

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ VE SBÍRKÁCH MIKROORGANISMŮ A STRATEGIE ZAPLNĚNÍ ZJIŠTĚNÝCH MEZER



Kolektiv autorů

Uplatněná certifikovaná metodika



Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

2021

ISBN 978-80-7427-353-7

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ VE SBÍRKÁCH MIKROORGANISMŮ A STRATEGIE ZAPLNĚNÍ ZJIŠTĚNÝCH MEZER

AUTORSKÝ KOLEKTIV:

Ing. Petr Komínek, Ph.D.

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

Ing. Marcela Komínková

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

Mgr. Iva Křížková, Ph.D.

Ministerstvo zemědělství

Ing. Václav Krejzar, Ph.D.

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

Ing. Radek Aulický, Ph.D.

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

RNDr. Alena Kubátová, CSc.

Univerzita Karlova

Mgr. Ladislav Bár

Milcom, a.s.

Ing. Petra Kubizniaková

Výzkumný ústav pivovarský a sladařský, a.s.

Ing. Jana Brožová, Ph.D.

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

Prof. Ing. Aleš Lebeda, DrSc.

Univerzita Palackého v Olomouci

RNDr. Ivana Eichlerová, Ph.D.

Mikrobiologický ústav AV ČR, v.v.i.

Mgr. Hana Malenovská

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i.

Mgr. Alena Hanzalová, Ph.D.

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

Ing. Josef Mertelík, CSc.

Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v.v.i.

Ing. Miloslava Kavková, Ph.D.

Milcom, a.s.

Ing. Marcela Mrázková

Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v.v.i.

Ing. Martin Kmoč, Ph.D.

Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o.

RNDr. David Novotný, Ph.D.

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

Ing. Iveta Pánková, Ph.D.

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

RNDr. Jiří Skuhrovec, Ph.D.

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

RNDr. Irena Petrželová, Ph.D.

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

Ing. Petr Svoboda, CSc.

Chmelařský institut s.r.o.

MVDr. Markéta Reichelová

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i.

Ing. Marian Urban, Ph.D.

Výzkumný ústav potravinářský Praha, v.v.i.

RNDr. Veronika Řezáčová, Ph.D.

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

Mgr. Lucie Valentová

Výzkumný a šlechtitelský ústav ovocnářský Holovousy s.r.o.

Prof. RNDr. Ivo Sedláček, CSc.

Masarykova univerzita

Mgr. Tomáš Vendl, Ph.D.

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i.

Doc. RNDr. Michaela Sedlářová, Ph.D.

Univerzita Palackého v Olomouci

ISBN 978-80-7427-353-7

OBSAH

Metodika identifikace chybějících genetických zdrojů ve sbírkách mikroorganismů a strategie zaplnění zjištěných mezer	1
Autorský kolektiv:	1
Metodika identifikace chybějících genetických zdrojů ve sbírkách mikroorganismů a strategie zaplnění zjištěných mezer	4
Cíl metodiky	4
Části metodiky:	5
Metodika identifikace chybějících genetických zdrojů	5
Studie mezer uchovávaných genetických zdrojů	5
Strategie rozšíření jednotlivých sbírek	5
Metodika identifikace chybějících genetických zdrojů ve sbírkách mikroorganismů a strategie zaplnění zjištěných mezer	6
Vlastní popis metodiky	6
Úvod	6
Vlastní metodika pro jednotlivé sbírky	9
Sbírka fytopatogenních virů (VURV–V), VÚRV, v. v. i., Praha	9
Sbírka fytopatogenních a zemědělsky prospěšných bakterií (VURV–B), VÚRV, v. v. i., Praha	12
Sbírka zemědělsky významných hub (VURV–F), VÚRV, v. v. i., Praha	19
Sbírka půdních bakterií (VURV–R), VÚRV, v. v. i., Praha	23
Sbírka biotrofních hub (VURV–A), VÚRV, v. v. i., Praha	26
Sbírka živočišných škůdců zemědělských plodin, VÚRV, v. v. i., Praha	28
Chovy skladištního hmyzu a roztočů, VÚRV, v. v. i., Praha	29
Sbírka jedlých a léčivých makromycetů (VURV–M), VÚRV, v. v. i., Olomouc	35
Sbírka fytopatogenních virů brambor, VÚBHB, s. r. o., Havlíčkův Brod	37
Sbírka patogenních virů ovocných dřevin, VŠÚO Holovousy, s.r.o.	38
Sbírka virů okrasných rostlin, VÚKOZ, v. v. i., Průhonice	39
Sbírka zoopatogenních mikroorganismů (CAPM), VÚVeL Brno	41
Sbírka mlékárenských mikroorganismů Laktoflora® (CCDM), Milcom, a. s., Tábor	43

Sbírka mlékárenských a pekárenských kontaminantů (CCDBC), Milcom, a. s., Tábor	44
Sbírka pivovarských mikroorganismů (RIBM), VÚPS, a. s., Praha	45
Sbírka průmyslově využitelných mikroorganismů (RIFIS), VÚPP, v. v. i.	46
Sbírka fytopatogenních mikroorganismů UPOC, PŘF UP v Olomouci.....	49
Sbírka kultur basidiomycetů (CCBAS), MBÚ AV ČR, v. v. i., Praha	54
Sbírka patogenů chmele, CHI, s. r. o., Žatec.....	55
Sbírka kultur hub (CCF), PŘF UK, Praha	56
Česká sbírka fytopatogenních oomycetů (CCPO), VÚKOZ, v. v. i., Průhonice	57
Česká sbírka mikroorganismů (CCM), Masarykova univerzita Brno	58
Seznam obrázků v metodice	59
Srovnání novosti postupů.....	61
Popis uplatnění metodiky.....	61
Ekonomické aspekty	62
Seznam použité související literatury	63
Seznam publikací, které předcházejí metodice	64

CÍL METODIKY

Tato metodika je dokumentem především pro potřeby Národního programu konzervace genetických zdrojů mikroorganismů a drobných živočichů hospodářského významu (NPGZM). Její vypracování bylo zadáno na začátku aktuálního pětiletého období řešení NPGZM v roce 2018.

Svým zaměřením a významem však přesahuje rámec NPGZM a může být využita jakoukoliv organizací, která vlastní a provozuje sbírky genetických zdrojů mikroorganismů.

Metodika identifikace chybějících genetických zdrojů popisuje posuzování zaměření jednotlivých sbírek mikroorganismů z hlediska variability genetický zdrojů uchovávaných v nich s cílem trvalého vylepšování a usměrňování náplně práce jednotlivých sbírek.

Je rozčleněná do podkapitol věnovaných jednotlivým sbírkám mikroorganismů, začleněných do NPGZM.

Součástí předložené metodiky je Studie mezer uchovávaných genetických zdrojů a Strategie rozšíření jednotlivých sbírek. Spolu tak tyto tři etapy tvoří celek pokrývající všechny aspekty managementu zaměření sbírek genetických zdrojů mikroorganismů.

Metodika přispěje vedoucím sbírek ke zlepšení managementu sbírek, protože takto získají nástroj pro řízení náplně sbírek a jejich rozšiřování. Metodika také přispěje k splnění dalších cílů sbírek, což je podpora výzkumu a vzdělávání.

ČÁSTI METODIKY:

Materiál je členěný podle jednotlivých sbírek, a je dále členěný na jednotlivé etapy metodiky:

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Metodika odpovídá na otázku: jakým způsobem sbírka zjišťuje, jaké genetické zdroje jí chybí, aby obsahovala ucelené spektrum mikroorganismů dle jejího zaměření.

Například geografické hledisko, hostitelský okruh, spolupráce s firmami - šlechtění, biotechnologie, požadavky praxe, požadavky státní správy (ÚKZÚZ).

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Studie mezer je aplikace metodiky identifikace chybějících genetických zdrojů. Odpovídá na otázku, které genetické zdroje v mé sbírce chybí.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ JEDNOTLIVÝCH SBÍREK

Strategie rozšíření je odpovědí na předchozí dvě etapy a řeší otázku, které konkrétní genetické zdroje budou do sbírky doplněny.

VLASTNÍ POPIS METODIKY

ÚVOD

GENETICKÉ ZDROJE MIKROORGANISMŮ (GZM)

Většinu biomasy a biologické rozmanitosti života na Zemi tvoří mikrobi, přesto bylo dosud charakterizováno jen asi 10% mikrobiální rozmanitosti Země. Mikrobi hrají významnou roli v biogeochemických cyklech, kde zajišťují rozmanité ekosystémové procesy. Mnoho mikroorganismů je bohatých na významné sloučeniny, čímž slouží jako rezervoáry metabolických produktů. Tento fakt je činí potenciálně důležitými pro vědecké, průmyslové a ekonomické účely. Zásadní význam má dostupnost takových mikrobů pro moderní vědu a pro jejich využití v akademické sféře a průmyslu. Vlivem mnoha faktorů, včetně změny klimatu a ničení přirozených stanovišť, je však celosvětová mikrobiální rozmanitost ohrožena, což zdůrazňuje význam dlouhodobé konzervace mikrobů *ex situ*. Úspěch v konzervačních strategiích však vyžaduje důkladné porozumění základní biologii mikroorganismů, aby bylo prostřednictvím nejmodernějších nástrojů dosaženo zachování životaschopnosti a nezměněného genomu uložených mikrobů. V tomto ohledu je nutné rozšířit specializovanou odbornou přípravu a laboratorní infrastrukturu, aby se tak mohlo významně přispět k ochraně a úspěšnému zachování mikrobiálního genofondu v úložištích (sbírkách) a též na přírodních stanovištích (*in situ*) [1].

MEZINÁRODNÍ AKTIVITY V OBLASTI GZM

Významnou roli v oblasti konzervace mikrobiálních genetických zdrojů hrají centra biologických zdrojů a sbírky kultur mikroorganismů, které udržují mikrobiální genové fondy a zpřístupňují je pro různé programy výzkumu a vývoje. Sbírkové kultury jsou různých typů a velikostí.

Některé malé sbírky udržují specifické mikroorganismy používané v individuálních výzkumných aktivitách. Velké veřejné sbírky mají širší spektrum funkcí a slouží jako správci genetických zdrojů *ex situ*. Fungování těchto biocenter je řízeno mezinárodně uznávanými předpisy, a proto hrají klíčovou roli v konzervačních strategiích.

Světové datové centrum pro mikroorganismy (World Data Centre for Microorganisms – WDCM [2]) eviduje 813 sbírek kultur mikroorganismů v 78 zemích Světa (údaje k 9.10.2021).

Většina biocenter dodržuje provozní pokyny Světové federace pro sbírky kultur (World Federation for Culture Collections – WFCC [3] a postupy Organizace pro hospodářský rozvoj a spolupráci [4] (Organisation for Economical Deevlopment and Cooperation - OECD). Mikrobiální biocentra shromažďují mikroorganismy a mikrobiomy ve vysokém standardu, dlouhodobě je konzervují a taktéž poskytují autentické mikrobiální kmeny jako referenční materiál pro akademický a průmyslový výzkum. Slouží také jako nedílná součást širší činnosti v rámci ochrany a konzervace ekosystémů, což napomáhá při stabilizaci globálního životního prostředí a zachování biologické rozmanitosti pro další generace. [1]

Problematikou globálního přístupu ke genetickým zdrojům a sdílení přínosů plynoucích z jejich využívání se zabývá mezinárodní dohoda Úmluva o biodiverzitě [5] (Convention on Biological Diversity – CBD) a její rozšíření s názvem Nagojský protokol [6].

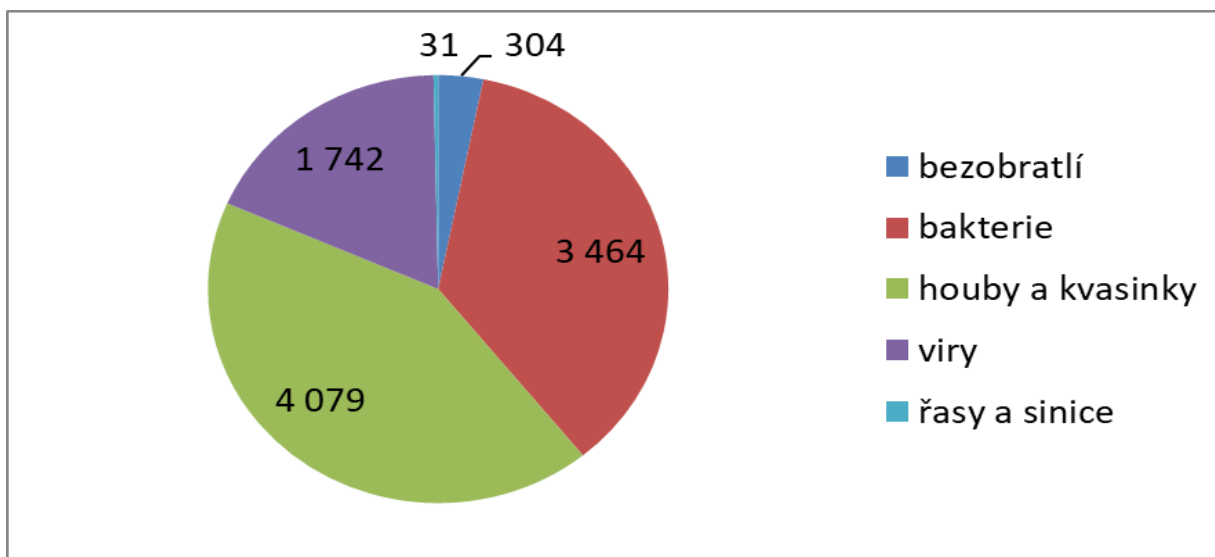
NÁRODNÍ PROGRAM KONZERVACE A VYUŽÍVÁNÍ GENETICKÝCH ZDROJŮ ROSTLIN, ZVÍŘAT A MIKROORGANISMŮ VÝZNAMNÝCH PRO VÝŽIVU A ZEMĚDĚLSTVÍ (NPGZ)

Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství je program Ministerstva zemědělství na ochranu genetických zdrojů významných pro resort zemědělství, vyhlášený podle Zákona [7] vždy na období 5 let. V současnosti probíhající Národní program byl vyhlášen na období 2018-2022 [8]. Jednou z jeho částí je i **Národní program konzervace genetických zdrojů mikroorganismů a drobných živočichů hospodářského významu (NPGZM)**.

Jeho cílem je bezpečná dlouhodobá konzervace GZ mikroorganismů podle mezinárodních standardů, charakterizace uchovávaných GZ a jejich poskytování uživatelům.

Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů mikroorganismů a drobných živočichů hospodářského významu (NPGZM) sdružuje 22 sbírek u 13 organizací včetně VÚRV, v.v.i., který činnost NPGZM koordinuje.

Sbírky v rámci NPGZM udržovaly v roce 2020 celkem **9 620** kmenů mikroorganismů. Sbírky mají ve svých fondech fytopatogenní a zoopatogenní viry, bakterie a houby, užitečné mikroorganismy jako jsou rhizobia, potravinářsky významné kvasinky, jedlé a léčivé houby. Součástí NPGZM jsou také dvě sbírky škůdců; a to škůdců rostlin a jejich nepřátel a škůdců skladovaných komodit a potravin. Viz též obrázek 1.



Obrázek 1: Kvantitativní zastoupení skupin organismů uchovávaných ve sbírkách NPGZM

Akční plán Národního programu konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství na období 2018–2022 [9] je implementačním dokumentem NPGZ. V sekci pro NPGZM definuje 6 priorit a 35 aktivit.

V rámci Priority 2 - *Ex situ* konzervace, Aktivity 5 - Podpora cíleného shromažďování genetických zdrojů definuje Úkol 5.1. - Připravit metodiku identifikace chybějících genetických zdrojů a priorit k racionálnímu rozšíření sbírek mikroorganismů a Úkol 5.2. - Vypracovat studii mezer uchovávaných GZ a strategii rozšíření jednotlivých sbírek mikroorganismů a drobných živočichů. Výstupem řešení těchto dvou úkolů je předkládaná Metodika.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka fytopatogenních virů uchovává patogeny těch plodin, kterých se týkají výzkumné a jiné aktivity virologických týmů VÚRV. Případné chybějící patogeny jsou proto omezené především na obilniny, ovocné dřeviny, zeleninu a révu vinnou. Chybějící genetický zdroj lze tedy definovat jako nový patogen dotyčných plodin, který se vyskytl na území ČR, nebo patogen, na jehož výzkumné řešení je požadavek ze zemědělské praxe.

Požadavek na doplnění sbírky o chybějící genetické zdroje je třeba založit na vlastních zkušenostech, diskusi na toto téma s místními i zahraničními odborníky a literární rešerši. Nejprve je třeba vytipovat možné nové fytopatogenní viry rostlin, pak zvolit identifikační metodu (příznaky, ELISA, PCR) a potom začít hledat na hostitelských rostlinách ve spolupráci s ÚKZÚZ a pěstiteli. V případě nalezení chybějícího genetického zdroje je třeba ověřit pravost izolátu křížovým vyšetřením jinou nezávislou detekční metodou. Zároveň je vhodné provést vyšetření na přítomnost dalších možných fytopatogenních virů v odebrané hostitelské rostlině a např. opakovanými přenosy na selektivně rezistentní hostitelské rostliny (které nehostí doprovodné viry) získaný zdroj očistit od doprovodných virů. Potom je nanejvýš vhodné provést několik přenosů získaného zdroje na publikované hostitelské rostliny a zjistit, které jsou vhodné pro revitalizaci dotyčného viru po jeho uložení do sbírky.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Část sbírky zaměřená na viry zelenin a obilnin je průběžně doplňována o nové položky získané v návaznosti na plnění výzkumných úkolů pracovníky příslušných týmů. Do Sbírk jsou zařazovány nově získané viry a další kmeny virů již zastoupených ve sbírce z dosud nezastoupených lokalit a kmeny výrazně odlišných vlastností, jako je hostitelský okruh, virulence a příznaky napadení na rostlinách.

Sbíрку virů ovocných dřevin a révy vinné udržovanou v technickém izolátu (TI) na živých dřevinách bylo možné v případě jejich zachycení ve výsadbách doplnit novými nepoviry, např. TomRSV, který původně byl součástí sbírky v TI, ale infikované stromy uhynuly a zbylé byly v testech negativní. Zde je ovšem možné rozšiřování sbírky omezeno kapacitou technického izolátu.

Dále se uvažuje o doplnění sbírky o běžné viry luskovin, ze kterých je zde zastoupena pouze virus obecné mozaiky fazolu (BCMV), virus mozaiky vojtěšky (AMV) a virus vadnutí bobu obecného (BBWV-1 a 2), zatímco chybí např. virus výrůstkové mozaiky hrachu (PEMV) nebo virus semenem přenosné mozaiky hrachu (PSbMV). Zásadní pro výběr nových fytopatogenních virů budou požadavky pěstitelů a ÚKZÚZ a návaznost na plnění výzkumných úkolů pracovníků příslušných týmů.

Zřejmou mezerou v uchovávaných genetických zdrojích jsou nově se rozšiřující ekonomicky významné viry. Příkladem je Tomato brown rugose fruit virus (TBRFV), působící značné škody na plodové zelenině.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Sbírka se bude rozšiřovat o viry napadající dvě skupiny plodin – obilniny a zeleninu.

U obilnin se pozornost zaměří na silně virulentní viry ječmene.

U zeleniny budeme usilovat o získání izolátů TBRFV a virů luskovin.



Obrázek 2: Virus Bean common mosaic virus – příznaky na listech fazolu.

Foto Ing. Jana Brožová, Ph.D.



Obrázek 3: Virus Cucumber mosaic virus – izolát Svijany.

Foto Ing. Jana Brožová, Ph.D.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Ve Sbírci fytopatogenních a zemědělsky prospěšných bakterií (VURV-B) může docházet ke vzniku mezer v uchovávaných genetických zdrojích nejčastěji v důsledku změny spektra bakteriálních patogenů v návaznosti na změny spektra pěstovaných zemědělských plodin, ovocných a okrasných dřevin a dalších rostlin v ČR. Dlouhodobě se proto v rámci výběru a uchovávání bakterií ve Sbírci zohledňují informace EPPO o výskytu a šíření škodlivých karanténních činitelů v Evropě. Druhý faktor, který ovlivňuje zaměření Sbírcy, je poptávka zemědělských a zpracovatelských podniků na vypracování posudků, metodik a provedení mikrobiálních analýz poškozených porostů. Do strategie Sbírcy je v souvislosti se snižováním počtu účinných pesticidních látek, zahrnut i výběr a uchovávání zemědělsky prospěšných bakterií posilujících vitalitu rostlin a vykazujících antagonistické a kompetitivní vlastnostmi vůči patogenům.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

V současné době jsou identifikovány dvě skupiny bakterií, kterým Sbírci věnuje zvýšenou pozornost a které jsou nově zařazovány:

Karanténní bakterie, riziková biologická agens a další fytopatogenní bakterie s teplotním optimem nad 22 °C a schopností dlouhodobého přežívání při teplotách v blízkosti bodu mrazu – dlouhodobý trend zvyšování průměrné teploty ve střední Evropě vede ke změnám spektra hospodářsky významných bakteriálních patogenů.

RALSTONIA SOLANACEARUM – PŮVODCE BAKTERIÁLNÍ HNĚDÉ HNILOBY BRAMBORU A CÉVNÍHO VADNUTÍ DALŠÍCH ZELENINOVÝCH DRUHŮ

Zdroj a typ vzorků

- Celoroční namátkový odběr standardních vzorků (1 g) kořenů a stonků pobřežní vegetace řek s důrazem na čeleď *Solanaceae* = monitoring rozšíření bakterie v ekosystémech pobřežní vegetace řek.
- Sezónní odběr standardních vzorků (1 g) kořenů a stonků symptomatických vadnoucích rostlin z polních porostů plodin čeledi *Solanaceae*.

- Namátkové odběry standardních vzorků hlíz (200 hlíz) původem ze třetích zemí určených ke zpracování např. ve škrobárnách a v ČR nepodléhajících fytoosanitární kontrole.

Odběratelé a poskytovatelé vzorků

- pěstitelé a zpracovatelé bramboru – analýza symptomatických rostlin a hlíz.
- pracovníci Rostlinolékařské bakteriologie – dlouhodobé přežívání patogenu původem ze subtropických oblastí v mírném pásmu.

CLAVIBACTER SEPEDONICUS – PŮVODCE BAKTERIÁLNÍ KROUŽKOVITOSTI BRAMBORU

Zdroj a typ vzorků

- Odběr celých rostlin z kolekce tkáňových kultur na kontrolu všech vstupních šlechtitelských a množitelských materiálů českých genotypů bramboru.
- Odběr cévních svazků ze standardních vzorků sadbových hlíz (200 hlíz) na kontrolu komerčních stupňů přesadby sadbových hlíz pěstovaných v ČR.
- Odběr cévních svazků ze standardních vzorků sadbových hlíz (200 hlíz) na kontrolu dovážených sadbových hlíz na vyžádání pěstitele.

Odběratelé a poskytovatelé vzorků

- šlechtitelé a množitelé genotypů bramboru – analýza cévních svazků rostlin bramboru, dceřiných hlíz určených k převodům do tkáňových kultur *in vitro*, vlastních tkáňových kultur daného genotypu před množením, kontrola komerčních stupňů množení.
- pěstitelé sadbových, konzumních a průmyslových odrůd bramboru – analýza importovaných partií sadbových hlíz bramboru.
- pracovníci Rostlinolékařské bakteriologie – dlouhodobé přežívání patogenu původem ze subtropických oblastí v mírném pásmu v systému integrovaného způsobu hospodaření na půdě.

XYLELLA FASTIDIOSA – PŮVODCE BAKTERIÁLNÍHO HNĚDNUTÍ A ODUMÍRÁNÍ OVOCNÝCH A OKRASNÝCH DŘEVIN, RÉVY VINNÉ, PLODIN A OKRASNÝCH ROSTLIN

Zdroj a typ vzorků

- Odběr standardních vzorků listů a stonků (1 g) ze širokého spektra dovážených teplomilných rostlin ze subtropických oblastí a jižních částí mírného pásma s potvrzeným nebo potenciálním výskytem bakterie.

- Odběr standardních vzorků listů a stonků (1 g) z planě rostoucích hostitelských druhů rostlin, potenciálních rezervoárů bakterie ve volné přírodě.

Odběratelé a poskytovatelé vzorků

- pěstitelé – kontrolní analýza vzorků dovážených bylin a dřevin pro produkční a okrasné výsadby, *Cydonia*, *Malus*, *Pyrus*, *Prunus*, lesních a parkových dřevin *Acer*, *Platanus*, *Quercus*, *Ulmus* atd. a teplomilných bylin rodu *Lavandula*, *Myrtus*.
- pracovníci Rostlinolékařské bakteriologie – planě rostoucí a okrasné druhy dřevin rodu *Cydonia*, *Malus*, *Pyrus*, a *Prunus*, druhy intravilánových a lesních dřevin, zejména v rámci rodů *Acer*, *Platanus*, *Quercus*, *Ulmus*.

SPEKTRUM PATOGENŮ OVOCNÝCH DŘEVIN – BAKTERIE RODU XANTHOMONAS, PŮVODCI LISTOVÝCH SKVRNITOSTÍ A KOROVÝCH NEKRÓZ

Zdroj a typ vzorků

- Systematický odběr symptomatických vzorků korových pletiv, listů a plodů (1 g) z produkčních výsadb teplomilných peckovin a skořápkatého ovoce.
- Odběr standardních vzorků vnitřních pletiv roubových a podnožových materiálů (1 g) teplomilných peckovin a skořápkatého ovoce.

Odběratelé a poskytovatelé vzorků

- pěstitelé teplomilných peckovin a skořápkatého ovoce – ověření potenciálního výskytu karanténních bakterií druhu *Xanthomonas arboricola*.
- výrobci školkařských výpěstků – kontrola přítomnosti systemické infekce v roubových a podnožových materiálech.

ZEMĚDĚLSKY PROSPĚŠNÉ BAKTERIE PODPORUJÍCÍ RŮST A OCHRANU ROSTLIN PROTI BIOTICKÝM A ABIOTICKÝM ČINITELŮM

SPEKTRUM ENDOFYTICKÝCH BAKTERIÍ Z KOMPLEXU PSEUDOMONAS FLUORESCENS V PRODUKČNÍCH VÝSADBÁCH TEPLMILNÝCH PECKOVIN – PRODUCENTI RŮSTOVÝCH REGULÁTORŮ A LÁTEK ANTIBIOTICKÉ POVAHY

- Systematický odběr standardních vzorků vnitřních pletiv pupenů (1 g) ze symptomatických a asymptomatických stromů teplomilných peckovin.
- Odběr standardních vzorků vnitřních pletiv roubových a podnožových materiálů (1 g) teplomilných peckovin.

Odběratelé a poskytovatelé vzorků

- pěstitelé teplomilných peckovin – ověření výskytu prospěšných endofytických bakterií podporujících růst a ochranu stromů proti vaskulárním patogenům.
- pracovníci Rostlinolékařské bakteriologie – charakterizace prospěšných endofytických bakterií z komplexu *Pseudomonas fluorescens*.

SPEKTRUM EPIFYTNÍCH BAKTERIÍ Z KOMPLEXU PSEUDOMONAS FLUORESCENS S ANTAGONISTICKÝMI A NUTRIČNĚ KOMPETITIVNÍMI VLASTNOSTMI V PRODUKČNÍCH VÝSADBÁCH TEPLMILNÝCH PECKOVIN

- Systematický celoroční odběr standardních vzorků listů, pupenů a korových pletiv (1 g) ze symptomatických a asymptomatických stromů teplomilných peckovin.

Odběratelé a poskytovatelé vzorků

- pěstitelé teplomilných peckovin – ověření výskytu prospěšných epifytních bakterií podporujících ochranu stromů proti abiotickým faktorům a omezující růst původců korových nekrot a listových skvrnitostí a bakterií podílejících se na mrazovém poškození stromů.
- pracovníci Rostlinolékařské bakteriologie – charakterizace prospěšných epifytních bakterií z komplexu *Pseudomonas fluorescens*.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Dlouhodobá strategie rozšiřování Sbírký je ovlivněna třemi aspekty:

1) Vzhledem k vývoji klimatu dochází k postupné změně skladby planých rostlin i pěstovaných plodin, ovocných a okrasných dřevin. Se změnou spektra plodin se mění i spektrum potenciálních patogenů. Do Sbírký jsou proto postupně zařazovány druhy bakterií s vyšším teplotním optimem tj. např. rody bakterií z čeledi Enterobacteriaceae (*Brenneria*, *Gibbsiella*, *Lonsdalea*, *Rahnella*), Pectobacteriaceae, Xanthomonadaceae (*Xanthomonas*, *Xyllela*).

2) Do Sbírký budou na základě hledání účinných směsí antagonistů a kompetitivně a nutričně prospěšných členů epifytní mikroflóry zařazovány nefytopatogenní bakterie, které budou přispívat k dobrému zdravotnímu stavu a budou vytlačovat nebo redukovat škodlivé činitele, případně budou využity pro extrakci látek potlačujících fytopatogenní mikroorganismy. Tato strategie je ovlivněna potřebou získat náhradu za účinné chemické přípravky s baktericidními vlastnostmi.

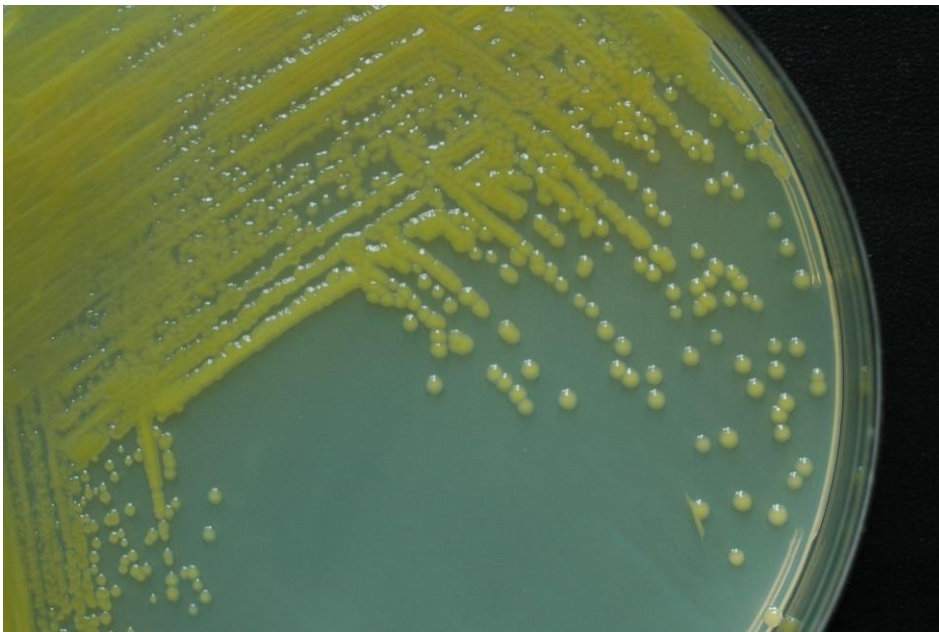
3) Spektrum sledovaných patogenů bude ovlivněno i z hlediska měnící se skladby pěstovaných druhů a kultivarů ovoce, zeleniny a dalších plodin. Podle dosavadních analýz je patrné, že některé nové ovocné a okrasné dřeviny a rostliny jsou citlivé vůči druhům bakterií, které jsou nepatogenní nebo podmíněně patogenní pro dřeviny a rostliny běžně pěstované ve střední Evropě.

OBRAZOVÁ PŘÍLOHA:

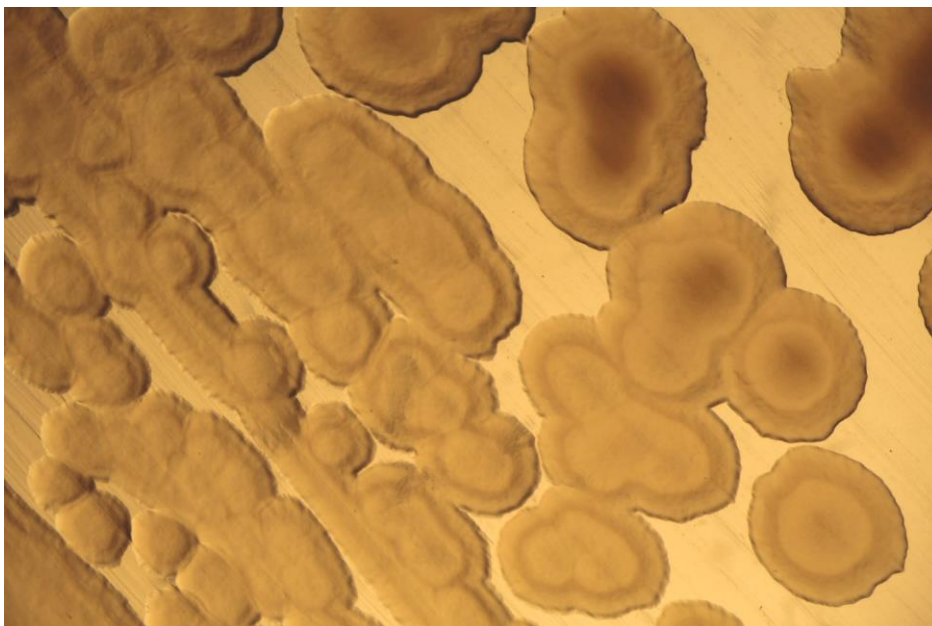
Příklady mezer v uchovávaných genetických zdrojích - původci listových skvrnitostí a korových nekrotéz na skořápkatém ovoci.



Obrázek 4: Nekrotická léze na listu ořešáku královského způsobená bakterií rodu *Xanthomonas*. Foto Ing. Václav Krejzar, Ph.D.



Obrázek 5: Kolonie bakterie rodu *Xanthomonas campestris*. Foto Ing. Václav Krejzar, Ph.D.



Obrázek 6: Spektrum epifytních bakterií z komplexu *Pseudomonas fluorescens* s antagonistickými a nutričně kompetitivními vlastnostmi v produkčních výsadbách teplomilných peckovin: – kolonie antagonistického kmene *Pseudomonas fluorescens*. Foto Ing. Václav Krejzar, Ph.D.



Obrázek 7: Způsob uchování širokého spektra mikroorganismů – lyofilizační přístroj.

Foto Ing. Václav Krejzar, Ph.D.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Pro zařazení kmene do Sbírk zemědělsky významných hub (VURV-F) (dále Sbíрка) jsou dána následující kritéria:

- význam taxonu pro zemědělství ať v negativním či pozitivním smyslu přínosu, vč. přínosu pro diagnostiku – čím významnější taxon, tím větší zájem zařadit odpovídající počet reprezentativních kmenů
- informace o výskytu v daném substrátu – čím nižší počet kmenů daného taxonu z daného substrátu je ve Sbírci a ve sbírkách v ČR, Evropě a jinde ve světě, tím větší zájem je zařadit ho do Sbírk
- informace o výskytu v České republice – čím nižší je počet kmenů daného taxonu z území ČR ve Sbírci a ve sbírkách v ČR, Evropě a jinde ve světě, tím větší zájem je zařadit ho do Sbírk
- informace o výskytu v Evropě a jinde ve světě – čím nižší je počet kmenů daného taxonu z území Evropy a jiných částí světa ve Sbírci a v jiných sbírkách v ČR, Evropě a jinde ve světě, tím větší zájem je zařadit ho do Sbírk
- informace o rezistenci k fungicidům – u taxonů hub, proti nimž se provádí v zemědělské praxi fungicidní ochrana v širší míře, je zájem získat reprezentativní sadu kmenů, zahrnující kmeny velmi citlivé, středně citlivé a rezistentní
- počet kmenů daného taxonů uložených ve Sbírci – čím více kmenů od daného taxonu je ve Sbírci, tím menší zájem je další kmeny tohoto druhu zařazovat do Sbírk
- genetická variabilita populací daného taxonu – čím větší je známá genetická variabilita daného taxonu, tím větší má Sbíрка zájem uchovávat více kmenů tohoto taxonu
- kmeny vyznačující se neobvyklými vlastnostmi významnými nebo využitelnými člověkem – kmeny které vykazují vlastnosti, které se nyní nebo z hlediska využití v krátkodobé nebo ve střednědobé budoucnosti jeví jako přínosné pro člověka, jsou upřednostňovány před kmeny bez takovýchto vlastností
- taxony s invazivním potenciálem nevyskytující se dosud na území ČR, ale s možností rozšíření jejich výskytu na toto území - je zájem zařazovat kmeny tohoto taxonu do Sbírk
- kmeny druhů, u kterých bylo v posledních letech zjištěno rozšiřování areálu jejich výskytu směr k ČR, je zájem zařazovat do Sbírk

Cílem Sbírký je získat co největší počet kmenů hub a houbám podobných mikroorganismů splňující maximálně kritéria výběru. Počet kmenů ve Sbírci je limitován finančními prostředky, a technickými a prostorovými možnostmi Sbírký. Sbírká uchovává především mikroorganismy, které jsou v nějakém vztahu s rostlinami (a produkty z nich) nebo mohou ovlivnit nějak jejich zdravotní stav nebo vývoj, dále pak jedlé a léčivé houby a organismy, které jsou v nějakém vztahu s těmito houbami (a produkty z nich).

Sbírká uchovává pouze kmeny kultivovatelné na agarových nebo blízkých živných mediích. Sbírká neuchovává mikroorganismy, které je možné pěstovat pouze na živých rostlinách. (Uchovávání mikroorganismů, které je možné kultivovat pouze na živých rostlinách, pro Sbírká znamená výrazné zatížení na její personální, technické a finanční prostředky. Pokud by byl na Sbírká ze strany VÚRV v.v.i. nebo MZe vznesen požadavek na uchovávání takovýchto organismů, bylo by nutné změnit cíle Sbírký a strategii jejího rozšiřování.)

Sbírká uchovává fytopatogenní, mykotoxinogenní, nematofágní houby a houbám podobné mikroorganismy, houby a houbám podobné mikroorganismy s potenciálem využití při biologické ochraně, užitečné při detekci škodlivých mikroorganismů rostliny, na podporu dobrého rozvoje rostlin, využitelné v agropůmyslu nebo jedlé a léčivé houby.

Z taxonomického hlediska Sbírká uchovává houby z říše Fungi (především ze skupin Ascomycota, Basidiomycota a Zygomycota) a houbám podobné organismy především ze skupiny Oomycota.

Nejpočetněji jsou ve Sbírci zastoupeny druhy ze skupiny Ascomycota a z této skupiny je nyní nejvíce kmenů z rodů *Alternaria*, *Aspergillus*, *Botrytis*, *Colletotrichum*, *Fusarium*, *Mycosphaerella*, *Neofabraea*, *Penicillium* a *Pyrenophora*. Ve všech těchto rodech byly popsány velké počty druhů a nižších taxonomických taxonů a vyskytují se na více hostitelích. Druhové spektrum u rodů s nejvíce uchovávanými kmeny není až na výjimku (r. *Neofabraea*) ve Sbírci dostatečně zastoupeno a to i na úrovni kmenů. Z toho důvod se bude pokračovat v doplňování jejich diversity do Sbírký.

Ve Sbírci jsou houby a houbám podobné mikroorganismy poškozující rostliny a pěstované houby jak před sklizní, tak po sklizni a houby využitelné pro ochranu rostlin před škodlivými činiteli. Z hlediska spektra zemědělsky významných rostlin jsou nyní ve Sbírci houby a houbám podobné mikroorganismy poškozující především obilniny, ovocné dřeviny a drobné ovoce a i z těchto plodin je uchovávané druhové spektrum neúplné a je žádoucí získat další druhy a kmeny těchto mikroorganismů. Z ostatních skupin zemědělsky významných rostlin je těchto škodlivých mikroorganismů výrazně méně. Z některých zemědělských plodin nejsou ve Sbírci žádné kmeny mikroorganismů. Je proto žádoucí získat také z těchto plodin druhy a kmeny těchto mikroorganismů.

Do Sbírký jsou nejčastěji zařazovány mikroorganismy, které získají při řešení výzkumných úkolů pracovníci Sbírký, méně kmenů je získáváno od výzkumníků a dalších osob z jiných pracovišť a pracovníků státní správy. Pracovníci Sbírký se již více let snaží získat do Sbírký kmeny hub a houbám podobných mikroorganismů z jiných výše uvedených zdrojů, ale daří se to s různou mírou úspěšnosti.

Jedlé a léčivé houby

Sbírka má ve svých fondech kmeny různých druhů jedlých a léčivých hub, ale jednak není pokryto zcela kompletní druhové spektrum těchto hub a také jsou od různých druhů ve Sbírci uchovávány různé počty kmenů. U většiny druhů je proto žádoucí navýšit počet uchovávaných kmenů, aby byla zachycena jejich vnitrodruhová diverzita.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Strategie rozšíření Sbírký vychází ze zaměření Sbírký a zjištěných mezer.

Mimoto se Sbírka bude držet následujících kritérií:

- taxon je kultivovatelný v *in vitro* aerobních podmínkách na agarových nebo jemu podobných živných kultivačních mediích, případně tekutých kultivačních mediích, bez nutnosti zároveň pěstovat na živé rostlině nebo v tomto mediu živou hostitelskou rostlinu (myšleno i explantátovou kulturu).
- cílem není mít ve Sbírci pouze zástupce jednoho druhu houby, byť by to byl velmi významný druh, ale cílem je mít ve Sbírci reprezentativní zástupce co nejvíce druhů, které budou v míře odpovídající potřebám především zemědělství a výzkumu především v zemědělství, především v ČR, a to s přesahem do očekávaných potřeb v těchto zájmových oblastech.
- kmeny od jednoho taxonu se musí od sebe odlišovat alespoň jedním parametrem. Za odlišnost se považuje i původ z jiné lokality nebo původ z jiného výrazně odlišného substrátu z jedné lokality.
- u velmi a nadprůměrně významných druhů (pokud se nebude jednat o tzv. široký druh, zahrnujících několik nebo mnoho dalších taxonomických podjednotek) je horní hranicí počtu uchovávaných kmenů ve Sbírci 50 kmenů.
- u průměrně významných druhů bude maximální počet uchovávaných kmenů ve Sbírci 20 kmenů.
- u podprůměrně významných druhů bude maximální počet uchovávaných kmenů ve Sbírci 5-10 kmenů.



Obrázek 8: Konidie a mycelium houby *Epicoccum nigrum*. Foto RNDr. David Novotný, Ph.D.



Obrázek 9: Kolonie fytopatogenní houby *Colletotrichum acutatum*. Foto RNDr. David Novotný, Ph.D.



Obrázek 10: Konidiofor s konidii houby *Desmazierella acicola*. Foto RNDr. David Novotný, Ph.D.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka půdních bakterií uchovává prospěšné půdní, endofytické a endosymbiotické bakterie (především rhizobia), pokrývající širokou škálu hostitelských rostlin. V současné době sbírka kromě rhizobií zahrnuje prospěšné půdní bakterie rodu *Azotobacter* a do budoucna se předpokládá její rozšíření o další půdní bakterie (př. rod *Bacillus*) prospěšné pro zemědělskou produkci a kvalitu zemědělských půd. Významné mezery v uchovávaných genetických zdrojích představují bakterie obývající spolu s rhizobii kořenové noduly a rhizobia tvořící symbiózu s méně zemědělsky využívanými leguminózami. Pozornost zasluhují také kmeny bakterií, které poskytují rostlině výhodu při zvládnání stresu jako např. vyšší teplota či sucho. Všechny tyto skupiny jsou dosud nedostatečně prozkoumány, a to jak jejich existence, tak funkce. Chybějící genetický zdroj je tedy možno definovat jako bakteriální kmen s novými vlastnostmi prospěšnými pro kvalitu zemědělské produkce a/nebo zachování/zvýšení kvality zemědělských půd.

Požadavek na doplnění sbírky o chybějící genetické zdroje je třeba založit na charakterizaci vlastností kmene, vlastních zkušenostech, diskusi na toto téma s odborníky a literární rešerši. Zařazování získaných kmenů do sbírky se bude řídit tím, aby byl od každého rodu, popř. nižší fylogenetické linie zastoupen alespoň jeden, popřípadě několik kmenů z různých lokalit (environmentálních podmínek) nebo jednoho hostitelského druhu.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka půdních bakterií bude postupně charakterizována molekulárně a na základě vlastností jednotlivých kmenů vzhledem ke zlepšení zemědělské produkce a kvality půd. Zároveň bude pro skupinu symbiotických bakterií-rhizobií, tvořících základ Sbírký půdních bakterií, sledováno spektrum pěstovaných zemědělských plodin a procento hostitelských plodin, pro které nemáme ve sbírce kompatibilní druh rhizobia. Na základě těchto poznatků bude sbírka nadále rozšiřována o nové kmeny bakterií.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Do sbírky jsou zařazovány kmeny bakterií tak, aby kmeny uložené ve sbírce co nejvíce pokrývaly spektrum přinášených benefitů pro hostitelskou rostlinu, spektrum hostitelských druhů a environmentálních podmínek.

Do sbírky budou dále zařazovány bakterie, které budou přispívat k dobrému zdravotnímu stavu půd a/nebo rostlin hospodářského významu. Spektrum kmenů ve sbírce se do značné míry odvíjelo od vědecké činnosti. I nadále budou do sbírky ukládány bakteriální kmeny zkoumané v rámci výzkumných úkolů týmu Zemědělské pedologie a pedobiologie VÚRV, v.v.i.

V současné době je pozornost zaměřena na rhizobia z extrémních stanovišť a na endofyty obývající kořenové noduly (viz též obrázek na následující straně).



Obrázek 11: Rhizobiální noduly tvořené kmenem *Bradyrhizobium* sp. na kořenech podzemnice olejně. Foto Ing. Alena Czaková.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka biotrofních hub (VURV-A) má úzké zaměření na hospodářsky velmi významnou skupinu houbových patogenů obilnin. Identifikace chybějících genetických zdrojů tak spočívá v analýze druhového a rasového spektra významných biotrofních hub, především rzi, padlí a snětí napadajících obilniny pěstované v ČR. Rasy uvedených patogenů s novou virulencí nebo rasy, které se vyskytují v Evropě a ve sbírce chybí, jsou pak potenciálními kandidáty na zařazení do sbírky.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Ve sbírce mohou vznikat mezery v uchovávaných genetických zdrojích nejčastěji novým výskytem a šířením patotypů rzi. Dochází též k rozšíření hostitelského spektra rzi, například o minoritní obilniny (oves, triticales, pšenice špalda).

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Sbírka se rozšiřuje o nově se šířící patotypy rzi travní (rasa Digalu, rasy Clade I. - IV.). Bylo taktéž rozšířeno hostitelské spektrum rzi o triticales a pšenici špaldu, kde se vyskytují specifické patotypy rzi pšeničné a rzi travní. Byly charakterizovány rasy rzi ovesné a použity při zjištění odolnosti pěstovaných odrůd ovsa. Do sbírky byly zařazeny hospodářsky významní zástupci řádu *Tilletiales*, byla dokončena metodika jejich ukládání.



Obrázek 12: Listy pšenice napadené rzí plevovou.

Foto Mgr. Alena Hanzalová, Ph.D.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Ve Sbírce živočišných škůdců zemědělských plodin lze hledat mezery v uchovávaných genetických zdrojích mezi významnými škůdci zemědělských plodin, včetně nových invazních druhů v České republice.

Hlavním důvodem pro začlenění nových položek do sbírek jsou odlišné vlastnosti např. odolnost vůči pesticidům klasickým i nově vyvíjeným alternativním botanickým. Tato variabilita může být způsobena geografickou izolací, odlišnou hostitelskou rostlinou nebo i rezistencí.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Byly identifikovány mezery uchovávaných genetických zdrojů. Jedná se zejména o parazitoidy na obilných mšicích (např. *Aphelinus abdominalis*, *Aphidius ervi*), ale z technických důvodů zatím není možné tyto druhy u nás chovat.

Ve Sbírce živočišných škůdců zemědělských plodin chybí také invazní druhy škůdců nově se vyskytující v České republice (např. kněžice mramorovaná, kněžice zeleninová).

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Sbírka nově rozšířila spektrum uchovávaných škůdců o mšice napadající obilniny. Po úspěšných zkouškách byly vytvořeny chovy mšice střemchové (*Rhopalosiphum padi*) a také kyjatky osenní (*Sitobion avenae*). Začlenění chovů do Sbírky bylo provedeno až po úspěšném chovu populace přes zimní období. V krátké budoucnosti se plánuje rozšíření chovů o další druhy mšic, jenž způsobují významné škody v zemědělství.

Sbírka plánuje rozšířit spektrum uchovávaných škůdců také o nové invazní škůdce napadající obilniny, zeleninu nebo plody v sadech. Momentálně byla zahájena zkouška chovu kněžice mramorované (*Halyomorpha halys*). Začlenění chovů do Sbírky bude provedeno až po úspěšném chovu populace přes zimní období.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

V současné době ve sbírce převažují položky druhů, které lze charakterizovat zejména jako škodlivé organismy v zemědělství a potravinářství. Přestože je celosvětově evidováno cca 1700 druhů hmyzu asociovaných se skladovacím ekosystémem (Hagstrum, Subramanyam, 1991), je důležité se zaměřit na druhy, které mají kosmopolitní význam nebo regionální význam pro ČR, popřípadě pro EU. Praktické využití sbírkových položek ukazuje členění struktury na druhy škodlivé, druhy s potencionálním významem pro IPM (biologický boj), druhy pro výživu lidí a zvířat a v neposlední řadě druhy s potencionálním významem v dalších nepotravinářských oblastech.

ZÁKLADNÍ ROZDĚLENÍ SKUPIN:

Hmyz a roztoče asociované se skladováním lze rozdělit do čtyř základních skupin z pohledu charakterizace v rámci celé sbírky. Některé druhy mohou být charakterizovány a začleněny současně do dvou nebo i více skupin. Z tohoto důvodu je vhodné tyto druhy vyhledávat a začleňovat do sbírek přednostně, protože je u nich vyšší pravděpodobnost potencionálního využití, čímž celkově roste význam celé sbírky.

- Druhy škodící na skladovaných produktech
- Druhy s potencionálním významem pro IPM
- Druhy pro výživu lidí a zvířat
- Druhy s významem v dalších oborech

DRUHY ŠKODÍCÍ NA SKLADOVANÝCH PRODUKTECH

Skupina druhů hmyzu a roztočů označovaná často obecně jako skladištní škůdci je velice rozsáhlou skupinou s širokou rozmanitostí. Do této skupiny patří druhy ze skupin brouci, motýli (zejména zavíječi a moli), pisivky, dvoukřídli, roztoči, popřípadě další menší skupiny. V současné době zástupci těchto skupin dominují ve sbírkových položkách. Jedním z důvodů je historický vývoj sbírek, ale také využívání těchto druhů při výzkumu nebo v rámci školení odborné veřejnosti a výuky.

Tyto druhy jsou pro sbírky cenné z mnoha hledisek. Široké druhové spektrum ve sbírce sebou přináší biologický materiál pro výzkum účinných látek přípravků na ochranu rostlin (POR) nebo biocidů, výzkum biopesticidů, výzkum rezistence, základní materiál pro predátory a parazitoidy a mnoho dalších činností spojených s touto skupinou. Některé druhy z této

skupiny lze zařadit i do dalších skupin (např. potemník moučný, cvrčci – pro lidskou výživu nebo zavíječ paprikový – rozklad plastových odpadů pomocí střevní mikroflóry housenek tohoto škůdce atd.).

DRUHY S POTENCIÁLNÍM VÝZNAMEM PRO IPM

Do této skupiny patří druhy, které jsou specifické a vykazují významný potenciál v oblasti biologického boje, při kterém je využívána strategie predace nebo parazitování na hostitelích, kteří paří mezi skladištní škůdce. Existuje celá řada těchto druhů s větším nebo menším potenciálem využitelnosti v praxi. Nejznámějším a také v praxi vyzkoušeným druhem je predatorní roztoč *Cheyletus eruditus*, popřípadě další příbuzné druhy. Tento druh byl již v minulosti komerčně využíván. V zahraničí existují další druhy, které jsou využívány v praxi. V současné době provádí řada zahraničních výzkumných pracovišť intenzivní screening dalších potencionálně využitelných druhů. Řada potencionálně využitelných druhů je v rámci různých faunistických průzkumů získávána také ze skladů v ČR. Ovšem zařazení do sbírkových položek bývá komplikované. Důvodem jsou specifické požadavky například na kořist/hostitele, rychlost vývoje atd. V první fázi zařazování těchto druhů do sbírek je nutné se zaměřit na přípravu efektivních metodik chovu, které jsou pro každý druh specifické. S tím mohou být spojeny zvýšené náklady jak finanční, tak i personální.

DRUHY PRO VÝŽIVU LIDÍ A ZVÍŘAT

V posledních letech se stále více rozvíjejí trendy využívající hmyz pro lidskou výživu nebo pro výživu hospodářských zvířat a zvířat v zájmových chovech. Existuje několik významných druhů hmyzu, jako je například potemník moučný nebo některé druhy cvrčků a švábů. Dále existují například druhy roztočů, které jsou významné v potravinářství v oblasti zrání sýrů, kde zajišťují přenosy plísní atd. Existují i další druhy s tímto potenciálem. Ovšem je nutné v rámci výběru druhů zohlednit celou řadu kritérií, mezi které patří zejména negativní dopady na lidské zdraví. Některé druhy hmyzu a roztočů produkují celou řadu alergenních nebo dokonce karcinogenních látek, které mohou poškozovat zdraví nejen lidí, ale také hospodářských nebo domácích zvířat.

DRUHY S VÝZNAMEM V DALŠÍCH OBORECH

Řada druhů hmyzu a roztočů disponuje různými vlastnostmi, které lze využívat také v dalších odvětvích, zejména v průmyslu. Příkladem může být například využití v odpadovém hospodářství, kdy u některých populací zavíječe paprikového byla nalezena schopnost

rozkládat některé druhy plastů. Další využití by mohlo spočívat v extrakci různých enzymů nebo dalších chemických látek z těl hmyzu a roztočů.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Na základě podkladů z metodiky identifikace chybějících genetických zdrojů byly analyzovány nedostatky v GZ sbírky a je připravována strategie a směr doplnění a popřípadě rozšíření sbírky. Kmeny a druhy lze rozdělit do čtyř základních skupin:

- Druhy škodící na skladovaných produktech
- Druhy s potencionálním významem pro IPM
- Druhy pro výživu lidí a zvířat
- Druhy s významem v dalších oborech

Některé druhy mohou být zahrnuty ve dvou i více skupinách. Příkladem může být např. potemník moučný – významný škůdce, potenciál pro lidskou výživu a význam v nepotravinářských oblastech – likvidace biologických odpadů. Široká druhová skladba sebou přináší požadavky na přísnou selekci a výběr vhodných druhů a kmenů. Důvodem jsou omezené finanční zdroje na zajišťování chovů a s tím zejména spojené omezené pracovní kapacity. Udržování sbírkových položek v živém stavu v návaznosti na jejich specifické požadavky sebou přináší zvýšené nároky na práci a kvalifikovaný personál.

Z hlediska doplňování sbírky se ukazují nedostatky a mezery zejména v oblasti druhé skupiny druhů s významem pro IPM. Za tímto účelem by se sbírka měla v nejbližších několika letech zaměřit na doplnění sbírkových položek a začlenění nových druhů s významným potenciálem pro biologický boj v zemědělských skladech a potravinářských provozech.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

PRIORITY PRO ZAŘAZOVÁNÍ NOVÝCH DRUHŮ DO SBÍREK:

Priorita č. 1: Druh – sbírka by měla obsahovat široké spektrum druhů v každé výše uvedené skupině

Priorita č. 2 – Kmen – každý druh by měl být ve sbírce zastoupen v počtu 2 kmeny

Priorita č. 3 – Geografický původ – navýšení počtu kmenů v rámci jednoho druhu by mělo být podloženo různým geografickým původem v následující posloupnosti důležitosti: kontinent – stát – specifická lokalita

Priorita č. 4 – Specifické vlastnosti – navýšení počtu kmenů v rámci jednoho druhu by mělo být v souvislosti se specifickými vlastnostmi daného kmene – např. rezistence, citlivost atd.

1. Druhy škodící na skladovaných produktech

Daná skupina je v současné době nejpočetněji zastoupena ve sbírkách.

- Priorita pro rozšiřování – nízká
- Revize sbírkových položek – vysoká
- Rozšiřování zaměřeno na méně frekventované druhy – např. z čeledi *Dermestidae* (kožojedi)
- Zaměření na charakterizace specifických vlastností – vysoká

2. Druhy s potencionálním významem pro IPM

Vzhledem k vysokému potenciálu využití např. v IPM je nutné zaměřit rozšiřování sbírky tímto směrem. Aktuální počty druhů v této skupině jsou nedostatečné.

- Priorita pro rozšiřování – vysoká
- Revize sbírkových položek – nízká
- Zaměření na vývoj metodik chovu specifických druhů – vysoká
- Zaměření na charakterizace specifických vlastností – vysoká

3. Druhy pro výživu lidí a zvířat

Rozšiřování druhů v této skupině má střední důležitost. Důvodem jsou již rozvinuté komerční subjekty, které se zabývají chovem nejvýznamnějších druhů pro daný obor.

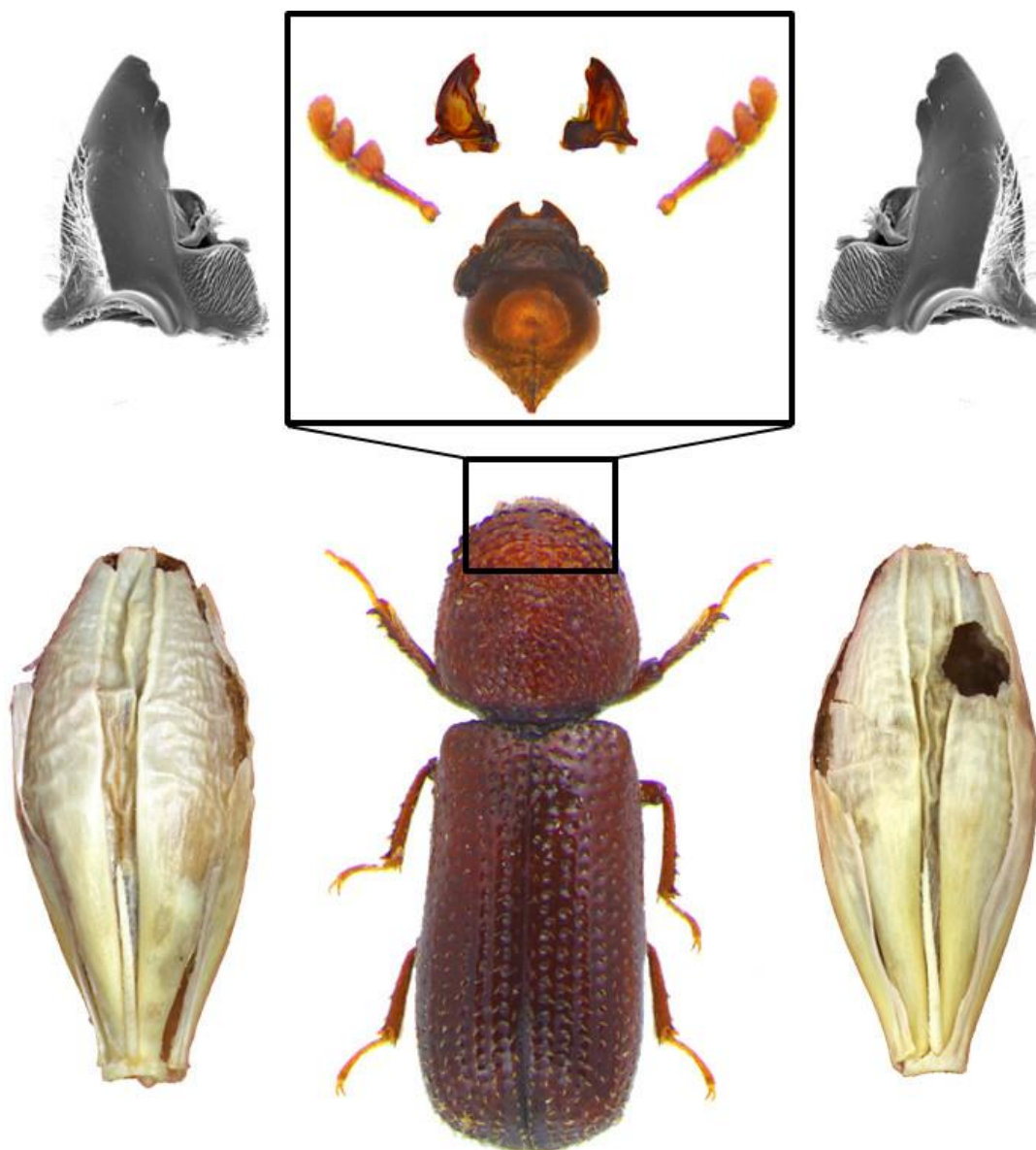
- Priorita pro rozšiřování – střední
- Revize sbírkových položek – nízká
- Zaměření na vývoj metodik chovu specifických druhů – střední
- Zaměření na charakterizace specifických vlastností – střední

4. Druhy s významem v dalších oborech

Využití některých druhů hmyzu nebo roztočů v dalších oblastech je nové téma, které se stále více rozvíjí. Ovšem charakterizace potencionálních druhů a kmenů je velmi složitá a vyžaduje specifické postupy a metody pro jednotlivé oblasti. Přesto lze zařadit charakterizace do vysoké priority.

- Priorita pro rozšiřování – střední

- Revize sbírkových položek – nízká
- Zaměření na vývoj metodik chovu specifických druhů – střední
- Zaměření na charakterizace specifických vlastností – vysoká



Obrázek 13: Imago primárního škůdce korovníka obilního (*Rhyzopertha dominica*). V rámečku jsou vyznačeny struktury hlavové kapsule, která je u brouka skryta pod štítem, umožňující lokalizovat (tykadla) a napadnout (kusadla) obilky různých druhů obilnin. Po stranách rámečku je zobrazen detail kusadel pomocí skenovacího elektronového mikroskopu. Vlevo od imaga je nepoškozená obilka ječmene, vpravo obilka poškozená korovníkem obilním.

Autor: Mgr. Tomáš Vendl, Ph.D.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Identifikace chybějících genetických zdrojů vychází ze zaměření sbírky, což jsou jedlé a léčivé makromycety, především pak zástupci rodu *Morchella*, u nichž došlo v průběhu poslední dekády k významným změnám v taxonomii. Potenciálně chybějící genetické zdroje jsou vyhledávány ve spolupráci s amatérskými a profesionálními mykology průběžným monitoringem výskytu zástupců tohoto rodu na vhodných lokalitách v rámci ČR. Sběrové vzorky jsou identifikovány genotypováním prostřednictvím Sangerovy sekvenace ITS nrDNA, případně jiných jaderných lokusů (LSU nrDNA, EF-1a, RPB1, RPB2).

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Vzhledem k až dosud nejasnému zastoupení především druhů rodu *Morchella* a recentně prokázanému výskytu některých druhů a nižších fylogenetických linií rodů *Morchella* a *Verpa* pro Českou republiku nových, resp. dle nové taxonomie nově vylišených ze stávajících druhů, byly jako prioritní pro doplnění mezer v uchovávaných genetických zdrojích vybrány tyto dva rody hub.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Rozšiřování sbírky je založeno na sběrových aktivitách a získávání nových kmenů z přírodních populací hub. Tyto aktivity budou zaměřeny na vyhledávání již identifikovaných, ale vzácnějších, případně dosud chybějících druhů a nižších fylogenetických linií výše jmenovaných rodů. Hlavním kritériem pro sběrové aktivity bude získat genetické zdroje z různých lokalit ČR.

Zařazování získaných kmenů do sbírky se bude řídit tím, aby byl od každého identifikovaného druhu resp. nižší fylogenetické linie zastoupen alespoň jeden, popřípadě několik kmenů z různých lokalit, aby byla co nejvíce podchycena nejen druhová diverzita ale také vnitrodruhová variabilita (jedním z hlavních sledovaných faktorů budou především růstové a produkční vlastnosti jednotlivých kmenů).



Obrázek 14: Plodnice *Morchella americana*.

Foto RNDr. Irena Petrželová, Ph.D.



Obrázek 15: Plodnice *Morchella eximoides/angusticeps*.

Foto RNDr. Irena Petrželová, Ph.D.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Chybějícími genetickými zdroji ve Sbírci jsou nové izoláty virů bramboru z různých oblastí ČR, případně zahraničí. Nové izoláty virů budou vybírány podle projevu na hostitelských rostlinách, výskytu, nebo podle závažnosti šíření v porostech bramboru. Budou získávány v rámci spolupráce s ÚKZÚZ, dále v rámci terénního průzkumu, poradenské činnosti VÚBHB a výzkumných projektů. Při nalezení nového viru nebo jeho kmene bude nutné ověřit pravost izolátu pomocí vhodné laboratorní metody (ELISA, RT-PCR, sekvenování).

V případě výskytu nových významných infekcí dalších virů vázaných na brambor nebo příbuzné rostliny (užitkové, okrasné, plevelné) bude na základě symptomů, patogenity, hostitelských rostlin a diagnostiky zhodnoceno jejich zahrnutí do Sbírk.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka dosud nedisponuje dostatečným množstvím izolátů viroidu vřetenovitosti hlíz bramboru (PSTVd), které by reprezentovalo jeho genetickou variabilitu. Do Sbírk budou proto zařazovány nové izoláty PSTVd v případě jeho nalezení v bramboru nebo okrasných a plevelných rostlinách. PSTVd je SÚJB veden jako vysoce rizikové biologické agens (VRAT). VÚBHB má patřičná povolení a zařízení pro manipulaci s PSTVd a uchovávání ve sbírce. Nové izoláty PSTVd budou získávány v rámci spolupráce s ÚKZÚZ a poradenské činnosti VÚBHB.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Do Sbírk jsou zařazovány nové izoláty virů z odlišných kmenových skupin a podskupin (variant) pocházející z bramboru, příbuzných plodin, okrasných rostlin, případně planých druhů rostlin. Sbírka bude prioritně doplněna novými izoláty PVM, PVX, PVA a PSTVd.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Izoláty virů, zařazované do Sbírk, pochází z rostlin vykazujících symptomy virových chorob, podezření na výskyt nebo pozitivní testování v rámci např. certifikačního schématu. Takto jsou identifikováni možní kandidáti na zařazení do Sbírk, ti jsou otestováni na spektrum možných patogenů a v případě pozitivních nálezů je zvažováno zařazení do Sbírk. Samotné zařazení probíhá naočkováním na vhodnou podnož a umístěním kontejneru do banky virů, odtud je pak možnost přenosu do tkáňových kultur.

Chybějící genetické zdroje jsou pak identifikovány analýzou spektra uchovávaných virů. Základním kritériem je pokrytí spektra virů u jednotlivých hostitelů, tedy jednotlivých druhů ovocných dřevin a drobného ovoce.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Byla vypracována studie, na základě které byly do Sbírk virů ovocných dřevin a drobného ovoce vybrány viry ze skupiny ovocných plodin - drobné ovoce. Konkrétně byly vybrány a do sbírky uloženy viry, jejichž hostiteli mohou být rostliny jahodníku a rybízu. Jednalo se o viry SMOV (Strawberry mottle virus), SCV (Strawberry crinkle virus) a SCRhV-1 (StrV-1 – Strawberry virus 1), které infikují jahodník a virus GVBaV (Gooseberry vein banding associated virus), který napadá rybíz. Do budoucna se předpokládá, že budou do sbírky zařazeny i viry maliníku.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

V současnosti se při hledání nových virů pro zařazení do Sbírk klade důraz na viry drobného ovoce.

Mimo zmíněné viry jahodníku a rybízu se do budoucna předpokládá, že budou do sbírky zařazeny i viry maliníku.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Metodika identifikace a doplňování sbírky virů vázaných na okrasné rostliny zahrnuje tři praktické oblasti možného získávání chybějících genetických zdrojů.

oblast skleníkové produkce – zde jsou dlouhodobě prioritní náplní Sbírkou regulované patogeny ze skupiny tospovirů, které empiricky způsobily obrovské hospodářské ztráty, dlouhodobě přetrvávají v pěstebních systémech, čímž představují setrvalé fytopatologické riziko. Možnost vzniku nové vlny škodlivosti podporuje široké spektrum geneticky a sérologicky odlišných druhů tospovirů, jejich pandemické rozšíření, velmi široký okruh hostitelských okrasných, plodinových i plevelných rostlin, široké spektrum vektorů z řádu *Thysanoptera* a perzistentní přenos infekce. Nové izoláty budou získávány z aktuálních výskytů v produkčních systémech v rámci spolupráce s ÚKZÚZ.

oblast venkovního pěstování – zaměření na *Poplar mosaic virus* (PopMV), který je epidemiologicky nedostatečně prozkoumán, škodlivost je výrazně taxonomicky rozdílná a v oblasti rozvoje systémů agrolesnictví a RRD v ČR představuje potenciálně rizikového patogena. Izoláty budou získávány z terénního průzkumu v kulturních i přirozených porostech topolů a poradenské činnosti VÚKOZ, v.v.i.

oblast výskytu infekcí známých i nových virů vázaných na okrasné rostliny – zaměření na výskyt netypických symptomů, kalamitní výskyt, nebo epidemické šíření v pěstebních a obchodních systémech v ČR.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Mezera ve spektru genetických zdrojů uchovávaných ve Sbírci vzniká při výskytu nového, hospodářsky významného patogena, přičemž jsou brány v potaz výše zmíněné tři oblasti, na které je Sbíрка prakticky zaměřena:

oblast skleníkové produkce – výskyt nových tospovirů.

oblast venkovního pěstování – aktuálně nové izoláty *Poplar mosaic virus* (PopMV)

oblast výskytu infekcí známých i nových virů vázaných na okrasné rostliny. Rostlinolékařský význam těchto infekcí může být z hlediska patogenity, diagnostiky a ochrany. Izoláty budou získávány v rámci spolupráce s ÚKZÚZ a poradenské činnosti VÚKOZ, v.v.i.

Dílčí zaměření bude také na další kmeny viroidu PSTVd, který je SÚJB veden jako vysoce rizikové biologické agens (VRAT), VÚKOZ, v.v.i. má povolení a potřebná zařízení pro

manipulaci a uchovávání ve sbírce. Izoláty budou získávány v rámci spolupráce s ÚKZÚZ, se Sbírkou fytopatogenních virů brambor (VÚBHB, s.r.o., Havlíčkův Brod) a v rámci poradenské činnosti VÚKOZ, v.v.i.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

V rámci metodiky bude sbírka doplňována se zaměřením pro okrasné rostliny významný rod tospovirus a nedostatečně prozkoumaný *Poplar mosaic virus* (PopMV) v souvislosti s novými výskyty, hostiteli, symptomy atp. V případě výskytu nových významných infekcí dalších virů vázaných na okrasné rostliny a vybraných virů zachycených UKZÚZ v pěstitelských a obchodních systémech, bude na základě symptomů, patogenity, hostitelských rostlin, diagnostiky, provenience atp. zhodnoceno jejich zahrnutí do sbírky, jako nových srovnávacích kmenů. Zjištěné odlišnosti GZ jsou z hlediska praktické fytopatologie v systémech globální produkce rostlin strategicky velmi významné. Uvedená strategie odpovídá reálným výsledkům zachycení virových infekcí v okrasných rostlinách virologickou laboratoří ÚKZÚZ v ČR v minulých letech.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Chybějící taxony a/nebo kmeny již deponovaných druhů virů a bakterií budou identifikovány na základě následujících hodnotících kritérií:

- druh zvířete jako hostitel určitého GZ (hospodářské zvíře, volně žijící zvíře, zvíře ze zájmového chovu) včetně člověka u mikroorganismů se zoonotickým potenciálem
- typ onemocnění vyvolané GZ u hostitele (respirační onemocnění, kožní onemocnění, infekce GIT, atd.)
- materiál, ze kterého byl GZ izolován (např. kůže, vnitřní orgány, moč)
- geografický původ GZ
- antigenní struktura izolátů jednoho druhu GZ
- přítomnost genů pro produkci bakteriálních toxinů a dalších specifických genů patogenity
- citlivost/rezistence kmenů bakterií k antimikrobiálním látkám
- zájem uživatelů
- aktuální nomenklatura (nově popsané druhy GZ)

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Viry

Spektrum druhů živočišných virů uchovávaných ve Sbírce zoopatogenních mikroorganismů (CAPM) je velmi široké a velkou měrou pokrývá taxony důležité ve veterinární medicíně. Rozšíření virové části sbírky o nové taxony má několik limitujících faktorů. Kromě finančních a personálních limitů CAPM je v současné době obtížné získávat nové izoláty živočišných virů z důvodu náročnosti izolace a kultivace virů a zaměření virologických laboratoří spíše na molekulární diagnostiku.

Pro výběr druhů virů, které by měly obohatit stávající genofond CAPM, se bude sbírka řídit především zájmem uživatelů (viz „Metodika identifikace chybějících GZ“). Ten do značné míry souvisí s vývojem veterinární epidemiologické situace v blízkém regionu. Z tohoto hlediska by byly přínosné pro sbírku zejména izoláty viru Afrického moru prasat (*African swine fever virus*, čeleď *Asfaviridae*), viru ptačí chřipky (*Influenza A virus*, čeleď *Orthomyxoviridae*), případně viru Schmallerberg (*Schmallerberg orthobunyavirus*, čeleď *Peribunyaviridae*) a viru katarální horečky ovcí (*Bluetongue virus*, čeleď *Reoviridae*). U ostatních virů by sbírku obohatilo získání novějších izolátů stávajících taxonů pro případné studie genetické diverzity těchto virů.

U virové části sbírky je třeba zajistit rozšíření buněčné banky pro pomnožování stávajících taxonů virů, ať už se jedná o primární buněčné kultury nebo buněčné linie.

Bakterie

Vzhledem k velkému počtu existujících taxonů (a stále nově popisovaných) není CAPM schopna deponovat všechny druhy zoopatogenních bakterií, ale snaží se alespoň o pokrytí co největšího spektra. Větší nepoměr v zastoupení některých bakteriálních druhů (např. *Escherichia coli*, *Salmonella enterica*) vůči ostatním je dán výskytem daného patogena ve více formách. Izoláty pochází nejen z území ČR, ale i ze zahraničí. Ve sbírce jsou deponováni i původci onemocnění, u kterých byl výskyt eradikován.

Limitujícími faktory pro rozšiřování sbírky o další bakteriální kmeny jsou, stejně jako u virů, finanční prostředky, prostorové možnosti a personální kapacita. Výběr nových položek se bude řídit kritérii uvedenými v „Metodice identifikace chybějících GZ“. Důležitý je zájem uživatelů. Bylo by vhodné rozšířit genofond CAPM o izoláty bakteriálních druhů z rodu *Staphylococcus* a *Streptococcus* (zejména původce mastitid). Sbírkou obsahuje celou řadu kmenů nezahrnutých do katalogu poskytovaných kultur (jedná se např. o druhy mykobakterií). U vybraných kandidátů bude proto nutné provést jejich charakterizaci. U řady bakterií je žádoucí získání novějších terénních izolátů.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Kritéria pro zařazování nových kmenů do Sbírkou jsou zmíněná v předchozích částech metodiky. V rámci možností se nové kmeny budou zařazovat do obou částí Sbírkou, tedy do sbírky virů i bakterií.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka CCDM uchovává genetické zdroje bakterií, kvasinek a houbových organismů řádu Eurotiales s funkčními vlastnostmi odpovídajícími současným trendům a požadavkům mlékárenského a pekárenského průmyslu tj. s požadovanými vlastnostmi technologickými, probiotickými a s vlastnostmi odpovídajícími charakteristice biokonzervantů. Metodicky jsou tyto vlastnosti vyhodnocovány na základě přítomnosti odpovídajících genů, proteomické exprese, testů *in vitro* a v poloprovozních výrobcích. Za zdroje takových kmenů lze považovat nativní divoké kultury různého geografického původu z lokálních farmářských výrob z nepasterizovaných kravských, ovčích a kozích mlék a také kultury z tradičních kvasů.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Mezerou v uchovávaných genetických zdrojích jsou nové kmeny s potenciálním využitím v mlékárenském či pekárenském průmyslu.

Další mezerou v genetických zdrojích jsou mlékárenské a pekárenské kontaminanty, které byly v roce 2019 vyčleněny do samostatné sbírky.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Izoláty kmenů jsou získávány především v rámci řešených projektů, a jsou testovány na jejich technologické a probiotické vlastnosti. Vybrané kmeny jsou pak do sbírky zařazovány s ohledem na stávající rodové a druhové zastoupení ve sbírce a na původ kmene.

Součástí sbírky je od roku 2019 tzv. sbírka pekařská, do které jsou zařazovány kmeny bakterií a kvasinek využitelné v pekárenství. Jedná se převážně o kmeny izolované z kvasů se specifickými technologickými vlastnostmi. Aktivita je podpořena řešením projektů NAZV Výzkumným ústavem mlékárenským s.r.o.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka mlékárenských a pekárenských kontaminantů (CCDBC) vznikla v roce 2019 s podporou Ministerstva zemědělství ČR (jako součást NPGZM).

Sbírka zahrnuje kmeny bakterií, kvasinek a vláknitých hub kontaminujících mlékárenské a pekárenské produkty. Vzhledem k jejich vlastnostem se předpokládá využití v dalším výzkumu, jako například sledování antifungální aktivity vůči fugálním kontaminantům. Jde např. o druhy rodů *Penicillium*, *Talaromyces*, *Didymella*, kvasinky rodu *Trichosporon* a *Tilletiopsis*.

Kritérium zařazení kmene do sbírky tak vychází z její vlastní definice – tedy musí se jednat o kontaminant mlékárenských a pekárenských výrobků a provozů. Kromě původu kmene se bere ohled na stávající rodové a druhové zastoupení ve sbírce. Pro zařazení je dále důležitá například schopnost těchto kmenů odolávat sanitacím prostředkům v potravinářských provozech, jejich antibiotická rezistence nebo možnost využití pro testování antimikrobiálních aktivit mikroorganismů v mléčných výrobcích a kvasech.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Vzhledem k tomu, že jde o sbírku nově profilovanou a budovanou, jsou potenciální mezery ve spektru uchovávaných mikroorganismů poměrně široké. Specifita Sbírký spočívá v tom, že jsou tyto mezery dány spíše technologicky než taxonomicky.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

V rámci další činnosti sbírky bude pokračovat její rozšiřování o nové izoláty v souladu s řešením projektů NAZV, které jsou zaměřené na antifungální aktivitu a funkční a technologické vlastnosti mikroorganismů v mléčných výrobcích a kvasech. U nových izolátů bude současně provedeno jejich taxonomické zařazení na úroveň rodu a druhu na základě popisných mikrobiologických a molekulárních metod.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Nejprve je zapotřebí definovat kritéria, na základě kterých budou identifikovány chybějící genetické zdroje, a následně stanovit prioritní skupiny pro racionální rozšíření Sbírký ve střednědobém a dlouhodobém horizontu.

Prioritní skupinou genetických zdrojů, které jsou do Sbírký zařazovány (mimo pivovarských kvasinek) jsou kontaminanty pivovarských provozů, s prokázanou schopností kazit pivo, případně izolované z míst, kde je vysoké riziko poškození finálního produktu.

Byla proto vypracována metodika, stanovující kritéria, dle kterých jsou mikroorganismy zařazovány do dílčí sbírky pivovarských kontaminantů. Základním kritériem, které musí být jednoznačně splněno, je původ izolátu. Do sbírky je deponován pouze kmen, který byl vyizolován ze zkaženého piva, meziproductů při výrobě piva nebo z pivovarského prostředí, a to z míst kde dochází ke kontaktu s produktem/meziproductem – výrobní zařízení nebo je zde vysoké riziko poškození finálního výrobku – stáček linky. Dalším kritériem je schopnost daného izolátu kazit hotové pivo (tvorba sedliny/zákalu, sensorické poškození). Do sbírky mohou být zařazovány i kmeny, které nebudou mít schopnost růst v pivu, ale pochází z piva, meziproductů, biofilmů a znečištěného výrobního zařízení a jejich výskyt v pivovarském prostředí není tak čtený a jedná se o mikroorganismy potenciálně škodlivé pro pivo.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Na základě definovaných kritérií pro zařazování nových kmenů do dílčí sbírky pivovarských kontaminantů, lze konstatovat, že se pozornost při získávání těchto nových kmenů zaměří na cizí kvasinky *Saccharomyces*, non-*Saccharomyces*, mléčné bakterie laktobacily a pediooky, striktní anaeroby. Výhledově se doplňování kmenů do sbírky bude týkat také dalších gramnegativních bakterií z čeledi *Enterobacteriaceae*, jakožto ukazatele hygienického stavu provozu a možných producentů zdraví škodlivých látek (biogenních aminů, nitrosaminů).

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Pro další práci s kmenovou sbírkou pivovarských kvasinek je důležité stanovení jejich genetické diverzity. Probíhají proto práce na sekvenaci genomu kvasinek, uchovávaných ve Sbírci. V průběhu roku 2019 byly vybrané kmeny (počet 53) pivovarských kvasinek poslány do KU Leuven na sekvenaci a následné analýzy. Sekvence dosud nebyly vyhodnoceny. Na základě získaných poznatků pak bude vytvořen plán k další práci s kmenovou částí Sbírký.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka průmyslově využitelných mikroorganismů uchovává kmeny alkoholového kvašení, využívané v lihovarech, při výrobě vína, kmeny droždářské a pekařské a kmeny schopné likvidovat ropné materiály. Sbírka dále obsahuje kmeny vhodné pro výrobu speciálních dietetik a doplňků stravy.

Cílem Sbírk je získat co největší počet kmenů potravinářsky a průmyslově významných, kmenů ze zaniklých biotechnologických výrob na našem území, potenciálně probiotických kmenů a kmenů, jejichž produkty přispívají k dobrému zdravotnímu stavu obyvatel.

Dle vypracované metodiky musí izolát splňovat řadu kritérií. Nesmí se jednat o patogen nebo potenciální patogen. Izolát musí být kultivovatelný na pevném agarovém médiu i v tekutých půdách za aerobních podmínek.

Nově získaný kmen musí být využitelný v potravinářství nebo v průmyslové výrobě. Pro jeho zařazení do Sbírk je důležitá také lokalita (geografický původ), ze které pochází popř. původní využití v regionální biotechnologické výrobě.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Od roku 2017 do současné doby probíhá v rámci činnosti Sbírk charakterizace a druhová determinace molekulárně - genetickými metodami všech kmenů Sbírk pro zjišťování zachování genetické diverzity Sbírk.

Rádi bychom rozšířili Sbírk o regionálně významné vinařské kvasinky, pro zachování jedinečnosti aroma a chutí moravských vín a dále o kvasinky ze zaniklých lihovarských a pekařských výrob na našem území. Rovněž hledáme nové potenciálně probiotické kmeny bakterií mléčného kvašení.

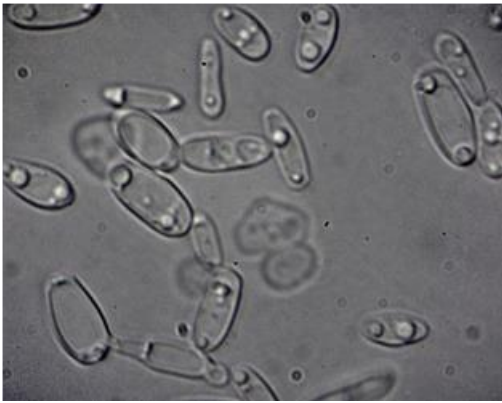
STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

V roce 2019 byla Sbírk rozšířena o 16 kvasničných kmenů. Jedná se o průmyslově významné kmeny pekařských, lihovarských a vinných kvasinek pocházející z různých lokalit.

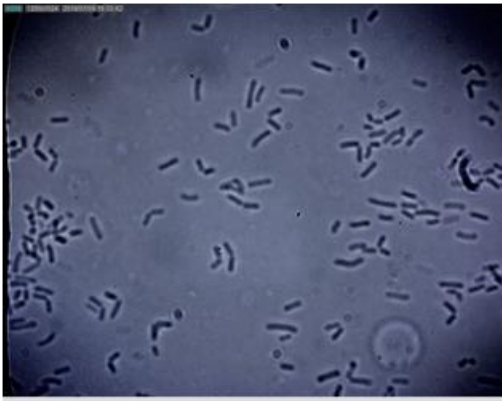
V roce 2020 jsme začali izolovat bakterie mléčného kvašení, přirozeně se vyskytující ve fermentované zelenině. Nově izolované kmeny budou sekvenovány a identifikovány a pokud

se neprokáže případná patogenita, budou zařazeny do Sbírký průmyslově využitelných mikroorganismů.

Z vypracované studie mezer dále vyplývá požadavek na rozšíření Sbírký o regionálně významné vinařské kvasinky, pro zachování jedinečnosti aroma a chutí moravských vín a dále o kvasinky ze zaniklých lihovarských výrob na našem území a dále o nové potenciálně probiotické kmeny bakterií mléčného kvašení.



Obrázek 16: Mikrofotografie kvasinky rodu *Candida*. Foto Ing. Markéta Begany



Obrázek 17: Bakterie *Lactobacillus plantarum*. Foto Ing. Markéta Begany



Obrázek 18: Kvasinka *Saccharomyces cerevisiae*. Foto Ing. Markéta Begany

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka získává nové přírůstky obvykle ze sběrových aktivit v souvislosti s probíhajícími projekty. Jejich plán je velmi rozmanitý, reflektující různorodé složení této sbírky, jež zahrnuje mikroorganismy s odlišnými biologickými, ekologickými a patogenními charakteristikami. Pro biotrofní patogeny (peronospory a padlí), které tvoří jádro sbírky (přes polovinu kmenů), plán v daném roce navazuje na dlouholeté sledování určitých lokalit (od 90. let 20. století zejména v oblasti střední, jižní Moravy a východních Čech) tak, aby bylo možno zachytit časoprostorové změny patogenity/virulence a rezistence vůči fungicidům v populacích sledovaných druhů. Do sbírky jsou pak zařazovány ty kmeny, u nichž byly zjištěny nové vlastnosti.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

U virů byly jako kandidátní kmeny k potenciálnímu rozšíření sbírky vytipovány charakterizované izoláty *Turnip mosaic virus* (TuMV), které jsou využívány pro screening rezistence brukvovitých zelenin.

V rámci fytopatogenních hub by bylo vhodné sbírku postupně doplnit o nekrotrofní patogeny (zástupce rodů *Fusarium*, *Microdochium*, *Pyrenophora*, *Zymoseptoria*, *Oculimacula* a dalších).

U kolekce řas a sinic by bylo vhodným doplněním v současnosti uchovávaných kmenů zařazení druhů s biotechnologickým potenciálem; po jejich izolaci a charakterizaci plánujeme začlenění nových kmenů autotrofů do sbírky.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

U všech skupin mikroorganismů (houby, peronospory, řasy, sinice, fytoplazmy, viry) uchovávaných ve sbírce je plán sběru nových vzorků a zařazování nově izolovaných kmenů ovlivněn aktuálně řešenými projekty (vycházející ze zaměření pracoviště a společenské poptávky), potřebami pedagogické činnosti samotného pracoviště a dalších škol, výjimečně samotným zájmem žadatelů. Sběrové aktivity a rozšiřování sbírky podléhá také aktuálním kapacitním možnostem sbírky.



Obrázek 19: Kultivace zelených řas a sinic v tekutém médiu.

Autor: Doc. RNDr. Petr Hašler, Ph.D.



Obrázek 20: Uchovávání izolátů fytoplazem na hostitelské rostlině *Vinca rosea*.

Autor: Mgr. Dana Šafářová, Ph.D.



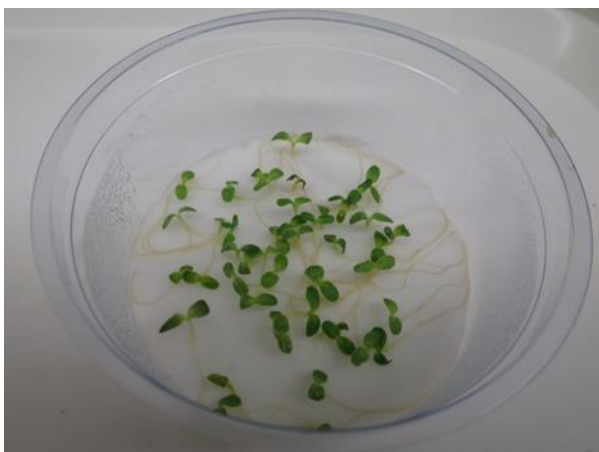
Obrázek 21: Kultivace izolátu plísně slunečnicové (*Plasmopara halstedii*) na semenáčcích slunečnice roční.

Autor: Doc. RNDr. Michaela Sedlářová, Ph.D.



Obrázek 22: Kultivace izolátu padlí tykvovitých (*Podosphaera xanthii*) na hostitelských rostlinách okurky seté.

Autor: Doc. RNDr. Barbora Mieslerová, Ph.D.



Obrázek 23: Kultivace izolátu plísně salátové (*Bremia lactucae*) na semenáčcích lociky salátu.

Foto RNDr. Michaela Sedlářová, Ph.D.



Obrázek 24: Kultivace izolátu *Pseudoperonospora cubensis* na odděleném listu okurky seté.

Foto Doc. RNDr Michaela Sedlářová, Ph.D.



Obrázek 25: Kryoprezervace izolátů mikroorganismů při teplotě -80°C .

Autor: Mgr. Dana Šafářová, Ph.D.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Činnost Sbírký směřuje k zaplnění mezer v uchovávaných genetických zdrojích ve smyslu doplnění a rozšíření druhové pestrosti sbírky CCBAS tak, aby zde byly zastoupeny z hlediska zemědělství významné kmeny basidiomycetů, tj. kmeny se zajímavými biochemickými vlastnostmi, zejména producenti různých enzymů či kmeny schopné degradace nejrůznějších polutantů, kmeny dřevokazných basidiomycetů, kmeny účastníci se rozkladných procesů v půdě, kmeny jedlých hub a další.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Byla vypracována studie mezer uchovávaných GZ a strategie rozšíření sbírky CCBAS. Z tohoto pohledu se sbírka jeví jako druhově pestrá, bez zásadních mezer, zahrnující široké spektrum charakteristik uchovávaných kmenů. Sbírký je průběžně doplňována a rozšiřována o nové kmeny a druhy Basidiomycet, zahrnuje tak pestrou škálu kmenů se zajímavými biochemickými vlastnostmi (produkce ligninolytických i celulólytických enzymů, schopnost degradace nejrůznějších polutantů, kmeny jedlých hub, kmeny podílející se na rozkladných procesech v půdním prostředí atd.). V roce 2020 byla sbírka doplněna o nové kmeny produkující kromě enzymů ligninolytických i enzymy celulólytické.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

V souladu s touto metodikou byly v r. 2020 tři kmeny Basidiomycet vyřazeny ze sbírky CCBAS (*Cyclocybe erebia*, *Pleurotus cornucopiae* a *Pleurotus eryngii*) a nahrazeny třemi novými kmeny druhově rozmanitých hospodářsky významných Basidiomycet (*Armillaria cepistipes*, *Megacollybia platyphylla*, *Mycena laevigata*). Celkový počet kmenů sbírky CCBAS zůstal zachován a zároveň počet druhů byl navýšen; z původního počtu druhů 137 se zvýšil na počet druhů 140.

V horizontu příštích cca 10 let bude sbírka CCBAS dále postupně rozšiřována o další druhy a kmeny s potenciálem využití pro zemědělství, tak aby se dále zvýšila druhová pestrost sbírky i množství kmenů se zajímavými biochemickými vlastnostmi až do maximálního počtu cca 400 houbových kmenů.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka patogenů chmele podporovaná v rámci NPGZM má úzké zaměření na virové, viroidové a houbové patogeny jedné plodiny – chmele, přičemž chmel je v ČR pěstován na rozloze cca 5 000 ha a pouze v oblastech k tomu zákonem určených (Žatecko, Ústěcko a Tršicko). Na základě studia odborné literatury a dostupných informací identifikujeme chybějící zdroje a snažíme se je získat a doplnit do Sbírký patogenů chmele. Z důvodu omezeného areálu pěstování hledáme patogeny vhodné k zařazení do sbírky také v genetických zdrojích této plodiny a úzce spolupracujeme se zahraničními pracovišti formou výměny informací a izolátů. Nové izoláty virů a viroidů chmele zařazujeme do sbírky v případě nálezů nového patogena na území ČR nebo po získání ze zahraničí. V kategorii kandidátské izoláty virů a viroidů jsou zařazeny odrůdově specifické pozitivní záchyty těchto patogenů.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka pokrývá patogeny ze skupiny virů a viroidů chmele. V případě viroidů chybí Viroid zakrslosti chmele – Hop stunt viroid (HSVd) a viroid praskání kůry citroníku – Citrus bark cracking viroid (CBCVd), které chceme získat výměnou ze zahraničí (Slovinsko), kde se běžně vyskytují. Je prováděna soustavná evidence všech položek, tak aby nedocházelo k duplicitám jak v rámci sbírky, tak s jinou sbírkou v rámci PGZM.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Sbírka v současném období řešení se bude rozšiřovat o nové záchyty virů a viroidů na chmelu dle aktuální situace a dostupných literárních zdrojů a informací. Současně bude pokračovat rozšiřování o izoláty *Verticillium nonalfalfae* a *V. dahliae* z domácích a zahraničních zdrojů.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka kultur hub (CCF), a to její část zastoupená v NPGZM, se zaměřuje na kultivovatelné mikroskopické vláknité houby, které se uplatňují negativně (viz 1-3) i pozitivně (4-6) v různých oblastech zemědělství:

1. významné toxinogenní houby schopné produkovat mykotoxiny v nevhodně uskladněných potravinách a krmivech,
2. další kontaminanty potravin schopné znehodnocovat/rozkládat potraviny či krmiva svými enzymy,
3. houby fytopatogenní, způsobující hniloby a jiné poškození rostlin,
4. houby entomopatogenní (napadající hmyz) s potenciálem využití v boji proti škodlivému hmyzu,
5. houby asociované s háďátky a schopné je usmrcovat,
6. další houby s potenciálem pro biotechnologie.

Dalšími kritérii pro zařazení kultur jsou: geografické hledisko (sbírka se soustřeďuje na izoláty hub z ČR), rozmanitost substrátů i požadavky z výukových i výzkumných institucí.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Analýzou databáze NPGZM bylo zjištěno, že hlavní spektrum hub výše uvedených skupin je ve sbírce CCF či v ostatních sbírkách NPGZM víceméně pokryto. Zcela však chybí houbové patogeny hospodářských zvířat. Jde především o dermatofyty rody *Microsporum*, *Trichophyton* či *Epidermophyton*, které způsobují léze na pokožce hovězího dobytka, koní aj.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Sbírka CCF se v budoucnu (v horizontu let) plánuje rozšiřovat o druhy hub výše uvedených skupin, a to:

- druhy hub dosud nezastoupené v databázi NP,
- nahrazovat starší kmeny čerstvými izoláty. Tempo rozšiřování sbírky však bude již jen velmi pozvolné.

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Česká sbírka fytopatogenních oomycetů (ČSFO) se soustřeďuje na uchování genetických zdrojů vybraných zástupců řádu Pythiales zejména z území České republiky. Pro dosažení komplexního zastoupení významných představitelů řádu Pythiales ve sbírce se zaměřujeme především na biotopy, hostitele a samotné druhy, dosud ve sbírce nezastoupené.

Zařazování nových kmenů je podřízeno těmito principům:

- zvýšení diverzity a vyrovnanosti uloženého materiálu (tj. zvýšení počtu málo zastoupených nebo dosud nezastoupených druhů, nahrazení starších či odumřelých kmenů novými izoláty, lepší pokrytí hostitelského spektra a stanovišť již uchovávaných druhů)
- reflektování aktuálních fytopatologických problémů (aktuálně se šířící či nově popsané druhy, nově identifikované problémy)
- spolupráce s jinými výzkumnými pracovišti apod.

Všechny kmeny, které jsou zvažovány nově zařadit do sbírky, jsou zařazeny až po detailní morfologické i molekulární (ITS, COXI gen, apod.) determinaci.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka se zaměří na doplnění a rozšíření druhové rozmanitosti uložených oomycetů tak, aby v ní byly zastoupeny také dosud nepůvodní invazní druhy oomycetů na území ČR.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Více zastoupené druhy (např. *Phytophthora × alni*, *Phytophthora cactorum*, *Phytophthora plurivora*) nebudou již doplňovány a na jejich úkor je zvyšován podíl méně zastoupených a případně nových druhů. Nadále jsou však zařazovány izoláty stávajících druhů nalezených na novém hostiteli, stanovišti, lokalitě, či získaných z jiného typu vzorku (např. vodivá pletiva, kořeny, půdní substrát, voda ze zavlažování aj).

METODIKA IDENTIFIKACE CHYBĚJÍCÍCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Sbírka podporovaná v rámci NPGZM vznikla výběrem kmenů uchovávaných v CCM, které vystupují jako kontaminanty v potravinářství nebo znehodnocují potravinářské produkty. Aktuálně obsahuje více než dvě stovky mikrobiálních kultur s převahou bakteriálních kmenů nad vláknitými houbami. Tyto vybrané mikroorganismy zatím nebyly v rámci NPGZM zabezpečeny a jejich zařazením do NPGZM tak dochází k vyplnění významné mezery v uchovávaných genetických zdrojích z pohledu celého Národního programu a komplexní ochrany biodiverzity mikroorganismů.

STUDIE MEZER UCHOVÁVANÝCH GENETICKÝCH ZDROJŮ

Případné rozšiřování Sbírkou se zaměří na kontaminanty a kmeny vyskytující se v masném průmyslu, a dále v segmentu bio-potravin. V roce 2020 byla ve spolupráci s VÚVeL zpracována rešerše výskytu kontaminant potravin v ČR a okolních státech. Byly vytipovány ESBL rezistentní taxony rodu *Klebsiella* a 4 kmeny byly zařazeny do CCM. Byl také připraven návrh na zařazení dalších CCM kmenů, převážně se jedná o typové kultury nových bakteriálních druhů vhodných pro NPGZM.

STRATEGIE ROZŠÍŘENÍ SBÍRKY

Soubor kmenů ve sbírce bude průběžně rozšiřován o další chybějící druhy a kmeny dle potřeb Sbírkou a dle dostupných literárních zdrojů, za současného vyloučení duplicity s jinou sbírkou podporovanou v rámci NPGZM.

SEZNAM OBRÁZKŮ V METODICE

Titulní strana: Lyofilizované vzorky viru Cucumber mosaic virus. Foto Ing. Petr Komínek, Ph.D.

Obrázek 1: Kvantitativní zastoupení skupin organismů uchovávaných ve sbírkách NPGZM. Autor: Ing. Petr Komínek, Ph.D.

Obrázek 2: Virus Bean common mosaic virus – příznaky na listech fazolu. Foto Ing. Jana Brožová, Ph.D.

Obrázek 3: Virus Cucumber mosaic virus – izolát Svijany. Foto Ing. Jana Brožová, Ph.D.

Obrázek 4: Nekrotická léze na listu ořešáku královského způsobená bakterií rodu *Xanthomonas*. Foto Ing. Václav Krejzar, Ph.D.

Obrázek 5: Kolonie bakterie rodu *Xanthomonas campestris*. Foto Ing. Václav Krejzar, Ph.D.

Obrázek 6: Spektrum epifytních bakterií z komplexu *Pseudomonas fluorescens* s antagonistickými a nutričně kompetitivními vlastnostmi v produkčních výsadbách teplomilných peckovin: – kolonie antagonistického kmene *Pseudomonas fluorescens*. Foto Ing. Václav Krejzar, Ph.D.

Obrázek 7: Způsob uchovávání širokého spektra mikroorganismů – lyofilizační přístroj.

Foto Ing. Václav Krejzar, Ph.D.

Obrázek 8: Konidie a mycelium houby *Epicoccum nigrum*. Foto RNDr. David Novotný, Ph.D.

Obrázek 9: Kolonie fytopatogenní houby *Colletotrichum acutatum*. Foto RNDr. David Novotný, Ph.D.

Obrázek 10: Konidiofor s konidiemi houby *Desmazierella acicola*. Foto RNDr. David Novotný, Ph.D.

Obrázek 11: Rhizobiální noduly tvořené kmenem *Bradyrhizobium* sp. na kořenech podzemnice olejné. Foto Ing. Alena Czakó.

Obrázek 12: Listy pšenice napadené rzí plevovou. Foto Mgr. Alena Hanzalová, Ph.D.

Obrázek 13: Škůdce skladovaných komodit korovník obilní (*Rhizopertha dominica*). Autor: Mgr. Tomáš Vendl, Ph.D.

Obrázek 14: Plodnice *Morchella americana*. Foto RNDr. Irena Petrželová, Ph.D.

Obrázek 15: Plodnice *Morchella eximoides/angusticeps*. Foto RNDr. Irena Petrželová, Ph.D.

Obrázek 16: Mikrofotografie kvasinky rodu *Candida*. Foto Ing. Markéta Begany

Obrázek 17: Bakterie *Lactobacillus plantarum*. Foto Ing. Markéta Begany

Obrázek 18: Kvasinka *Saccharomyces cerevisiae*. Foto Ing. Markéta Begany

Obrázek 19: Kultivace zelených řas a sinic v tekutém médiu. Autor: Doc. RNDr. Petr Hašler, Ph.D.

Obrázek 20: Uchovávání izolátů fytoplazem na hostitelské rostlině *Vinca rosea*. Autor: Mgr. Dana Šafářová, Ph.D.

Obrázek 21: Kultivace izolátu plísně slunečnicové (*Plasmopara halstedii*) na semenáčcích slunečnice roční. Autor: Doc. RNDr. Michaela Sedlářová, Ph.D.

Obrázek 22: Kultivace izolátu padlí tykvovitých (*Podosphaera xanthii*) na hostitelských rostlinách okurky seté. Autor: Doc. RNDr. Barbora Mieslerová, Ph.D.

Obrázek 23: Kultivace izolátu plísně salátové (*Bremia lactucae*) na semenáčcích lociky salátu. Autor: Doc. RNDr. Michaela Sedlářová, Ph.D.

Obrázek 24: Kultivace izolátu *Pseudoperonospora cubensis* na odděleném listu okurky seté. Autor: Doc. RNDr. Michaela Sedlářová, Ph.D.

Obrázek 25: Kryoprezervace izolátů mikroorganismů při teplotě -80°C. Autor: Mgr. Dana Šafářová, Ph.D.

SROVNÁNÍ NOVOSTI POSTUPŮ

Tato metodika je vydávána v resortu zemědělství i v ČR zcela poprvé, podobné postupy nebyly dosud publikovány jiným způsobem.

V zahraničí existují postupy vydávané např. Světovou federací sbírek kultur – World Federation for Culture Collections (WFCC) - WFCC guidelines [3].

POPIS UPLATNĚNÍ METODIKY

Tato metodika je dokumentem především pro potřeby Národního programu konzervace genetických zdrojů mikroorganismů a drobných živočichů hospodářského významu (NPGZM), jehož vypracování bylo zadáno na začátku aktuálního pětiletého období řešení NPGZM v roce 2018.

Je určena taktéž pro Odbor environmentální a ekologického zemědělství Ministerstva zemědělství ČR.

Svým zaměřením a významem však přesahuje rámec NPGZM a může být využita jakoukoliv organizací, která vlastní a provozuje sbírky genetických zdrojů mikroorganismů.

Metodika přispěje vedoucím sbírek ke zlepšení managementu sbírek, protože takto získají nástroj pro řízení náplně sbírek a jejich rozšiřování. Metodika také přispěje k splnění dalších cílů sbírek, což je podpora výzkumu a vzdělávání.

EKONOMICKÉ ASPEKTY

Na základě aplikace poznatků předkládané metodiky do sbírkařské praxe lze předpokládat optimalizaci počtu a složení uchovávaných mikrobiálních kultur sbírkami v objemu cca 5% počtu kmenů. Při objemu dotačních nákladů, vyplacených z MZe na provoz sbírek mikroorganismů, což činí na sbírky 13 830 tis. Kč, za předpokladu, že jde o reálných 50% skutečných nákladů na dotyčné sbírky, tedy za předpokladu celkové finanční náročnosti sbírek mikroorganismů významných pro resort zemědělství v objemu 27 600 tis. Kč lze úspory a optimalizaci nákladů ve výši 5% vyčíslit částkou 1 380 tis. Kč ročně.

Optimalizací zaměření sbírky a zvýšením důrazu na požadavky uživatelů poskytovaných kmenů lze očekávat navýšení přínosů také na straně právě těchto uživatelů genetických zdrojů. Poskytnuté genetické zdroje mikroorganismů jsou často využívány v projektech výzkumu a vývoje, kde tvoří významnou část zdrojů vstupujících do projektu. Vzhledem k tomu, že jsou dle Zákona [7] poskytovány zdarma, jde o významný prvek podpory výzkumu. Například v roce 2020 byly genetické zdroje mikroorganismů poskytnuté v rámci NPGZM použity při řešení 78 projektů vědy a výzkumu.

SEZNAM POUŽITÉ SOUVISEJÍCÍ LITERATURY

1. Sharma S.K., Singh S.K., Ramesh A., Ahmad E., Khande R., Sharma P.K., Varma A., Saxena A., Singh U.B. (2018). Microbial Genetic Resources: Status, Conservation, and Access and Benefit-Sharing Regulations. In: Sharma S., Varma A. (eds) Microbial Resource Conservation. Soil Biology, vol 54. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-96971-8_1
2. World Data Centre for Microorganisms. Dostupné online na <http://ccinfo.wdcm.org/>
3. World Federation for Culture Collections Guidelines for the Establishment and Operation of Collections of Cultures of Microorganisms. 3rd Edition, February 2010. Dostupné online na <http://www.wfcc.info/guidelines/>
4. OECD best practice guidelines for biological resource centres. Dostupné online na [https://www.oecd.org/officialdocuments/publicdisplaydocumentpdf/?cote=dsti/stp/bio\(2007\)9/final&doclanguage=en](https://www.oecd.org/officialdocuments/publicdisplaydocumentpdf/?cote=dsti/stp/bio(2007)9/final&doclanguage=en)
5. The Convention on Biological Diversity. Dostupné online na <https://www.cbd.int/convention/>.
6. The Nagoya Protocol on Access to Genetic Resources and the Fair and Equitable Sharing of Benefits Arising from their Utilization to the Convention on Biological Diversity. Dostupné online na <https://www.cbd.int/abs/>.
7. Zákon č. 148/2003 Sb. o konzervaci a využívání genetických zdrojů rostlin a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství a o změně zákona č. 368/1992 Sb., o správních poplatcích, ve znění pozdějších předpisů
8. Zedek V., Křížková I., Kosová M., Holubec V., Mátlová V., Komínek P., Papoušková L., Novotný D., Janovská D. (2017). Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství na období 2018–2022. Ministerstvo zemědělství, Praha, Česká republika 2017. 55 stran. ISBN: 978-80-7434-385-8
9. Akční plán Národního programu konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství na období 2018–2022. Dostupné online na <http://eagri.cz/public/web/mze/zemedelstvi/geneticke-zdroje/narodni-program/akcni-plan-narodniho-programu-konzervace.html>

SEZNAM PUBLIKACÍ, KTERÉ PŘEDCHÁZELY METODICE

1. Komínek P (2014). The Czech National Programme on Conservation and Utilization of Genetic Resources of Microorganisms Important for Agriculture. In: 11th Conference of the European Foundation for Plant Pathology, Healthy plants – healthy people. 8-13 September 2014, Kraków, Poland. Book of abstracts, p. 251, abstract.
2. Dlouhá Z, Kavková M. (2019). Sbíрка mlékařenských a pekárenských kontaminantů – CCDBC. Mlékařské listy 177(30): 7-11.
3. Krausová G, Karpíšková K, Smolová J, Lucáková S, Brányik T (2019). Růst laktobacilů a bifidobakterií na médiu s přísávkem mikroskopických řas. Mlékařské listy – zpravodaj 175(30): 9–14.
4. Lebeda A, Křístková E, Kitner M, Majeský L, Doležalová I, Khoury CK, Widrechner MP, Hu J, Carver D, Achicanoy HA, Sosa ChC (2019). Research gaps and challenges in the conservation and use of North American wild lettuce germplasm. Crop Science 59: 2337-2356.
5. Novotný D (2019). Genetické zdroje: klíč k zemědělské rozmanitosti. Kvasný 5: 40-41.
6. Ostry V, Kubatova A, Kavrik R, Malir F, Kyrova V, Rehurkova I, Ruprich J (2019). Trichothecenes and zearalenone production by Fusarium species from Culture Collection of Fungi (CCF) in rice cultures. – In: Conference abstracts from 41st Mycotoxin Workshop, Lisboa, Portugal, Society for Mycotoxin Research, 2019, p. 130. Abstract.
7. Kubizniaková P, Brožová M, Štulíková K, Vontrobová E, Hanzalíková K, Matoulková D, (2020). Microbiology of brewing production – bacteria of the order Enterobacterales and culture methods for their detection. Kvasný průmysl 66(5): 345-350.
8. Reichelová M, Malenovská H, Prodělalová J (2020). Postup pro transport, skladování a další manipulaci s bakteriálními kmeny v cílové laboratoři. Certifikovaná metodika č. 137/2020, ISBN 978-80-7672-000-8, VÚVeL Brno, 2020. Číslo osvědčení SVS/2020/149559-G.
9. Hanzalíková K, Kubizniaková P, Kyselová L, Matoulková D (2021). Cryopreservation: The secret of modern preservation of brewer's yeasts – minireview. Kvasný průmysl 67(1): 403-408.

Jména oponentů

1. Doc. Ing. Ivana Šafránková, Ph.D.

Mendelova univerzita v Brně, Agronomická fakulta

2. Ing. Vlastimil Zedek

Ministerstvo zemědělství, Odbor environmentální a ekologického zemědělství

Dedikace

Metodika je výsledkem řešení

„Národního programu konzervace a využívání genetických zdrojů mikroorganismů a drobných živočichů hospodářského významu“,

číslo jednací 51834/2017-MZE-17253.

Certifikace

Metodice bylo uděleno osvědčení č. MZE-70794/2021-18133 dne 21.12.2021.

ISBN 978-80-7427-353-7