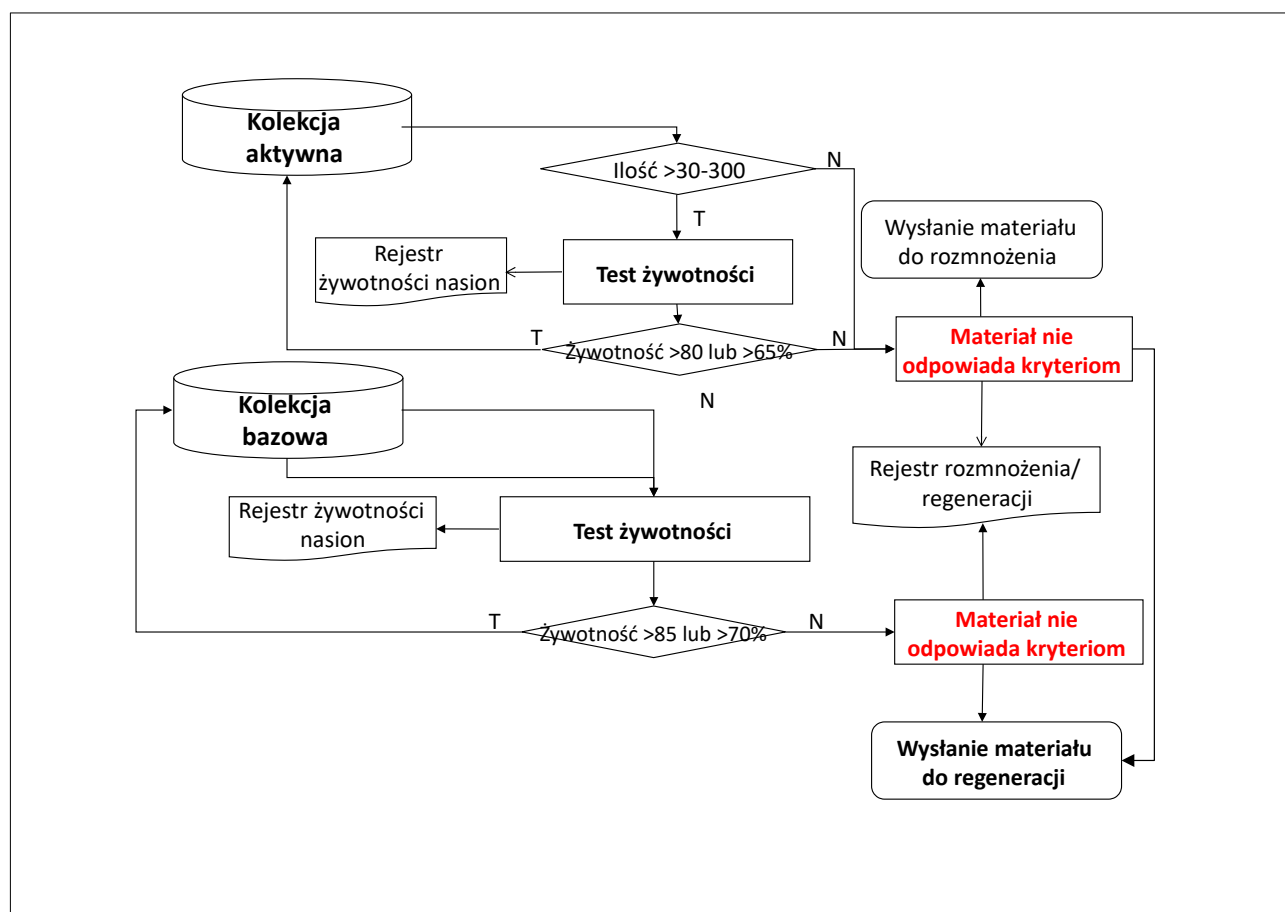
Rysunek 58: Kiełkowanie nasion genotypów cebuli z różnych lat zbioru po przechowywaniu w hermetycznych pojemnikach w temperaturze 4°C (Chojnowski i wsp. 2018).

4.3.9.4 Ocena wigoru nasion

Podczas starzenia się nasion w pierwszej kolejności następuje utrata wigoru nasion a dopiero później widoczna jest utrata żywotności (Chojnowski i wsp. 1997; Bochenek i wsp. 2000). Jako testy pomocnicze przy ocenie nasion znajdujących się w przechowywaniu długoterminowym należy zastosować różne metody oceny wigoru nasion. Najprostszą a jednocześnie bardzo skuteczną metodą oceny wigoru nasion jest ocena parametrów fizjologicznych na podstawie danych dotyczących dynamiki kiełkowania, które później można opracować metodami statystycznymi. Dostępne w tym zakresie jest również specjalistyczne oprogramowanie – np. program GERMINATOR (Joosen i wsp. 2010). Umożliwia ono analizę dużych ilości badanych kombinacji, z wykorzystaniem analizy obrazu. Metody oceny wigoru oparte na analizie kiełkowania *sensu stricte* (Marcos-Filho 2015; Onwimol i wsp. 2016; Guan i wsp. 2018) są bardzo przydatne do oceny jakości nasion. Metoda oceny wigoru nasion na podstawie liczenia korzonków zarodkowych (kiełkowanie *sensu stricte*) została uznana w ostatnich latach jako oficjalna metoda ISTA. Metody te charakteryzują się łatwością wykonania, szybkością i jednoznaczną interpretacją wyników. Cechami tymi charakteryzuje się również metoda oceny wigoru nasion za pomocą pomiaru

elektrolitów, która pozwala ocenić stan błon cytoplazmatycznych nasion, a która od wielu lat jest oficjalną metodą ISTA dla nasion grochu. Testy wigorowe oparte na markerach fizjologicznych takich jak parametry kiełkowania czy test konduktometryczny są wg niektórych autorów bardziej precyzyjne od testów enzymatycznych (Moriya i wsp. 2015). Równie szybką metodą oceny stanu błon cytoplazmatycznych w kiełkujących nasionach jak metoda konduktometryczna jest pomiar endogennego etylenu produkowanego przez nasiona w początkowych etapach kiełkowania oraz bardziej czuła metoda pomiaru konwersji ACC do etylenu (pomiar aktywności oksydazy ACC) wykonywane za pomocą chromatografu gazowego (Khan 1994; Chojnowski i wsp. 1997; Chojnowski i Skorupińska 2020). Chromatografia gazowa w połączeniu ze spektrometrią masową stanowi również doskonałe narzędzie do badania substancji lotnych produkowanych przez nasiona w czasie kiełkowania i przechowywania (Mira i wsp. 2010; Mira i wsp. 2016). Do analizy nasion spoczynkowych pomidora, papryki czy sałaty wykorzystywany jest test tetrazolinowy (França-Neto i Krzyzanowski 2019).

Rysunek 59 przedstawia schemat postępowania z nasionami testowanymi w okresie ich przechowywania. Przedstawione na schemacie kryteria jakościowe odnoszą się do procedur stosowanych w Instytucie Ogrodnictwa – PIB. Nawet jeżeli stosuje się minimalne określone przez standardy kryteria trzeba się liczyć czasami z koniecznością określonego zakresu tolerancji. W przypadkach wątpliwych niezbędna jest konsultacja z kuratorem, tak aby regeneracja obiektów zagwarantowała utrzymanie zgromadzonych genotypów w stanie żywym.



Rysunek 59: Schemat procedur oceny przechowywanych nasion

4.3.10 Regeneracja/rozmnożenie genotypów

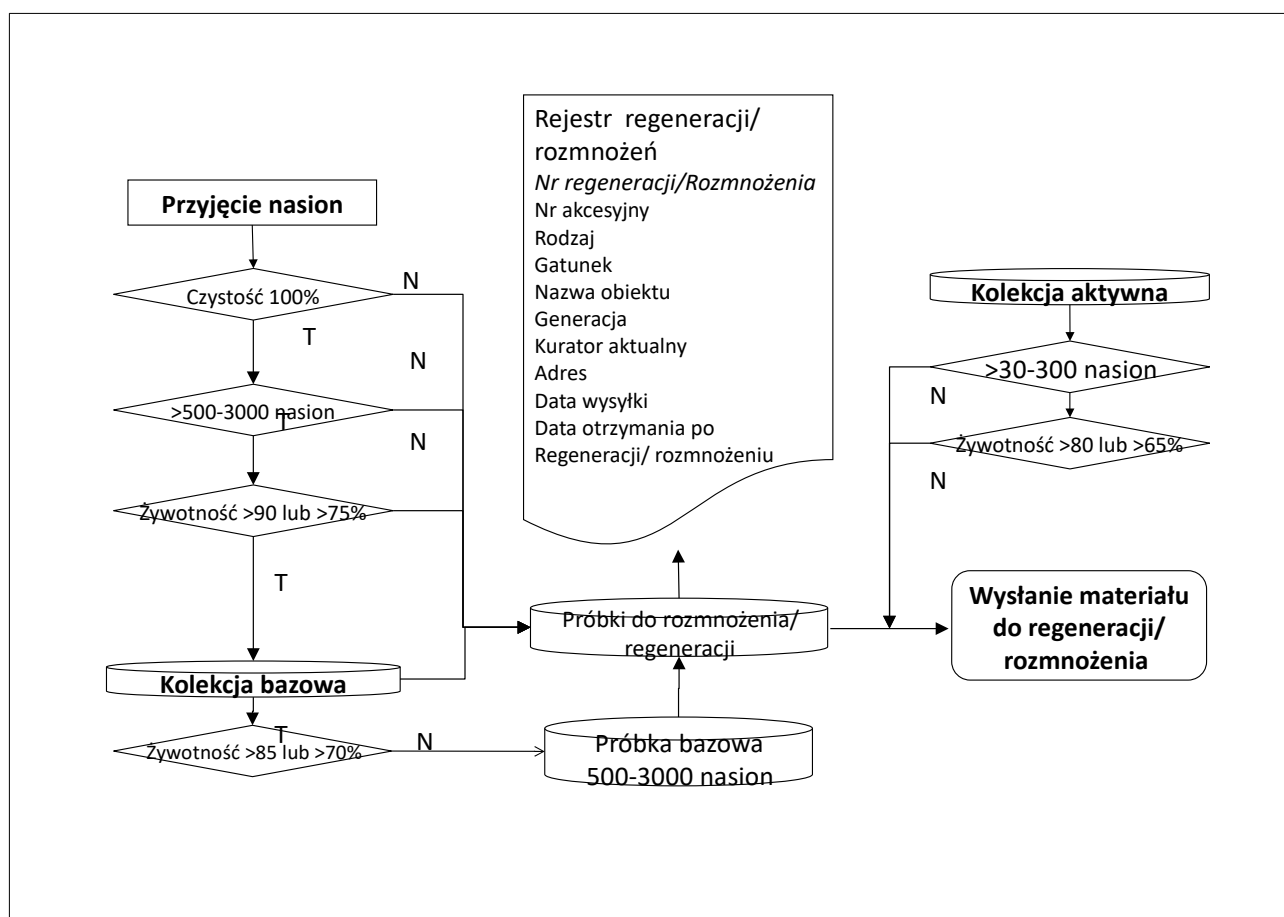
Pod pojęciem regeneracji rozumiemy rozmnożenie materiałów genetycznych w celu odtworzenia genotypu wyjściowego. Jest ona konieczna w sytuacji, gdy żywotność przechowywanych nasion

spada poniżej granicy minimalnej określonej dla danego gatunku lub w wypadku, gdy ilość nasion w kolekcji spadnie poniżej minimum (FAO, 2014). Ten drugi przypadek w zasadzie powinien dotyczyć jedynie kolekcji aktywnej, gdyż w kolekcji bazowej powinna być zabezpieczona odpowiednia liczba nasion zarówno do kolejnych regeneracji i rozmnożeń kolekcji aktywnej jak i do kolejnych testów żywotności. Rysunek 60 przedstawia schemat podejmowania decyzji o regeneracji obiektów. Należy zaznaczyć, że regeneracja może być wymagana również dla obiektów nowych, jeżeli ilość nasion nie jest wystarczająca aby włączyć obiekt do kolekcji, tak aby uzyskać jej właściwą strukturę.

Przebieg procesu regeneracji dla każdego gatunku oraz sposób postępowania powinny być opisane w szczegółowych procedurach. Procedura taka powinna opisywać co najmniej następujące punkty:

1. Utrzymanie czystości genetycznej
 - a. Izolacja
 - b. Wielkość populacji
 - i. Minimalna
 - ii. Średnia
 - iii. Maksymalna
 - c. wysiew
 - i. termin
 - ii. traktowania przełamujące spoczynek
 - d. zapylanie
2. Utrzymanie tożsamości
 - a. Odpowiednie etykietowanie
 - b. Izolacja mechaniczna
 - c. Metoda zbioru i zapobieganie przemieszaniu prób nasion
3. Uzyskanie nasion o odpowiedniej jakości
 - a. Uprawa roślin
 - i. metoda
 - ii. miejsce
 - iii. nawożenie
 - iv. inne -
 - b. Ochrona roślin przed chorobami i szkodnikami
 - c. Określenie terminu i częstotliwości inspekcji
 - d. Termin zbioru
 - e. Postępowanie z nasionami po zbiorze

Regeneracja powinna być prowadzona w optymalnych warunkach dla danego gatunku. Instytucja prowadząca regenerację powinna posiadać zarówno odpowiednią infrastrukturę jak i personel przygotowany merytorycznie. W celu zachowania rzadkich alleli z prawdopodobieństwem co najmniej 95%, minimum 30 roślin powinno być rozmnożonych w wypadku roślin obcopylnych i 60 roślin samopylnych (Sckville Hamilton i Chorlton 1997). Należy dążyć do tego, aby podczas jednego cyklu regeneracji uzyskać potrzebną do przechowywania liczbę nasion. Szczegółowe zalecenia można znaleźć w standardach opracowywanych przez grupy robocze ECPGR (Maggioni i wsp. 2014; Maggioni i wsp. 2014a; ECPGR, 2015; ECPGR, 2016; ECPGR, 2016a; ECPGR, 2016b).

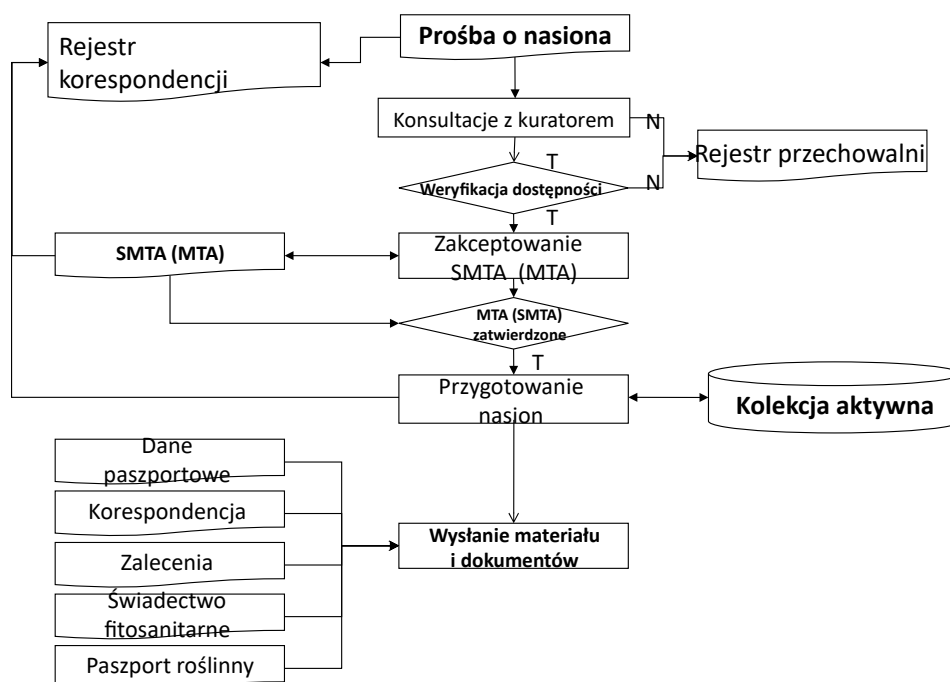


Rysunek 60: Schemat kwalifikacji materiałów do regeneracji genotypów oraz dokumentacji tego procesu

4.3.11 Udostępnianie materiałów genetycznych i informacji o zasobach genowych

Udostępnianie materiałów genetycznych powinno być prowadzone wyłącznie z kolekcji aktywnej. Procedury powinny być prowadzone w zgodzie z wszystkimi wcześniej opisanymi regulacjami prawnymi. Materiały udostępniane dla celów międzynarodowego traktatu o roślinnych zasobach genowych dla wyżywienia i rolnictwa (ITPGRFA) – hodowla, nauka i edukacja – powinny być udostępniane po podpisaniu standardowego porozumienia o transferze materiału (sMTA). Zgodnie z wytycznymi MRiRW dotyczy to wszystkich materiałów zgromadzonych w kolekcjach prowadzonych w Polsce przez instytucje finansowane przez państwo i spełniających warunki włączenia do wielostronnego systemu dostępu i podziału korzyści (MLS). Gatunki gromadzone w ramach Systemu Wielostronnego ITPGRFA (MLS – Multilateral System) a nie wymienione w aneksie 1 do traktatu powinny być udostępniane również po podpisaniu sMTA.

Dla celów prywatnych, hobbystycznych nie objętych celami traktatu udostępnianie materiałów genetycznych powinno być prowadzone na zasadach określonych w „Porozumieniu o transferze materiału dla celów niekomercyjnych” – dokumencie zaaprobowanym przez MRiRW, które jest odpowiedzialne w naszym kraju za nadzór nad roślinnymi zasobami genetycznymi dla wyżywienia i rolnictwa. Wraz z materiałami genetycznymi powinny być udostępnione wszelkie jawne informacje z nimi związane.



Rysunek 61: Schemat procedur udostępniania materiałów genetycznych z kolekcji zgromadzonych w ramach ‘Programu ochrony zasobów genowych roślin uprawnych’.

4.4 Wymogi bezpieczeństwa

Kwestie bezpieczeństwa w banku genów należy rozpatrywać w dwóch aspektach, które wymagają zarówno rozwiązań technicznych jak i proceduralnych. Potencjalne czynniki ryzyka powinny być oszacowane i podjęte powinny być odpowiednie środki mające zapobiec ewentualnym zagrożeniom.

4.4.1 Bezpieczeństwo kolekcji

Standardy FAO dotyczące bezpieczeństwa kolekcji (FAO, 2014) oddzielają dwa aspekty: Stworzenie bezpiecznego duplikatu każdego obiektu i zdeponowanie go w innym banku genów, najlepiej odległym geograficznie. Duplikat ten powinien stanowić wtórną próbę MOS (Engels i Visser 2003). Próba ta powinna być zdeponowana w banku genów w warunkach nie gorszych, niż oryginalna próba bazowa. Jako depozyt nie jest ona aktywnie zarządzana, jednak powinna podlegać działaniom wynikającym z oceny oryginalnej próby MOS, a w wypadku regeneracji obiektu próba ta powinna być również wymieniona (FAO, 2014). Obecnie poza bezpiecznym duplikatem w innym banku genów, bezpieczne duplikaty z wszystkich krajowych kolekcji na świecie mogą być deponowane nieodpłatnie w światowym banku nasion (Global Seed Vault – CROPTRUST, 2021) w archipelagu Svalbard na wyspie Spitsbergen. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy podpisał stosowną umowę i wysłał do depozytu w światowym banku nasion próby nasion, w tym próby nasion warzyw, które są systematycznie przygotowywane przez Instytut Ogrodnictwa – Państwowy Instytut Badawczy i przekazywane do IHAR – PIB.

Drugim aspektem bezpieczeństwa kolekcji jest zapewnienie odpowiednich standardów dla budynków i urządzeń banku genów (FAO, 2014):

- Odpowiednia lokalizacja – bank genów powinien być zlokalizowany tak, aby zminimalizować ryzyko zagrożenia zewnętrznego – np. powodzi czy ryzyka trzęsienia ziemi – w rejonach aktywnych sejsmicznie konstrukcja budynku powinna być odporna na takie zagrożenia.
- Budynek powinien być zaopatrzony w system przeciwpożarowy regularnie sprawdzany. Zastosowane powinny być odpowiednie systemy bezpieczeństwa – alarm przeciwwłamaniowy, monitoring i kontrola dostępu zapobiegające przed kradzieżą i nieautoryzowanym dostępem do budynku i materiałów w nim zgromadzonych.
- Ze względu na bezpieczeństwo procedur suszenia i przechowywania nasion niezbędne do utrzymania ciągłości pracy systemy powinny być zdublowane, a budynek powinien być wyposażony w agregaty prądotwórcze pozwalające na pracę bez zakłóceń w razie awarii elektryczności.
- Odpowiednie procedury i systemy zabezpieczeń powinny być wprowadzone w celu zagwarantowania odpowiedniej ochrony systemów informatycznych i zgromadzonych danych.
- W celu ciągłości realizacji procedur banku genów zatrudniony personel powinien posiadać odpowiednie kwalifikacje oraz powinien odbywać systematyczne szkolenia gwarantujące utrzymanie kompetencji na odpowiednim poziomie.

4.4.2 Bezpieczeństwo personelu

Zakres prac prowadzonych w banku stwarza zagrożenia związane z pracą z materiałem roślinnym oraz koniecznością pracy w mroźni – w temperaturze -18 lub -20°C. W związku z tym powinny być stosowane zabezpieczenia miejsc pracy, w tym:

- Odpowiednie systemy wentylacji i oczyszczania powietrza w pomieszczeniach do czyszczenia nasion.
- Dygestoria przeznaczone do przygotowywania nasion oraz oceny ich kiełkowania – pyły organiczne lub zarodniki grzybów rozwijających się na materiale roślinnym mogą być silnymi alergenami lub oddziaływać szkodliwie na organizm.
- System alarmowy „człowiek w komorze” alarmujący o potencjalnym zagrożeniu osób pracujących w mroźni.
- O ile to jest możliwe personel pracujący w mroźni powinien być zaopatrzony w alarmy indywidualne, pozwalające na sygnalizację niebezpiecznych incydentów (np. upadek).
- Pracownicy powinni być zaopatrzeni w środki ochrony indywidualnej np. ubrania do pracy w mroźni, maski i rękawiczki chroniące przed substancjami pochodzenia roślinnego.

4.4.3 Personel

Osiągnięcie celów banku genów tzn. gromadzenia, przechowywania i dystrybucji zasobów genowych nie tylko wymaga odpowiednich procedur i wyposażenia do odpowiedniego postępowania z materiałem genetycznym, ale również zatrudnienia odpowiednio przeszkolonego personelu, który jest w stanie prowadzić wszystkie prace i zapewni bezpieczeństwo banku genów. Aktywne zarządzanie bankiem genów wymaga dobrze wyszkolonego personelu i kluczowym jest właściwe rozdysponowanie odpowiedzialności kompetentnym pracownikom. Tak więc w banku

genów powinien być przygotowany plan dla zatrudnienia wykwalifikowanego personelu, a co za tym idzie odpowiedni, wieloletni budżet, który zagwarantuje to zatrudnienie (FAO, 2014).

4.5 Dokumentacja zasobów genowych

Ogólne zasady dokumentacji zasobów genowych

Standardy dla banków genów (FAO, 2014) określają dwa zasadnicze wymagania:

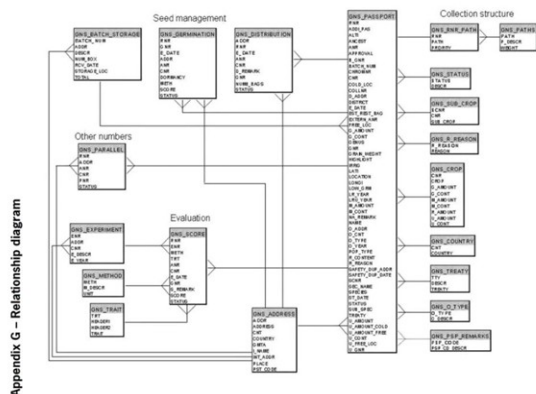
- Wszystkie zgromadzone obiekty powinny posiadać dane paszportowe opisane zgodnie ze standardem Multi-Crop Passport Descriptors (MCPD) v. 2.1 (Alercia i wsp. 2015).
- Wszystkie dane generowane w związku z prowadzeniem kolekcji zasobów genowych powinny być gromadzone w odpowiednio zaprojektowanej bazie danych. Należy sobie uświadomić, że po informacje zbierane podczas zbierania materiałów genetycznych, jego przyjęcia do banku genów czy regeneracji mogą się okazać potrzebne po kilkunastu lub kilkudziesięciu latach.

Standardy te określają dwie najważniejsze funkcje systemu dokumentacji. Pierwsza wymaga stosowania standardu MCPD v. 2.1, który to pozwala na jednolite stosowanie i wymianę informacji dotyczących danych paszportowych pomiędzy instytucjami wraz z wymianą i udostępnianiem materiałów. W ten sposób możliwe jest przekazywanie jednolitej informacji wygenerowanej przez instytucję lub osobę pozyskującą najbardziej oryginalną próbę (MOS) do bazy danych krajowej (EGISSET), europejskiej (EURISCO) i światowej (WIEWS, GENESYS) oraz do innych instytucji gromadzących zasoby genowe. Drugą niezwykle istotną funkcją systemu dokumentacji jest zintegrowane zarządzanie kolekcjami. W obecnych czasach trudno sobie wyobrazić system dokumentacji w innej formie niż elektroniczna. Podstawy organizacji i funkcjonowania elektronicznego systemu informacji o zasobach genowych zostały opisane w opracowaniu IPGRI z roku 1995 (Panting i wsp. 1995). Jest to niezwykle cenna pozycja, która pozwala zrozumieć funkcjonowanie systemu dokumentacji w powiązaniu z procedurami działania banku genów.

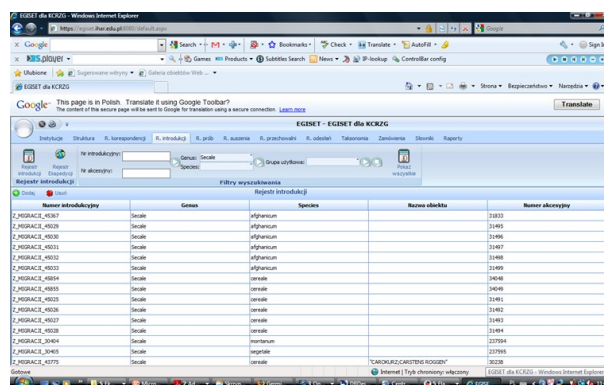
Złożoność systemu dokumentacji stosowanego do zarządzania kolekcją zależy od rodzaju kolekcji i zakresu prowadzonych działań:

- Duże banki genów zarządzające dziesiątkami lub setkami gatunków i dziesiątkami tysięcy obiektów, które posiadają odpowiednie fundusze korzystają z dedykowanego komercyjnego oprogramowania przystosowanego do struktury tych instytucji.
- Do prowadzenia kolekcji jednogatunkowej z niewielką liczbą obiektów wystarczy arkusz kalkulacyjny lub baza danych w pakiecie biurowym, gdzie użytkownik sam stworzy niezbędne tabele czy arkusze.
- Trzecia grupa użytkowników, którzy posiadają personel informatyczny, bądź osoby zaznajomione z systemami informatycznymi, a nie dysponują wystarczającymi funduszami, mogą skorzystać z licznych darmowych rozwiązań, począwszy od pakietów biurowych poprzez darmowe bazy danych a na wyspecjalizowanych systemach skończywszy.

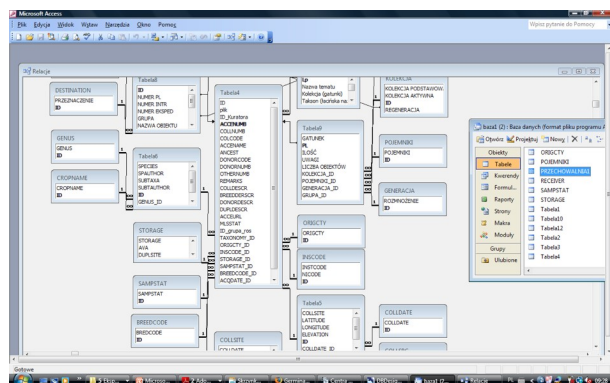
Oprogramowanie dedykowane – często komercyjne, rozwijane przez dane instytucje najczęściej od kilkunastu lub kilkudziesięciu lat. Do zalet takiego rozwiązania należy bardzo dobre przystosowanie do specyfiki danego banku genów. Wady to uzależnienie od wyspecjalizowanego zespołu programistów lub firmy zewnętrznej, co wiąże się z wysokimi kosztami funkcjonowania. Z oprogramowania dedykowanego korzystają takie banki genów jak IPK w Gatersleben, CGN w Wageningen (Rys. 62) czy KCRZG w IHAR – PIB (Rys. 63).



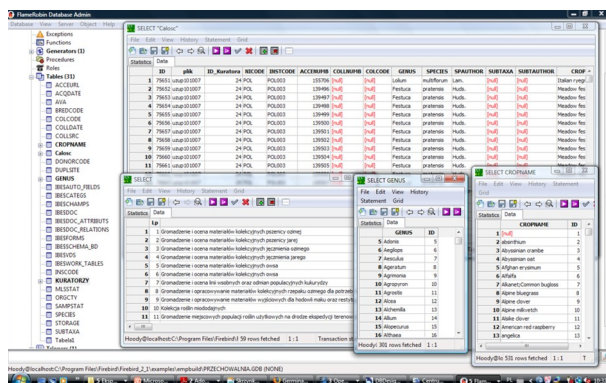
Rysunek 62: Schemat bazy danych GENIS stosowanej do zarządzania zasobami genowymi w CGN Wageningen



Pakiety biurowe – dostępne są zarówno wersje komercyjne jak choćby popularny pakiet MS Office z arkuszem kalkulacyjnym Excel i systemem zarządzania bazami danych Access (Rys. 64) lub liczne bezpłatne pakiety np. Libre Office z programami Calc i Base pozwolą na prowadzenie prostej bazy danych w niewielkich kolekcjach. Z takich rozwiązań przez wiele lat korzystali kuratorzy poszczególnych kolekcji zasobów genowych w Instytucie Sadownictwa i Kwiaciarstwa oraz w Instytucie Warzywnictwa w Skierniewicach. Bardziej zaawansowani użytkownicy mogą utworzyć w pełni zintegrowaną bazę danych w jednym z dostępnych darmowych systemów baz danych takich jak PostgreSQL, MariaDB czy Firebird (Rys. 65).

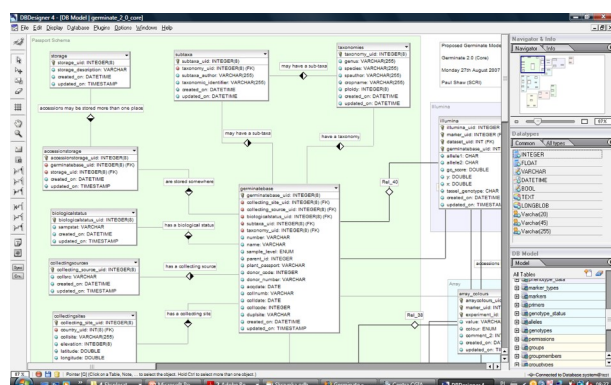


Rysunek 64: Przykładowa struktura bazy danych kolekcji zasobów genowych prowadzona w programie Access

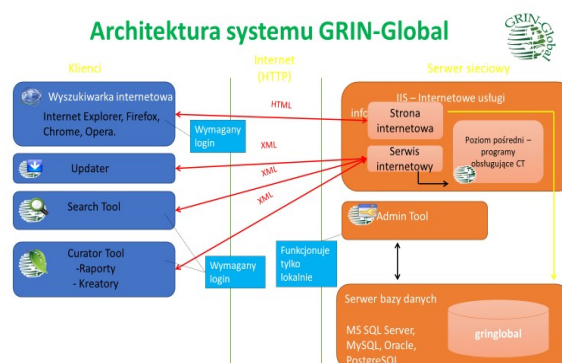


Rysunek 65: Przykładowa baza danych kolekcji zasobów genowych w bezpłatnym systemie zarządzania bazami danych Firebird

Bezpłatne systemy dedykowane do prowadzenia bazy danych zasobów genowych. GERMINATE jest platformą baz danych typu open-source (Shaw i wsp. 2017) przeznaczoną do gromadzenia i wizualizacji danych o zasobach genowych. Jest systemem aktywnie rozwijanym przez James Hutton Institute w Dundee w Szkocji. System jest w pełni kompatybilny z Multi-Crop Passport Descriptors v. 2.1 (Alercia i wsp. 2015). Aktualnie na platformie dostępnych jest ponad 20 baz danych rozwijanych we współpracy m.in. z CIMMYT i Global Crop Diversity Trust. Schemat bazy GERMINATE w wersji 2.0 przedstawiony jest na rysunku 66. Bazy GERMINATE współpracują z programami do gromadzenia i wizualizacji danych fenotypowych oraz molekularnych stworzonych również w James Hutton Institute. System GERMINATE współpracuje przez internet z urządzeniami wyposażonymi w system Windows lub Android.



Rysunek 66: Schemat bazy danych Germinate 2.0



Rysunek 67: Schemat architektury systemu GRIN-Global

System GRIN-Global powstał również jako projekt open-source przy współudziale Global Crop Diversity Trust, Bioversity International i Agricultural Research Servis USDA (Departamentu Rolnictwa Stanów Zjednoczonych). Celem projektu było stworzenie bezpłatnego systemu zarządzania zasobami genetycznymi dostępnego dla wszystkich zainteresowanych instytucji i banków genów na świecie. Rozwinięty został w oparciu o GRIN (Genetic Resources Information Network) – system zarządzania zasobami genetycznymi Stanów Zjednoczonych. System funkcjonuje w środowisku Windows, a od 2015 roku jest stosowany w Narodowym Systemie Zasobów Genowych USA. System ten jest wdrożony w 27 bankach genów na świecie, a w kolejnych 16 jest testowany¹². Struktura systemu GRIN-Global opiera się na konstrukcji serwer – klient. Serwer baz danych oparty jest na bezpłatnej wersji serwera MS SQL Server. Odbiorcy materiałów genetycznych mają do dyspozycji stronę internetową, która poprzez wyszukiwarkę pozwala przeszukiwać bazę zasobów i zamawiać materiały genetyczne. Kuratorzy kolekcji mogą zarządzać swoimi zasobami zgromadzonymi w bazie danych na serwerze poprzez program kliencki Narzędzie Kuratora (Curator Tool) (Rys. 67). System GRIN-Global, jako bardzo wszechstronny, przeznaczony do zarządzania kolekcjami generatywnymi i wegetatywnymi jest systemem aktualnie wdrażanym w Instytucie Ogrodnictwa do zarządzania zasobami genetycznymi roślin ogrodniczych.

12 <https://www.grin-global.org/>

Literatura

- Alercia A., Diulgheroff S., Mackay M. , 2015. Multicrop Passport Descriptors v2.1.
- Antonelli i wsp. 2020. State of the World's Plants and Fungi 2020.. Royal Botanic Gardens, Kew.
DOI: <https://doi.org/10.34885/172>
- Bochenek A., Górecki R.J., Grzesiuk S., 2000. Ogólne właściwości biologiczne nasion, PWRiL. Poznań
- Chojnowski M. Corbineau F. Come D., 1997. Physiological and biochemical changes induced in sunflower seeds by osmopriming and subsequent drying, storage and aging. *Seed Science Research*. 7 (4). 323-332.
- Chojnowski M., Skorupińska A., 2020. In vivo and in vitro Activity of 1-aminocyclopropane-1-carboxylic Acid Oxidase in Germinating Seeds of China Aster (*Callistephus chinensis* Nees). *Journal of Horticultural Research*. 28 (2). 12-20.
- Chojnowski M., Wawrzyniak A., 2021. Wpływ krótkoterminowego przechowywania nasion osiemnastu genotypów pomidora (*Solanum lycopersicum* L.) na ich kiełkowanie. *Zeszyty Naukowe Instytutu Ogrodnictwa* 2021, 29. 15–24.
- Colville L, Pritchard H.W., Seed life span and food security. *New Phytologist* (2019) 224. : 557–562.
- Global Crop Diversity Trust. 2021. :<https://www.croptrust.org/our-work/svalbard-global-seed-vault/>.
- Davies R, Di Sacco A, Newton R. 2015a. Germination testing: environmental factors and dormancy-breaking treatments. Technical Information Sheet_13b. Royal Botanic Gardens, Kew
- Davies R, Di Sacco A, Newton R. 2015b. Germination testing: environmental factors and dormancy-breaking treatments. Technical Information Sheet_13b. Royal Botanic Gardens, Kew
- ECPGR Beta Working Group. 2016. CROP-SPECIFIC GENE BANK STANDARDS FOR ORTHODOX SEEDS Agreed by the Beta Working Group. March 2016:
<https://www.ecpgr.cgiar.org/aegis/aquas/genebank-standards/agreed-standards>.
- ECPGR Cucurbits Working Group. 2015. CROP-SPECIFIC GENE BANK STANDARDS FOR ORTHODOX SEEDS Agreed by the Cucurbits Working Group. April 2015:
<https://www.ecpgr.cgiar.org/aegis/aquas/genebank-standards/agreed-standards>.
- ECPGR Leafy Vegetables Working Group. 2016. CROP-SPECIFIC GENE BANK STANDARDS FOR ORTHODOX SEEDS Agreed by the Leafy Vegetables Working Group. March 2016:
<https://www.ecpgr.cgiar.org/aegis/aquas/genebank-standards/agreed-standards>.
- ECPGR Solanaceae Working Group. 2016. CROP-SPECIFIC GENE BANK STANDARDS FOR ORTHODOX SEEDS Agreed by the Solanaceae Working Group. January 2016:
<https://www.ecpgr.cgiar.org/aegis/aquas/genebank-standards/agreed-standards>.
- Ellis, R.H., Roberts E.H., 1980. Improved Equations for the Prediction of Seed Longevity. *Annals of Botany*, vol. 45, no. 1, Oxford University Press. 13–30. <http://www.jstor.org/stable/42756667>.
- Engels J., Maggioni L., van Hintum T.. 2021. Quality System for AEGIS. Approved by the ECPGR Steering Committee Version 15
(09.09.09) :<https://www.ecpgr.cgiar.org/aegis/aquas/operational-framework>.
- Engels, J.M.M., Visser, L., eds.. 2003. A guide to effective management of germplasm collections. Handbooks for Genebanks No. 6. Rome, IPGRI.
- EUROSTAT. 2021a: https://appsso.eurostat.ec.europa.eu/nui/show.do?dataset=apro_cpsh1&lang=en.
- EUROSTAT. 2021b: https://appsso.eurostat.ec.europa.eu/nui/show.do?dataset=org_cropar&lang=en.

- FAO. 1994. Genebank Standards. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, International Plant Genetic Resources Institute, Rome.
- FAO, 2010. The Second Report on the State of the World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Rome.
- FAO. 2014. Genebank Standards for Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Rev. ed. Rome. FAO. Rome
- FAO. 2021. WIEWS - World Information and Early Warning System on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture :<https://www.fao.org/wiews/glossary/en/>.
- FAO. 2021b. WIEWS - World Information and Early Warning System on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture :<https://www.fao.org/wiews/en/>.
- FAO. 2021c. WIEWS - World Information and Early Warning System on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Ex Situ (SDG 2.5.1.a) - Overview: <https://www.fao.org/wiews/data/ex-situ-sdg-251/overview/en/>.
- Foley M.E. , 2001. Review article Seed dormancy: an update on terminology, physiological genetics, and quantitative trait loci regulating germinability. *Weed Science*, 49. 305–317.
- França-Neto J.B., Krzyzanowski F.C., 2019. Tetrazolium: an important test for physiological seed quality evaluation. *Journal of Seed Science*. 41 (3). 359-366.
- Gómez-Campo C., Long term seed preservation: the risk of selecting inadequate containers is very high. *Monographs ETSIA, Univ. Politécnica de Madrid* 163. 1-10.
- Groot S.P.C., de Groot L. 2008. Seed quality in genetic resources conservation. A case study at the Centre for Genetic Resources, the Netherlands. Centre for Genetic Resources, the Netherlands. Wageningen University and Research Centre.
- Groot S.P.C., A. A. Surki, R. C. H. de Vos and J. Kodde, 2012. Seed storage at elevated partial pressure of oxygen, a fast method for analysing seed ageing under dry conditions. *Annals of Botany* 110. : 1149–1159. doi:10.1093/aob/mcs198, available online at www.aob.oxfordjournals.org
- Groot S.P.C., de Groot L., Kodde J., van Treuren R., 2015. Prolonging the longevity of ex situ conserved seeds by storage under anoxia. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization* (2015) 13(1). 18–26. doi:10.1017/S1479262114000586
- Guan Y.J., Yin M.Q., Jia X.W., An J.Y., Wang C., Pan R.H., Song W.J. HU J., 2018. Single counts of radicle emergence can be used as a vigour test to predict seedling emergence potential of wheat. *Seed Science and Technology*. 46 (2). 349-357.
- GUS. 2020. Rocznik Statystyczny Rolnictwa. Warszawa :<https://stat.gov.pl/obszary-tematyczne/roczniki-statystyczne/roczniki-statystyczne/rocznik-statystyczny-rolnictwa-2020,6,14.html>.
- Hay F.R., Valdez R., Lee J.-L., Sta. Cruz P.C., 2019. Seed longevity phenotyping: recommendations on research methodology. *Journal of Experimental Botany*, Vol. 70, No. 2. pp. 425–434. doi:10.1093/jxb/ery358
- Hay FR, Whitehouse KJ, 2017. Rethinking the approach to viability monitoring in seed genebanks. *Conserv Physiol* 5(1): cox009. doi:10.1093/conphys/cox009.
- International Seed Testing Association. 2021. International Rules for Seed Testing.
- Joosen R.V.L., Kodde J., Willems L.A.J., Ligterink W., van der Plas L.H.W., Hilhorst H.W.M., 2010. GERMINATOR: a software package for high-throughput scoring and curve fitting of Arabidopsis seed germination. *The Plant Journal* (2010) 62. 148–159.
- Khan A.A., 1994. ACC-derived ethylene production, a sensitive test for seed vigor. *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 119. 1083–1090.
- Khoshbakht K., Hammer K., 2008. How many plant species are cultivated?. *Genet. Resour. Crop. Evol.* 55: 925–928. DOI 10.1007/s10722-008-9368-0

- Kildisheva O.A., Dixon K.W., Silveira F.A.O., Chapman T., Di Sacco A., Mondoni A., Shane R. Turner S.R., Cross A.T., 2020. Dormancy and germination: making every seed count in restoration. *Restoration Ecology* Vol. 28, No. S3. pp. S256–S265.
- Maggioni i wsp. 2014: Maggioni L., Geoffriau E., Allender C., Lipman E., Report of a Working Group on Umbellifer Crops. Second Meeting, 26–28 June 2013, St. Petersburg, Russian Federation. Appendix III. Umbellifer crop-specific genebank standards, 2014
- Maggioni i wsp. 2014a: Maggioni L., van Treuren R., Lohwasser U., Lipman E., Report of a Working Group on Leafy Vegetables. Second Meeting, 8-9 October 2013, Ljubljana, Slovenia, 2014
- Marcos-Filho J., 2015. Seed vigor testing: an overview of the past, present and future perspective. *Scientia Agricola*. 72. 4. 363-374.
- Mira S., Gonzales-Benito M.E., Hill L.M., Walters C., 2010. Characterization of volatile production during storage of lettuce (*Lactuca sativa*) seed. *Journal of Experimental Botany*. 61 (14). : 3915-3924.
- Mira S., Hill L.M., Gonzales-Benito M.E., Ibanez M.A., Walters C., 2016. Volatile emission in dry seeds as way to probe chemical reactions during initial asymptotic deterioration. *Journal of Experimental Botany*. 67 (6). 1783-1793.
- Moriya L.M., Neto N.B.M., Marks T.R., Custódio C.C., 2015. Seed vigour better to be assessed by physiological markers rather than expression of antioxidants enzymes in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L). *Australian Journal of Crop Science* 9(1). 30-40.
- Nagel M., Kodde J., Pistrick S., Mascher M., Börner A., Groot S.P.C., 2016. Barley Seed Aging: Genetics behind the Dry Elevated Pressure of Oxygen Aging and Moist Controlled Deterioration. *Front. Plant Sci*. 7:388. doi: 10.3389/fpls.2016.00388
- Nagel M., Vogel H., Landjeva S., Buck-Sorlin G., Lohwasser U., Scholz U., Börner A., 2009. Seed conservation in ex situ genebanks—genetic studies on longevity in barley. *Euphytica* (2009) 170. 5–14. DOI 10.1007/s10681-009-9975-7
- Onwimol D., Canmprasert W., Changsee P. Rongsangchaichareon T., 2016. Seed vigor classification using analysis of mean radicle emergence time and single counts of radicle emergence in rice (*Oryza sativa* L.) and mung bean (*Vigna radiata* (L.) Wiczek). *Agriculture and Natural Resources*. 50. 345-350.
- Painting, K.A., M.C. Perry, R.A. Denning and W.G. Ayad. 1995.. Guidebook for genetic resources documentation. International Plant Genetic Resources Institute, Rome.
- Podyma W.. 2014. Rośliny uprawne w rolnictwie i ogrodnictwie, leśnictwo, ogrody botaniczne pod kątem wpływu wprowadzenia w Polsce nowych regulacji dotyczących dostępu do zasobów genetycznych i podziału korzyści wynikających z użytkowania tych zasobów (ABS) wynikających z postanowień Protokołu o dostępie do zasobów genetycznych oraz sprawiedliwym i równym podziale korzyści wynikających z użytkowania tych zasobów (Protokołu z Nagoi) do Konwencji o różnorodności biologicznej: http://biodiv.gdos.gov.pl/protokol-z-nagoi/ekspertyzy/wieslaw-podyma_rosliny-uprawne-w-rolnictwie-i-ogrodnictwie.pdf%20%20. Dostęp Grudzień 2021
- Rao NK, Hanson J, Dulloo ME, Ghosh K, Nowell D and Larinde M.. 2006. Manual of seed handling in genebanks. Bioversity International, Rome, Italy.
- Schwember A.R., Bradford K.J., 2010. Quantitative trait loci associated with longevity of lettuce seeds under conventional and controlled deterioration storage conditions. *Journal of Experimental Botany* 61. 4423–4436.
- Sckville Hamilton N.R., Chorlton K.H.. 1997. Regeneration of accessions in seed collections: a decision guide. Handbook for Genebanks no 5. International Plant Resources Institute, Rome, Italy.

- Shaw P. D., Raubach S., Hearne S. J., Dreher K., Bryan G., Mckenzie G., Milne I., Stephen G., Marshall, D. F., 2017. Germinate 3: Development of a common platform to support the distribution of experimental data on crop wild relatives. *Crop Science*, 57. 1259–1273.
- Solberg S.Ø., Yndgaard F., Andreasen C., von Bothmer R., Loskutov I.G., Asdal Å, 2020. Long-Term Storage and Longevity of Orthodox Seeds: A Systematic Review. *Front. Plant Sci.* 11:1007. doi: 10.3389/fpls.2020.01007
- Tabata, S., M. van Ginkel, D. Hoisington, and D. Poland. 2004. Wellhausen-Anderson Plant Genetic Resources Center: Operations Manual. El Batán, Mexico: CIMMYT.
- van Treuren R., Bas N., Kodde J., Groot S.P.C., Kik C. , 2018. Rapid loss of seed viability in ex situ conserved wheat and barley at 4 C as compared to -20 C storage. *Conservation Physiology* V. 6. 10.1093/conphys/coy033
- Whitehouse K.J, F. R. Hay F.R., Ellis R.H., 2015. Increases in the longevity of desiccation-phase developing rice seeds: response to high-temperature drying depends on harvest moisture content. *Annals of Botany* 116. 247–259. doi:10.1093/aob/mcv091, available online at www.aob.oxfordjournals.org
- Whitehouse K.J., Hay F.R., Lusty C, 2020. Why Seed Physiology Is Important for Genebanking. *Plants* 2020, 9, 584. doi:10.3390/plants9050584
- WHO. 2021a. e-Library of Evidence for Nutrition Actions (eLENA.) :https://www.who.int/elena/titles/fruit_vegetables_ncds/en/.
- WHO. 2021b. :<https://www.euro.who.int/en/health-topics/disease-prevention/nutrition/activities/technical-support-to-member-states/promoting-fruit-and-vegetable-consumption>.
- Yamasaki F., Domon E., Tomooka N., Baba-Kasai A., Nemoto H., Ebana K., 2020. Thirty-year monitoring and statistical analysis of 50 species' germinability in genebank medium-term storage suggest specific characteristics in seed longevity. *Seed Science and Technology*, 48, 2. : 269-287. <https://doi.org/10.15258/sst.2020.48.2.14>