

Zadanie 7.2. Ochrona zasobów genowych roślin warzywnych i spokrewnionych dzikich gatunków przed zaginięciem i zabezpieczanie ich w banku genów

Kierownik zadania: dr T. Kotlińska

Wykonawcy: mgr M. Olas-Sochacka, mgr A. Kwiecień, mgr E. Kapusta

Celem ogólnopolskiego programu jest poszukiwanie, gromadzenie, dokumentacja i zabezpieczenie w banku genów zasobów genowych roślin warzywnych przed zaginięciem, w stanie zapewniającym im żywotność i tożsamość genetyczną oraz ich udostępnianie. W banku genów są gromadzone odmiany miejscowe, odmiany skreślone z rejestru, wartościowe linie hodowlane, komponenty do mieszańców, gatunki spokrewnione z uprawnymi i dzikie gatunki, które są cennym źródłem zmienności genetycznej dla potrzeb hodowli twórczej i innych badań.

Aktualnie w banku genów znajduje się 11 327 obiektów z 69 gatunków roślin warzywnych. W formie nasion w przechowalni banku genów w Krajowym Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR w Radzikowie (KCRZG) jest przechowywanych 9 795 obiektów, a w kolekcjach polowych w Instytucie Ogrodnictwa w Skierniewicach utrzymuje się 1 532 obiekty rozmnażane wegetatywnie. Zbiory powiększono o 164 obiekty. Do przechowalni banku genów (KCRZG) przekazano 147 prób nasion z 20 gatunków roślin warzywnych. Odnawiano 1 646 obiektów z 10 gatunków roślin warzywnych. Przeprowadzono waloryzację 1 445 obiektów z 9 gatunków roślin warzywnych. Do odbiorców krajowych (firmy hodowlano-nasienne, uczelnie rolnicze, uniwersytety, odbiorcy indywidualni) wysłano 285 prób nasion lub części wegetatywnych z 18 gatunków roślin warzywnych. Z różnych instytucji w kraju otrzymano 238 prób nasion z 18 gatunków. Za granicę wysłano 77 prób z 2 gatunków. Na życzenie hodowców sprowadzono z zagranicy 106 prób. Opracowano i dołączono do komputerowej bazy danych cechy paszportowe nowo zgromadzonych 164 obiektów wg zmodyfikowanych standardów opracowanych przez IPGRI EURISCO Descriptors i zgodnie z „A European Gene Bank Integration System (AEGIS)”.

Zorganizowano 4 ekspedycje na terenie województw podkarpackiego, podlaskiego i świętokrzyskiego, podczas których zebrano łącznie 184 obiekty z 25 gatunków roślin warzywnych. Założono i prowadzono 10 kolekcji polowych (zasoby genowe z rodzaju *Allium*, burak ćwikłowy, czosnek pospolity, koper, marchew, pomidor, pietruszka, szalotka, szparag), w których prowadzono obserwacje cech morfologicznych i użytkowych zgodnie z obowiązującymi klasyfikatorami cech IPGRI lub UPOV dla poszczególnych rodzajów.

Kontynuowano prace związane z racjonalizacją kolekcji czosnku i szalotki (w ramach działalności *Allium Working Group*, ECPGR/Bioversity International, Rzym, Włochy oraz projektu AEGIS) celem określenia podobieństwa obiektów i wyeliminowania powtarzających się obiektów. Do analiz DNA pobrano próbki liści młodych roślin z 62 obiektów czosnku i 22 obiektów szalotki z kolekcji banku genów. Do analiz zastosowano metodę AFLP. Na dendrogramach utworzonych na podstawie analizy AFLP obiektów czosnku wyróżniono 6 grup. Okazało się, że obiekty czosnku grupują się w zależności od pochodzenia geograficznego. Obiekty zgromadzone w polskiej kolekcji występują we wspólnej, dobrze wyodrębnionej grupie wraz z wieloma obiektami z kolekcji czeskiej oraz dwoma obiektami z Włoch.

W przeciwieństwie do analiz czosnku, badania obiektów szalotki z zastosowaniem metody AFLP nie pozwoliły na wyróżnienie wyraźnych podgrup korelujących z geograficznym pochodzeniem obiektów czy przynależnością do określonych kolekcji. Sugeruje to większą migrację genotypów szalotki na terenie Europy niż w przypadku czosnku.

Kontynuowano rozmnażanie i ocenę w warunkach polowych 2 obiektów szalotki odwirusowanych w kulturach *in vitro*, celem uzyskania wystarczającej liczby roślin do prowadzenia obserwacji. Mikrorozmnażanie szalotki jest utrudnione z powodu występujących infekcji endogennych, co bardzo utrudnia prowadzenie krioprezerwacji. Ponadto odwirusowano 3 obiekty czosnku tworzącego pędy kwiatostanowe. Badane obiekty uwolniono od podstawowych 2 wirusów (OYDV – wirus żółtej karłowatości cebuli, LYSV – wirus żółtej pasiastości pora). W bieżącym roku rośliny *in vitro* tych obiektów były namnażane celem uzyskania wystarczającej liczby roślin do dalszych badań w warunkach polowych i do krioprezerwacji. Ponadto 9 odwirusowanych obiektów czosnku i po krioprezerwacji rozmnażano w polu celem uzyskania wystarczającej liczby roślin do dalszych badań.

W 2011 roku kilkakrotnie pasażowano kultury *in vitro* 9 obiektów, natomiast w „preculture” (warunki stresowe – 16 godz. w świetle w temperaturze 25 °C i 8 godz. w ciemności w temperaturze -1 °C) umieszczono 10 obiektów obu form czosnku.

Wykonano krioprezerwację metodą wityfikacji 16 klonów czosnku. Regeneracja czosnku zamrożonego w ciekłym azocie była bardzo zróżnicowana i w dużym stopniu uzależniona od genotypu. Regeneracja po 10 tygodniach po krioprezerwacji wynosiła od 0% do 74% u czosnku tworzącego pędy kwiatostanowe i od 0% do 34% u czosnku nie tworzącego tych pędów. Aktualnie w ciekłym azocie przechowuje się 66 obiektów czosnku.