

**PROJEVY STRUPOVITOSTI JABLONĚ NA SOUBORU INDIKAČNÍCH  
HOSTITELSKÝCH GENOTYPECH RODU (*MALUS*) V LOKALITĚ  
HOLOVOUSY**

**INFESTATION OF APPLE SCAB ON THE SET OF DIFFERENTIAL  
(*MALUS*) HOSTS AT LOCATION HOLOVOUSY**

**Radek Vávra**

VÝZKUMNÝ A ŠLECHTITELSKÝ ÚSTAV OVOCNÁŘSKÝ HOLOVOUSY s.r.o.,  
508 01 Holovousy

e-mail: radek.vavra@vsuo.cz

**ABSTRACT**

Virulence of *Venturia inaequalis* populations was evaluated at the location of Holovousy (Czech Republic) on the set of differential (*Malus*) hosts in 2010–2019. Virulence of pathogen populations varied in individual years according weather conditions and intensity of primary infections. The pathogen-sensitive cultivar 'Gala' and the genotype H(1) 'Golden Delicious' were affected by scab in each year ranging from 4.3 to 9 and from 5 to 9 respectively (on a scale of 1 to 9, Lateur and Populer, 1994) with an average 6.3 and 7.6 respectively. Very frequent infections caused by the pathogen *V. inaequalis* also occurred on genotypes H(3) Q71, H(8) B45 and H(10) A 723-6, with an average infestation of 2.9 and 3 respectively. Very frequent infections also occurred on genotypes H(3) Q71, H(8) B45 and H(10) A 723-6 with an average infection of 2.9 and 3.8 respectively. Occasionally overcoming resistance genes occurred on genotypes H(6) 'Priscilla' and H(13) 'Durelo di Forli' with the highest attack of up to 2.8. Very rare infections on a few leaves occurred on genotypes H(2) TSR33T239, H(9) J34 and H(14) 'Dülmener Rosenapfel'. Genotype (H4) TSR33T239 was infected with scab only in some wetter years with low infestation only on a few leaves. On genotypes H(11) 'Hansen's baccata #2', H(15) GMAL 2473 and H(5) 9-AR2T196 was not observed overcoming of resistance genes. Resistance genes *Rvi11* and *Rvi15* which have not yet been overcome and genes that have been overcome with a low frequency of grade 2 and lower (*Rvi2*, *Rvi4*, *Rvi5*, *Rvi9* and *Rvi13*) can be used in breeding for a new generation of apple cultivars with durable scab resistance. Other resistance genes that have been frequently overcome by *V. inaequalis* populations can only be used in combination with these genes.

**Keywords:** *Venturia inaequalis*, resistance genes, durable resistance, apple breeding, virulence

Virulence populací patogenu *Venturia inaequalis* byla hodnocena v lokalitě Holovousy (Česká republika) na souboru indikačních genotypů rodu *Malus* v letech 2010–2019. Virulence populací patogenu se lišila v jednotlivých letech podle průběhu počasí. V deštivějších letech s vyšším počtem primárních infekcí byla zaznamenána ve vyšší intenzitě napadení genotypů rodu *Malus*. K patogenu citlivé odrůdy 'Gala' a 'Golden Delicious' byly napadeny strupovitostí v jednotlivých letech v rozmezí 4,3–9 respektive 5–9 (podle stupnice 1–9, Lateur a Populer, 1994) s průměrným napadením 6,3 respektive 7,6. K velmi častému napadení patogenem *V. inaequalis* došlo také u genotypů H(3) Q71, H(8) B45 a H(10) A 723-6 s průměrným stupněm napadení 2,9 respektive 3,8

a 2,2. K občasnému překonání genů rezistence došlo u genotypů H(6) 'Priscilla' a H(13) 'Durelo di Forli' s nejvyšším napadením až 2,8. K velmi ojedinělým infekcím na několika málo listech došlo u genotypů (H2) TSR33T239, (H9) J34 a (H14) 'Dülmener Rosenapfel'. Genotyp (H4) TSR33T239 byl napaden strupovitostí pouze v některých vlhčích letech s napadením pouze na malém počtu listů. U genotypů H(11) 'Hansen 's baccata #2', H(15) GMAL 2473 a H(5) 9-AR2T196 nebylo překonání genů rezistence zaznamenáno. Pro dosažení trvalé rezistence vůči strupovitosti jabloně je možné používat ve šlechtění nové generace odrůd jabloní s trvalou rezistencí vůči patogenu *V. inaequalis* geny rezistence *Rvi11* a *Rvi15*, jejichž překonání nebylo dosud zaznamenáno a dále geny rezistence, které jsou překonávány s malou četností ve stupni 2 a nižší (*Rvi2*, *Rvi4*, *Rvi5*, *Rvi9* a *Rvi13*). Ostatní geny rezistence, u nichž bylo zaznamenáno časté překonání populacemi ras *V. inaequalis*, je možné využít pro dosažení trvalé rezistence pouze v kombinaci s těmito geny.

**Klíčová slova:** *Venturia inaequalis*, geny rezistence, trvalá rezistence, šlechtění jabloní, virulence

Šlechtění jabloní k trvalé rezistenci ke strupovitosti jabloně způsobené patogenem *Venturia inaequalis* je v popředí mnoha šlechtitelských programů v několika zemích. Kombinace použití rezistentních a odolných odrůd s technologickými opatřeními v sadech umožňuje snížení fungicidů při pěstování jablek. Většina v současnosti dostupných ke strupovitosti rezistentních odrůd jabloní je založena na rezistenci získanou z genotypu *Malus floribunda* 821. Tento gen rezistence označený *Rvi6* (*Vf*) je však v mnoha regionech Evropy překonán rasami strupovitosti (Parisi *et al.* 2004). V posledních dvou desetiletích bylo zmapováno nejméně 18 genů rezistence ke strupovitosti jablek (Pacocchi a kol. 2009, Dunemann a Egger 2010, Bus a kol. 2011, Soriano a kol. 2014). Tyto geny rezistence jsou k dispozici ve šlechtění a jsou vyvinuty molekulární markery k detekci těchto genů rezistence. Tímto je umožněna selekce s využitím molekulárních markerů (marker asisted selection, MAS) k identifikaci genů rezistence v hybridním potomstvu. Ukazuje se však, že dostupné geny rezistence nejsou stejně vhodné pro šlechtění. Populace patogenu *V. inaequalis* se geograficky liší. V několika studiích byla zjišťována reakce rezistentních genotypů k monosporickým izolátům patogenu *V. inaequalis*. Tyto studie jsou vhodné ke zjišťování rezistence konkrétního genotypu v dané oblasti. Odezva rezistentních genotypů ke strupovitosti jabloně v oblastech s rozdílným infekčním tlakem nebyla v minulosti zjišťována. Z tohoto důvodu byl v roce 2009 zahájen

průzkum virulence patogenu *V. inaequalis* v rámci projektu VINQUEST ([www.vinquest.ch](http://www.vinquest.ch)) v různých geografických regionech (Pacocchi *et al.* 2009) s využitím souboru indikačních genotypů rodu *Malus* nesoucích jednotlivé geny rezistence (Bus *et al.* 2011). Výsledky hodnocení jsou cenné pro předvídaní skutečnosti, které geny mohou být využity ve šlechtění pro dosažení stabilní rezistence ke strupovitosti jabloně. Tato informace je důležitá pro šlechtitele. Pouze geny rezistence, které nejsou překonávány populacemi patogenu *V. inaequalis*, lze je použít k vytvoření trvalé rezistence. Z víceletého hodnocení prováděného v geograficky odlišných regionech s rozdílným infekčním tlakem populací patogenu *V. inaequalis* lze odvodit, které geny rezistence lze ve šlechtění k trvalé rezistenci využít. Od roku 2010 je hodnocení virulence patogenu *V. inaequalis* prováděno na souboru indikačních genotypů nesoucích jednotlivé geny rezistence v lokalitě v Holovousích. Výsledky jsou shrnuty v této publikaci.

## MATERIÁL A METODY

Virulence patogenu *V. inaequalis* byla zjišťována na souboru indikačních hostitelských genotypů nesoucích jednotlivé geny rezistence (Tabulka 1) v průběhu vegetace po primárních infekcích v letech 2010–2019. Do souboru indikačních genotypů byla též zařazena odrůda 'Gala', která je citlivá k patogenu *V. inaequalis* a nenes žádný gen rezistence. Hostitelský genotyp H(x) je indikátorem pro virulentní populaci patogenu

překonávající daný gen rezistence (*Rvix*). Soubor indikačních hostitelských genotypů byl vysázen na pokusné stanoviště v Holovousích v lokalitě „Nad včelínem“ na jaře 2010 na podnoží M9 ve sponu 4 x 1 m. Genotypy jsou uspořádány v náhodných blocích v počtu pěti opakování. Genotyp A 723-6 (H10) byl na pokusné stanoviště doplněn na jaře 2011. Genotyp *Malus baccata jakii* (H12) nebyl hodnocen, dosud nebyl k dispozici a do hodnocení nebyl zařazen. K hodnocení byla použita bonitační stupnice 1–9 podle celkového napadení listů patogenem (% napadení listů):

- 0: nehodnoceno (rostlina chybí),
- 1: 0 %,
- 2: 1–5 %,
- 3: mezist.,
- 4: ±25 %,
- 5: mezist.,
- 6: ± 50 %,
- 7: ± 75 %,
- 8: > 90 %,
- 9: nad 90 % listů napadeno (Lateur a Populer 1994).

Následně byly indikační genotypy rozřazeny do kategorií dle četnosti napadení v letech 2010–2019 ve stupni 2 a vyšším (stupeň  $\geq 2$ ). Do kategorie 1 byly zařazeny genotypy s četností vyšší než 50 %, do kategorie 2 genotypy s četností v rozmezí 30–50 %, do kategorie 3 s četností 15–29 % a do kategorie 4 s četností nižší než 15 %. Do kategorie 5 jsou zařazeny genotypy, které nebyly dosud napadeny patogenem *V. inaequalis*.

## VÝSLEDKY A DISKUSE

Intenzita virulence populací *V. inaequalis* na genotypech rodu *Malus* se lišila v jednotlivých letech podle průběhu počasí (Tabulka 2). V deštivějších letech (např. rok 2010) s vyšším počtem primárních infekcí bylo napadení ve vyšší intenzitě než v letech sušších (např. rok 2018) s malým počtem primárních infekcí. Napadení odrůdy 'Gala', která je citlivá ke strupovitosti jabloně, bylo v jednotlivých letech hodnocení v rozmezí 4,3–9 s průměrným napadením 6,3 dle stupnice 1–9. Genotyp H(1) 'Golden Delicious' byl napaden strupovitostí v jednotlivých letech v rozmezí 5–9 s průměrným napadením 7,6.

K velmi častému napadení patogenem *V. inaequalis* došlo také u genotypů H(3) Q71, H(8) B45 a H(10) A 723-6 s průměrným stupněm napadení 2,9 respektive 3,8 a 2,2. K občasnému překonání genů rezistence došlo u genotypů H(6) 'Priscilla' a H(13) 'Durelo di Forli' s nejvyšším napadením až 2,8. K velmi ojedinělým infekcím na několika málo listech došlo u genotypů (H2) TSR33T239, (H9) J34 a (H14) 'Dülmener Rosenapfel'. V sušších letech s málo intenzivními infekcemi nebylo napadení zaznamenáno. Genotyp (H4) TSR33T239 byl napaden strupovitostí pouze v některých vlhčích letech s napadením pouze na malém počtu listů. V lokalitě Holovousy nebylo zaznamenáno překonání genů rezistence u genotypů H(11) 'Hansen's baccata #2', H(15) GMAL 2473 a H(5) 9-AR2T196.

Podle četnosti napadení ve stupni 2 a vyšším ( $\geq 2$ ) je možné rozdělit genotypy do kategorií uvedených v tabulce 2. Mezi genotypy, u kterých byly geny rezistence velmi často překonány (s 50% a vyšší četností) patří H(1) 'Golden Delicious', H(3) Q71, H(8) B45 a H(10) A 723-6. Do kategorie 2 jsou zařazeny genotypy H(6) 'Priscilla' a H(13) 'Durelo di Forli', u kterých byla překonána rezistence s 30–50% četností ve stupni 2 a vyšší. Genotypy H(2) TSR33T239 a (H9) J34 byly ve stupni 2 a vyšším napadeny s četností nižší než 15 %. Z provedeného hodnocení lze vyvodit, které geny rezistence nejsou populacemi *V. inaequalis* překonávány a jsou tudíž použitelné ve šlechtění nové generace odrůd s trvalou rezistencí. Hodnocení v lokalitě Holovousy reflektuje výsledky hodnocení na dalších lokalitách v rámci projektu VINQUEST, virulence populací *V. inaequalis* je v ostatních oblastech obdobná. Geny rezistence, které nejsou překonávány v lokalitě Holovousy, si udržují rezistenci i v jiných geograficky odlišných pěstitelských regionech jabloní vůči lokálním populacím patogenu *V. inaequalis*. Geny rezistence, které jsou překonávány s malou četností ve stupni 2 a nižší (*Rvi2*, *Rvi4*, *Rvi5*, *Rvi9* a *Rvi13*) a geny *Rvi11* a *Rvi15*, jejichž překonání nebylo dosud zaznamenáno, je možné používat ve šlechtění nové generace odrůd jabloní s trvalou rezistencí vůči strupovitosti jabloně. Ostatní geny rezistence, u nichž bylo

zaznamenáno časté překonání populacemi ras *V. inaequalis*, je doporučeno využít pro dosažení trvalé rezistence pouze v kombinaci s těmito geny. Geny resistance *Rvi1*, *Rvi3* a *Rvi8* se ve

šlechtění nedoporučují vzhledem k velmi vysoké frekvenci jejich překonávání Caffier *et al.* 2015, Schouten *et al.* 2014).

## PODĚKOVÁNÍ

Tato práce byla realizována za finanční podpory MŠMT v rámci programu NPU I – LO1608 „Výzkumné ovocnářské centrum“.

## LITERATURA

- BUS, V.G.M., E.H. RIKKERRINK, V. CAFFIER, C.E. DUREL and K.M. PLUMMER. Revision of the nomenclature of the differential host-pathogen interactions of *Venturia inaequalis* and *Malus*. *Ann. Rev. Phytopath.* 2011, **49**: 391–413.
- CAFFIER, V., A. PATOCCHI, P. EXPERT, M.N. BELLANGER, C.E. DUREL, M. HILBERBODMER, G.A.L. BROGGINI, R. GROENWOLD and V.G.M. BUS. Virulence characterization of *Venturia inaequalis* reference isolates on the differential set of *Malus* hosts. *Plant Dis.* 2015, **99**: 370–375.
- DUNEMANN, F. and J. EGERER. A major resistance gene from Russian apple ‘Antonovka’ conferring field immunity against apple scab is closely linked to the Vf locus. *Tree Genet. Genomes.* 2010, **6**(5): 627–633.
- LATEUR, M. and C. POPULER. Screening fruit tree genetic resources in Belgium for disease resistance and other desirable characters. *Euphytica.* 1994, **77**:147–153.
- PARISI, L., V. FOUILLET, H.J. SCHOUTEN, R. GROENWOLD, F. LAURENS, F. DIDELOT, K. EVANS, C. FISCHER, F. GENNARI, H. KEMP *et al.* Variability of the pathogenicity of *Venturia inaequalis* in Europe. *Acta Hort.* 2004, (663): 107–114.
- PATOCCHI, A., A. FREI, J.E. FREY, and M. KELLERHALS. Towards improvement of marker assisted selection of apple scab resistant cultivars: *Venturia inaequalis* virulence surveys and standardization of molecular marker alleles associated with resistance genes. *Mol. Breed.* 2009, **24**(4): 337–347.
- SCHOUTEN, H.J., J. BRINKHUIS, A. VAN DER BURGH, J.G. SCHAART, R. GROENWOLD, G.A.L. BROGGINI and C. GESSLER. Cloning and functional characterization of the *Rvi15* (*Vr2*) gene for apple scab resistance. *Tree Genet. Genomes.* 2014, **10**: 251–260.
- SORIANO, J.M., M. MADDURI, J.G. SCHAART, A. VAN DER BURGH, M.P. VAN KAAUWEN, L. TOMIC, R. GROENWOLD, R. VELASCO, E. VAN DE WEG and H.J. SCHOUTEN. Fine mapping of the gene *Rvi18* (*V25*) for broad-spectrum resistance to apple scab, and development of a linked SSR marker suitable for marker assisted breeding. *Mol. Breed.* 2014, **34**(4): 2021–2032.

## TABULKY A GRAFY

**Tabulka 1.** Soubor hostitelských indikačních genotypů rodu *Malus*

**Table 1.** Set of differential host genotypes *Malus species*

Hostitelský genotyp <sup>1)</sup>	Geny rezistence <sup>2)</sup>	
	Původní název <sup>3)</sup>	Nový název <sup>4)</sup>
H(0) Gala	<i>0</i>	<i>0</i>
H(1) Golden Delicious	<i>Vg</i>	<i>Rvi1</i>
H(2) TSR34T15	<i>Vh2</i>	<i>Rvi2</i>
H(3) Q71	<i>Vh3</i>	<i>Rvi3</i>
H(4) TSR33T239	<i>Vh4</i>	<i>Rvi4</i>
H(5) 9-AR2T196	<i>Vm</i>	<i>Rvi5</i>
H(6) Priscilla	<i>Vf</i>	<i>Rvi6</i>
H(6) H(7) <i>M. floribunda</i> 821	<i>Vfh, Vf</i>	<i>Rvi7, Rvi6</i>
H(8) B45	<i>Vh8</i>	<i>Rvi8</i>
H(9) J34	<i>Vdg</i>	<i>Rvi9</i>
H(10) A 723-6	<i>Va</i>	<i>Rvi10</i>
H(11) Hansen 's baccata #2	<i>Vb</i>	<i>Rvi11</i>
H(12) <i>Malus baccata jackii</i>	<i>Vbj</i>	<i>Rvi12</i>
H(13) Durello di Forli	<i>Vd</i>	<i>Rvi13</i>
H(14) Dülmener Rosenapfel	<i>Vdr1</i>	<i>Rvi14</i>
H(15) GMAL 2473	<i>Vr2</i>	<i>Rvi15</i>

1) Host genotype, 2) Resistant genes, 3) Old name, 4) New name

Tabulka 2. Napadení genotypů strupovitostí v letech 2010–2019 v lokalitě Holovousy

Table 2. Scab attack on genotypes in 2010–2019 at location Holovousy

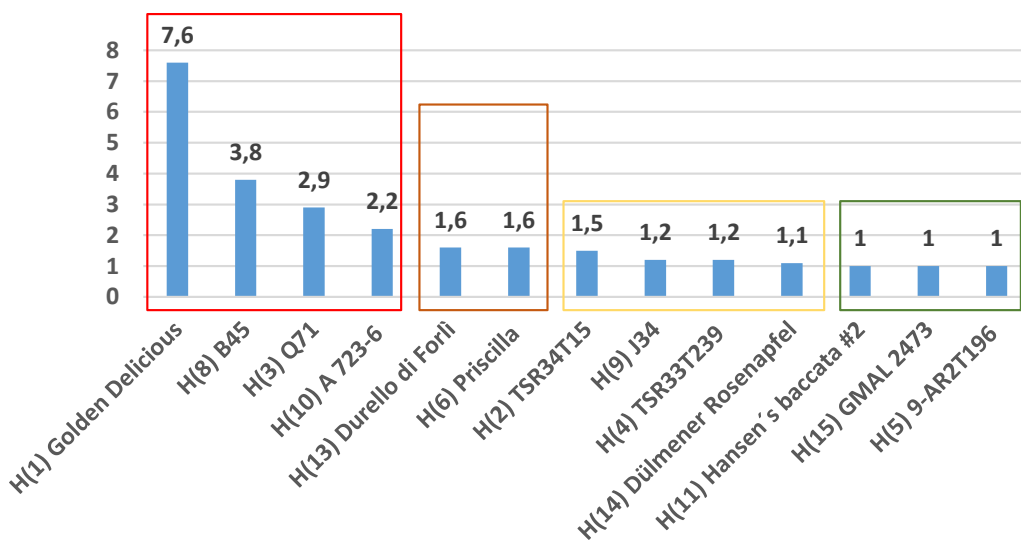
Hostitelský genotyp <sup>1)</sup>	Geny rezistence <sup>2)</sup>		Rok hodnocení <sup>5)</sup>										2010 - 2019
	Původní název <sup>3)</sup>	Nový název <sup>4)</sup>	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	
H(0) Gala	0	0	6,5	4,8	9	9	7,3	7,2	6,8	7,8	4,3	7	<b>6,3</b>
H(1) Golden Delicious	Vg	Rvi1	7,2	6,8	8,8	9	8,0	8,2	6,8	8,2	5	7,6	<b>7,6</b>
H(2) TSR34T15	Vh2	Rvi2	1,4	1	1,8	2,4	1,7	2,2	1,2	1,2	1	1	<b>1,5</b>
H(3) Q71	Vh3	Rvi3	2	2	3,3	5,8	3,3	3,2	3,2	2,8	1,2	2	<b>2,9</b>
H(4) TSR33T239	Vh4	Rvi4	1	1	1,4	1,6	1,3	1,8	1	1	1	1	<b>1,2</b>
H(5) 9-AR2T196	Vm	Rvi5	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	<b>1</b>
H(6) Priscilla	Vf	Rvi6	1	1	1	2,3	1,3	2,8	1,6	2,8	1	1	<b>1,6</b>
H(6) H(7) M. floribunda 821	Vfh, Vf	Rvi7, Rvi7	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	<b>1</b>
H(8) B45	Vh8	Rvi8	2,4	2,7	5	6,2	4,1	5	3,6	3,8	2,5	2,5	<b>3,8</b>
H(9) J34	Vdg	Rvi9	1,2	1	1,3	2	1,4	1,2	1	1	1	1	<b>1,2</b>
H(10) A 723-6	Va	Rvi10	0	1,8	4	4,5	2,6	2,6	2	2,3	1	1,7	<b>2,2</b>
H(11) Hansen´s baccata #2	Vb	Rvi11	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	<b>1</b>
H(12) Malus baccata jackii	Vbj	Rvi12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	<b>0</b>
H(13) Durello di Forlì	Vd	Rvi13	1,6	1	2,4	2,8	2	2	1,2	1,4	1	1	<b>1,6</b>
H(14) Dülmener Rosenapfel	Vdr1	Rvi14	1	1	1	1,7	1,2	1,3	1	1	1	1	<b>1,1</b>
H(15) GMAL 2473	Vr2	Rvi15	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	<b>1</b>
Průměr <sup>6)</sup>			1,8	1,8	2,7	2,7	3,2	2,4	2,6	2,1	2,3	1,5	<b>1,9</b>

1) Host genotype, 2) Resistant genes, 3) Old name, 4) New name, 5) Year of evaluation, 6) Mean

**Tabulka 3.** Rozdělení genotypů do kategorií podle četnosti napadení v letech 2010–2019**Table 3.** Classification of genotypes into categories according to the frequency of infestation in years 2010–2019

Kategorie <sup>1)</sup>		Četnost napadení ve stupni $\geq 2$ <sup>2)</sup>	Hostitelský genotyp <sup>3)</sup>
1	gen velmi často překonán	$\geq 50\%$	H(1) Golden Delicious; H(3) Q71; H(8) B45; H(10) A 723-6
2	gen často překonán	30 - 49 %	H(6) Priscilla; H(13) Durello di Forli
3	gen zřídka překonán	15 - 29 %	H(2) TSR34T15
4	gen velmi zřídka překonán	$\leq 14\%$	H(9) J34; H(4) TSR33T239; H(14) Dülmener Rosenapfel
5	gen nepřekonán	0 %	H(15) GMAL 2473; H(11) Hansen 's baccata #2

1) Category, 2) Frequency of infestation, 3) Host genotype

**Graf 1.** Průměrné napadení genotypů patogenem *V. inaequalis* v letech 2010–2019**Figure 1.** Average infection of genotypes by pathogen *V. inaequalis* in years 2010–2019

Legenda: Červený rámeček – geny resistance velmi často překonány; hnědý rámeček – geny resistance často překonány; žlutý rámeček – geny resistance vzácně nebo velmi vzácně překonány; zelený rámeček – geny resistance nepřekonány

Legend: Red frame – resistance genes very often overcome; brown frame – resistance genes occasionally overcome; yellow frame – resistance genes sometime or rarely overcome; green frame – resistance genes not overcome