

Meziresortní rada pro genetiku a genomiku

Koncepce Meziresortní rady pro genetiku a genomiku

Genetika a genomika jsou velmi rychle se rozvíjející se obory, které mají rostoucí význam jak **v medicíně** (např. diagnostika dědičných onemocnění, diagnostika a predikce účinku léčby u onkologických onemocnění, genová terapie u vybraných vzácných a nádorových onkologických onemocnění, stanovení polygenních rizik a personalizovaná/precizní terapie v celé medicíně, surveillance a prevence infekčních onemocnění), tak **v zemědělství** (např. šlechtění nové generace plodin přizpůsobených změně klimatu, šlechtění nové generace plodin odolných proti chorobám a škůdcům a vhodných pro zajištění produkce dostatečného množství kvalitních potravin prospěných lidskému zdraví). Uplatnění genetiky a genomiky v obou těchto oborech úzce souvisí se zdravotním stavem obyvatelstva a se zajištěním dostupných a kvalitních potravin. Tyto dva obory také představují základ pro rychlý rozvoj biomedicíny, bioinformatiky a šlechtitelství, v souladu s cíli Udržitelného rozvoje OSN, konceptem „One Health, One World“, se strategií WHO „Global genomic surveillance strategy for pathogens with pandemic and epidemic potential 2022–2032“, strategií ECDC „ECDC strategic framework for the integration of molecular and genomic typing into European surveillance and multi-country outbreak investigations“, a rovněž svými pozitivními společensko-ekonomickými dopady významně podporují inovace a znalostní ekonomiku. Tyto aktivity jsou také základem pro celonárodní iniciativu „**Czech Genome**“ (pracovní návrh názvu), v souladu s podobnými projekty ve vyspělých státech.

Vzhledem k rostoucímu celospolečenskému významu genetiky a genomiky, intenzivním aktivitám EU v těchto oborech a požadavkům na jasné ukotvení této problematiky na vládní úrovni v členských státech EU včetně ČR, Ministerstvo zemědělství společně s Ministerstvem zdravotnictví navrhuje vznik **Meziresortní rady pro genetiku a genomiku**, (dále jen „Rada“), která vytvoří **Národní strategii pro oblast genetiky a genomiky (NSGG)**. Tato strategie bude navazovat na další, minulé či současné strategie, jako byla Národní strategie pro vzácná onemocnění, Národní onkologický program ČR a strategie Zdraví 2030. Navrhovaná řešení budou v souladu s příslušnou stávající a nově připravovanou evropskou legislativou, národními a mezinárodními etickými doporučeními v oblasti genetiky a genomiky a budou navazovat na Strategii bezpečnosti potravin a výživy do 2030, Zelenou dohodu pro Evropu, Farm to Fork Strategy, Strategii pro biodiverzitu a Adaptation to Climate Change Strategies to Global Food Security. Nezbytná je úzká spolupráce s dalšími resorty jako jsou Ministerstvo školství, mládeže a tělovýchovy, Ministerstvo životního prostředí a Úřad vlády. Činnost a výstupy Rady budou respektovat stávající zákonné kompetence jednotlivých resortů a platné právní předpisy.

Práce Rady bude řízena koordinační skupinou a bude podporována dvěma pracovními skupinami tvořenými odborníky v dané problematice (pracovní skupina pro lékařskou genetiku, genomiku a bioetiku, a pracovní skupina pro genetiku a genomiku rostlin), které budou prostřednictvím úzce zaměřených pracovních skupin v kontaktu se širokou odbornou veřejností, včetně dalších zainteresovaných stran.

Vznik Meziresortní rady rovněž podpoří naplňování cílů ve „Strategii bezpečnosti potravin a výživy 2030“, konkrétně opatřeními uvedenými v „Akčním plánu realizace Strategie bezpečnosti potravin a výživy 2030“ ve strategickém cíli I, pod čísly I.I_1 Podpora implementace cílů strategie F2F v oblasti pesticidů a veterinárních léčivých přípravků a I.I_3. Podpora výzkumu, vývoje, inovací a zavádění pěstebních technologií a systémů ochrany rostlin, které omezují výskyt reziduí pesticidů v potravinách.

Vznik a činnost Meziresortní rady pro genetiku a genomiku nebudou spojeny s žádnými finančními nároky. Finanční dopad budou mít aktivity, které vyplynou z následné Národní strategie pro oblast genetiky a genomiky.

Klíčové cíle Meziresortní rady pro genetiku a genomiku pro rok 2025 a časový plán:

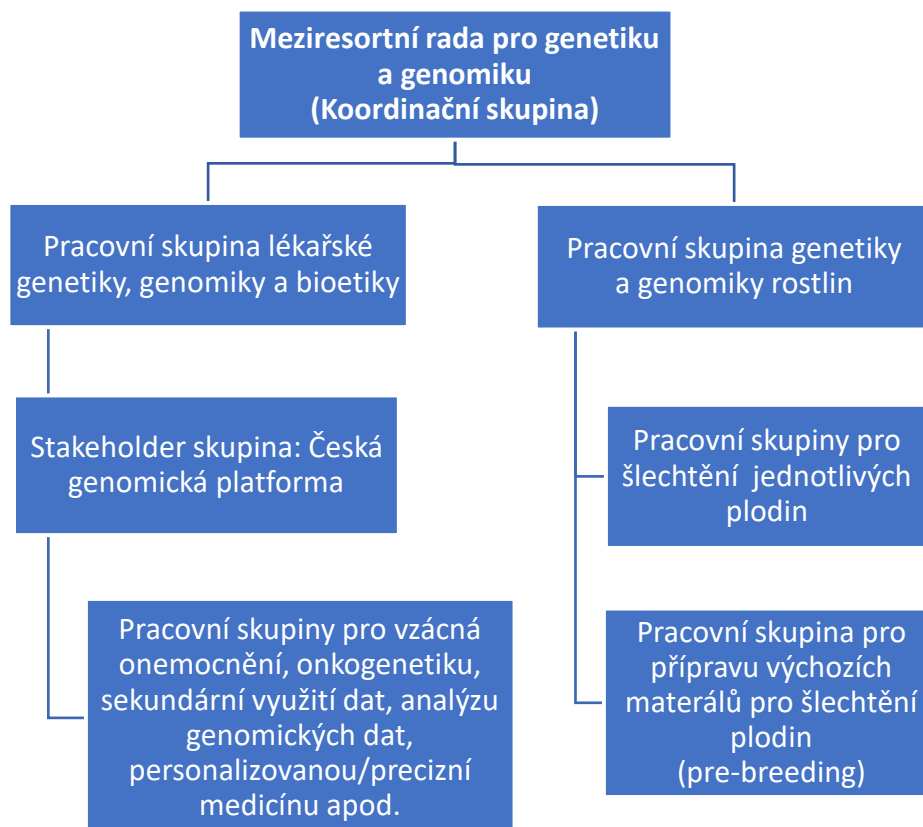
- Ustavení sekretariátu a schválení mandátu pro Radu a její pracovní skupiny pro jednání s relevantními stakeholdery a poskytovateli. Termín: 1. čtvrtletí 2025
- Vypracování tezí pro strategické dokumenty obsahující podklady pro koncepci rozvoje genetiky a genomiky v oblasti lidského zdraví a využívání genetických a genomických dat pro sekundární účely a pro šlechtitelství rostlin v rámci ČR a v návaznosti na mezinárodní aktivity (např. 1+ Million EU Genomes, Genomic Data Infrastructure, Genome of Europe, Genome EDIC (European Data Infrastructure Consortium), European Green Deal, Farm to Fork Strategy, EU Biodiversity Strategy for 2030, ERDERA nebo Mission Cancer a pozice WHO k nákládání s lidským genomem). Termín: 6/2025
- Specifikace finančních zdrojů pro koncepci rozvoje genetiky a genomiky v oblasti lidského zdraví a šlechtitelství rostlin ve spolupráci s příslušnými poskytovateli (MZ, MZe, MŠMT, MŽP, TAČR, AZVČR – spolufinancování typu COFUND projektů EU apod.).^{1,2} Termín: 6/2025

V dalších letech se předpokládá role Rady jako koordinačního orgánu pro naplňování stanovených strategií.

¹ V rámci existujících legislativních možností a strategických dokumentů, případně jejich úprav.

² Veškeré náklady, které vyplynou z NSGG, budou pokryty v rámci limitu výdajů kapitol 335 – MZ a 329 – MZe, případně spolufinancováním projektů EU, např. COFUND.

Organizační struktura Meziresortní rady pro genetiku a genomiku



Gestoři – Ministerstvo zdravotnictví a Ministerstvo zemědělství:

Místopředseda vlády a ministr zdravotnictví

- **prof. MUDr. Vlastimil Válek, CSc., MBA, EBIR**

Ministr zemědělství

- **Mgr. Marek Výborný**

Zástupci spolupracujících resortů:

- Úřad vlády – Min. pro vědu, výzkum a inovace: **PhDr. Marek Ženíšek, Ph.D.**
- Ministerstvo školství, mládeže a tělovýchovy: **doc. PhDr. Mikuláš Bek, Ph.D.**
- Ministerstvo životního prostředí: **Mgr. Petr Hladík**

Meziresortní rada pro genetiku a genomiku – koordinační skupina:³

- **prof. MUDr. Vlastimil Válek, CSc., MBA, EBIR**
místopředseda vlády a ministr zdravotnictví
- **Mgr. Marek Výborný**
ministr zemědělství

³ Členství v koordinační skupině vyplývá z funkce.

- **Mgr. Petr Hladík**
ministr životního prostředí
- **PhDr. Marek Ženíšek, Ph.D.**
ministr pro vědu, výzkum a inovace, Úřad vlády
- **Mgr. Jiří Nantl, LL.M.**
náměstek ministra, emeritní ředitel Středoevropského technologického institutu (CEITEC) Masarykovy univerzity (MU), Ministerstvo školství, mládeže a tělovýchovy
- **Mgr. David Surý**
vrchní ředitel sekce ochrany životního prostředí, Ministerstvo životního prostředí
- **prof. RNDr. Šárka Pospíšilová, Ph.D.**
zástupkyně ČR v Evropské iniciativě 1+ Milion Evropských Genomů a Genome of Europe a přednostka Ústavu lékařské genetiky a genomiky Lékařské fakulty (LF) MU a Fakultní nemocnice Brno a prorektorka MU
- **prof. Ing. Jaroslav Doležel, DrSc., dr. h. c.**
vedoucí vědecký pracovník, Ústav experimentální botaniky Akademie věd (AV) ČR, v.v.i.
- **RNDr. Martin Bunčec, Ph.D.**
ředitel kanceláře Technologické agentury ČR
- **Ing. Alexandra Skopcová**
ředitelka odboru environmentálních rizik a ekologických škod, Ministerstvo životního prostředí
- **Ing. Jitka Götzová**
ředitelka odboru bezpečnosti potravin, Ministerstvo zemědělství

Členové pracovní skupiny lékařské genetiky a genomiky

- **prof. RNDr. Šárka Pospíšilová, Ph.D.**
zástupkyně ČR v Evropské iniciativě 1+ Milion Evropských Genomů a Genome of Europe a přednostka Ústavu lékařské genetiky a genomiky LF MU a Fakultní nemocnice Brno a prorektorka MU
- **prof. RNDr. Ondřej Slabý, Ph.D.**
předseda Agentury pro zdravotnický výzkum (AZV), přednosta Biologického ústavu LF MU
- **prof. RNDr. Ladislav Dušek, Ph.D.**
ředitel Ústavu zdravotnických informací a statistiky (ÚZIS)
- **MUDr. Barbora Macková, MHA**
hlavní hygienička České republiky a ředitelka Státního zdravotního ústavu
- **prof. MUDr. Milan Macek, jr., DrSc. MHA**
předseda Společnosti pro lékařskou genetiku a genomiku České lékařské společnosti Jana Evangelisty Purkyně (ČLS JEP)
přednostka Ústavu biologie a lékařské genetiky 2. Lékařské fakulty Univerzity Karlovy (LF UK) a Fakultní nemocnice Motol
Národní koordinační centrum pro vzácná onemocnění
- **prof. MUDr. Marek Svoboda, PhD.**
ředitel Masarykova onkologického ústavu Brno

- **Ing. Zdeněk Gütter, CSc.**
odborný gestor EHDS na MZ ČR, Odbor IT a elektronizace zdravotnictví
- **prof. RNDr. Luděk Matyska, CSc.**
ředitel Centra CERIT-Scientific Cloud, předseda boardu České národní infrastruktury pro biologická data (ELIXIR CZ), Koordinátor projektu Genomic Data Infrastructure (GDI)
- **Mgr. Věra Franková, PhD. et PhD.**
LF UK, expertka na etiku v genetice a genomice za ČR v rámci iniciativy 1+ Million Genomes
- **prof. RNDr. Jiří Vondrášek, CSc.**
vedoucí Bioinformatické skupiny, Ústav organické chemie a biochemie AV ČR, a vedoucí českého uzlu evropské infrastruktury ELIXIR CZ
- **prof. MUDr. Tomáš Zima, DrSc, M.B.A.**
přednosta Ústavu lékařské biochemie a laboratorní diagnostiky 1. LF UK a Všeobecné fakultní nemocnice Praha
- **doc. JUDr. Petr Šustek, Ph.D.**
vedoucí Katedry občanského práva a Katedry zdravotnického práva, Univerzita Karlova, Právnická fakulta

Členové pracovní skupiny genetiky a genomiky rostlin

- **prof. Ing. Jaroslav Doležel, DrSc., dr. h. c.**
vedoucí vědecký pracovník, Ústav experimentální botaniky AV ČR, v.v.i.
- **Ing. Václav Hlaváček, CSc.**
viceprezident Agrární komory ČR
- **doc. Ing. Radim Cerkal, Ph.D.**
vedoucí, Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta Mendelovy univerzity v Brně
- **RNDr. Roman Hobza, Ph.D.**
vědecký pracovník, Oddělení vývojové genetiky rostlin, Biofyzikální ústav AV ČR, v.v.i.
- **Dr. Ing. Pavel Horčíčka**
ředitel šlechtění, Selgen a.s.
- **RNDr. PhDr. Zdeněk Hostomský, CSc.**
Ústav organické chemie a biochemie AV ČR, v.v.i.
- **RNDr. Jan Nedělník, Ph.D.**
ředitel, Výzkumný ústav pícninářský, s.r.o.
- **doc. RNDr. Jaroslava Ovesná, CSc.:**
vedoucí Odboru genetiky a šlechtění rostlin, VÚRV v.v.i
- **Ing. Jan Prášil**
ředitel, SEMO a.s.

1) Pracovní skupina lékařské genetiky a genomiky:

Zapojení do Evropských iniciativ v oblasti lékařské genetiky a genomiky (Genome of Europe, Genomic Data Infrastructure, 1+ Million European Genomes)

Česká republika se v roce 2018 stala, jako jedna ze zakládajících zemí, signatářem **Evropské iniciativy 1+ Milionu Genomů (1+ Million Genomes, ve zkratce 1+MG)**. Cílem 1+MG je zlepšení diagnostiky geneticky podmíněných onemocnění pomocí vytvoření pravidel a infrastruktury, která umožní přístup ke genomickým datům minimálně jednoho milionu jedinců napříč Evropou. Důležitou součástí konsorcia 1+MG je také nově financovaný mezinárodní projekt **Genome of Europe**, který sestavuje velkou referenční databázi genetické informace zdravé populace evropských zemí s řadou plánovaných využití včetně lékařské diagnostiky a personalizované medicíny.

Přínos Evropských genomických iniciativ pro ČR

Evropské genomické iniciativy, včetně nově vznikající oficiální struktury **Genome EDIC** (European Data Infrastructure Consortium), a na ně navazující projekty, zejména **1+ Million Genomes (1+MG)**, **Genome of Europe** a **Genomic Data Infrastructure (GDI)** usilují o získání a bezpečné sdílení genomických a s nimi souvisejících klinických dat mezi jednotlivými zeměmi v Evropě. Přístup k těmto datům je klíčový pro výzkum, správnou diagnostiku a prevenci celé řady genetických onemocnění, jako jsou například dědičné syndromy, metabolické poruchy a některé typy nádorů, a umožní personalizovanou léčbu těchto onemocnění, včetně genové terapie.

Dalším přínosem těchto iniciativ je zohlednění nové evropské legislativy a etických aspektů při nastavení právního rámce pro model řízení, který **přispěje k efektivnímu rozvoji moderní zdravotní péče** pro obyvatele České republiky a využívání genomických dat pro vědecký výzkum. Tyto snahy korespondují s evropskou strategií pro data, jejíž součástí je vytvoření Evropského prostoru pro zdravotní data (angl. **European Health Data Space, EHDS**), který má v budoucnu zajistit sdílení k elektronickým zdravotním dat ve všech oblastech medicíny pro účely poskytování zdravotní péče fyzickým osobám (primární využívání) a zpřístupňování zdravotních dat pro definované účely včetně vědeckého výzkumu zahrnujícího rozvoj nových diagnostických a terapeutických metod a technologií (sekundární využívání). Tyto aktivity také přispívají k přímému využití humánních zdravotních dat pro výzkumné účely na celoevropské úrovni a slouží zároveň jako proof of concept pro možné sekundární využití humánních genomických dat.

Nedílnou součástí evropských genomických iniciativ jsou **velké výzkumné infrastruktury**, které hrají klíčovou roli při formování interoperability lidských genomických dat v evropském prostoru. Z relevantních velkých infrastruktur v České republice je třeba zmínit Český uzel Evropské infrastruktury pro translační medicínu (EATRIS-CZ), Český národní uzel Evropské sítě infrastruktur klinického výzkumu (CZECRIN), síť českých biobank klinických vzorků (Biobanking and Biomolecular resources Research Infrastructure, BBMRI) a především ELIXIR CZ, která je členem evropského konsorcia ELIXIR – infrastruktury pro biologická data (z angl. European Life-Science Infrastructure for Biological Information). ELIXIR hraje klíčovou a koordinační roli ve všech evropských genomických projektech včetně GDI a iniciativy 1+MG a disponuje zásadním know-how v oblasti správy dat, přístupu k datům a zabezpečení využití dat. Implementace řešení vyvinutých v rámci evropského Nařízení o **EHDS**, projektu **GDI**

a iniciativy European Open Science Cloud (**EOSC**) jsou zároveň chápány jako důležitý prvek standardizace zohledňující specifické aspekty zemí EU. Napojení genomických projektů cílených na humánní zdravotní data jsou infrastrukturou ELIXIR vyvíjena v rámci existujících specifických komunit – Federated Human Data, Human Copy Number Variation a Rare Diseases. To umožňuje českým uživatelům přístup ke state-of-art řešením, která jsou v rámci komunit dostupná a představují spojení reálných cílů s metodickou nadstavbou umožňující jejich dosažení.

S cílem využít genomické technologie v lékařské diagnostice byla už před několika lety odborníky na genomiku z Univerzity Karlovy a Masarykovy univerzity založena **výzkumná infrastruktura Národní centrum lékařské genomiky**, jejíž součástí jsou nejvýznamnější genomická pracoviště v ČR. V oblasti analýzy a uchovávání genomických dat je realizována úzká spolupráce s národní i evropskou datovou výzkumnou infrastrukturou ELIXIR.

ELIXIR CZ je zároveň koordinující infrastrukturou pro ustavení Federated European Genome-Phenome Archive (EGA) uzlu/uzlů v rámci České republiky. Tato aktivita znamená přímé zapojení pro využití humánních zdravotních dat pro výzkumné účely na celoevropské úrovni a slouží zároveň jako proof of concept pro možné sekundární využití humánních genomických dat. V současné době se na vstup do konsorcia Federated EGA uzlů koordinovaně připravují pracoviště Univerzity Karlovy, Masarykovy univerzity a Univerzity Palackého, což představuje důležitý integrační prvek v rámci České republiky.

Poznatky z uvedených projektů a další vstupy také přispějí k upřesnění při návrhu legislativního rámce pro genetická a genomická zdravotní data v ČR, zejména v kontextu implementace Nařízení o EHDS a též při realizaci tímto nařízením definovaného modelu zpřístupňování zdravotních dat pro sekundární účely. Tento model zpřístupňování zdravotních dat je v EU považován za perspektivní i pro výzkumné infrastruktury, což také zdůrazňuje potřebu vzájemné spolupráce státní správy ve zdravotnictví a výzkumných infrastruktur, která se vyznačuje mnoha synergickými efekty.

České genomické iniciativy a zapojení do projektu Genome of Europe

V České republice byl největší aktivitou v této oblasti zdárně ukončený OP VVV projekt s názvem **A-C-G-T** neboli **Analýza Českých Genomů pro Teranostiku** (koordinátor prof. Pospíšilová, Masarykova univerzita), zaměřený na sestavení kontrolní databáze genetické informace typické pro českou populaci. V rámci projektu A-C-G-T se dosud zanalyzoval výskyt genetických variant (mutací) v DNA u **více než 1000 jedinců ze všech krajů ČR**. Zároveň i jako první v ČR nastavil etické zásady pro používání a sdílení genomických dat z výzkumu podle mezinárodně uznávaných doporučení.

Evropský projekt **Genome of Europe (GoE)** reprezentuje tzv. „Multi-Country projects“, který by měl přispět k efektivnější digitalizaci genomických dat zemí EU. Cílem GoE je sestavení kontrolní databáze genetické informace zdravé populace, která je charakteristická pro jednotlivé evropské země, za použití finančně nákladné celogenomové sekvenace. Celková referenční kohorta o minimální velikosti 500.000 jedinců tvoří celou polovinu z celového cíle iniciativy 1+MG (**kvóta pro Českou republiku činí 14.731 jedinců, první fáze GoE cca 3 tis. jedinců**). Pro tyto účely je vhodné např. využít prostředky typu COFUND v gesci MŠMT.

Tento dosud největší evropský genomický projekt Genome of Europe bude mít zásadní význam pro **rozvoj řady lékařských oborů** a plné využití těchto dat bude znamenat začátek

nové éry medicíny. Díky získaným datům dojde k **signifikančnímu zpřesnění diagnostiky geneticky podmíněných onemocnění, onkologické diagnostiky a predikce efektivity léčby**, genomická data budou využitelná také pro **prevenci závažných onemocnění**. Tento projekt rovněž přispěje k rozvoji **personalizované/precizní medicíny**. Z příkladů evropských zemí (např. UK, Dánsko, Finsko, Švédsko), kde je genomika již integrována do systému moderní zdravotní péče, jsou známy mnohé výhody využívání genomických dat: **zpřesnění a urychlení diagnózy** (především u pacientů se vzácnými onemocněními); **kvalitnější prevence onemocnění; volba léčby** na základě farmakogenomického profilu pacienta, identifikace vhodných pacientů pro **genovou terapii a zohlednění etických, právních a sociálních aspektů** (ELSI), společně s řadou dalších využití v oblasti biomedicíny. Zohlednění ELSI aspektů je klíčové zejména v oblasti ochrany soukromí jednotlivců a zachování důvěry veřejnosti k institucím nakládajícím s genomickými a zdravotními daty.

Do aktivit Rady je již nyní třeba zapojit také odborníky na **genetiku mikroorganismů**. Celosvětová pandemie onemocnění covid-19 ukázala naléhavost pro zavedení genomické surveillance infekčních onemocnění, která dává možnost rychlého a účinného řešení přeshraničních hrozeb infekčních onemocnění. Podobně, celosvětově vzrůstající rezistence mikroorganismů na ATB zdůrazňuje nezbytnost rychlého zavedení mezinárodní genomické surveillance rezistentních mikroorganismů. Mezinárodní organizace podporují tyto iniciativy svými strategiemi: strategie WHO „Global genomic surveillance strategy for pathogens with pandemic and epidemic potential, 2022–2032“ a strategie ECDC „ECDC strategic framework for the integration of molecular and genomic typing into European surveillance and multi-country outbreak investigations“. České týmy jsou zapojeny do mezinárodních projektů podporovaných WHO a ECDC. Genomická analýza mikroorganismů a lidských hostitelů může vést k identifikaci nových terapeutických cílů a léčiv, stejně jako k vývoji léků a vakcín s lepší účinností a bezpečností. Zapojení mikrobiologů do platformy proto poskytne komplexnější přístup k porozumění, prevenci a léčbě chorob jako klíčovému kroku ke zlepšení veřejného zdraví a globálního boje proti nemocem. K implementaci genomické surveillance infekčních onemocnění bude nezbytné prosazovat legislativní a finanční zajištění.

2) Pracovní skupina genetiky a genomiky rostlin:

Česká republika, respektive jednotlivá pracoviště výzkumu, vývoje a inovací (VaVal), vyvíjejí a využívají biotechnologické postupy a postupy genomiky u jednotlivých plodin. Aktivity jsou financovány z národních (NAZV a TA ČR) a mezinárodních zdrojů (H2020, HEU). V rámci těchto aktivit byly NGS metodami charakterizovány genetické zdroje a šlechtitelské materiály pšenice, ječmene, ovsa, brukvovitých zelenin a dalších plodin. Prvním počinem ke koordinaci aktivit v rámci ČR byl projekt Národní centrum kompetence TAČR Biotechnologické centrum pro genotypování rostlin TN01000062. Pro plné využití potenciálu uvedených metod, je nyní třeba vytvořit v ČR koordinované zázemí.

Národní strategický plán šlechtění zemědělských plodin a trvalých kultur

Zajištění produkce zemědělských plodin v požadovaném množství a kvalitě v podmínkách změny klimatu a při snaze o naplnění cílů Zelené dohody pro Evropu, tj. snížení spotřeby pesticidů o 50 % a minerálních hnojiv o 20 % nebude možné bez **nové generace plodin**. Jejich získání je obtížným úkolem, na který tradiční metody šlechtění nestačí, zejména pokud je nutné těchto náročných cílů dosáhnout v co nejkratší době.

Zásadním nástrojem pro získání plodin nové generace budou **nové genomické techniky**, které vedle klasických postupů založených na křížení a výběru potomstev využívají nejnovější metody molekulární biologie, genomiky a biotechnologie. V případě využití metody CRISPR/Cas a dalších pro editaci genomu je pak možné získat rostliny se zcela novými vlastnostmi, které vedle odolnosti vůči abiotickým a biotickým stresům, lepšího využití živin v půdě a odolnosti vůči chorobám a škůdcům, mají vyšší obsah zdraví prospěšných látek, sníženou alergenicitu apod.

V současné době jsou produkty editace genomu upraveny legislativou vztahující se ke geneticky modifikovaným organismům (GMO).⁴ Velmi přísný právní rámec pro GMO vyžaduje pro povolení těchto rostlin pro pěstování a uvedení na trh předložení robustního množství dat týkající se hodnocení rizik, toxikologické analýzy, posouzení negativních dopadů na životní prostředí, hodnocení alergenicity, polní pokusy v různých klimatických pásmech a další. Tyto požadavky dokáží naplnit jen některé nadnárodní společnosti. V kompetentních orgánech EU je od roku 2023 vyjednáván nový právní rámec pro rostliny vypěstované za pomoci nových genomických technik, který by měl lépe odpovídat charakteru těchto produktů a adekvátně reflektovat vědecký vývoj v této oblasti. Klíčovým faktorem ve využití potenciálu inovativních technik šlechtění bude nejen přijetí nové legislativy, ale také připravenost jednotlivých členských států EU poskytnout šlechtitelům vědecká pracoviště, laboratoře, data, poradenství a vzdělávání a další zázemí pro aplikaci těchto rostlin do praxe.

Metody molekulární biologie a biotechnologie již dnes umožňují šlechtění podstatně urychlit a zefektivnit. Jedná se zejména o **využití molekulárních markerů** pro charakterizaci genových zdrojů, genotypování a výběr potomstev a **biotechnologických postupů *in vitro*** pro genetickou stabilizaci šlechtitelských materiálů. Kroky směřující k plnému využití potenciálu nových metod šlechtění tedy budou nejdříve zahrnovat rutinní využití metod výběru pomocí molekulárních markerů a genomických metod a po schválení metod editování genomu v EU pak jejich plné využití.

Situace v zavádění nových metod ve šlechtění zemědělských plodin je v České republice bohužel **velmi neuspokojivá**. Je to důsledek nekoordinovanosti aktivit, tříštění sil a izolovaných a časově omezených projektů možných partnerů.

Současná situace je alarmující i proto, že potenciální partneři (šlechtitelé, ústavy aplikovaného výzkumu, univerzity a ústavy Akademie věd ČR) jednotlivé komponenty nových metod šlechtění umí do určité míry používat. Z mnoha příčin je ale za současných podmínek nemožné tyto aktivity propojit a existující znalosti účelně využívat. Mimořádně pozitivní zkušenost získaná v rámci řešení časově omezeného projektu TA ČR však jednoznačně potvrzuje prospěšnost a potřebnost takové spolupráce (viz Příloha č.1). Efektivním řešením je tedy **Národní strategický plán**, který využije synergie partnerů a bude koordinovat a podporovat jejich spolupráci.

Návrh opatření

Pro zajištění konkurenceschopnosti českého zemědělství a potravinové bezpečnosti, a dále s ohledem na rozvoj venkova a udržitelnost kulturní krajiny se jeví jako nezbytné urychlené zavedení nových molekulárních metod do šlechtitelských programů. Efektivní využití nových

⁴ Nařízení Evropského parlamentu a Rady (ES) č. 1829/2003 ze dne 22. září 2003 o geneticky modifikovaných potravinách a krmivech, Směrnice Evropského parlamentu a Rady 2001/18/ES ze dne 12. března 2001 o záměrném uvolňování geneticky modifikovaných organismů do životního prostředí a o zrušení směrnice Rady 90/220/EHS

metod šlechtění bude vyžadovat komplex opatření realizovaných v rámci navrhovaného **Národního strategického plánu**, který zajistí koordinaci a účelné využití vynaložených prostředků. Navrhovaná opatření se u rostlin zaměřují na zvýšení odolnosti vůči suchu, rezistenci vůči chorobám a škůdcům a také na lepší využívání dusíku a dalších živin v půdě, ať již ve formě organických nebo anorganických hnojiv.

Hlavní opatření k zavedení nových metod šlechtění v 1. etapě (2025–2027) budou zahrnovat:

- Zřízení servisního pracoviště pro genotypování
- Zřízení servisního pracoviště pro editování genomu
- Zřízení servisního pracoviště pro pre-breeding
- Charakterizaci genetické diverzity (vč. položek v genových bankách) pomocí DNA a metabolických fingerprintingů i polních rozborů
- Vývoj molekulárních markerů pro agronomicky významné znaky
- Genotypování šlechtitelských materiálů (MAS a genomická selekce)
- Fenotypování genetických zdrojů a šlechtitelských materiálů plodin
- Izolaci agronomicky důležitých genů
- Editování genů podmiňujících důležité vlastnosti plodin
- Implementaci biotechnologických postupů do procesu šlechtění plodin

Pracovní skupina pro genetiku rostlin

- Národní strategický plán bude odborně garantovat a řídit Koordinační skupina složená z odborníků zastupujících jednotlivé výzkumné instituce, profesní organizace, řídicí a správní orgány.
- Ve spolupráci se zástupci zájmových organizací v zemědělství, Českomoravskou šlechtitelskou a semenářskou asociací a Českou akademií zemědělských věd budou ustanoveny pracovní skupiny pro jednotlivé plodiny/skupiny plodin.
- Budou zřízena tři servisní pracoviště, která budou adekvátně technicky personálně vybavena a která budou poskytovat servis a konzultace všem šlechtitelským programům v ČR.

Zřízení servisních pracovišť

- V rámci programu Strategie AV21 Akademie věd české republiky „Potraviny pro budoucnost“ <https://www.potravinav21.cz/> byly zřízeny dvě Aplikační laboratoře, které vykazují dlouholetou a úspěšnou spolupráci se šlechtitelskými programy a zemědělskými podniky v ČR (Příloha č. 1).
- Na Ústavu experimentální botaniky AV ČR v Olomouci je provozována Aplikační laboratoř pro zemědělský výzkum <https://aplab.ueb.cas.cz/> která provádí genotypování, vývoj molekulárních markerů a izolaci genů. Tato laboratoř se mj. účastnila úspěšného projektu TAČR Národní centrum kompetence „Biotechnologické centrum pro genotypování rostlin“.
- Na Biofyzikálním ústavu AV ČR v Brně je provozována Aplikační laboratoř pro zemědělské biotechnologie <https://laba.ibp.cz/>, která se zaměřuje na metody editace genomu. Věnuje se také analýzám půdního mikrobiomu.
- Ve VÚRV, v.v.i., jako pracovišti aplikovaného výzkumu, je zřízena laboratoř pro pre-breeding šlechtitelských materiálů <https://vurv.cz/oqsr/> V hodnocení a výběru cenných genetických zdrojů pro šlechtění a šlechtitelských linií se uplatňují pokročilé biotechnologické a molekulární postupy. Aktuálně pracoviště rozvíjí další techniky testované v projektech NCK, NAZV a mezinárodních projektech evropského výzkumu (např. AGENT, BRESOV, EcoBREED, PRO-GRACE). Dlouhodobou spolupráci se šlechtitelskou sférou dokumentuje Příloha č. 2.

Výše uvedená pracoviště disponují základním vybavením a menšími týmy kvalifikovaného personálu a mají zkušenost se spoluprací se šlechtiteli. S odpovídající podporou je možné jejich kapacitu rozšířit na požadovanou úroveň tak, aby byly uspokojeny potřeby všech šlechtitelských programů v ČR.

Finanční zajištění⁵

- Servisní pracoviště pro genotypování a editaci genomu bude nezbytné doplnit přístroji a výpočetní technikou pro genomiku, molekulární biologii a bioinformatiku.
- Servisní pracoviště pro pre-breeding bude třeba vybavit velkokapacitním zařízením pro pěstování a hodnocení materiálů včetně fenotypování v polních i uzavřených podmínkách s využitím metabolomiky, proteomiky a *in vitro* biotechnologie.
- Pro ustanovení platformy pro editaci genomu bude nezbytné vybudovat zázemí pro vysokokapacitní pěstování plodin v kontrolovaných podmínkách.
- Pro práci v nově zřízených pracovištích bude nezbytné zajistit další kvalifikovaný personál.
- Dále je třeba zajistit financování provozních nákladů servisních pracovišť v průběhu realizace národního strategického plánu.

Legislativa

- V návaznosti na schválení právního rámce pro NGT na úrovni EU bude třeba novelizovat zákon č. 78/2004 Sb., o nakládání s geneticky modifikovanými organismy a genetickými produkty, související s využitím technik editace genomu ve šlechtění pomocí nových technik šlechtění⁶.

Očekávané výstupy

- Tři plně funkční servisní pracoviště s pracovní kapacitou schopnou pokrýt veškeré potřeby šlechtitelských programů ČR v oblasti nových technik šlechtění a pre-breedingu.
- Nové odrůdy plodin s vylepšenými nebo zcela novými vlastnostmi získané pomocí nových technik šlechtění, které přispějí k udržitelnosti českého zemědělství a potravinové soběstačnosti. Předpokládá se, že první odrůdy budou přihlášeny k registraci do konce roku 2028, tj. krátce po ukončení realizace první etapy.

⁵ Veškeré náklady, které vyplynou z NSGG, budou pokryty v rámci limitu výdajů kapitol 335 – MZ a 329 – MZe, případně spolufinancováním projektů EU, např. COFUND.

⁶ Evropská komise předložila 5. července 2023 návrh pravidel pro nové genomické techniky (NGT). Tento návrh rozlišuje dvě kategorie nových genomických technik. Kategorie NGT1 by se vztahovala na rostliny získané cílenou mutagenézí nebo cisgenézí, které se mohou vyskytovat i přirozeně nebo mohou být získány konvenčním šlechtěním. S touto kategorií rostlin se bude zacházet jako s konvenčními rostlinami a nevyžadovaly by žádná další povolení, vyžadováno bude pouze oznámení. Povinné by nemělo být ani zvláštní označování. Kategorie rostlin NGT2 by spadala pod právní předpisy vztahující se na GMO, tyto rostliny budou in nadále procházet schvalovacím procesem EU. Návrh pravidel pro NGT schválil Evropský parlament na Plenárním zasedání 7.2.2024. Návrh Komise: https://food.ec.europa.eu/document/download/c03805a6-4dcc-42ce-959c-e4d609010fa3_en?filename=gmo_biotech_ngt_proposal_2023-411_en.pdf&prefLang=cs, Usnesení EP: https://www.europarl.europa.eu/doceo/document/TA-9-2024-0067_CS.pdf

Příloha č. 1

Ověřená spolupráce mezi pracovišti základního výzkumu a šlechtiteli

Na Ústavu experimentální botaniky AVČR a Biofyzikálním ústavu AV ČR byly v rámci programu Strategie AV21 „Potraviny pro budoucnost“ <https://www.potravinav21.cz/> zřízeny dvě Aplikační laboratoře. Tyto laboratoře vykazují dlouholetou a úspěšnou spolupráci s resortními výzkumnými ústavu, šlechtiteli a zemědělskými podniky v ČR. I když je tato spolupráce z finančních i kapacitních důvodů omezena na dvoustanné a časově omezené projekty, získané výsledky potvrzují reálnost a prospěšnost spolupráce mezi akademickými pracovišti, resortními výzkumnými ústavu a šlechtiteli a vytvářejí předpoklad pro rozsáhlý a dlouhodobý projekt na celostátní úrovni.

Národní centrum kompetence (TN01000062)

Tuto unikátní, byť časově omezenou, možnost nabídl projekt Národního centra kompetence „Biotechnologické centrum pro genotypování rostlin“ podporovaný Technologickou agenturou ČR v období 2019-2022. Projektu se účastnilo 13 organizací: vedle příjemce, kterým byl Zemědělský výzkum, spol. s r.o. (Troubsko), to byly Agritec Plant Research s.r.o. (Šumperk), Agrotest fyto, s.r.o. (Kroměříž), Ing. Hana Jakešová, CSc. (Hladké Životice), OSEVA vývoj a výzkum s.r.o. (Zubří), SAATEN - UNION CZ s.r.o. (Šarátice), SEMO a.s. (Smržice), Ústav experimentální botaniky AVČR, Vesa Velhartice, a. s. (Velhartice), Výzkumný a šlechtitelský ústav ovocnářský Holovousy s.r.o. (Holovousy), Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o. (Havlíčkův Brod), Výzkumný ústav pivovarský a sladařský, a.s. (Brno) a Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i. (Praha-Ruzyně).

Spolupráce byla zaměřena na šest plodin, které zahrnovaly ječmen, brambor, hrách, jetel, festulolium a třešně a soustředila se na vypracování molekulárních a genomických postupů pro zefektivnění a inovaci šlechtitelských postupů pomocí cíleného výběru vhodných genotypů. Mimo jiné byly získány nové molekulární markery pro výnos a přítomnost fytoestrogenů látek v jeteli, rakovinu bramboru a barvu hlíz bramboru, markery pro sladovnickou kvalitu ječmene, a u třešně barvu, tvar a velikost plodů. Celkem bylo vytvořeno 20 užitečných vzorů popisujících nově navržené sady molekulárních markerů asociovaných s agronomickými znaky. Ověřené sady primerů pro DNA markery vhodné pro detekci alel ve šlechtění a soubory linií šlechtitelských materiálů posloužily k vytvoření 28 funkčních vzorků a jedné certifikované metodiky.

Seznam průmyslových užitečných vzorů získaných ve spolupráci mezi ÚEB AV ČR, resortními výzkumnými ústavu a šlechtiteli

- PUV, 35626, Reakční směs pro alelově specifickou molekulární detekci genu rezistence vůči cystotvorným houbám rodu *Globodera* sp. pomocí PCR (2021).
- PUV, 34548, Sada markerů jednonukleotidových polymorfismů pro predikci šlechtitelské hodnoty hrachu setého (*Pisum sativum* L.) pro hmotnost tisíce semen, počet semen a hmotnost semen (2020).
- PUV, 34578, Sada asociovaných markerů jednonukleotidových polymorfismů v souboru znaků genotypů rodu *Pisum* L. (2020).
- PUV, 34547, Sada markerů jednonukleotidových polymorfismů asociovaných s vybranými agronomickými znaky ječmene jarního (2020).
- PUV, 34358, Reakční směs pro alelově specifickou molekulární detekci genu rezistence rakoviny bramboru (*Synchytrium endobioticum*) pomocí PCR (2020).
- PUV, 34501, Sada asociovaných SNP markerů jetele lučního pro obsah fytoestrogenů, aktivitu polyfenoloxidázy a odolnost k virovým chorobám WCIMV a RCMV (2020).
- PUV, 34685, Sada asociovaných markerů jednonukleotidových polymorfismů v souboru znaků odrůd **Festulolium* (2021).

- PUV, 34547, Sada markerů jednonukleotidových polymorfismů pro predikci šlechtitelské hodnoty jetele lučního pro výnos (2020).
- PUV, 34569, Sada asociovaných SNP markerů pro predikci výnosu suché hmoty ×*Festulolium*
- PUV, 35831, Sada asociovaných markerů jednonukleotidových polymorfismů v souboru znaků odrůd ×*Festulolium* (2021).
- PUV, 35636, Sada primerů k aplikaci CAPS markerů pro markery asistovanou selekci zaměřenou na obsah fytoestrogenů v jeteli lučním (2021).
- PUV, 36681, Sada primerů k aplikaci CAPS a SBE markerů pro vybrané znaky kvality a odolnosti využitelné při šlechtění jarního ječmene (2022).
- PUV, 36683, Sada primerů k aplikaci CAPS markerů pro markery asistovanou selekci zaměřenou pro detekci vybraných znaků u odrůd a klonů ×*Festulolium* (2022).
- PUV, 36729, Sada asociovaných markerů u jetele lučního ve znacích tolerance k suchu a krmivářské kvality (2022).
- PUV, 36688, Sada molekulárních SNP markerů asociovaných s agronomickými znaky a kvalitativními znaky semen u polního a dřeňového hrachu (2022).

Příloha č. 2

Ověřená spolupráce mezi pracovištěm aplikovaného výzkumu a šlechtiteli

Seznam odrůd a linií získaných ve VÚRV a ve spolupráci mezi VÚRV a šlechtiteli

Od začátku tisíciletí vzniklo ve spolupráci se šlechtiteli konvenčními postupy více než 40 odrůd majoritních plodin (pšenice, řepka, ječmen) a více než 10 odrůd minoritních plodin využívaných i v ekologickém sektoru a jako součást tzv. superpotravin. Jedná se zejména o odrůdy pšenice dvouzrnky a jednozrnky, pšenice špaldy, čiroku, bérů, zimolezu kamčatského, laskavce krvavého apod. Čirok a bér jsou vhodné i do suchých oblastí a mají multifunkční využití. Tyto odrůdy selektované z genetických zdrojů uchovávaných a hodnocených ve VÚRV byly násobně oceněny Ministrem zemědělství Zlatým klasem s kytíčkou a produkty jsou využívány také v potravinářském a krmivářském sektoru.

Seznam odrůd získaných biotechnologickými postupy a selekcí pomocí DNA markerů:

- Ječmen Doria (registrace/právní ochrana - 2002) - Kombinovaná rezistence k virovým chorobám, Odrůda byla odvozena ze série křížení linií nesoucích *Ryd2*, testovaných na odolnost vůči BYDV v CRI v Praze-Ruzyni i pomocí DNA markeru validovaného ve VÚRV.
- Ječmen Lancelot (2014) – částečná rezistence k mozaikovému komplexu podmíněnou genem *rym4*; selekce pomocí markerů, spolupráce Selgen a.s., linie testovány pomocí DNA markeru
- Tuřín Ruzzini (2020) – první, v ČR vytvořená 100% homozygotní a geneticky uniformní odrůda tuřínu, vyšlechtěná ve VÚRV za pomoci tzv. metody dihaploidů, která zkracuje proces tvorby nových odrůd o cca 5 let.
- Tuřín Ruzol (2023) – atraktivní odrůda určená pro přímý konzum i ke skladování s intenzivně načervenalou purpurovou barvou pokožky a žlutou barvou dužniny lahodné chuti. Vykazuje vysokou odolnost vůči náporovce kapustové (*Plasmodiophora brassicae*) jak v polních, tak i kontrolovaných podmínkách.
- Řepka ozimá Orex (2015) – první odrůda řepky v ČR, vyšlechtěná pomocí *in vitro* biotechnologií (tzv. systému dihaploidů), takže je 100% homozygótní a geneticky uniformní.
- Řepka ozimá Orava (2016) – druhá odrůda řepky v ČR, vyšlechtěná pomocí *in vitro* biotechnologií (tzv. systému dihaploidů), takže je 100% homozygótní.
- Řepka ozimá Ornament (2017) – třetí odrůda řepky v ČR, vyšlechtěná pomocí *in vitro* biotechnologií (tzv. systému dihaploidů), takže je 100% homozygótní.

Portfolio genotypovaných materiálů v Genové bance a Národním programu konzervace a využití genetických zdrojů rostlin a agrobiodiverzity (NPGZR)

- Precizní kolekce pšenice (SSD potomstva) – fenotypování a genotypování SNP 500 položek krajových až současných českých a československých odrůd (výstup projektu AGENT)
- Precizní kolekce ječmene (SSD potomstva) – fenotypování a genotypování SNP 500 položek krajových až současných českých a československých odrůd (výstup projektu AGENT)
- Záznamy **2000 genotypovaných položek pšenice, ječmene a ovsa v informačním systému GRIN Czech**

- Genotypování planých příbuzných druhů kolekce *Triticeae* – *Aegilops*, *Dasypyrum*, *Triticum*, *Hordeum spontaneum*, *Hordeum marinum*
- Kolekce 800 GZ a linií brukvovitých zelenin SNP 800 položek, 150 z GB VÚRV v mezinárodní databázi sekvencí – projekt H2020 BRESOV

Další výsledky jako funkční vzorky nových markery charakterizovaných linií plodin s novými vlastnostmi nebo užité vzory DNA markerů pro asistovanou selekci jsou k dispozici ve VÚRV, v.v.i.

- Pšenice ozimá Sultan (2008) – středně raná odrůda kvalitní (A) jakosti, předností je vysoký obsah dusíkatých látek, odrůda je nositelem genu odolnosti ke rzi pšeničné *Lr37* (Hanzalová et al. Czech J. Genet. Plant Breed., 45, 2009 (2): 79–84)
- Pšenice ozimá Sakura (2007) – polopozdní odrůda (C), vykazuje mírnou odolnost k fuzarióze klasu
- Pšenice ozimá Raduza (2006) – polopozdní odrůda kvalitní (A) jakosti, vykazuje kombinovanou rezistenci k závažným chorobám pšenice
- Pšenice ozimá Rheia (2002) - poloraná až polopozdní odrůda chlebové (B) jakosti. Odrůda je nositelem genu zakrslosti *Rht-B1b* (*Rht1*)
- Pšenice ozimá Vlasta (1999) – polopozdní odrůda chlebové (B) jakosti, vykazuje dlouhodobě vysokou odolnost proti napadení padlím travním na listu (přenesena z *Triticum monococcum*). Odrůda je nositelem genu zakrslosti *Rht-D1b* (*Rht2*)
- Pšenice ozimá Šárka (1997) – poloraná odrůda chlebové (B) jakosti. Odrůda je nositelem genu zakrslosti *Rht-D1b* (*Rht2*)
- Pšenice ozimá Skorpion (2012) – Odrůda se vyznačuje modrým zabarvením zrna a je určena ke speciálnímu využití v potravinářství vzhledem k výskytu antokyanů v zrna, které jsou považovány za zdraví prospěšné látky
- Řepka ozimá Oksana (2007) – středně raná až polopozdní odrůda, dobrá odolnost proti houbovým chorobám, má velmi silnou větvicí schopnost, takže zapojí i mezerovité porosty
- Řepka ozimá Oponent (2006) – dobrá odolnost proti houbovým chorobám a poléhání, stabilní vysoký výnos ve všech pěstelských oblastech, nízký obsah glukosinolátů v semeni
- Řepka ozimá Opus (2007) – vysoká HTS, je charakteristická fasciacemi a bohatým větvením. Díky rychlému podzimnímu startu je vhodná i pro pozdější setí
- Řepka ozimá Aplaus (2007) – polopozdní až pozdní odrůda, výraznější odolnost vůči černi řepkové. Nemá v podzimním období sklon k přerůstání, a proto je vhodná i pro časnější setí
- Řepka ozimá Benefit (2009) - pozdní odrůda odolná proti napadení plísní šedou a poléhání před sklizní, s minimálním obsahem kyseliny erukové a nízkým obsahem glukosinolátů
- Řepka ozimá Cortes (2012) – raná až poloraná, nízká odrůda s vysokým stupněm odolnosti vůči poléhání, fomové hnilobě, černím a plísní šedé
- Řepka ozimá Oceania (2012) – středně raná odrůda, s dobrou odolností vůči poléhání a vysokou odolností k vyzimování
- Řepka ozimá Orion (2012) – středně raná odrůda s velmi dobrou odolností vůči poléhání, s vyšším zastoupením kyseliny olejové
- Řepka ozimá Rescator (2013) – raná až středně raná odrůda s vysokou olejnatostí, s nízkým obsahem kyseliny erukové a nízkým obsahem glukosinolátů, odolná k poléhání
- Řepka ozimá Obelix (2017) - polopozdní odrůda s minimálním obsahem kyseliny erukové a nízkým obsahem glukosinolátů, odolná k poléhání, s vysokým obsahem N látek

- Řepka ozimá Sonyx (2017) - středně raná odrůda s minimálním obsahem kyseliny erukové a nízkým obsahem glukosinolátů. Rostliny nízké, odolné proti poléhání před sklizní
- Řepka ozimá Sněžka (2018) - polopozdní, středně vysoká odrůda s výbornou odolností poléhání a velmi vysokou mrazuvzdorností
- Řepka ozimá Corzar (2019) – středně raná odrůda s vysokým obsahem oleje, nižším vzrůstem a odolností vůči poléhání, rané a dlouhé kvetení umožňuje dobré opylení i v deštivém květnu
- Řepka ozimá Ocelot (2019) – raná odrůda, rostliny jsou nízké a odolné k poléhání
- Řepka ozimá Sparker (2019) – středně raná odrůda, s vysokou mrazuvzdorností, odrůda vhodná do chladnějších oblastí, vysoká odolnost k alternariové skvrnitosti
- Řepka ozimá Onca (2021) - středně raná až polopozdní odrůda s dobrou odolností poléhání před sklizní, odolnější k fomovému černání stonku

Seznam odrůd minoritních plodin získaných přímo využitím materiálů genové banky

- Ozimá pšenice špalda RUBIOTA (2001) je vysoká, později dozrávající odrůda, charakteristická dlouhým červeným jehlancovitým klasem. Zrno je červenohnědé, s HTS dosahující 60 g i více.
- Ozimá pšenice jednozrnka RUMONA (2017) je odrůda vysoce odolná k houbovým patogenům. Je určena především pro ekologický způsob pěstování a pro systémy s nízkými vstupy, kde dává dobrý výnos 2-2,5 t/ha. Využívá se hlavně na bioprodukty – saláty a nekynuté výrobky.
- Jarní pšenice dvouzrnka RUDICO (2006) je vysoce odolná k řadě chorob. Výnos zrna je velmi vysoký, až 3 t/ha.
- Jarní pšenice dvouzrnka TAPIRUZ (2018) má prokazatelně vyšší nutriční jakost zrna z důvodu vyššího obsahu vitamínů B1, B6, E a celkové a rozpustné vlákniny. Je výborně odolná ke komplexu houbových chorob.
- Čirok obecný RUZROK (2016) je odrůda velmi raná v době metání i plné zralosti. Možné využití této plodiny je jako energetická plodina, krmivo či potravina.
- Bér vlašský RUBERIT (2014) a RUCEREUS (2017) jsou vzájemně odlišné multifunkční odrůdy do měnícího se klimatu ČR rozšiřující portfolio pěstovaných plodin k využití pro tvorbu biomasy.
- Proso seté RUBIKON (2018) je odrůda s kratší vegetační dobou, velkým červeným zrnem a velkou žlutou jáhlou. Je velmi výnosná.
- Laskavec krvavý RUBENE (2018) je vůbec první odrůda laskavce, která je vhodná pro podmínky ČR a je vhodná pro produkci vysoce kvalitního zrna pro potravinářské účely.
- Zimolez kamčatský TOLBAČIK (2019) je odrůda drobného ovoce vzniklá ze selekce z Kamčatky. Je charakteristická výbornou chutí a velkými plody s vysokým obsahem rutinu. Charakterizována AFLP oproti planým výchozím a sběrovým materiálům zimolezu z Kamčatky a Sachalinu.
- Za odrůdy byl získán násobně Zlatý klas s kyticí.

Portfolio genotypovaných materiálů v Genové bance a Národním programu konzervace a využití genetických zdrojů rostlin a agrobiodiverzity (NPGZR)

- Precizní kolekce pšenice (SSD potomstva) – fenotypování a genotypování SNP 500 položek krajových až současných českých a československých odrůd (výstup projektu AGENT)
- Precizní kolekce ječmene (SSD potomstva) – fenotypování a genotypování SNP 500 položek krajových až současných českých a československých odrůd (výstup projektu AGENT)

- Záznamy 2000 genotypovaných položek pšenice, ječmene a ovsa v informačním systému GRIN Czech – výsledky z proběhlých projektů
- Genotypování planých příbuzných druhů kolekce *Triticeae* – *Aegilops*, *Dasyphyrum*, *Triticum*, *Hordeum spontaneum*, *Hordeum marinum*

Další výsledky jako funkční vzorky nových markerů charakterizovaných linií plodin s novými vlastnostmi nebo užité vzory DNA markerů pro asistovanou selekci jsou k dispozici ve VÚRV, v.v.i.