

ÚSTAV ZEMĚDĚLSKÝCH A POTRAVINÁŘSKÝCH
INFORMACÍ

GENETIKA A ŠLECHTĚNÍ

GENETICS AND PLANT BREEDING

1

DŮČNÍK 33 (LXX)

RAHA 1997

ISSN 0862-8629

ČESKÁ AKADEMIE ZEMĚDĚLSKÝCH VĚD

Abstracts from the journal is comprised in Agrindex of FAO (AGRIS database), Food Science and Technology Abstracts, Dairy Science Abstracts, Chemical Abstracts, PASCAL – CD-ROM (INIST), WLAS, TOXILINE PLUS and Czech Agricultural Bibliography.

Editorial board – Redakční rada

Chairman – Předseda

Ing. Václav Šíp, CSc.

Members of the Editorial Board – Členové redakční rady

Ing. Bohumír Cagaš, CSc., prof. Ing. Jiří Černý, DrSc.,
Ing. Antonín Fojtík, CSc., Ing. Alena Hanišová,
prof. Ing. Oldřich Chloupek, DrSc., Ing. Josef Konrád, CSc.,
prof. Ing. Antonín Kováčik, DrSc., Ing. Josef Pešek, DrSc.,
prof. dr. Ing. Jan Rod, DrSc., doc. Ing. Erich Schwarzbach, CSc.,
Ing. Jaroslav Špunar, CSc., Ing. Jaroslav Tupý, DrSc.

Foreign Members of the Editorial Board – Zahraniční členové redakční rady

Dr. I. Bos (The Netherlands), prof. Dr. V. A. Dragavcev (Russia),
prof. Dr. Z. Staszewski (Poland), RNDr. D. Šubová (Slovak Republic),
Ing. M. Užík, DrSc. (Slovak Republic)

Editors – Redaktorky

RNDr. Marcela Braunová, Ing. Hedvika Malíková

Aim and scope: The journal publishes original scientific papers, short communications, and reviews, that means papers based on the study of technical literature and reviewing knowledge in the given field. Published papers are in Czech, Slovak or English.

Subscription information: Subscription orders can be entered only by calendar year and should be sent to the contact address.

Subscription price for 1997 is 204 Kč, 51 USD (Europe) and 53 USD (overseas)

Periodicity: The journal is published four times a year.

Contact address: Slezská 7, 120 56 Praha, Czech Republic

tel.: 42 2 25 10 98; fax: 42 2 24 25 39 38; e-mail: braun@uzpi.agrec.cz

GENETIC DIVERSITY OF CZECH AND SLOVAK WHEAT CULTIVARS IN THE PERIOD 1954–1994

Sergei MARTYNOV, Tatyana DOBROTVORSKAYA, Zdeněk STEHNO¹,
Ladislav DOTLAČIL¹

Information and Computation Centre of Russian Academy of Agricultural Sciences,
Tver, Russia; ¹Research Institute of Crop Production, Prague-Ruzyně,
Czech Republic

Abstract: With the aid of Genetic Resources Information and Analytical System GRIS the genetic profiles of 62 wheat cultivars (*Triticum aestivum*) released in the Czech and Slovak Republics during the last 40 years were constructed. On the basis of cluster analysis of genetic profiles temporal genetic diversity of cultivars was studied. Genetic base of modern Czech and Slovak wheat cultivars has broadened owing to the use of new donors of resistance to diseases and other unfavourable factors, with good productivity and quality. At the same time the ratio of the local germplasm in pedigree of modern cultivars has decreased. A set of original ancestors and their genetic contributions has remained stable over the last twenty years.

Triticum aestivum; wheat; genetic profile; genetic diversity; genetic erosion; ancestors

A problem of genetic erosion is very important at present. The reduction of genetic diversity of cultivars used in production can cause significant economic losses due to uniform susceptibility to new pathogen genotypes or insects and increase crop vulnerability. Nevertheless, an increasing demand for yield and quality can restrict the diversity of a crop by limiting the number of cultivars grown in agricultural practice. Therefore, it is necessary to monitor genetic diversity in breeding programs. The genetic diversity is not always linked to the observed diversity of highly heritable traits. It is not observable until the appearance of the relevant biotic or abiotic stress. Pedigree analysis is one of the most adequate methods to estimate latent genetic diversity (Souza et al., 1994).

In this work we have studied genetic diversity of wheat cultivars grown in the former Czechoslovakia and later in the Czech and Slovak Republics dur-

ing the last 40 years, employing their genetic profiles. The genetic profile of a cultivar is a set of landraces and other original forms that represents an extended pedigree in combination with the coefficients of parentage between this cultivar and its ancestors (Fox, Skovmand, 1994). A genetic profile can be constructed by means of analysis of the complete pedigree of the cultivar.

MATERIAL AND METHODS

The pedigrees of common wheat cultivars grown in the former Czechoslovakia since 1954, including cultivars from the present Czech and Slovak Republics, were the object of this study. There were 63 cultivars registered during this period. From this set we excluded one cultivar (Ruzynska II) because of pedigree unsuitable for analysis. A complete list of cultivars used in our analysis is shown in Table I.

The genetic profiles for the 62 cultivars were constructed with the aid of the Genetic Resources Information and Analytical System (GRIS) (Martynov, Dobrotvorskaya, 1993). Theoretical genetic contributions of landraces and other original genotypes that are components of genetic profile were estimated by the calculation of coefficient of parentage. We have calculated the matrix of genetic profiles by cluster analysis using a hierarchical agglomerate algorithm for the mean connection. The similarity index was calculated from:

$$S_{kl} = \sum \min \{P_{ik}, P_{il}\}$$

where: S – the similarity index between k -th and l -th cultivars

P_{ik}, P_{il} – contributions of i -th ancestors into k -th and l -th cultivars

min – minimal contributions of i -th ancestor are summarised in the cultivars compared (AGROS, 1994)

RESULTS AND DISCUSSION

The pedigrees of 62 cultivars studied were traced back to 133 ancestral parents such as landraces, local varieties, or materials with unknown origin

I. Wheat cultivars (*T. aestivum*) registered in the former Czechoslovakia and in the Czech and Slovak Republics in 1954-1994

No.	Name	Year of registr.	No.	Name	Year of registr.
1	Kaštická osinatka	1954	32	Zdar	1983
2	Pavlovická 198	1956	33	Viginta	1984
3	Košutska	1956	34	Mara	1984
4	Přerovská PK	1957	35	Danubia	1984
5	Diana I	1960	36	Sandra	1984
6	Zlatka	1960	37	Roxana	1985
7	Iva	1962	38	Hana	1985
8	Oktavia	1962	39	Agra	1985
9	Lada	1964	40	Selekta	1985
10	Draga	1965	41	Branka	1988
11	Diana II	1967	42	Sparta	1988
12	Praga	1968	43	Butin	1988
13	Oska	1971	44	Ilona	1989
14	Zora	1971	45	Sofia	1990
15	Lena	1975	46	Vlada	1990
16	Jara	1975	47	Maja	1990
17	Slavia	1976	48	Saxana	1990
18	Solaris	1976	49	Simona	1991
19	Rena	1978	50	Senta	1991
20	Hela	1979	51	Livia	1991
21	Mirela	1979	52	Blava	1992
22	Istra	1979	53	Vega	1992
23	Juna	1979	54	Torysa	1992
24	Amika	1980	55	Linda	1992
25	Vala	1980	56	Sida	1993
26	Odra	1981	57	Samanta	1993
27	Košútka	1981	58	Asta	1994
28	Regina	1981	59	Bruta	1994
29	Sylva	1982	60	Mona	1994
30	Iris	1983	61	Rexia	1994
31	Sabina	1983	62	Siria	1994

from the Czech Republic, Slovak Republic, Hungary, Poland, Ukraine, Russia, other European countries, Asia, Africa and America. In average, genetic profiles of registered cultivars include 21 ancestors and profile composition ranges from 4 to 52 components. For example, the genetic profile of cv. Košutská contains 4 ancestors (French local variety Ble Seigle, Crimean, Russian and Ukrainian local varieties), while cv. Sida contains 52 local varieties. It should be noted that e.g. Sida's pedigree includes 655 ancestors, but all of them originated from 52 landraces or accessions with unknown pedigrees. We assumed that the initial ancestors are not related to each other. They are exactly components of genetic profile.

Table II presents the genetic profile of cv. Blava, the pedigree contains 732 ancestors. The sum of genetic contributions estimated by the coefficients of parentage is equal to 0.66 i.e. considerably less than 1. This fact can be explained by one of assumptions underlying the calculation of coefficients of parentage. The coefficient of parentage between a parent and a pure line reselection is 0.75 (Souza et al., 1994). Considering that many ancestors of Blava were selected from local varieties, total contribution of ancestors must be lower than 1.

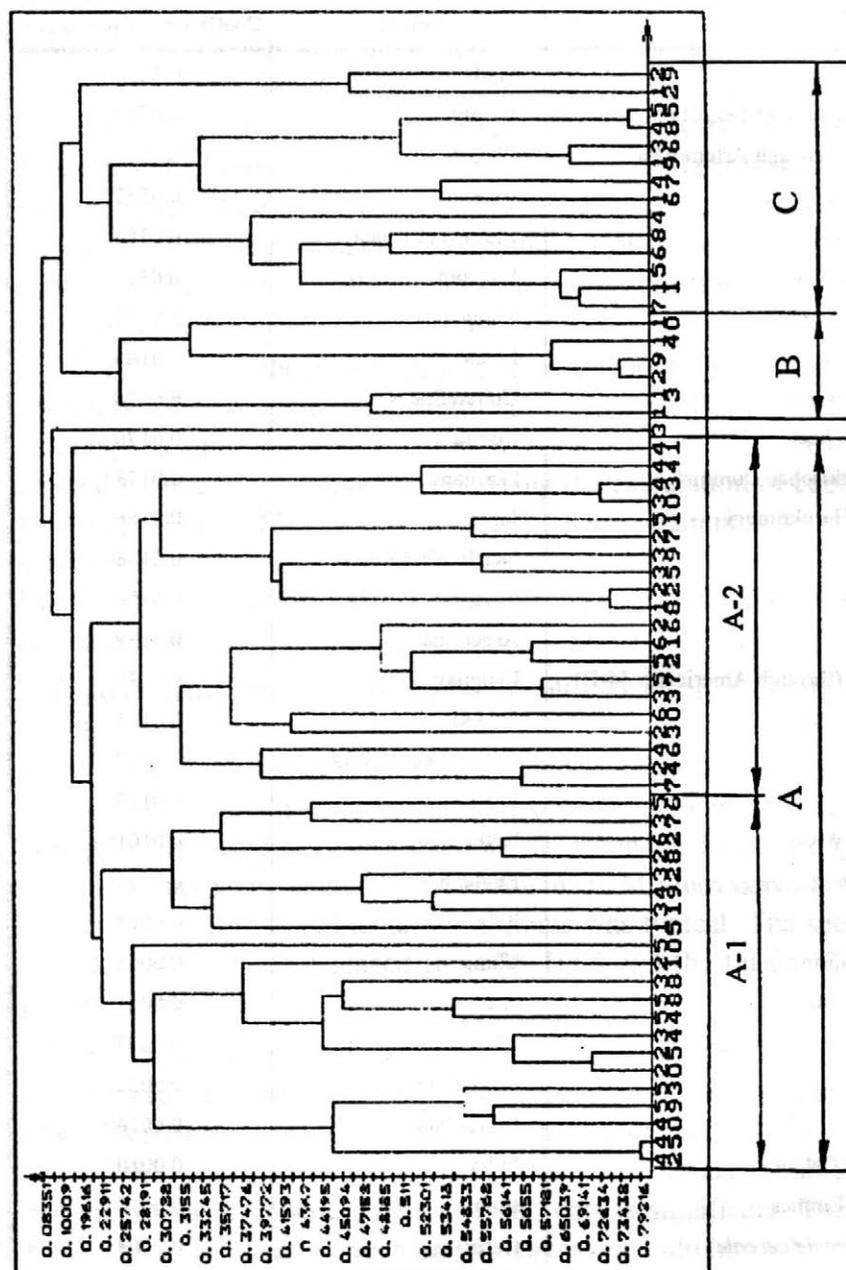
To study temporal diversity the set of cultivars released during forty years was divided into three groups. The first group included 16 cultivars grown in the years 1954–1975. In this period Czechoslovak breeding programmes were mainly based on West-European material. All the other cultivars grown during last 20 years were included into the second and the third groups. For the last twenty years wide use of Ukrainian cv. Mironovskaya-808 and Russian cv. Bezostaya-1 in breeding programs was typical. The second group includes 24 cultivars released in 1976–1985 and the third – 22 cultivars grown in 1986–1994.

The mean number of local varieties (landraces) included in the genetic profiles provides data on changing genetic diversity of cultivars during the time. This index increases within the time of growing: 1954–1975 – 9.9, 1976–1985 – 24.0, 1986–1994 – 31.9. Analysis of variance (Table III) shows that extension of genetic profiles of cultivars is significant. Therefore, the genetic basis of modern Czech and Slovak wheat cultivars is broadening.

Cluster analysis of the matrix of genetic profiles (Fig. 1) allowed us to separate 3 clusters: A, B, and C. Within cluster A two subclusters can be

II. Genetic profile of the winter wheat cv. Blava

Ancestor	Origin	Coefficient of parentage
Mediterranean	Mediterranean	0.1255
Landrace (through Bezostaya 4)	Ukraine	0.0742
Landrace (through Artemovka)	Ukraine	0.0703
Banatka	Hungary	0.0557
Crimean	Ukraine (Crimea)	0.0358
Essex Gladkaf	England	0.0312
Manchuria 142	China	0.0312
Akakomugi	Japan	0.0186
Indiana-Swamp	United States	0.0178
Russian Wheat	Russia	0.0176
Uckermarkischer Dummel	Germany	0.0173
Sapporo Harukomugi	Japan	0.0156
Ladoga	North-West Russia	0.0156
Beloturka	Russia	0.0156
Barleta	Argentina	0.0139
Landrace (through Americano 44-D)	Uruguay	0.0139
Ostka Galicyjska	Poland	0.0125
Onega	North-West Russia	0.0117
Gehun	India	0.0117
Zeeuwse Witte	Netherlands	0.0101
Red Straw	England	0.0094
Rieti	Italy	0.0093
Chinese Spring	China	0.0063
White Lammas	Australia	0.0051
Landrace (through Minhardi)	Ukraine (Odessa)	0.0047
Red Hussar	United States	0.0022
Java	United States	0.0016
Hard Red Calcutta	India	0.0010
Yaroslav Emmer	Russia	0.0010
Petkus (<i>Secale cereale</i>)	Germany	0.0003
<i>T. dicoccum</i> (through Transfer)	United States	0.00001
<i>Ae. umbellulatum</i> (through Transfer)	United States	0.00001



1. Dendrogram constructed on the basis of cluster analysis of genetic profiles of 62 Czech and Slovak common wheat cultivar (x-axis – cultivar numbers according Table I, y-axis – indices of similarity of genetic profiles)

III. Analysis of variance of genetic profiles of cultivars

Item	<i>ss</i>	<i>df</i>	<i>ms</i>	<i>F</i>
Total	8 508.97	61	—	—
Periods	4 505.67	2	2 252.83	33.20*
Error	4 003.30	59	67.85	—

* significant at the 1% level

clearly identified: A-1 and A-2. Results of cluster analysis are mainly determined by the contributions of French local variety Saumur de Mars, Ukrainian local variety (which was used to select Artemovka, ancestor of the widely used Mironovskaya-808), German variety Dickkopf and breeding line Weihestephaner-378-57-132-B, the pedigree of which is unknown to us (Table IV).

IV. The characteristics of clusters revealed among Czechoslovak wheats released in 1954–1994

Cluster (subcluster)	Number of cultivars*	Contributions[%]			
		Saumur de Mars	Dickkopf	Ukrainian landrace	Weihestephaner -378-57-132-B
A	41	0.3	0.7	10.1	6.2
A-1	21	0.6	1.0	10.9	11.9
A-2	20	—	0.3	9.3	0.3
B	6	—	15.9	—	—
C	14	14.7	2.7	2.0	—

*cv. Košútka does not enter any cluster

The cluster A contains 41 cultivars of 46 cultivars released during last 20 years. The presence of Mironovskaya-808 and Weihestephaner-378-57-132-B in pedigrees and their greatest contributions are typical for these cultivars. The differences between subclusters A-1 and A-2 are caused by the contribution of Weihestephaner-378-57-132-B, which is higher for A-1 (11.9%), and close to zero for A-2. The cluster B contains 6 cultivars released at the beginning of analysed period. Variety Dickkopf has a greatest

contribution (15.9%) in this cluster. In cluster C 14 cultivars were involved, a half of them released in early period and all others – in the eighties. The big contribution of French local variety Saumur de Mars (14.7%) is typical for cultivars in this cluster.

Matrix of mean similarity indices within and between the clusters (Table V) shows correctly revealed clusters because within the clusters similarity indices (the diagonal) are much higher than those between the clusters (above the diagonal). Subclusters A-1 and A-2 have close similarity (0.214) indicating slight differences between ancestor contributions except the line Weihestephaner-378-57-132-B.

V. Matrix of mean similarity indices within the clusters and subclusters (the diagonal) and between the clusters

Cluster (subcluster)	A	A-1	A-2	B	C
A	0.271	–	–	0.093	0.081
A-1		0.318	0.214	0.089	0.064
A-2			0.338	0.097	0.099
B				0.445	0.100
C					0.335

To study the dynamics of genetic diversity in released cultivars we have analysed the matrix of profiles using defined clusters. Three clusters were set: the first of them contains 16 cultivars released in period 1954–1975, the second – 24 cultivars released in the period 1976–1985, and the third – 22 cultivars released in the period 1986–1994. Results of cluster analysis (Table VI) show that mean similarity indices within the clusters (the diagonal) are almost constant in all periods. However, the genetic base of cultivars re-

VI. Matrix of mean similarity indices within the periods (the diagonal) and between the periods

Periods	1954–1975	1976–1985	1986–1994
1954–1975	0.239	0.088	0.072
1976–1985		0.251	0.234
1986–1994			0.270

leased in the last twenty years differs significantly from those grown in the preceding twenty years. Close value of mean similarity indices between the cultivar groups belonging to the periods 1976–1985 and 1986–1994 (0.234) and within the cluster similarity indices for these periods (0.251 and 0.270) indicates stability of the set of primary ancestors and their genetic contributions to cultivars released in the last twenty years.

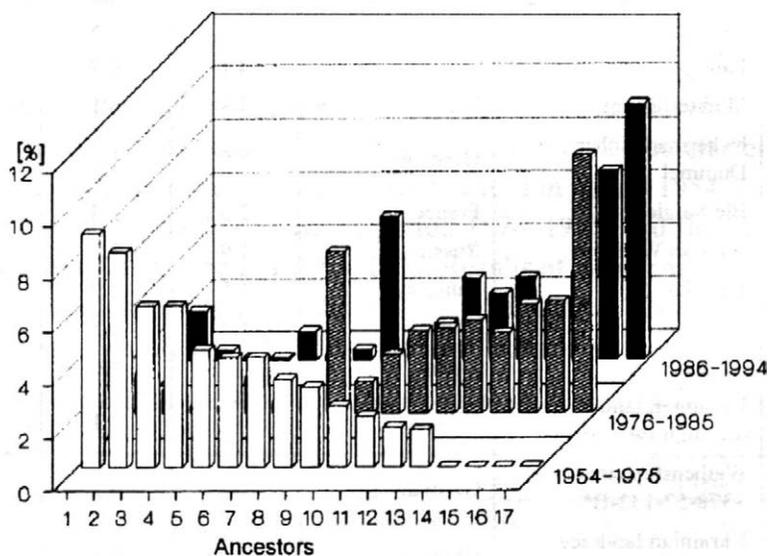
The pedigree analysis shows that the majority of Czech and Slovak cultivars are related because they have common ancestors. For instance 35 cultivars (56%) are offsprings of Canadian cultivars Garnet or Marquis. After

VII. Mean genetic contributions (%) of the predominant ancestors of released cultivars in the examined periods

No.	Name	Origin	1954–1975	1976–1985	1986–1994
1.	Saumur de Mars	France	8.8	1.5	1.9
2.	Dickkopf	Germany	8.1	0.9	0.4
3.	<i>T. spelta</i> through Hodonínská Holice	Czechoslovakia	6.1	0.3	0.1
4.	Hodonínská Jarka	Czechoslovakia	6.1	0.3	0.1
5.	Ostka Galicyjska	Poland	4.4	4.1	1.1
6.	Carstens III	Germany	4.1	0.5	0.2
7.	Ladoga	Russia	4.1	0.7	0.4
8.	Mediterranean	Italy	3.3	6.1	5.4
9.	Uckermarkischer Dummel	Germany	3.0	1.2	0.8
10.	Ble Seigle	France	2.3	2.2	1.4
11.	Russian Wheat	Russia	1.9	3.1	3.1
12.	Banatka	Hungary	1.5	3.2	2.5
13.	Crimean	Ukraine	1.4	3.5	3.1
14.	Akakomugi	Japan	–	3.0	1.9
15.	Ukrainian landrace (through Bezostaya 4)	Ukraine	–	4.1	3.3
16.	Weihenstephaner- -378-57-132-B*	Germany	–	4.2	7.1
17.	Ukrainian landrace (through Artemovka)	Ukraine	–	9.7	9.6

* the pedigree is unknown

1975 the wide use of Mironovskaya-808 and Bezostaya-1 has begun in breeding programs and 37 cultivars (80%) are offsprings of Mironovskaya and/or Bezostaya-1. Nevertheless, the genetic base of investigated cultivars is wide enough. Table VII presents the predominant ancestors of Czechoslovak cultivars and their mean contribution within the periods. In the list of ancestors only those ancestors are included which have a mean contribution higher than 2% in the period. The total contribution of the predominant ancestors fluctuates from 44 to 62%, but contributions of particular ancestors change very strongly in different periods. For instance, the mean contributions of Saumur de Mars and Dickkopf were more than 8% each in the first twenty years, whereas those decreased to 1–2% in the next twenty years. The contributions of Hodonínská Jarka, derivation of *T. spelta* from Hodonínská Holic, Carstens III, Canadian cv. Marquis and Garnet have decreased essentially in the last twenty years. At the same time the Ukrainian local variety from Mironovskaya-808 pedigree has had the largest contribution in the last twenty years, and mean contribution of the line Weihenstephaner-378-57-132-B increased to 7.1%. Fig. 2 shows changes in the mean genetic contribution of 17 predominant ancestors in the periods. The



2. Mean genetic contributions of predominant ancestors to the gene pool represented by Czech and Slovak cultivars in the period 1955–1994 (x-axis – ancestor numbers according to Table VII)

predominant ancestors are arranged in a decreasing order of the mean genetic contribution in the period 1954–1975. At the other two periods mean ancestors' contributions are ranking basically in an increasing order (an exception to the rule is variety Mediterranean). The dynamics of genetic diversity is characterised by a gradual decrease of contributions of the ancestors that played an important role in the period 1954–1975 and replacement of those with a new germplasm. It has been noticed that some local varieties such as Česká červenka, Česká vouska, Dobrovicka přesívka, Židlochovická osinatá, Pyšely and others were disappearing from the gene pool of Czechoslovak cultivars. The next twenty years' contributions of local varieties from Vrbové, Postoloprty, Jihomoravská Vouska, Hodonínská Jarka and other have decreased very much. Consequently, the genetic erosion of local materials takes place in the gene pool of modern cultivars from the Czech and Slovak Republics. At the same time genetic diversity of modern cultivars is widening through the use of new donors of resistance to diseases, insects and other unfavourable factors. A set of predominant ancestors and their mean genetic contributions has remained stable during the last twenty years. This conclusion does not quite coincide with published facts (Jost, Cox, 1990; Martynov, Dobrotvorskaya, 1996) because in Czechoslovak breeding programmes decrease of genetic contribution of local materials has been discovered. However, this loss of diversity seems to be compensated by newly introduced ancestral germplasm from Russia, Ukraine, Germany, Japan and probably from some other countries, too.

Thus, on the basis of the retrospective analysis of the 40 years wheat breeding in Czechoslovakia and in the present Czech and Slovak Republics we can conclude that both decrease of genetic contribution of original local varieties and the broadening of the genetic base exist in modern cultivars. At the same time the tendency to stabilisation of a set of predominant ancestors and their mean genetic contributions has taken place in the last twenty years' period.

References

- AGROS (1994): Breeding oriented program package. Information and Computation Centre of Russian Acad. Agric. Sci.

Genet. a Šlecht., 33, 1997 (1): 1-12

FOX, P. N., SKOVMAND, B. (1994): The international wheat information system. In: Proc. 7th Assembly Wheat Breeding Society of Australia: 183-186.

JOST, M., COX, T. S. (1990): Relative genetic contributions of ancestral genotypes to Yugoslavian winter wheat cultivars. Euphytica, 45: 169-177.

MARTYNOV, S. P., DOBROTVORSKAYA, T. V. (1993): Breeding oriented database on genetical resources of wheat. Ann. Wheat Newsletter, 39: 214-221.

MARTYNOV, S. P., DOBROTVORSKAYA, T. V. (1996): Analysis of genetic profiles of spring wheat cultivars. Russ. J. Genet., 32: 333-339.

SOUZA, E., FOX, P. N., BYERLEE, D., SKOVMAND, B. (1994): Spring wheat diversity in irrigated areas of two developing countries. Crop Sci., 34: 774-783.

Received November 19, 1996

Změny genetické diverzity českých a slovenských odrůd pšenice v období 1954-1994

Pomocí Informačního a analytického systému genetických zdrojů GRIS byly vytvořeny genetické profily 62 odrůd pšenice (*Triticum aestivum*), povolených v České republice a Slovenské republice během posledních 40 let. Na základě klastrové analýzy byly studovány změny genetické diverzity. Genetický základ moderních českých a slovenských odrůd pšenice se rozšířil díky využití nových donorů odolnosti k chorobám a dalším nepříznivým faktorům, majících dobrou produktivitu a kvalitu. Ve stejné době došlo ke snížení v zastoupení místních genetických zdrojů. Soubor primárních předků a jejich genetický příspěvek v původech moderních odrůd byl během posledních dvaceti let stálý.

Triticum aestivum; pšenice; genetický profil; genetický základ; genetická diverzita; genetická eroze; předci

Contact address:

Ing. Zdeněk Stehno, CSc., Výzkumný ústav rostlinné výroby

161 06 Praha 6-Ruzyně, Česká republika

tel.: 00 420 2 360 851, fax: 00 420 2 365 228, e-mail: stehno@genbank.vurv.cz

**PŘENOS GENŮ REZISTENCE KE RZI PŠENIČNÉ A PADLÍ TRAVNÍMU
Z *Triticum durum* DO *Triticum aestivum***

**Transfer of Leaf Rust and Powdery Mildew Resistance Genes
from *Triticum durum* into *Triticum aestivum***

Renata HANUŠOVÁ, Eva STUHLÍKOVÁ, Pavel BARTOŠ, Miroslav ŠKORPÍK

Research Institute for Crop Production, Prague-Ruzyně, Czech Republic

Abstract: The Slovak *Triticum durum* cv. Soldur possesses unidentified genes effective against leaf rust and powdery mildew both in the seedling stage and in the field. We crossed this cultivar to the Czech registered cvs. Regina and Zdar to transfer its resistance into productive hexaploid cultivars. In 1991–1995 the lines of these crosses phenotypically getting near to their hexaploid parents and resistant to leaf rust and powdery mildew were selected in the field trials. The obtained lines were tested in the seedling stage using sets of powdery mildew and leaf rust isolates. The lines with leaf rust resistance in the seedling stage were mostly resistant also in the field. Not all lines resistant in the seedling stage to powdery mildew were resistant in the field at the same time. Some lines showed only adult plant resistance. Two resistant lines with the number of chromosomes $2n = 42$ were crossed to the susceptible cultivar Vega and the genetic analysis of their resistance was made. After inoculation with the powdery mildew isolate 353 and the leaf rust race UN3-61 SaBa we obtained the ratio for one dominant powdery mildew and one leaf rust resistance gene, respectively. These genes are not identical with *Lr23* or *Mld*, the genes which were obtained from *T. durum* formerly, nor can they come from the cvs. Regina, Zdar and Vega, the Czech cultivars. used in the crosses. Finally, 62 lines with resistance to powdery mildew or leaf rust or with combination of both were chosen in F7 for the use in breeding programmes. The values of six agronomical traits were determined in 9 selected lines of the cross Soldur x Regina.

leaf rust; powdery mildew; transfer of genes; *Triticum durum*

Abstrakt: Odolnost ke rzi pšeničné a padlí travnímu podmíněná bližší neurčenými geny rezistence byla přenášena z tetraploidní odrůdy tvrdé pšenice Soldur do produktivních hexaploidních odrůd pšenice seté Regina a Zdar. Opakované výběry na rezistenci ve skleníkových a polních testech vedly k získání linií s odolností k jednomu z patogenů nebo s kombinovanou odolností, s počtem

chromozomů $2n = 42$ a fenotypem blízkým hexaploidnímu rodiči. Popsané linie mohou být využity jako zdroje rezistence ve šlechtění pšenice.

rez pšeničná; padlí travní; přenos genů; *Triticum durum*

Padlí travní [*Erysiphe graminis* DC f. sp. *tritici* Marchal (*Blumeria graminis* (DC) Speer f. sp. *tritici*)] a rez pšeničná [*Puccinia persistens* Plow. var. *triticea* (Eriks.) Urban et Marková] jsou závažnými patogeny pšenice, vůči nimž je efektivní ochranou šlechtění na rezistenci. Pěstování odolných odrůd představuje ve srovnání s užitím chemikálií účinný a z hlediska životního prostředí bezpečný způsob ochrany rostlin. Účinnost genů rezistence v pěstovaných odrůdách je však víceméně omezená, což spolu se zvyšujícím se významem rzi pšeničné v celé Evropě vede k hledání nových zdrojů rezistence, vhodných pro šlechtitelské využití.

Tetraploidní pšenice *Triticum durum* Desf. je dosud ve šlechtění na rezistenci málo využívaný druh, ač má genomy AB homologní s genomy hexaploidní pšenice. Křížení je možné bez velkých obtíží a k přenosu genů může dojít homologickým crossing-overem. Slovenská odrůda Soldur se v našich pokusech vyznačovala vysokou rezistencí ke rzi pšeničné a k padlí. Křížením této odrůdy s výkonnými odrůdami Regina a Zdar jsme chtěli získat linie fenotypově a hospodářsky odpovídající hexaploidnímu rodiči s odolností ke rzi pšeničné a padlí travnímu z *T. durum* jako perspektivní materiál pro šlechtění na rezistenci.

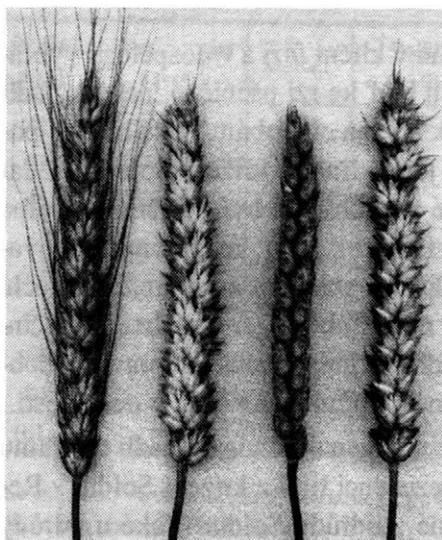
MATERIÁL A METODY

Slovenskou povolenou odrůdu tvrdé pšenice Soldur jsme v roce 1989 křížili s odrůdami pšenice ozimé Regina a Zdar. Odrůda Soldur byla vyšlechtěna ve šlechtitelské stanici Solary křížením materiálů z tureckého sortimentu s materiály staničními. Ve státních odrůdových zkouškách byla zařazena pod označením SO-D-211. Pro pěstování byla povolena v roce 1989. Odrůda ozimé pšenice Regina (UH 192-19) pochází ze šlechtitelské stanice Úhřetice z křížení (Jubilejná x Zora) x Tadorna. Kromě neúčinného recesivního genu *pm5* nemá Regina žádný další gen odolnosti k padlí travnímu (Lutz et al., 1992) a rovněž žádný gen odolnosti ke rzi pšeničné (Bartoš et al., 1990). Odrůda ozimé pšenice Zdar byla vyšlechtěna rovněž na šlechtitelské stanici

Úhřetice křížením odrůd Caribo x Fakir a zkoušena jako UH 7050. Zdar má odolnost k padlí podmíněnou genem *Pm4b*, částečně účinným vůči stávající populaci patogena a rovněž gen *pm5*. U odrůdy Zdar nebyl zjištěn žádný známý gen rezistence ke rzi pšeničné (Bartoš, Stuchlíková, 1990). Část rostlin z F_1 generace kříženců jsme v roce 1990 zpětně křížili s hexaploidním rodičem.

V polních infekčních testech v roce 1991 jsme prováděli první výběry na odolnost k padlí travnímu a rzi pšeničné a zároveň podle vzhledu rostlin na typ hexaploidního rodiče. Vybrané linie jsme na podzim testovali ve skleníku ve stadiu 1–2 listů a linie s rezistencí k oběma patogenům nebo alespoň k jednomu z nich vyseli do polních pokusů k dalším výběrům. V následujících letech se postup opakoval.

Polní pokusy byly vystaveny přirozené infekci populacemi patogenů. Napadení jsme hodnotili stupnicí ÚKZÚZ 1–9 (9 značí odolnou a 1 náchylnou reakci). Ve skleníkových testech rzi pšeničnou (rasou UN3-61SaBa) jsme rostliny inokulovali ve stadiu 1. listu potíráním vodní suspenzí uredospor s následným jemným postříkem vodou a inkubací pod uzavřenými skleněnými válci 48 hodin. Testy probíhaly při teplotě 18–22 °C při doplňkovém osvětlení zářivkami Tesla ZG 40 W. Po 14 dnech jsme hodnotili infekční typy stupnicí 0–4 (Stakman et al., 1962). Odolnost k padlí travnímu (směsí izolátů) jsme testovali v klimaboxech při teplotě 17–20 °C a intenzitě



1. Klasy linií z křížení Soldur x Regina – Ears of lines from the combination Soldur x Regina

osvětlení $15 \text{ E/m}^2/\text{s}$. Rostliny zakryté skleněnými válci jsme infikovali poprášením konidiami patogena. Reakce jsme hodnotili za 10–14 dnů rovněž infekčními typy 0–4. V roce 1995 jsme pro testy v klíčící fázi použili metodu listových segmentů z prvního listu (Felsenstein, 1991). Segmenty uložené v plastických miskách na agaru s benzimidazolem (6 g/l agaru, 35 mg/l benzimidazolu) jsme inokulovali poprášením konidiami v inokulační věži a další postup byl shodný s klasickou metodou testů.

Poněvadž se v naší práci jednalo o křížení dvou příbuzných druhů s různým počtem chromozomů (*T. aestivum* $2n = 42$, *T. durum* $2n = 28$), ověřovali jsme během výběrů počet chromozomů u některých odolných linií. V roce 1992 bylo k cytologické kontrole vybráno 17, v roce 1993 12 a v roce 1994 33 linií pro zjištění počtu chromozomů metodou Feulgena v metafázi mitotických buněk kořenových špiček.

Pro určení genetického založení rezistence získaných linií ke rzi pšeničné a k padlí jsme křížili vybrané odolné linie z křížení Soldur \times Regina, u nichž byl zjištěn počet chromozomů $2n = 42$, s hexaploidní náchylnou odrůdou Vega. Na základě reakcí v F_1 a F_2 generaci jsme usuzovali na počet genů rezistence podmiňujících odolnost linie (Soldur \times Regina) $_{21}$ k padlí travnímu a linie (Soldur \times Regina) $_{12}$ ke rzi pšeničné.

VÝSLEDKY A DISKUSE

Výběry na rezistenci

V roce 1995 bylo po pěti letech testování v klíčící fázi a v dospělosti vybráno 62 linií, odolných v polních pokusech buď ke rzi pšeničné, nebo k padlí travnímu, či s kombinovanou rezistencí k oběma chorobám. Většina linií pochází z křížení Soldur \times Regina, pouze jedna linie z křížení Soldur \times Zdar (tab. I). Linie rezistentní ke rzi pšeničné v klíčící fázi byly většinou odolné i v polních podmínkách, což neplatí o rezistenci k padlí, ke kterému reagovaly tytéž linie zpravidla rozdílně při infekci ve skleníku a v polních testech. U rzi pšeničné můžeme proto usuzovat na působení genu rezistence, účinného v mládí i v dospělosti. Odolnost k padlí travnímu podmiňují pravděpodobně různé geny, z nichž některé jsou účinné v klíčící fázi a další v dospělosti.

Protože odrůda Regina nemá žádný účinný gen odolnosti k padlí travnímu ani ke rzi pšeničné, lze předpokládat, že rezistenci linií z křížení Soldur \times Regina podmiňují geny odolnosti přenesené z odrůdy Soldur. Také u odrůdy

I. Vybrané linie z křížení Soldur x Regina a Soldur x Zdar s odolností ke rzi pšeničné a padlí travnímu – Selected progeny lines of the crosses Soldur x Regina and Soldur x Zdar with leaf rust and powdery mildew resistance

Křížení ¹	Počet odolných linií ²					
	rez pšeničná ³		padlí travní ⁴		rez + padlí ⁵	
	pole ⁶	skleník ⁷	pole	skleník	pole	skleník
Soldur x Regina	22	38	20	7	19	–
Soldur x Zdar	1	1	–	–	–	–

¹cross; ²number of resistant lines; ³leaf rust; ⁴powdery mildew; ⁵rust + mildew; ⁶field trial; ⁷greenhouse

Zdar nebyl zjištěn gen odolnosti ke rzi pšeničné, proto se u jediné linie z křížení Soldur x Zdar předpokládá účinek genu odolnosti z odrůdy Soldur.

Z výsledků je dále patrné, že geny odolnosti ke rzi pšeničné a k padlí travnímu, přenesené z odrůdy Soldur, nejsou ve vazbě.

Orientační hodnocení agronomických znaků

Vybraných 62 linií bylo v roce 1995 vyseto na parcelky o ploše 2 m² bez opakování pro zjištění některých agronomických znaků a pro další výběry.

II. Hodnoty sledovaných znaků u 9 vybraných linií z křížení Soldur x Regina – Values of the determined traits in 9 selected lines of the cross Soldur x Regina

Linie číslo ¹	Přezimování (1–9) ²	Metání ³	Padlí (1–9) ⁴	Výška rostlin [cm] ⁵	Výnos [g/m ²] ⁶	% ke kontrole ⁷
41	8	16.6.	9	85	971	94
42	8	14.6.	9	75	1 018	99
45	8	15.6.	9	85	949	92
47	8	15.6.	9	90	928	91
61	8	11.6.	9	90	816	83
66	8	14.6.	9	85	967	98
67	8	14.6.	9	85	934	95
84	9	14.6.	8	85	1 065	118
101	8	13.6.	7	75	922	102

¹line number; ²overwintering; ³heading; ⁴powdery mildew; ⁵plant height; ⁶grain yield; ⁷yield in % of the check cultivar Siria

Byl sledován stav porostu po zimě, datum metání, výška rostlin, napadení padlím a výnos zrna v g/m². Výnos byl dále vyjádřen v procentech výnosu kontrolní odrůdy Siria. Zjištěné hodnoty jednotlivých sledovaných znaků u devíti nejlepších linií uvádí tab. II. Tyto linie byly vybrány pro celkový dojem z porostu a výnos do zkoušek výkonu 4 × 10 m², založených na podzim 1996 na dvou lokalitách. Zároveň budou provedeny analýzy jakosti zrna.

Hybridologická analýza

Pro hybridologickou analýzu (tab. III) jsme použili rasu 628 (UN3-61SaBa) rzi pšeničné, která je virulentní ke genu *Lr3* v odrůdě Vega. Odrůdy Regina a Zdar nemají žádné *Lr*-geny. Použitý izolát 353 padlí travního překonává geny rezistence *Pm5* a *Pm4b* obsažené v odrůdách Regina a Zdar. Třetí rodičovská odrůda z testovaných křížení – Vega – nemá žádný známý gen rezistence k padlí.

Reakce v F₁ generaci a štěpné poměry v F₂ generaci křížení (S × R)₁₂ × Vega získané po inokulaci rzi pšeničnou rasou 628 ukazují na přítomnost jednoho dominantního genu rezistence ke rzi pšeničné v linii (S × R)₁₂. V F₂ generaci křížení (S × R)₂₁ × Vega bylo po inokulaci izolátem 353 padlí travního zjištěno štěpení odpovídající poměru 3R : 1S pro jeden dominantní gen, což nasvědčuje přítomnosti jednoho genu rezistence k padlí v linii (S × R)₂₁. Předběžné výsledky získané testováním řady linií v generaci F₇ z křížení

III. Reakce F₁ a F₂ generace kříženců (Soldur × Regina) × Vega po infekci izoláty rzi pšeničné a padlí travního avirulentními k odrůdě Soldur – Reactions of F₁ and F₂ generations of crosses (Soldur × Regina) × Vega after infection with leaf rust and powdery mildew isolates avirulent to cv. Soldur

Křížení – generace ¹	Izolát ²	Počet rostlin ³			Předpokládané štěpení ⁷	χ ²	P
		odolných ⁴	náchylných ⁵	celkem ⁶			
(S × R) ₂₁ × Vega							
– F ₁	353*	2	–	2	–	–	–
– F ₂	353	157	55	212	3 : 1	0,101	0,80–0,50
(S × R) ₁₂ × Vega							
– F ₁	628**	2	–	2	–	–	–
– F ₂	628	118	32	150	3 : 1	0,896	0,50–0,20

* padlí travní – powdery mildew

** rez pšeničná – leaf rust

¹cross – generation, ²isolate, ³number of plants, ⁴resistant, ⁵susceptible, ⁶total, ⁷expected ratio

Soldur x Regina nevylučují možnost přítomnosti dalších blíže neurčených genů rezistence v těchto liniích, které dále zvyšují jejich rezistenci.

Cytologické stanovení počtu chromozomů

Z kapacitních důvodů jsme nemohli zjišťovat počet chromozomů každoročně u všech rezistentních linií. Byly vybírány především linie s kombinovanou rezistencí, případně další linie odolné k jednomu z patogenů. V roce 1993 se počet chromozomů v polovině linií blížil počtu 42 v *T. aestivum* (38–43), zatímco druhá část linií měla počet chromozomů blízký se *T. durum* (28–30). Při křížení tetraploidní pšenice s hexaploidní je zpravidla zapotřebí několikanásobného zpětného křížení, aby se obnovil počet chromozomů a fenotyp pšenice seté (K o t t, 1989). Přestože byly linie Soldur x Regina a Soldur x Zdar v naší práci jen jednou zpětně kříženy, přiblížil se v dalších letech genotyp kříženců již do té míry pšenici seté, že bylo zjištěno pouze 41 a 42 chromozomů. Relativně rychlý vznik forem s počtem chromozomů blízkým hexaploidní pšenici lze vysvětlit větší vitalitou gamet s počtem chromozomů shodným s jedním z rodičů, které při nepravidelném párování chromozomů vznikají sice v malé míře, ale jsou při opylování preferovány; gamety s větší odchylkou se v procesu opylení eliminují. Linie genotypově podobné tetraploidní pšenici byly v našem případě odstraňovány negativním výběrem.

Ze známých genů rezistence ke rzi pšeničné pochází z *T. durum* gen *Lr23*, obsažený v odrůdách Gabo a Timstein a lokalizovaný na 2BS (W a t s o n, L u i g, 1961 – cit. M c I n t o s h et al., 1995). Protože v našich testech překonávaly gen *Lr23* všechny použité izoláty rzi pšeničné, k nimž byla odrůda Soldur a z ní získané linie plně rezistentní, není gen rezistence ke rzi pšeničné odrůdy Soldur shodný s *Lr23*. Z tetraploidní pšenice byl v minulosti přenesen do pšenice seté recesivní gen odolnosti k padlí travnímu, označený *Mld* a lokalizovaný na chromozomu 4B, a to do odrůdy Maris Dove a linie Halle St. 13471, v obou v kombinaci s genem *Pm2* (M c I n t o s h et al., 1994). Rezistence námi přenesená se však od rezistence Halle St. 13471 liší, poněvadž je účinná i k izolátům virulentním k *Pm2* + *Mld*. Geny rezistence z *T. durum* nebyly v zahraničí více využity zřejmě pro silný výskyt odpovídajících virulencí v populaci patogena, daný intenzitou pěstování tvrdé pšenice v některých oblastech např. jižní Evropy. V podmínkách Čech, kde

tento selekční tlak nepůsobí, by mohla mít rezistence jak k padlí travnímu, tak ke rzi pšeničné, přenesená z *T. durum*, trvalejší účinnost.

Poděkování

Autoři děkují Ing. Jindřichu Košnerovi, CSc., a kol. za spolupráci při cytologické kontrole počtu chromozomů.

Literatura

- BARTOŠ, P., MALÝ, J., PAŘÍZEK, P. (1990): Dauerhaftigkeit der Getreideresistenz gegen Blattkrankheiten und Wege zu ihrer Erreichung. Arbeitstagung 1990 der Arbeitsgemeinschaft der Saatzüchtleiter, Bundesanstalt für alpenländische Landwirtschaft Irnding, Gumpenstein: 163–172.
- BARTOŠ, P., STUHLÍKOVÁ, E. (1990): Genetika rezistence odrůd pšenice ozimé Hana, Mara, Odra, Košútka, Viginta a Zdar ke rzi travní a rzi pšeničné. Genet. a Šlecht., 26: 1–6.
- FELSENSTEIN, F. G. (1991): Virulenz und Fungizidsensitivität des Weizenmehltaus, *E. graminis* DC f. sp. *tritici* Marchal in Europe. [Disertace.] TU München, Lehrstuhl für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Freising-Weihenstephan.
- KNOTT, D. R. (1989): The wheat rusts – breeding for resistance. Berlin, Heidelberg, New York, Springer Verlag.
- LUTZ, J., LIMPERT, E., BARTOŠ, P., ZELLER, F. J. (1992): Identification of powdery mildew resistance genes in common wheat (*Triticum aestivum* L.). I. Czechoslovakian cultivars. Plant Breed., 108: 33–39.
- McINTOSH, R. A., HART, G. E., GALE, M. D. (1994): Catalogue of gene symbols for wheat: supplement. Ann. Wheat Newsl., 40: 362–375.
- McINTOSH, R. A., WELLINGS, C. R., PARK, R. F. (1995): Wheat rusts. An atlas of resistance genes. Australia, CSIRO.
- STAKMAN, E. C., STEWART, D. M., LOEGERING, W. C. (1962): Identification of physiologic races of *Puccinia graminis* var. *tritici*. U.S. Dept. Agr. ARS Bull., E617.
- WATSON, I. A., LUIG, N. H. (1961): Leaf rust on wheat in Australia: a systematic scheme for the classification of the strains. In: Proc. Linnean Society New South Wales, 86: 241–250.

Došlo 12. 9. 1996

Kontaktní adresa:

Ing. Renata Hanušová, CSc., Výzkumný ústav rostlinné výroby
161 06 Praha 6-Ruzyně, Česká republika
tel.: 00 420 2 360 851, fax: 00 420 2 365 228, e-mail: hanusova@genbank.vurv.cz

**DIVERZITA ODOLNOSTI ČESKÝCH A SLOVENSKÝCH ODRŮD
PŠENICE OZIMÉ K POPULACÍM RZI PLEVOVÉ S ODLIŠNOU
VIRULENCÍ KE GENU REZISTENCE *Yr9***

**The Diversity of Resistance of Czech and Slovak Winter Wheat
Varieties to Yellow Rust Populations with Different Virulency
to the Gene of Resistance *Yr9***

Lubomír VĚCHET

Research Institute for Crop Production, Prague, Czech Republic

Abstract: In three years of experiments, the course of yellow rust epidemics caused by either a population of races virulent to the gene of resistance *Yr9* (number of observed cultivars 29) or a population of avirulent races (number of cultivars 30) were followed. The epidemiological parameters recorded were: number of diseased plants, area under the disease progress curve of the whole plant, area under disease progress curve of the flag leaf, number of diseased ears. The tested cultivars could be divided into susceptible, medium susceptible, medium resistant, resistant and immune groups. The susceptible cultivars had the highest epidemiological parameters and infection types. Even though the cultivars that were medium resistant to the population of virulent races had a high number of diseased plants, the values of the other parameters were lower. On the basis of the results it is suggested that the cultivars Bruta, Hana, Sparta and Rada that showed higher infection types but lower values of AUDPC, have partial resistance to the population of virulent races. The cultivars Ilona and Barbara were susceptible to both populations of races and did not stem specific interactions with the races. The cultivars Iris, Danubia, Selekt a Sparta were resistant to the population of avirulent races but susceptible to the virulent races. This reaction is possibly due to gene *Yr9*. The cultivars Košútka, Samara, Regina, Siria and Simona, and probably Vlada and Zdar, were resistant to both populations of races.

winter wheat varieties; yellow rust; diversity of resistance; epidemiological parameters

Abstrakt: V tříletých pokusech se podle průběhu epidemie rzi plevové, populace ras virulentních (počet odrůd 29) a avirulentních (počet odrůd 30) ke genu rezistence *Yr9*, rozdělily testované odrůdy pšenice ozimé na náchylné, středně náchyl-

né, středně rezistentní, rezistentní a imunní. Náchylné odrůdy měly nejvyšší hodnoty epidemiologických parametrů (počet napadených rostlin, plocha pod křivkou rozvoje choroby celé rostliny, plocha pod křivkou rozvoje choroby praporcového listu, počet napadených klasů). I když odrůdy středně rezistentní k populaci ras virulentních měly vysoké počty napadených rostlin, byly hodnoty ostatních parametrů nižší. Na základě výsledků se usuzuje, že odrůdy Bruta, Hana, Sparta, Rada, tedy odrůdy s vyššími infekčními typy, ale nižšími hodnotami AUDPC, mají částečnou rezistenci k populaci ras virulentních. Odrůdy Iris, Danubia, Selekt, Sparta byly odolné k populaci ras avirulentních, ale náchylné k populaci ras virulentních, což lze připsat genu *Yr9*. Odrůdy Ilona a Barbara byly náchylné k oběma populacím ras a jevily nescifickou náchylnost. Odrůdy Košutka, Samara, Regina, Siria, Simona a pravděpodobně i Vlada a Zdar byly rezistentní jak k populaci ras virulentních, tak i avirulentních ke genu rezistence *Yr9*.

odrůdy pšenice ozimé; rez plevová; diverzita rezistence; epidemiologické parametry

V České republice není v současné době výskyt rzi plevové významný, protože se používají odrůdy rezistentní k této chorobě. V Evropě však zůstává tato rez závažnou chorobou (Bartoš et al., 1991). Náchylnost a odolnost jsou často vysoce korelovány s růstovou fází rostliny. Šíření choroby je podporováno nižší teplotou a srážkami, zejména v počátečním období epidemie (Věchet, 1993). Jedním z hlavních trendů ve studiu interakcí hostitel – patogen je studium dynamiky choroby v populacích hostitele. Tento fakt je spojován s vývojem a pochopením epidemiologie patogenů rostlin (Zadoks, Schein, 1979).

Cílem pokusů bylo zjistit reakci vybraného sortimentu českých a slovenských odrůd a novošlechtění pšenice ozimé ke rzi plevové, populace rasy virulentní a avirulentní ke genu rezistence *Yr9*. Sledování průběhu epidemie rzi plevové umožnilo s použitím epidemiologických parametrů rozdělit odrůdy podle typu rezistence. Zjišťovala se také reakce odrůd v juvenilní fázi k populaci rasy virulentní ke genu rezistence *Yr9*.

MATERIÁL A METODY

Ve tříletých maloparcelkových pokusech (1992–1994) ve VÚRV Praha-Ružyně (charakteristika stanoviště: půda jílovito-hlinitá, hnědozem, průměrná roční teplota 7,7 °C, úhrnné roční srážky 450 mm, nadmořská výška 326 m)

byla provedena infekce vybraného sortimentu českých a slovenských odrůd pšenice ozimé rzi plevovou, populace ras virulentních a avirulentních ke genu rezistence *Yr9*. Obě místa pokusů byla od sebe vzdálena asi 500 m. Mezi dvěma řádky protilehle k sobě vysetých testovaných odrůd byla kolmo vyseta náchylná odrůda Michigan Amber, která byla časně na jaře inokulována sporami rzi plevové s talkem, s následným orosením a uzavřením pod skleněné válce. Z této odrůdy se infekce šířila na odrůdy testované. Průběh choroby byl hodnocen devítibodovou stupnicí (Cockley et al., 1983) na všech živých listech rostliny. U každé odrůdy se hodnotilo 15 rostlin ve dvou opakováních. Infekční typ (IT) se zjišťoval devítibodovou stupnicí (1 = nejvyšší stupeň rezistence) (Line et al., 1970). Z epidemiologických parametrů se zjišťovaly: počty napadených rostlin (NR), plocha pod křivkou rozvoje choroby (AUDPC) všech živých listů rostliny (Shaner, Finney, 1977), plocha pod křivkou rozvoje choroby praporcového listu (PLAUDPC) a počty napadených klasů (NK). Mezi náchylné odrůdy byly řazeny odrůdy s nejvyššími hodnotami AUDPC. Za středně rezistentní byly považovány odrůdy s polovičními hodnotami průměrné hodnoty AUDPC náchylných odrůd. Spodní hranicí byla poloviční hodnota z předchozí hodnoty. Reakce odrůd v roce 1994 na prvním listu v juvenilní fázi (první dva listy) ke rzi plevové, rase virulentní ke genu rezistence *Yr9*, byla zjišťována v klimaboxu (12,5 °C, 16 h světla). Za 18 dní po infekci se hodnotil infekční typ.

VÝSLEDKY

Populace ras virulentních ke genu rezistence *Yr9*

Odrůda Danubia (tab. 1) byla ve všech třech letech náchylná, s nejvyššími hodnotami epidemiologických parametrů. Do této skupiny patřily v roce 1992 odrůdy Samanta, Mona, Barbara, v roce 1993 Barbara a v roce 1994 odrůdy Sida, Iris, Astella, Livia – IT 8,5–9,0 většinou 100 % napadených rostlin a 13–93,3 % napadených klasů. Napadení praporcových listů bylo také vysoké. Odrůda Ilona byla středně náchylná ve všech třech letech. V roce 1992 do této skupiny patřily odrůdy Astella a Solida, v roce 1994 Selekt, Mona a BU-30 se 73,3–100 % napadených rostlin a IT 7,5–8,9. Některé odrůdy např. Samanta, Mona, Livia a Astella bylo možné v jednotlivých letech zařadit buď mezi náchylné, nebo středně náchylné. Mezi středně

I. Reakce českých a slovenských odrůd pšenice ozimé na infekci populací ras rzi plevové virulentních ke genu rezistence *Yr9* – Reaction of Czech and Slovak winter wheat cultivars to infection with the population of races of yellow rust virulent to the gene of resistance *Yr9*

Odrůda ¹	IT	NR	AUDPC	PLAUDPC	NK
Regina	3 (1) 0,3	53,3 (0) 0	16,5 (0) 0	8,3 (0) 0	0 (0) 0
Samara	3 (3) 0,5	53,3 (6,7) 0	69,8 (3,15) 0	5,05 (3,15) 0	0 (0) 0
Ina	5 (3) 3	100 (6,7) 6,7	534,5 (3,85) 2,1	20,5 (3,3) 0	7 (0) 0
Košútka	3 (1) 3,1	6,6 (0) 5,7	24,6 (0) 7	0 (0) 0	0 (0) 0
Zdar	– (3) 3,5	– (20) 6,7	– (6,1) 11,8	– (0) 0	– (0) 0
Vlada	– (–) 3,7	– (–) 13,3	– (–) 32,8	– (–) 2,5	– (–) 0
Simona	3 (1) 4,5	20 (0) 33,3	14,95 (0) 48,4	9,2 (0) 2,5	0 (0) 0
Siria	2 (3) 4,7	0 (26,7) 66,7	0 (21,6) 572,8	0 (0) 68,85	0 (0) 0
Senta	4 (3) 5,3	86,7 (6,7) 100	116,65 (3,95) 1444,85	24,9 (0) 97,35	0 (0) 0
Alka	– (–) 5,9	– (–) 93,3	– (–) 1574,75	– (–) 14,35	– (–) 0
Hana	7 (5) 6,1	100 (20) 100	1450,1 (16,55) 2482,25	1394 (0) 78,65	13 (0) 0
Bruta	6 (3) 6,3	93,3 (13,3) 100	723,65 (6,6) 1973,5	11,85 (3,6) 93	26,7 (0) 0,07
Sparta	6 (4) 6,3	100 (6,7) 100	1473,35 (2,95) 2619,1	124,5 (0) 439	13,3 (0) 0
Solida	8 (7) 6,3	100 (60) 100	2017,65 (41) 3286,2	276,9 (9,25) 425,75	46,7 (6,7)
Rada	6 (3) 6,5	1 100 (13,3) 100	1245,7 (9,75) 2494,75	61,9 (7,2) 469	13,3 (0) 0
Agra	6 (–) 6,7	100 (–) 100	1276,7 (–) 2862	180,95 (–) 717,75	13,3 (–) 73,33
Sofia	5 (4) 6,9	86,7 (33,3) 100	375,25 (26) 2256,25	16,6 (6,5) 121,7	6,7 (0) 0
Samanta	9 (5) 7,1	100 (73,3) 100	6223,5 (51,75) 3341,35	938,5 (44,1) 424	60 (0) 6,7

Table I to be continued

Odrůda ¹	IT	NR	AUDPC	PLAUDPC	NK
Ilona	8 (6) 7,5	100 (86,7) 100	3255,75 (205,15) 3443,85	525,3 (8,25) 850,25	67 (0) 53
Selekta	5 (-) 7,6	93,3 (-) 80	398,55 (-) 4138,2	37,35 (-) 415,9	0 (-) 0
Mona	9 (3) 8,2	100 (46,7) 100	5932,5 (8,8) 3465,35	290,75 (0) 389,2	86,7 (0) 20
Astella	7 (8) 8,4	60 (73,3) 100	2780,55 (59,9) 5515,75	200,2 (40,8) 1068,5	33,3 (53,3) 26,7
BU-30	3 (4) 8,9	6,7 (40) 100	3,95 (54,45) 4321,8	0 (5,5) 1316	0 (6,7) 20
Iris	8 (6) 8,9	100 (66,7) 100	3070,8 (115,5) 6690,3	639,3 (53,9) 1577,25	100 (6,7) 20
Livia	8 (7) 9	100 (73,3) 100	2894,8 (47,25) 5166,15	540,2 (24,75) 1368,2	27 (0) 26,7
Danubia	9 (9) 9	100 (100) 100	7411 (580,8) 5925,75	1015,5 (41,8) 1666,5	93,3 (53,3) 73,3
Sida	3 (8) 9	100 (100) 100	12,45 (123,35) 7190,2	27,9 (10,85) 1058,2	0 (0) 13,3
Barbara	9 (8) -	100 (100) -	4453,25 (607,75) -	1127,5 (68) -	13 (0) -

IT = infekční typ – infection type; NR = počet napadených rostlin [%] – number of diseased plants [%];, AUDPC = plocha pod křivkou rozvoje choroby celé rostliny – area under disease progress curve of the whole plant; PLAUDPC = plocha pod křivkou rozvoje choroby praporcového listu – area under disease progress curve of the flag leaf; NK = počet napadených klasů [%] – number of diseased ears [%]
Řazení údajů 1992 (1993) 1994 – Rank of dates 1992 (1993) 1994

- = údaje chybí – the dates are missing

¹variety

II. Reakce českých a slovenských odrůd pšenice ozimé na infekci populací ras rzi plevové avirulentních ke genu rezistence *Yr9* – Reaction of Czech and Slovak winter wheat cultivars to infection with the population of races of yellow rust avirulent to the gene of resistance *Yr9*

Odrůda ¹	IT	NR	AUDPC	PLAUDPC	NK
Ina	3 (3) 0	18 (6,7) 0	7,1 (5,1) 0	0 (4,75) 0	0 (0) 0
Košútka	2 (1) 0	0 (0) 0	0 (0) 0	0 (0) 0	0 (0) 0
Regina	1 (1) 0	0 (0) 0	0 (0) 0	0 (3,6) 0	0 (0) 0
Vlada	1 (1) 0	0 (0) 0	0 (0) 0	0 (0) 0	0 (0) 0
Mona	0 (3) 3,3	0 (6,7) 53,3	0 (5,2) 100,8	0 (0) 8,25	0 (0) 0
Siria	1 (1) 3,7	0 (0) 20	0 (0) 79,3	0 (0) 15	0 (0) 0
Simona	1 (1) 3,7	0 (0) 26,7	0 (0) 41,55	0 (0) 3,8	0 (0) 0
Agra	3 (5) 3,9	6,7 (40) 53,3	299,7 (12,2) 555,65	1,85 (5,5) 43,8	0 (0) 26,7
Zdar	3 (4) 4,4	13,3 (33,3) 73,4	15 (20,8) 1002,7	5,25 (2,2) 3,4	0 (0) 0
Senta	0 (3) 4,7	0 (6,7) 100	0 (5,65) 661,15	0 (0) 96,4	0 (0) 0
Branka	3 (6) 5,1	33,3 (73,3) 86,7	17,75 (32,4) 2253,9	7,4 (4,4) 43,8	0 (0) 20
Sparta	1(1) 5,3	0 (0) 100	0 (0) 795,55	0 (0) 122,25	0 (0) 13,3
Rada	1 (3) 6	0 (6,7) 86,7	0 (5,1) 1072,8	0 (0) 173,6	0 (0) 13,3
Hana	3 (3) 6,1	13,3 (6,7) 93,3	7,1 (25,5) 1617,45	0 (0) 10,5	0 (0) 0
Sofia	0 (1) 6,3	0 (0) 100	0 (0) 1204,65	0 (6,5) 72,95	0 (0) 0
Selekta	0 (3) 6,5	0 (53,5) 93,3	0 (19,25) 2661,05	0 (8,8) 308,05	0 (0) 6,7
Samanta	3 (4) 6,6	13,3 (33,3) 100	14,4 (8,4) 1263,2	3,6 (3,3) 58,3	0 (0) 20
Solida	1 (4) 6,7	0 (26,7) 100	0 (11,1) 3094,65	0 (0) 422,65	0 (26,7) 4,7
Livia	4 (7) 6,9	46,7 (93,3) 100	23,65 (362,45) 1836,45	12,6 (24,75) 570,7	0 (0) 60

Table II to be continued

Odrůda ¹	IT	NR	AUDPC	PLAUDPC	NK
Boka	3 (1) 5,3	6,7 (0) 93,3	14,2 (0) 717,6	1,85 (0) 53,8	6,7 (0) 13,3
Bruta	4 (8) 7,1	86,7 (93,3) 93,3	260,95 (455,9) 3247,6	25,7 (164,4) 501,9	0 (0) 20
Sida	1 (6) 7,3	0 (26,7) 60	0 (19,8) 3920,3	0 (3,3) 364,9	0 (6,7) 0
Alka	4 (8) 7,4	73,3 (93,3) 93,3	256,6 (313,1) 3796,15	17,55 (1,8) 51	0 (26,7) 6,7
BU-30	0 (3) 8,1	0 (13,3) 100	0 (9,3) 5814,55	0 (5,5) 1117	0 (0) 46,7
Ilona	8 (9) 8,1	86,7 (93,3) 100	3020,25 (605,3) 6420,1	522,6 (8,25) 1239,4	53,5 (13,3) 93,3
Iris	3 (7) 8,2	20 (60) 100	63 (362,45) 3373	5,4 (53,9) 636,2	0 (0) 73,3
Astella	6 (6) 8,6	60(10)100	0 (124,2) 5138,35	0 (0) 1274,75	0 (20) 100
Danubia	5 (9) 9	80 (93,3) 100	90,55 (533,05) 6995,15	27,35 (41,8) 1966,15	0 (0) 66,7
Barbara	9 (9) –	100 (100) –	2315,2 (396,5) –	544,2 (31,25) –	20 (53,3) –

IT = infekční typ – infection type; NR = počet napadených rostlin [%] – number of diseased plants [%]; AUDPC = plocha pod křivkou rozvoje choroby celé rostliny – area under disease progress curve of the whole plant; PLAUDPC = plocha pod křivkou rozvoje choroby praporcového listu – area under disease progress curve of the flag leaf; NK = počet napadených klasů [%] – number of diseased ears [%]
 Řazení údajů 1992 (1993) 1994 – Rank of dates 1992 (1993) 1994
 – = údaje chybí – the dates are missing

¹variety

rezistentní patřily odrůdy Hana, Sparta, Rada, Agra, Solida a Bruta v letech 1992–1994. V roce 1994 Senta, Alka, Sofia s IT 5–7, 93,3–100 % napadených rostlin, počty napadených klasů 0–73,3 %. Napadení praporcových listů většinou odpovídalo napadení celé rostliny. K odrůdám rezistentním patřily Simona, Senta a Košútka ve všech letech. V roce 1992 Samara, Sida, Regina, BU-30, v roce 1993 Mona, Sofia, Rada, Sparta, Bruta, Hana, Siria, Zdar, Ina, Samanta a v roce 1994 Vlada, Zdar s nízkým stupněm napadení – IT 3–4 a 6,6–86,7 % napadených rostlin, žádný napadený klas a nízké hodnoty PLAUDPC. Imunní byla v roce 1992 odrůda Siria, v roce 1993 Košútka, Simona, Regina a v roce 1994 Ina, Košútka, Regina a Samara. Nejvyšší počet napadených klasů měly v roce 1992 odrůdy Iris (100 %) a Danubia (93,3 %).

V roce 1992 měly odrůdy Briga – není povolena (IT = 6; AUDPC = 48,85), Bruta (IT = 6; AUDPC = 723,65), Hana (IT = 7; AUDPC = 1450,1) vyšší infekční typy, ale hodnoty AUDPC byly nižší než u ostatních odrůd s podobnými IT.

Populace ras avirulentních ke genu rezistence *Yr9*

Nejnáchylnější odrůdou, s nejvyššími hodnotami epidemiologických parametrů byla v roce 1992 odrůda Ilona a v roce 1993 Barbara (tab. II). Mezi středně náchylné odrůdy patřily v roce 1993 Danubia, Alka, Iris, Livia a v roce 1994 Alka, Sida, s infekčními typy 7–8, 60–93,3 % napadených rostlin a 0–26,7 % napadených klasů. Ke středně rezistentním odrůdám patřily v roce 1993 Astella a v roce 1994 Bruta, BR-614, Livia, Solida, Selekt, Hana, Branka – 86,7–100 % napadených rostlin, IT 5,1–7,1 a 0–60 % napadených klasů. Pouze odrůda Bruta měla vyšší napadení praporcového listu. Mezi rezistentní patřily ve všech třech letech odrůdy Samanta, Agra, Zdar, Hana, v roce 1992 Danubia, Iris, Alka, Bruta, BR-614, Livia, Branka, Ina, v roce 1993 Astella, BU-30, Sida, Selekt, Rada, Branka, Senta, Ina a v roce 1994 Sofia, Rada, Sparta, Senta, Simona, Siria, Mona. Infekční typy byly od 3 do 6 při 6,7–100 % napadených rostlin a 0–30% napadením klasů. Mezi odrůdy, které byly ve všech třech letech imunní, patřily Košútka, Regina, Vlada, v roce 1992 Mona, Siria, Simona, Senta, Sparta, Rada, Sofia, Selekt, Solida, Sida, BU-30, Astella, v roce 1993 Siria, Simona, BR-614 a v roce 1994 Ina.

III. Známé geny rezistence testovaných odrůd pšenice ozimé ke rzi plevové (*Yr*), rasa virulentní ke genu rezistence *Yr9* a infekční typy (IT) v juvenilní fázi – Known genes of resistance in tested winter wheat cultivars to yellow rust (*Yr*), race virulent to the gene of resistance *Yr9* and infection types (IT) in seedling stage

Odrůda	<i>Yr</i>	IT	Odrůda	<i>Yr</i>	IT
Regina	1, 2, HeIV	6	Rada		
Samara		2	Agra	9	3
Ina		5	Sofia	9	1
Košútka	1, 3a, 4a	6	Samanta	2	8
Zdar	3a, 4a, CaV	8	Ilona		7
Vlada	+	6	Selekta	9	3
Simona	2a, 4a, (CaV)	6	Mona	9	3
Siria	2, 3a, 4a	7	Astella		–
Senta	1, 9	3	BU-30		6
Alka	3a, 4a	6	Iris	9	3
Hana	2	3	Livia	1, 9	2
Bruta		8	Danubia	9	4
Branka	9		Sida	9	0
Sparta	9	2	Barbara		–
Solida		–			

Výsledky testů citlivosti pšenice ozimé v juvenilní fázi ke rzi plevové, rasa virulentní ke genu rezistence *Yr9* jsou uvedeny v tab. III. Imunní byla odrůda Sida a velmi rezistentní odrůda Sofia. K rezistentním až mírně rezistentním patřily odrůdy Livia, Iris, Mona, Selekta, Agra, Sparta, Hana, Senta a Samara. K nejvíce napadeným patřily odrůdy Zdar, Bruta a Samanta.

DISKUSE

Vysoké hodnoty epidemiologických parametrů měly náchylné odrůdy, přičemž měly napadeny všechny nebo téměř všechny rostliny a větší počet klasů. Všechny klasy měla v roce 1992 napadeny odrůda Iris infikovaná populací ras virulentních k *Yr9*. Odrůdy středně rezistentní k populaci ras

virulentních měly vysoké počty napadených rostlin, ale hodnoty ostatních parametrů byly nižší, než u středně náchylných odrůd. Výsledek z roku 1992 u odrůd Bruta, Hana, Sparta, Rada, Agra (vyšší infekční typ a nižší hodnoty AUDPC) naznačuje částečnou rezistenci k populaci ras virulentních k *Yr9*. Ta je, jak uvádějí Parlevliet (1976, 1978) i Johnson a Wilcoxson (1979), charakterizovaná redukcí rychlosti vývoje vzdor náchylnému infekčnímu typu. Odrůdy Iris, Livia, Danubia, Selekt, Agra, Mona, Rada, Adapta, Solida, Astella, Sparta, Hana a Samanta vykázaly v roce 1992 vysokou náchylnost k populaci ras virulentních, ale rezistenci nebo imunitu k populaci ras avirulentních k *Yr9*. V tomto případě je možné uvažovat o specifické rezistenci, která je výsledkem specifity patogen – hostitel a může být interpretována jako rezistence hostitele a avirulence patogena (Browder, Eversmayer, 1984). Z uvedených odrůd mají gen rezistence *Yr9* Agra, Danubia, Iris, Livia (má zřejmě další gen rezistence), Mona, Selekt a Sparta. Bartoš et al. (1991) soudí, že všechny odrůdy s translokací 1B/1R (Agra, Branka, Danubia, Iris, Selekt a Sparta) jsou odolné k populaci ras avirulentních ke genu rezistence *Yr9* v juvenilní i adultivní fázi, což lze připsat genu *Yr9*. Tyto relace však platily jen v roce 1992. V roce následujícím došlo vlivem teplého jara a počátku léta k zastavení epidemie rzi plevové, které se projevilo jen nízkým napadením pšenice ozimé. Rozdíly v populaci ras virulentních a avirulentních se neprojevily. V roce 1994 vykazovaly odrůdy Danubia, Iris a Selekt vysokou až střední náchylnost k populaci ras avirulentních. Příčinou může být i možná změna poměru jednotlivých ras v populaci nebo převaha jedné rasy nad ostatními. Exaktní výsledky v tomto směru však nemáme. Některé odrůdy např. Regina, Košútka, Zdar, Vlada a Simona byly v juvenilní fázi středně náchylné až náchylné, ale v adultivní fázi rezistentní až mírně rezistentní, což je charakteristické pro rezistenci v dospělosti. Odrůdy Samara, Senta, Hana, Sparta a Sofia byly v obou fázích odolné nebo středně odolné k rase virulentní ke genu rezistence *Yr9*, zřejmě v důsledku působení dalšího nebo dalších specifických genů rezistence. U odrůdy Sparta podobnou reakci zjistili Bartoš et al. (1991).

Rezistence (Browder, Eversmayer, 1984) je výsledkem interakce genů pro rezistenci a genů pro avirulenci. Vanderplank (1989) konstatuje, že nespecifická rezistence je buď výsledkem genů podmiňujících rezistenci rostliny a genů podmiňujících avirulenci, nebo nekomplementární kombinaci

genů podmiňujících rezistenci rostliny a genů podmiňujících virulenci patogena. Odrůdy Košútka, Samara, Regina, Siria, Simona a pravděpodobně Vlada a Zdar byly rezistentní jak k populaci ras virulentních, tak avirulentních ke genu rezistence *Yr9*. U těchto odrůd je možné uvažovat o nespecifické rezistenci. Naopak odrůdy Ilona a Barbara byly náchylné k populaci ras virulentních a avirulentních ke genu rezistence *Yr9* v roce 1992 i 1993. Je tedy pravděpodobné, že geny populací obou použitých ras jsou virulentní k dosud neurčeným genům rezistence, pokud je tyto odrůdy skutečně obsahují. Zde půjde zřejmě o nespecifickou náchylnost.

Epidemiologické parametry v jednotlivých letech pokusů však nelze srovnávat, protože se lišil počet hodnocení. Například u směsi ras virulentních byl v roce 1992 počet hodnocení 2 (růstová fáze 61–71), v roce 1993 také 2 (fáze 71–75) a v roce 1994 byl počet hodnocení 5 (fáze 37–69). Výskyt rzi plevové na odrůdách pšenice ozimé kolísal s průběhem teplot (Věchet, 1995) v jednotlivých letech. Výjmečně teplé počasí v roce 1993 silně potlačilo vývoj epidemie. I odrůdy s vysokým infekčním typem byly jen slabě napadeny. Průměrná teplota v dubnu 1993 byla o 2,9 až 3 °C vyšší než v letech 1992 a 1993. V měsíci květnu 1993 byla o 3 až 3,4 °C vyšší než v ostatních dvou letech. Pouze v červnu 1993 byla průměrná denní teplota nižší o 0,4 až 1,5 °C než v letech 1992 a 1994.

Literatura

- BARTOŠ, P., STUHLÍKOVÁ, E., HANUŠOVÁ, R., SKLENIČKOVÁ, J. (1991): Odolnost odrůd a novošlechtění ke rzi plevové. Genet. a Šlecht., 27: 157–168.
- BROWDER, L. E., EVERSMAIER, M. G. (1984): Parasite: host specificity and resistance/susceptibility, two concepts, two perspectives. Phytopathol. Soc., 75: 379–381.
- COACKLEY, S. W., LINE, R. F., BOYD, W. S. (1983): Regional models for predicting stripe rust on winter wheat in the Pacific Northwest. Phytopathology, 73: 1382–1385.
- JOHNSON, D. A., WILCOXSON, R. D. (1979): Inheritance of slow rusting of barley infected with *Puccinia hordei* and selection of latent period and number of uredinia. Phytopathology, 69: 145–151.
- LINE, R. F., SHARP, E. L., POWELSON, R. I. (1970): A system for differentiating races of *Puccinia striiformis* in the United States. Plant Dis. Rep., 54: 992–994.

PARLEVLIET, J. E. (1976): Partial resistance of barley to leaf rust, *Puccinia hordei*. III. The inheritance of the host plant effect on latent period in four cultivars. *Euphytica*, 25: 241–248.

PARLEVLIET, J. E. (1978): Further evidence of polygenic inheritance of partial resistance in barley to leaf rust, *Puccinia hordei*. *Euphytica*, 27: 369–379.

SHANER, G., FINNEY, R. E. (1977): The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. *Phytopathology*, 67: 1051–1056.

VANDERPLANK, J. E. (1989): A paradox as an aid to understanding host – pathogen specificity. *Plant Pathol.*, 38: 144–145.

VĚCHET, L. (1993): Vliv *Puccinia striiformis* na výnosové prvky pšenice ozimé. *Ochr. Rostl.*, 29: 283–292.

VĚCHET, L. (1995): Analýza výskytu rzi plevové na českých a slovenských odrůdách pšenice. *Ochr. Rostl.*, 31: 35–48.

ZADOKS, J. C., SCHEIN, R. D. (1979): *Epidemiology and plant disease management*. New York – Oxford, Oxford Univ. Press.

Došlo 14. 11. 996

Kontaktní adresa:

Ing. Lubomír Věchet, CSc., Výzkumný ústav rostlinné výroby
160 21 Praha-Ruzyně, Česká republika
tel.: 00 420 2 360 851, fax: 00 420 2 365 229

REAKCE VYBRANÝCH ODRŮD A NOVOŠLECHTĚNÍ JEČMENE JARNÍHO NA INFEKCI VIREM ŽLUTÉ ZAKRSLOSTI JEČMENE*

Response of Selected Spring Barley Varieties and Advanced Breeding Lines to the Infection with Barley Yellow Dwarf Virus

Josef VACKÉ, Václav ŠÍP, Miroslav ŠKORPÍK

Research Institute of Crop Production, Prague-Ruzyně, Czech Republic

Abstract : Response to the infection with barley yellow dwarf virus (BYDV) was studied with 86 spring barley varieties and advanced breeding lines of mostly Czech provenance. The study was based on 1- to 3-year small-plot field trials in which the plant materials used were infected with the PAV strain of BYDV at an early growth stage using *Rhopalosiphum padi* L. aphids originating from greenhouse rearings. Symptoms of infection were evaluated at full flowering using the scale developed by Schaller, Qualset (1980). Analysis is also based on the determination of yield characters, plant height and susceptibility index (SI) (Comeau, St.-Pierre, 1982). Results obtained in 2- to 3-year trials show that the intensity of symptomatic reaction was high ranging within the set of examined materials 5.2 to 9, with the mean for the whole experimental period reaching the value 7 (Table I). BYDV infection affected all yield characters. The most profound average reduction values were recorded with grain weight per ear (63.14%) and grain yield (67.2%) while a somewhat milder reduction was recorded with biomass yield (49.61%). They were followed by harvest index and by straw yield with 40.57% and 37.75% reductions, respectively. The mildest reductions were caused by the virus infection in the case of 1000-grain weight (25.05%) and number of ears per plant (16.54%). Susceptibility index values fluctuated in the group of spring barley genotypes tested within a range from 4.6 to 9.1, with the mean value of 6.67. Correlations between measurements in different years showed that the infection variant provided more reliable (repetitive) data than percent reductions from uninfected variant (Table II). Correlation coefficients calculated for the infection variant were always statistically significant or even highly significant for 1000-grain weight, grain yield, symptom score, as well as for the susceptibility index, and in two out of three cases also for grain weight per ear. No genotype with a higher level of resistance to BYDV was found among the 38 varieties tested

* Práce byla uskutečněna za finanční podpory Grantové agentury ČR v rámci grantového projektu č. 506/94/0424.

for 2 or 3 years, which was also indicated by high susceptibility index values (Table III). Only the varieties Atribut and Malvaz can be considered to be mildly resistant. The varieties Amulet, Ditta, Ladik, Reggae, and the ST 180, ST 181, and ST 183 advanced breeding lines appear to be mildly susceptible. The remaining varieties and breeding lines can be classified as susceptible to very susceptible. In a preliminary 1-year trial in which only symptomatic reaction to BYDV infection of 47 genotypes was recorded, only two advanced breeding lines (2.01168 and HE 6260) indicated apparent mild resistance, which is to be verified in further trials (Table IV).

spring barley; barley yellow dwarf virus; symptomatic response; effect of virus on yield characters; resistance of varieties and advanced breeding lines

Abstrakt: Reakce na infekci virem žluté zakrslosti ječmene (BYDV) byla studována u 85 odrůd a novošlechtění ječmene jarního převážně českého původu. Studium proběhlo v 1–3letých maloparcelkových polních pokusech, kde byly materiály infikovány virem v rané růstové fázi pomocí mšic *Rhopalosiphum padi* L. ze skleníkových chovů. Tyto pokusy ukázaly, že BYDV vyvolal u sledovaného souboru silnou symptomatickou reakci. Ve 2–3letých pokusech se hodnocení tohoto znaku pohybovalo mezi stupni 5,2 až 9, v průměru dosáhlo stupně 7. Infekce virem negativně ovlivnila všechny výnosové prvky ječmene. Největší průměrná redukce byla zjištěna u hmotnosti zrna na klas (63,14 %) a na plochu (67,2 %), o něco nižší u hmotnosti biomasy na plochu (49,61 %). Dále následovaly sklizňový index a hmotnost slámy na plochu se 40,57 a 37,75% redukcí. Nejmenší redukci způsobila virová infekce u hmotnosti tisíce zrn (25,05 %) a počtu klasů na rostlinu (16,54 %). Index náchylnosti se v testovaném souboru ječmene jarního pohyboval v rozpětí 4,6–9,1, v průměru dosáhl hodnoty 7,2. Přesnost (opakovatelnost) naměřených údajů zjištěná korelační analýzou mezi pokusnými ročníky byla vyšší u infekční varianty samotné než u poměrových stanovení redukce. Korelační koeficienty v této variantě byly vždy statisticky významné nebo vysoce významné pro hmotnost 1000 zrn, hmotnost zrna na plochu, symptomatické hodnocení a index náchylnosti, ve dvou ze tří případů rovněž u hmotnosti zrna na klas. V souboru 38 odrůd (linií) testovaných 2 až 3 roky nebyl zjištěn žádný materiál s vyšší hladinou rezistence, o čemž svědčí vysoké hodnoty indexu náchylnosti. Pouze odrůdy Atribut a Malvaz je možné považovat za mírně odolné. Jako mírně náchylné se jevily odrůdy Amulet, Ditta, Ladik, Reggae a novošlechtění ST 180, ST 181 a ST 183. Zbývající materiály lze klasifikovat jako náchylné až silně náchylné. V orientačním jednoletém po-

kusu, v němž byla hodnocena pouze symptomatická reakce 47 materiálů, jen dvě novošlechtění (2.01168 a HE 6260) indikovala možnost mírné odolnosti, což bude ověřeno v dalších pokusech.

ječmen jarní; virus žluté zakrslosti ječmene; symptomatická reakce; vliv viru na sklizňové prvky; rezistence odrůd a novošlechtění

Virus žluté zakrslosti ječmene (barley yellow dwarf virus – BYDV) patří mezi hospodářsky závažné patogeny na obilninách. U ječmene vyvolává intenzivní symptomatickou reakci a ztráty na výnosu zrna. Jejich výše závisí na patogenitě kmenu viru, době infekce a odolnosti odrůdy. Problematikou škodlivosti viru se v zahraničí zabývala řada autorů. Pike (1990) v přehledu výsledků jejich prací uvádí, že nejčasnější infekce BYDV vyvolávají u ječmene redukci výnosu zrna v rozmezí 14,8–93,2 %. Při infekci pozdější, tj. ve fázi odnožování až sloupkování, se tyto ztráty pohybují od 10 do 43,3%. Otázky odolnosti jarního ječmene k BYDV řešila ve světě rovněž řada autorů, jako např. Comeau a St.-Pierre (1982), Schaller et al. (1963), Gill et al. (1969), Qualset (1983), Suneson (1955). Ve svých pracích vyhledávali zdroje rezistence, řešili genetiku rezistence a otázky šlechtění ječmene na odolnost.

U nás se systematické řešení problematiky BYDV u ječmene jarního datuje od roku 1993. Bylo zaměřeno na studium symptomatické a výnosové reakce vybraného sortimentu na infekci virem a na charakterizaci českých odrůd a novošlechtění z hlediska jejich odolnosti. Předkládaná práce je výsledkem tohoto studia.

MATERIÁL A METODY

Problematika reakce ječmene jarního na infekci BYDV byla studována v maloparcelkových polních pokusech na stanovišti Praha-Ruzyně v letech 1993–1996. Do pokusů bylo zařazeno 85 povolených odrůd, perspektivních novošlechtění a zahraničních materiálů. Z tohoto souboru bylo 38 materiálů podrobně zkoumáno v průběhu 2–3 let, zbývajících 47 pak orientačně testováno jeden rok.

Polní pokusy obsahovaly dvě varianty, a to infekční a kontrolní (bez infekce), přičemž každá varianta měla tři opakování. Byly zakládány, sledovány

a hodnoceny podle metodických postupů, které uveřejnili Šíp et al. (1995) a Vacke et al. (1996a). K infekci pokusných materiálů jsme vybrali vysoce patogenní kmen viru PAV, jehož výskyt na území ČR silně převládá. U dvouletých až tříletých pokusů se hodnotily tyto znaky: výška rostlin (VYR), počet klasů na rostlinu (PKR), hmotnost zrna na klas (HZK), hmotnost 1000 zrn (HTZ), hmotnost zrna na plochu (HZP), hmotnost biomasy na plochu (HBP), hmotnost slámy na plochu (HSP), sklizňový index (HI), intenzita symptomů (SH) a index náchylnosti (SI). Hodnota indexu náchylnosti byla vypočítána podle vzorce, který odvodili Comeau a St.-Pierre (1982). V jednoletých pokusech, které měly orientační charakter, se hodnotila pouze symptomatická reakce materiálů na infekci BYDV podle stupnice, kterou vyvinuli Schaller a Qualset (1980) (0–9, 0 bez symptomů).

VÝSLEDKY A DISKUSE

Výsledky dvouletých, tříletých i jednoletých polních pokusů ukázaly, že BYDV vyvolal u sledovaných materiálů silnou symptomatickou reakci. Hodnocení tohoto znaku, který je souborem barevných a morfologických změn, se u materiálů testovaných dva až tři roky pohybovalo v rozmezí 5,2–9 a v průměru dosáhlo stupně 7 (tab. I). V jednoletých pokusech intenzita symptomů kolísala v rozmezí 5–9, přičemž průměr činil 8,13. S obdobnou citlivostí reagoval náš sortiment ovsa, výsledky jeho testování byly již dříve zveřejněny (Vacke et al., 1996b). Naproti tomu u pšenice ozimé i jarní byla zaznamenána mírnější reakce (Šíp et al., 1995; Vacke et al., 1996a).

Z výsledků tříletých pokusů uvedených v tab. I vyplývá, že infekce BYDV negativně ovlivnila všechny výnosové znaky u 13 testovaných materiálů. Tento soubor je dostatečně reprezentativní pro charakteristiku postižení jednotlivých znaků. Největší průměrná procentní redukce byla zjištěna u hmotnosti zrna na klas (63,14 %) a na plochu (67,2 %). O něco nižší redukce byla zaznamenána u hmotnosti biomasy na plochu (49,61 %) a podstatně menší u hmotnosti slámy (37,75 %). Získané údaje svědčí o tom, že infekce BYDV postihla citelněji reprodukční orgány než vegetativní hmotu. Hodnota sklizňového indexu byla snížena o 40,57 % a výška rostlin o 31,36 %. Nejmenší průměrnou redukcí způsobila virová infekce u hmotnosti 1 000 zrn (25,05 %) a počtu klasů na rostlinu (16,54 %). Z uvedeného je možné konstatovat, že

I. Průměrné hodnoty sledovaných znaků v infekční variantě (I) a procentní redukce proti neinfikované kontrole ($N = 100 - I/K \cdot 100$) z 13 odrůd ječmene jarního testovaných ve tříletých pokusech – Average values of the examined traits in the infection variant (I) and percent reductions ($N = 100 - I/K \cdot 100$; K = uninfected variant) obtained from 13 varieties of spring barley tested in three years trials

	1993		1994		1995		x (1993, 1994, 1995)	
	I	N	I	N	I	N	I	N
1 VYR	51,79	23,66	45,90	37,76	49,74	32,66	49,14	31,36
2 PKR	6,36	9,02	5,26	38,55	3,24	2,06	4,95	16,54
3 HZK	0,382	56,91	0,255	71,10	0,175	61,40	0,271	63,14
4 HTZ	38,66	25,18	33,36	24,14	18,04	25,84	30,02	25,05
5 HZP	159,84	58,80	83,06	82,23	67,56	60,57	103,48	67,20
6 HBP	555,55	44,14	378,47	65,17	267,52	39,51	400,51	49,61
7 HSP	395,71	34,76	295,42	52,29	199,96	26,19	297,03	37,75
8 HI	0,270	31,11	0,199	53,80	0,134	36,79	0,201	40,57
9 SH	6,52		7,3		7,18		7,00	
10 SI	5,73		6,92		3,36		5,34	

1 VYR = výška rostliny (cm) – plant height (cm)

2 PKR = počet klasů na rostlinu – ear number per plant

3 HZK = hmotnost zrna na klas (g) – grain weight per ear (g)

4 HTZ = hmotnost tisíce zrn (g) – thousand grain weight (g)

5 HZP = hmotnost zrna na plochu (g/m^2) – grain yield (g/m^2)

6 HBP = hmotnost biomasy na plochu (g/m^2) – biomass yield (g/m^2)

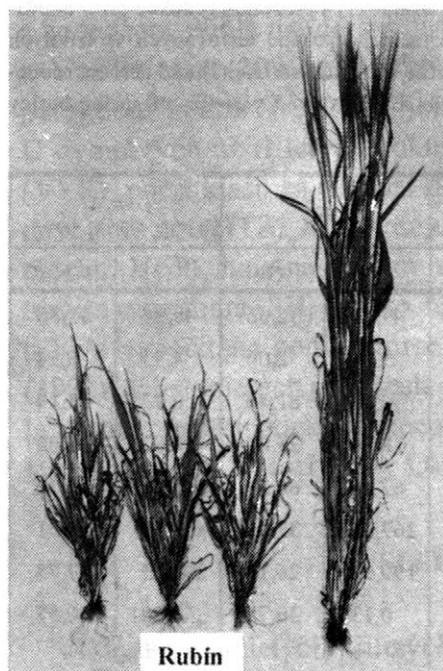
7 HSP = hmotnost slámy (g/m^2) – straw yield (g/m^2)

8 HI = sklizdový index – harvest index

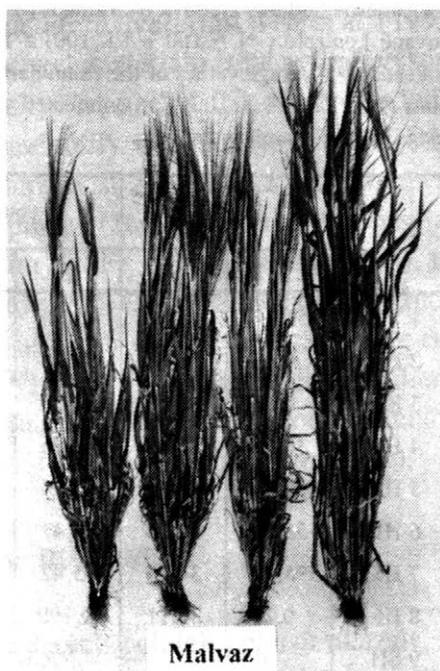
9 SH = symptomatické hodnocení (0–9, 0 – bez symptomů) – symptom score (0–9, 0 – without symptoms)

10 SI = index náchylnosti – susceptibility index

z komponent výnosu ovlivnila nákaza BYDV ve větší míře hmotnost zrna na klas než počet klasů na rostlinu. Obdobné tendence v redukci výnosových znaků jako u jarního ječmene byly zaznamenány v pokusech s pšenicí ozimou i jarní a ovsem (Šíp et al., 1995; Vacke et al., 1996a, b). U pšenice však byly naměřené hodnoty ve všech případech podstatně nižší. Nejvíce se



1. Symptomatický projev infekce BYDV u silně náchylné odrůdy ječmene jarního Rubín; vpravo zdravá rostlina – Symptoms of BYDV infection in very susceptible variety of spring barley Rubín; uninfected plant to the right



2. Symptomatický projev infekce BYDV u mírně odolné odrůdy ječmene jarního Malvaz; vpravo zdravá rostlina – Symptoms of BYDV infection in moderately resistant variety of spring barley Malvaz; uninfected plant to the right

blížily hodnotám redukci, které byly pozorovány u ovsa infikovaného BYDV.

Přesnost (opakovatelnost) naměřených údajů mezi jednotlivými pokusnými ročníky byla zjišťována korelační analýzou. Její výsledky ukazují, že byla větší u infekční varianty samotné než u poměrových stanovení redukce (tab. II). Korelační koeficienty v této variantě byly vždy statisticky významné nebo vysoce významné pro hmotnost 1 000 zrn, hmotnost zrna na plochu, hmotnost biomasy, symptomatické hodnocení a index náchylnosti. U znaku hmotnosti zrna na klas byly dva korelační koeficienty statisticky významné, u sklizňového indexu pouze jeden. Z uvedeného tedy mimo jiné vyplývá, že podobně jako u ostatních obilnin je výhodné hodnotit stupeň rezistence odrůd a novošlechtění na základě reakce v infekční variantě.

II. Korelace vybraných znaků u 13 odrůd ječmene jarního mezi jednotlivými pokusnými ročníky (I = infekční varianta; 100 - I/K.100 = procentní redukce) – Correlations between the selected trait values of 13 varieties of spring barley in different years (I – infection variant; 100 - I/K.100 = percent reduction from uninfected variant)

	I			100 - (I/K)100		
	1993-94	1993-95	1994-95	1993-94	1993-95	1994-95
3 HZK	0,489	0,897 ^{xx}	0,612 ^x	0,562 ^x	0,285	0,460
4 HTZ	0,586 ^x	0,752 ^{xx}	0,606 ^x	0,665 ^x	0,492	0,243
5 HZP	0,612 ^x	0,862 ^{xx}	0,762 ^{xx}	0,691 ^{xx}	0,623 ^x	0,575 ^x
6 HBP	0,591 ^x	0,663 ^x	0,833 ^{xx}	0,615 ^x	0,557 ^x	0,464
8 HI	0,492	0,404	0,638 ^x	0,628 ^x	0,372	0,449
9 SH	0,805 ^{xx}	0,941 ^{xx}	0,923 ^{xx}			
10 SI	0,742 ^{xx}	0,572 ^x	0,650 ^x			

^{xx} $P < 0.01$; ^x $P < 0,05$

3-10 viz tab. I – for 3-10 see Table I

O reakci 38 odrůd a novošlechtění na infekci BYDV, které byly testovány v průběhu 2-3 let, informuje tab. III. V ní je podán přehled průměrných hodnot u pěti nejzávažnějších znaků. Jsou to hmotnost zrna na plochu, hmotnost zrna na klas, sklizňový index, symptomatické hodnocení a index náchylnosti. U prvních tří znaků je uvedena rovněž procentní redukce ve srovnání s kontrolní neinfikovanou variantou. Z výsledků vyplývá, že žádný z testovaných materiálů neměl vyšší hladinu rezistence. Svědčí o tom jak jednotlivé znaky, tak souhrnný ukazatel reakce – index náchylnosti, který měl poměrně vysoké hodnoty (4,6-9,1). Za mírně odolné lze považovat odrůdy Atribut a Malvaz s nejvyšším výnosem zrna na plochu a poměrně nízkým indexem náchylnosti (4,6 a 5,2). Mírná odolnost odrůdy Malvaz je pravděpodobně založena na dvou nezávislých recesivních genech (Š í p et al., 1996). Jako mírně náchylné se jevíly odrůdy Amulet, Ditta, Ladik, Reggae a novošlechtění ST-180, ST 181 a ST 183 (SI 5,6-6,0). Zbývající odrůdy, tj. Akcent, Donum, Forum, Heran, Jarek, Jaspis, Jubilat, Kompakt, Krona, Novum, Olbram, Orbit, Pax, Primus, Profit, Rubín, Signál, Sladko, Stabil, Svit, Terno a Viktor, jakož i novošlechtění BR 4148, CE 685, HE 6124, KM 1252, ST 159, ST 177 a ST 182, je možné klasifikovat jako náchylné až silně náchylné.

III. Průměrné hodnoty vybraných znaků u 38 odrůd ječmene jarního ze tří (dvou) let v infekční variantě (I) a procentní redukce proti neinfikované kontrole ($100 - I/K \cdot 100$) – Average values of the selected traits in 38 varieties of spring barley tested in three (two) years obtained in the infection variant (I) and as percent reductions from uninfected variant ($100 - I/K \cdot 100$)

Odrůda ¹	HZP		HZK		HI		SH	SI
	Infekce	$100 - (I/K) \cdot 100$	Infekce	$100 - (I/K) \cdot 100$	Infekce	$100 - (I/K) \cdot 100$		
Akcent	66,25	82,49	0,196	76,44	0,177	53,32	8,2	7,5
Amulet	122,40	67,51	0,454	50,98	0,269	36,22	6,9	6,0
Atribut	207,31	51,24	0,306	64,92	0,276	31,01	5,8	5,2
BR 4148*	50,00	79,35	0,142	72,76	0,137	39,10	8,1	7,9
CE 685*	120,78	71,74	0,293	62,28	0,272	39,18	7,7	6,3
Ditta*	119,90	73,81	0,335	62,20	0,274	37,87	6,9	6,0
Donum	9,03	91,71	0,041	84,03	0,053	57,03	9,0	9,1
Forum	74,63	76,52	0,151	75,06	0,142	47,35	7,8	7,6
HE 6124*	81,35	79,44	0,252	68,87	0,176	54,41	7,7	7,3
Heran ⁺	71,23	81,44	0,295	65,51	0,270	34,48	7,6	6,5
Jarek*	20,83	90,50	0,063	88,21	0,065	66,72	8,6	8,8
Jaspis	43,50	85,37	0,151	73,63	0,098	65,15	8,9	8,6
Jubilant*	8,54	96,08	0,047	87,38	0,049	77,43	8,9	9,1
KM 1252*	21,88	90,18	0,046	88,29	0,050	74,74	8,5	8,9
Kompakt*	63,91	83,51	0,191	78,96	0,155	63,43	7,1	7,3
Krona*	112,03	69,81	0,322	63,53	0,228	43,54	6,7	6,3
Ladik	125,69	64,42	0,359	57,06	0,277	30,28	7,0	6,0
Malvaz	244,44	37,78	0,511	44,74	0,304	23,54	5,2	4,6
Novum*	51,81	75,04	0,146	60,39	0,182	20,19	7,6	7,3

Table III to be continued

Odrůda ¹	HZP		HZK		HI		SH	SI
	Infekce	100 - (I/K).100	Infekce	100 - (I/K).100	Infekce	100 - (I/K).100		
Olbram*	36,07	83,14	0,105	73,33	0,099	53,13	8,4	8,4
Orbit	115,42	61,27	0,248	59,37	0,184	33,57	7,5	7,0
Pax*	20,31	90,97	0,066	84,86	0,097	52,44	8,1	8,4
Primus*	30,60	85,65	0,099	69,92	0,094	46,80	8,7	8,6
Profit*	106,51	72,52	0,401	48,77	0,254	41,31	7,1	6,3
Reggae*	132,60	63,46	0,356	56,39	0,316	25,19	7,1	5,6
Rubin	33,13	89,24	0,164	72,22	0,095	71,26	8,7	8,6
ST 159 ⁺	51,69	87,58	0,202	76,80	0,164	60,23	8,4	7,8
ST 177 ⁺	121,30	72,57	0,308	66,64	0,210	50,16	7,0	6,6
ST 180 ⁺	114,90	73,94	0,324	63,20	0,292	29,57	7,1	5,9
ST 181 ⁺	130,31	67,62	0,409	55,75	0,282	34,05	6,9	5,8
ST 182 ⁺	106,90	76,17	0,378	62,96	0,276	33,75	7,4	6,2
ST 183 ⁺	119,06	72,04	0,350	64,40	0,263	34,02	5,7	5,6
Signal*	22,97	90,93	0,087	81,80	0,073	62,10	8,8	8,8
Sladko	79,16	78,60	0,258	69,08	0,202	49,83	8,1	7,2
Stabil	124,40	57,97	0,305	50,23	0,229	23,80	6,9	6,4
Svit	57,22	79,25	0,191	70,82	0,157	43,36	8,3	7,8
Terno*	25,55	88,07	0,110	76,86	0,074	66,45	8,6	8,7
Viktor*	17,30	91,65	0,049	86,72	0,059	69,93	8,7	8,9

odrůdy zkoušené 2 roky – varieties tested in two years

⁺1993,1994; *1994,1995

Symboly znaků viz vysvětlivky v tab. I – For explanation of symbols see Table I; ¹variety

IV. Symptomatické hodnocení infekce BYDV u odrůd (nšl.) ječmene jarního zkoušených pouze v jednom roce – Symptom scoring of BYDV infection in the varieties (lines) of spring barley varieties (lines) tested only in one year

Odrůda, nšl. ¹	SH	Odrůda, nšl.	SH
2.01168	5	NS 90/1320	9
3880 i	7,5	NS 90/1465	8
BR-5125	8	Nevada	9
BR-5131	7,8	P 6833.92	7,5
Bonus	8,0	PF 512-72-6	8
CE 686	7,8	Perun	8,3
CE-605	7,5	RIFF	7,6
CE-785	8,2	Ragtime	9
CE-790	7,8	SEMU 80087	7,8
CEB 9079	8,5	SG-S 185	7,8
Freya	8,9	SG-S 186	9
Galan	8,1	SG-S 188	8,8
Gitane	8,7	SG-U 503	9
HE-6260	5,5	SG-U 832	9
HE-6496	9	SK 13-9-91	7,5
HE 5038	8,7	SK 3212	8,1
HE 6037	9	SK-B23-3-88	7,5
HMK-8	9	ST 173	8,9
KM-997	8	ST 178	7,0
KM-1375	8	ST 179	8,0
KM 1220	7,5	ST 184	8,2
LP 7055-9	8,8	Texane	9
LP 7133-5	8,5	Viva	7,8
Lumar	8,8		

¹variety, line

V orientačním jednoletém pokusu, v němž byla hodnocena pouze symptomatická reakce 47 materiálů, se pouze u dvou novošlechtění indikovala možnost mírné rezistence (tab. IV). Jednalo se o materiály 2.01168 a HE-6260,

u kterých symptomatické hodnocení činilo 5 a 5,5. Zbývající odrůdy a novošlechtění se symptomatickým hodnocením 7,5-9 je možné orientačně hodnotit jako náchylné až silně náchylné. V ověřování těchto předběžných výsledků se bude pokračovat.

Z výsledků našich pokusů vyplývá, že v českém sortimentu ječmene jarního chybí odrůdy s vyšším stupněm rezistence. Převládají v něm materiály náchylné až silně náchylné. Perspektivní a vysoce efektivní ochranu ječmene jarního proti BYDV, založenou geneticky, není tedy možné v pěstitelské praxi zajistit. Vzhledem ke vzrůstající hospodářské závažnosti viru a málo účinné ochraně jinými způsoby je cílené šlechtění ječmene jarního na odolnost vůči němu nanejvýš žádoucí. V zahraničí již práce v této oblasti značně pokročily. Jako zdroje rezistence jsou ve šlechtění využívány materiály obsahující neúplně dominantní *Yd2* gen s velkým účinkem (Schaller et al., 1983). U ječmene byly rovněž identifikovány geny rezistence malého účinku (Qualset et al., 1987). Suneson (1955) popsal u ječmene recesivní gen *yd1*, který však není prakticky využíván.

Ve VÚRV se prověřuje účinnost deklarovaných zdrojů rezistence získaných z CIMMYT Mexiko a ICARDA Sýrie. Jako velice slibné se v příslušných testech ukázaly odrůdy jarního ječmene Corris, Giza 121/PUE a Sutter, které byly začleněny do hybridizačních programů.

L i t e r a t u r a

- COMEAU, A., St.-PIERRE, C. A. (1982): Trials on the resistance of cereals to barley yellow dwarf virus (BYDV). Report no 4. Res. Stat. Agric. Canada, Sainte-Foy, Quebec, Canada: 132 s.
- GILL, C. C., BUCHANON, K. W., WESTDAL, P. H. (1969): Susceptibility to the yellow dwarf virus of barley varieties grown in Manitoba, and assesment of african varieties for tolerance. Can. J. Plant Sci., 49: 287-292.
- PIKE, K. S. (1990): A review of barley yellow dwarf virus grain yield losses. In: BURNETT, P. A. (Ed.): World Perspectives on Barley Yellow Dwarf. Mexico, CIMMYT: 356-361.
- QUALSET, C. O. (1983): Evaluation and breeding methods for barley yellow dwarf resistance. Barley Yellow dwarf. In: Proc. Workshop. Mexico, CIMMYT: 72-80.
- QUALSET, C. O., LORENS, G. F., ULLMAM, D. E., Mc GUIRE, P. E. (1987): Genetics of host plant resistance to barley yellow dwarf virus. In: Proc. Int. Workshop: 368-382.

SCHALLER, C. W., RASMUSSEN, D. C., QUALSET, C. O. (1963): Sources to resistance the barley yellow dwarf virus in barley. *Crop Sci.*, 3: 342-344.

SCHALLER, C.W., QUALSET, C.O. (1980): Breeding for resistance to barley dwarf virus. In: Proc. Third Int. Wheat Conf., Madrid, Spain, University of Nebraska Agric. Experiment. Station, public. MP 41: 528-541.

SUNESON, C. A. (1955): Breeding for resistance the barley yellow dwarf virus in barley. *Agron. J.*, 47: 283.

ŠÍP, V., VACKE, J., ŠKORPÍK, M. (1995): Reakce českých a slovenských odrůd pšenice ozimé na infekci virem žluté zakrslosti ječmene. *Genet. a Šlecht.*, 31: 253-266.

ŠÍP, V., VACKE, J., ŠKORPÍK, M., CHRPOVÁ, J. (1996): 1995 Annual Report, RICP, Prague: 27.

VACKE, J., ŠÍP, V., ŠKORPÍK, M. (1996a): Reakce vybraných odrůd pšenice jarní na infekci virem žluté zakrslosti ječmene. *Genet. a Šlecht.*, 32: 95-106.

VACKE, J., ŠÍP, V., ŠKORPÍK, M. (1996b): Reakce vybraného sortimentu ovsu na infekci virem žluté zakrslosti ječmene v rané růstové fázi. *Genet. a Šlecht.*, 32: 183-192.

Došlo 5. 12. 1996

Kontaktní adresa:

Ing. Josef Va c k e, CSc., Výzkumný ústav rostlinné výroby
161 06 Praha 6-Ruzyně, Česká republika
tel.: 00 420 2 360 851, fax: 00 420 2 365 229

ODOLNOST K PADLÍ TRAVNÍMU U NOVOŠLECHTĚNÍ JEČMENE*

Resistance to Powdery Mildew of Barley Lines

Antonín DREISEITL

Agricultural Research Institute Kroměříž, Ltd., Kroměříž, Czech Republic

Abstract: A set of 66 barley breeding lines was tested for resistance to powdery mildew. These lines were tested using selected powdery mildew pathotypes in individual years. The phenotype of line-pathotype interactions was scored according to the 0–4 scale (Torp et al., 1978). European codes (Boesen et al., 1996) were used to designate identified resistances. The lines which show heterogeneous reactions (occurrence of one or more infection types within one or more line-pathotype interactions) are composed of at least two lines with different reactions to powdery mildew (a total of 13 lines). In this case, sign + is among the respective resistance codes in Table I. Each of the tested lines (except for one) carried at least one gene of specific resistance to powdery mildew. A total of 13 known resistances were identified: Al, Ri, Sp, Ly, MC, Ar, Ru, La, At, We, Kr, Mlo, and Bw. Resistances At, Kr and Bw are discussed. The necessity to use different resistances for spring and winter varieties is pointed out.

Hordeum vulgare; *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*; pathotypes; resistance genes

Abstrakt: Byla studována odolnost souboru 66 nšl. ječmene k padlí travnímu. Novošlechtění byla v jednotlivých letech testována vybranými patotypy padlí travního. Fenotyp interakcí novošlechtění – patotyp byl hodnocen stupnicí 0–4 (Torp et al., 1978). K označení zjištěných odolností jsou užity evropské kódy (Boesen et al., 1996). Nšl. s heterogenní reakcí (výskyt dvou nebo více infekčních typů v rámci jedné či více interakcí nšl. – patotyp) jsou tvořena nejméně dvěma liniemi s odlišnou reakcí k padlí (celkem 13 nšl.) – v tab. I je mezi příslušnými kódy odolnosti znaménko +. Každé z testovaných nšl. (s výjimkou jednoho) obsahovalo nejméně jeden gen specifické odolnosti k padlí. Celkem bylo zjištěno těchto 13 známých odolností: Al, Ri, Sp, Ly, MC, Ar, Ru, La, At, We, Kr, Mlo a Bw. Jsou diskutovány odolnosti At, Kr a Bw. Je poukázáno na nutnost použití rozdílných odolností pro jarní a ozimé odrůdy.

Hordeum vulgare; *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*; patotypy; geny odolnosti

* Práce byla zpracována v rámci řešení grantu Grantové agentury ČR č. 503/93/0388.

Padlí travní (*Erysiphe graminis* DC. f. sp. *hordei* Ém. Marchal) je v České republice nejvýznamnější chorobou ječmene (Dreiseitl, Jurečka, 1996). Odolné odrůdy umožňují pěstitelům snížit výrobní náklady. Proto je odolnost k padlí travnímu jedním ze znaků sledovaných Ústředním kontrolním a zkušebním ústavem zemědělským. U všech perspektivních odrůd a novošlechtění jsou identifikovány geny specifické odolnosti k této chorobě a současně je sledována jejich odolnost v polních podmínkách.

Cílem této práce bylo zpracovat výsledky identifikace významných genů odolnosti u novošlechtění. Tyto informace mohou být využity při predikci odolnosti odrůd a šlechtitelských zdrojů, vytvořených na základě sledovaných novošlechtění.

MATERIÁL A METODY

Princip použité metody, která vychází z teorie "gen proti genu" (Flor, 1955) popsal Dreiseitl (1996).

Novošlechtění

Jsou uvedeny výsledky studia 66 českých a slovenských novošlechtění (nšl.) ječmene (tab. I). Jako standardy jednotlivých odolností posloužily mimo jiné blízké izogenní linie na bázi odrůdy Pallas (Kolster et al., 1986), linie KM 1192 a odrůda Borwina.

Patotypy

Použité patotypy a konstrukce jejich jednotného identifikačního označení popsal Dreiseitl (1996). V tab. II je uvedena reakce osmi z celkového počtu 19 použitých patotypů. Ty postačují k determinaci zjištěných odolností. Z nich např. patotypy 4376 a 7375 byly použity až v posledních dvou letech. Dříve tedy nemohly být rozlišeny či identifikovány např. kombinace odolností Ru We či Ru At. Použitými patotypy nemohla být dále rozlišena odolnost Ar od kombinace odolnosti Ar We a nemohla být identifikována případná přítomnost odolnosti Kw u nšl. s odolností MC. Tato omezení však nejsou vzhledem k charakteru studovaných objektů významná.

Postup testování popsal Dreiseitl (1992). Použité evropské kódy (Boesen et al., 1996) uvedl ve své práci Dreiseitl (1996).

VÝSLEDKY

Byla získána reakční spektra, z nichž ta, která jsou projevem identifikovaných odolností, jsou uvedena v tab. II. V ní je uvedeno 23 homogenních a 3 heterogenní spektra.

Spektrum 0 (None) je charakteristické pro nšl. bez zjištěné specifické odolnosti k padlí. Všechny patotypy vytvářejí infekční typ (i. t.) 4, svědčící o náchylnosti. Takovéto spektrum bylo zjištěno jen u nšl. ječmene ozimého KM 1779 a KM 380.

Spektrum 1 (La) se vyznačuje inkompatibilním i. t. 2–3 ke čtyřem z použitých patotypů. Je projevem odolnosti pocházející z *Hordeum laevigatum*, která je obsažena v linii P23. Podobnou reakcí se vyznačuje i nšl. KM UH C 545b.

Následující spektra 2 a 3 nebyla samostatně zjištěna u žádného ze sledovaných nšl. Jejich uvedení je potřebné k určení kombinací těchto odolností s ostatními.

Spektrum 2 (At) je tvořeno avirulentní reakcí (i. t. 1–2) prvních šesti a virulencí zbylých dvou patotypů (4563 a 7375). Bylo získáno u linie P20 s odolností odvozenou od odrůdy Atlas.

Spektrum 3 (We) se vyznačuje inkompatibilní reakcí (i. t. 0) k patotypům 6000 a 7375. Vyznačuje se jí linie P21, jejíž odolnost pochází z kmene Weihenstephan MR II.

Spektrum 4 (Al) se vyznačuje kompatibilní reakcí k patotypům 5426 a 7375. Fenotypem odolnosti je i. t. 0. Spektrum je totožné se spektrem linie P01, jejíž odolnost byla odvozena od ječmene Algerian. Stejně spektrum bylo zjištěno i u nšl. BR 2174 a BR 4148.

Spektrum 5 (Ri) vyjadřuje kompatibilitu tří patotypů uvedených v tab. II. Inkompatibilita je vyjádřena i. t. 1. Spektrum bylo zjištěno, vedle linie P02 s odolností ječmene Ricardo i u nšl. BR 3011, ST 158 a KM 1220.

Spektrum 6 (Ri La) je kombinací spekter 5 a 1. Bylo zjištěno u nšl. KM BR A 10

Spektrum 7 (Sp) je charakterizováno avirulencí (i. t. 0) pouze jednoho patotypu (0102). Takovýto projev vykazala linie P06 (s odolností odvozenou od prvního ječmene z poddruhu *Hordeum spontaneum*, který byl použit vzhledem ke své odolnosti k padlí travnímu) a dále nšl. ječmene ozimého KM 1490.

I. Novošlechtění ječmene – Barley breeding lines

Poř. číslo ¹	Novošlechtění ²	Spektrum ³	Evropské kódy ⁴
Ječmen jarní⁵			
I.	HE 1428	23a	Ly+none
II.	HE 2592	17	Ru
III.	KM 341	23b	Kr,La,We+La,We
IV.	HE 3380	17	Ru
V.	ST 139	10	Ly
VI.	SK 3116	17	Ru
VII.	HE 4436	17	Ru
VIII.	DB 144	23c	Ri,We+Ri
IX.	ST 6984	9	Sp At
X.	BR 1519	16	Kr
XI.	KM 184	16	Kr
XII.	SK 2074	9	Sp At
1.	SK 1952	12	MC
2.	BR 2174	4	Al
3.	KM BR A10	6	Ri La
4.	TR 1148	17	Ru
5.	CE 396	20	Mlo
6.	KM 143	16	Kr
7.	KM UH C 545b	1	La
8.	HE 3527	10	Ly
9.	BR 3011	5	Ri
10.	DB 132	17	Ru
11.	HE 3631	–	U
12.	ST 146	20	Mlo
13.	BR 3351	23	MC+U
14.	CE 597	23	Ly+Ly,U
15.	HE 4886	17	Ru
16.	ST 158	5	Ri
17.	HE 4809	16	Kr
18.	CE 431	20	Mlo
19.	HE 5082	–	Ar U
20.	BR 3583	20	Mlo
21.	CE 590	9	Sp At
22.	TR 3245	23	U+U

Pokr. tab. I – Table I to be continued

Poř. číslo ¹	Novošlechtění ²	Spektrum ³	Evropské kódy ⁴
23.	ST 159	23	Ly+Ly,U
24.	HE 5432	8	Sp La
25.	CE 686	19	Ru At
26.	KM 1220	5	Ri
27.	BR 4148	4	Al
28.	KM 1252	23	U+U
29.	HE 5322	23	U+U
30.	HE 6621	–	Ly U
31.	KM 1338	18	Ru We
32.	SG U 18	–	Ru U
33.	SG U 308	15	Ar At
34.	BR 4431	18	Ru We
35.	BR 4600	23	U+U
36.	HM K 8	23	We+We,U
37.	SK B 23-3	23	Mlo+U
38.	BR 5131	11	Ly La
39.	CE 785	10	Ly
40.	CE 790	21	Mlo Ly
41.	HE 6496	9	Sp At
42.	KM 1375	23	U+U
43.	SG S 188	18	Ru We
44.	SG U 503	13	MC La
45.	SG U 832	20	Mlo
Ječmen ozimý⁶			
46.	LU 45	22	Bw
47.	KM 948	23a	Ly+none
48.	KM 2099	20	Mlo
49.	KM 1779	0	none
50.	KM 380	0	none
51.	KM 1490	7	Sp
52.	LU 459	22	Bw
53.	LU 74	22	Bw
54.	HM 152	22	Bw

¹order number; ²breeding line; ³spectrum; ⁴European codes; ⁵spring barley; ⁶winter barley

Spektrum 8 (Sp La) je charakterizováno dvěma rozdílnými i. t. (0 a 2–3) vyjadřujícími odolnost. Je kombinací spekter 7 a 1. Odpovídá mu společná přítomnost obou odolností. Bylo zjištěno u nšl. HE 5432.

Spektrum 9 (Sp At) je také složeno ze dvou základních spekter 7 a 2. Bylo nalezeno u nšl. ST 6984, SK 2074, CE 590 a HE 6496.

Spektrum 10 (Ly) je vyjádřením projevu čtyř v tab. I uvedených avirulencí patotypů s i. t. 1. Je charakteristické pro linii P04B s odolností označenou podle ječmene Lyallpur. Stejně spektrum bylo zjištěno u nšl. ST 139, HE 3527 a CE 785.

Spektrum 11 (Ly La) je opět tvořeno dvěma spektry s rozdílným i. t. (1 a 2–3). Vykázalo je nšl. BR 5131.

Spektrum 12 (MC) je definováno avirulencí čtyř z 8 použitých patotypů. Fenotyp odolnosti se vyznačuje i. t. 0. Toto spektrum bylo získáno u standardní linie P08B s odolností odvozenou od ječmene Monte Cristo a u nšl. SK 1952.

Spektrum 13 (MC La) je kombinací spekter 12 a 1. Bylo zjištěno u nšl. SG-U 503.

Spektrum 14 (Ar) vyjadřuje avirulenci (i. t. 0–1) čtyř patotypů uvedených v tab. II. Je podmíněně přítomností odolnosti z ječmene Arabische, která je obsažena ve standardní linii P10.

Spektrum 15 (Ar At) je kombinací předchozího spektra 14 a spektra 2. Bylo zjištěno u nšl. SG-U 308.

Spektrum 16 (Kr) se vyznačuje kompatibilitou patotypů 4376 a 7375. Inkompatibilita k ostatním 6 patotypům je charakterizována i. t. 1–2. Spektrum bylo vedle originální linie KM 1192 zjištěno i u nšl. BR 1519, KM 184, KM 143 a HE 4809.

Spektrum 17 (Ru) je podobné předchozímu spektru 16. Pouze inkompatibilita je charakterizována i. t. 0. Toto spektrum, charakteristické pro linii P11 s odolností odvozenou od odrůdy Rupal, vykázala i nšl. SK 3116, HE 4436, HE 2592, HE 3380, TR 1148, DB 132 a HE 4886.

Spektrum 18 (Ru We) je kombinací spekter 17 a 3. Obě příslušné odolnosti se vyznačují i. t. 0. Bylo zjištěno u nšl. KM 1338, BR 4431 a SG-S 188.

Spektrum 19 (Ru At) je opět kombinací dvou základních spekter 17 a 1. Vyznačovalo se jím nšl. CE 686.

II. Spektra reakcí sledovaných novošlechtění ječmene po inokulaci příslušnými patotypy padlí travního – Reaction spectra of tested barley breeding lines after inoculation with corresponding powdery mildew pathotypes

Spektrum ¹	Kód odolnosti ²	Patotypy ³							
		0102	6000	5426	4322	6662	4376	4563	7375
0	none	4	4	4	4	4	4	4	4
1	La	2-3	2-3	2-3	2-3	4	4	4	4
2	At	1-2	1-2	1-2	1-2	1-2	1-2	4	4
3	We	4	0	4	4	4	4	4	0
4	Al	0	0	4	0	0	0	0	4
5	Ri	1	4	1	1	4	1	1	4
6	Ri La	1	2-3	1	1	4	1	1	4
7	Sp	0	4	4	4	4	4	4	4
8	Sp La	0	2-3	2-3	2-3	4	4	4	4
9	Sp At	0	1-2	1-2	1-2	1-2	1-2	4	4
10	Ly	4	1	1	4	1	4	4	4
11	Ly La	2-3	1	1	2-3	1	4	4	4
12	MC	0	0	0	4	4	4	0	4
13	MC La	0	0	0	2-3	4	4	0	4
14	Ar	0-1	0-1	4	0-1	4	0-1	4	0-1
15	Ar At	0-1	0-1	1-2	0-1	1-2	0-1	4	0-1
16	Kr	1-2	1-2	1-2	1-2	1-2	4	1-2	4
17	Ru	0	0	0	0	0	4	0	4
18	Ru We	0	0	0	0	0	4	0	0
19	Ru At	0	0	0	0	0	1-2	0	4
20	Mlo	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)	0(4)
21	Mlo Ly	0(4)	0(1)	0(1)	0(4)	0(1)	0(4)	0(4)	0(4)
22	Bw	2	2	4	2	2	4	2	4
23	heterogenní ⁴	více i. t. v interakci nšl. – patotyp ⁵							
23a	Ly+none	4	1+4	1+4	4	1+4	4	4	4
23b	Kr,La,We+La,We	1+3	0	1+3	1+3	1+4	4	1+4	0
23c	Ri,We+Ri	1	0+4	1	1	4	1	1	0+4

¹spectrum; ²resistance code; ³pathotypes; ⁴heterogeneous; ⁵more i. t. in the breeding line – pathotype interaction

Spektrum 20 (Mlo) je tvořeno specifickým avirulentním projevem (i. t. 0 s ojedinělými kupkami padlí). Je charakteristické pro přítomnost genu *mlo*, který je obsažen v linii P22. Stejná reakce byla zjištěna i u nšl. CE 396, ST 146, CE 431, BR 3583, SG-U 832 a nšl. ječmene ozimého KM 2099.

Spektrum 21 (Mlo Ly) je kombinací spekter 20 a 10. Vykázalo je nšl. CE 790.

Spektrum 22 (Bw) je typické obrannou reakcí (i. t. 2) ke čtyřem patotypům uvedeným v tab. II. Takováto reakce byla poprvé zjištěna u odrůdy ozimého ječmene Borvina (Dreiseitl, 1993). Stejně spektrum bylo zjištěno u nšl. ozimého ječmene LU 45, LU 459, LU 74 a HM 152.

Spektra 23 se vyznačují společnou přítomností (na rozdíl od kombinace) různých spekter a vyjadřují reakci heterogenních nšl., která jsou tvořena liniemi s různými odolnostmi k padlí travnímu.

Spektrum 23a (Ly+none) je zjistitelné současnou přítomností náchylnosti i odolnosti u čtyř interakcí nšl. – patotyp (tab. II). Vyjadřuje současnou přítomnost spekter 0 a 10. Bylo zjištěno u nšl. ječmene jarního HE 1428 a u nšl. ječmene ozimého KM 948.

Spektrum 23b (Kr, La, We+La, We) je složité spektrum vyjadřující přítomnost dvou z hlediska odolnosti k padlí různých linií. Jedna obsahuje společně odolnosti podmiňující spektra 16, 1 a 3 a druhá linie obsahuje odolnosti se spektry 1 a 3. Spektrum 23b bylo zjištěno u nšl. KM 341.

Spektrum 23c (Ri, We+Ri) se vyznačuje současnou přítomností spektra 5 a složeného spektra 3+5 u nšl. DB 144.

Ve sledovaném souboru bylo u dalších 10 nšl. zjištěno heterogenní spektrum 23. Rozklad na jednotlivá základní spektra se zčásti podařilo u pěti z nich (byla určena alespoň jedna odolnost u vzorků č. 16, 17, 26, 39 a 40). U dalších pěti vzorků s heterogenní reakcí (č. 25, 31, 32, 38 a 45) se nepodařilo určit žádnou z nejméně dvou přítomných odolností. To mohlo být způsobeno zvláště přítomností více než dvou různých linií či přítomností příměsí v osivu daného nšl. To lze napravit testováním jednotlivých šlechtitelských linií každé odrůdy či novošlechtění (Dreiseitl, nepubl.).

Také u jednoho vzorku s homogenní reakcí (č. 14) se nepodařilo zjištěnou odolnost identifikovat. Zjištěné spektrum neodpovídalo žádné z nám známých standardů buď pro originalitu odolnosti daného nšl. (HE 3631), nebo v důsledku ovlivnění reakcí vnějšími podmínkami, kdy fenotyp odolnosti nebyl v souladu se skutečným genotypem. Z podobných příčin byla identifi-

kována pouze jedna z pravděpodobných dvou odolností u každého ze vzorků č. 22, 33 a 35. Proto nejsou spektra získaná u těchto čtyř vzorků uváděna v tab. I a II.

Ve sledovaném souboru bylo identifikováno celkem 13 známých odolností (Al, Ri, Sp, Ly, MC, Ar, Ru, La, At, We, Kr, Mlo a Bw). Většina těchto odolností se vyskytuje v mnoha evropských odrůdách ječmene (Brown, Jorgensen, 1991).

DISKUSE

U šesti nšl. (ST 6984, SK 2074, CE 590, CE 686, SG-U 308 a HE 6496) byla zjištěna přítomnost genu *Mlat* (označení je odvozeno podle odrůdy Atlas). Ten je obsažen i v osmi českých a slovenských odrůdách ječmene jarního (Dreiseitl, Jorgensen, nepubl.). V ostatních evropských komerčních odrůdách vyšlechtěných do roku 1990 nebyl tento gen zjištěn (Brown, Jorgensen, 1991). Naši šlechtitelé tak mají v jeho využití prioritu. Gen *Mlat* obsažený v uvedených odrůdách ječmenepochází pravděpodobně z ječmene Anatolie 516 (Brückner, 1983). Nově byl přijat evropský kód pro označování této odolnosti (Dreiseitl, 1995; Boesen et al., 1996).

Druhým originálním genem pocházejícím z linie KM 1192 (Lekeš, 1971) je gen *Ml(Kr)*. První komerční odrůdou s tímto genem byla odrůda Kredit (Dreiseitl, 1989, 1996), po níž získala tato odolnost svůj kód (Dreiseitl, 1995; Boesen et al., 1996).

Ve čtyřech nšl. ječmene ozimého byla identifikována odolnost, jaká byla poprvé zjištěna u německé odrůdy Borwina (Dreiseitl, 1993). Podle ní byl pro tuto odolnost, zjištěnou dosud jen v ozimých ječmenech, nově stanovena příslušný kód (Dreiseitl, 1995; Boesen et al., 1996).

U tří nšl. ječmene ozimého (KM 948, KM 2099 a KM 1490) byly zjištěny odolnosti typické pro odrůdy ječmene jarního. Hovmoller (osobní sdělení) však studiem modelů zjistil, že použití stejných odolností v jarních i ozimých odrůdách vytváří pro adaptaci patogena vhodnější podmínky než při nadměrném využívání některé odolnosti pouze v jedné z obou těchto forem. Proto je třeba hledat a využívat pro šlechtění ječmene ozimého jiné zdroje odolnosti včetně nespecifických, aby se předešlo předčasnému znehodnocení výsledků šlechtění vůči této chorobě.

Literatura

- BOESEN, B., HOVMOLLER, M. S., JORGENSEN, J. H. (1996): Designations of barley and wheat powdery mildew resistance and virulence in Europe. In: Integrated Control of Cereal Mildews Across Europe (v tisku).
- BROWN, J. K. M., JORGENSEN, J. H. (1991): A catalogue of mildew resistance genes in European barley varieties. In: JORGENSEN, J. H. (Ed.): Integrated Control of Cereal Mildews: Virulence and Their Change. Roskilde, Riso National Laboratory: 263-286.
- BRÜCKNER, F. (1983): Die Resistenzzüchtung bei Sommergerste gegen Blattkrankheiten in der ČSSR. Tag.-Ber., Akad. Landwirtsch.-Wiss. DDR, Berlin, 216: 541-546.
- DREISEITL, A. (1989): Odolnost československých odrůd ječmene jarního vůči padlí travnímu (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*). Genet. a Šlecht., 25: 57-64.
- DREISEITL, A. (1992): Genetický základ odolnosti nových československých odrůd a novošlechtění ječmene jarního k padlí travnímu. Genet. a Šlecht., 28: 121-128.
- DREISEITL, A. (1993): Analysis of breeding Czechoslovak barley varieties for resistance to fungal diseases particularly powdery mildew. Poľnohospodárstvo, 39: 467-475.
- DREISEITL, A. (1995): Third Workshop on Integrated Control of Cereal Mildews Across Europe, COST Action 817. Genet. a Šlecht., 31: 79-80.
- DREISEITL, A. (1996): Odolnost k padlí travnímu u vybraných novošlechtění ječmene jarního v mezistaničních zkouškách (1991-1995). Genet. a Šlecht., 32: 173-182.
- DREISEITL, A., JUREČKA, D. (1996): Výskyt chorob ječmene jarního v České republice v letech 1989-1995. Ochr. Rostl., 32: 221-229.
- FLOR, H. H. (1955): Host-parasite interaction in flax rust-its genetic and other implications. Phytopathology, 45: 680-685.
- KOLSTER, P., MUNK, L., STOLEN, O., LOHDE, J. (1986): Near-isogenic barley lines with genes for resistance to powdery mildew. Crop Sci., 26: 903-907.
- LEKEŠ, J. (1971): Hospodářské vlastnosti mutanta sladovnického jarního ječmene, odolného k padlí travnímu, získaného z odrůdy Slovenský 802. Rostl. Výr., 17: 343-350.
- TORP, J., JENSEN, H. P., JORGENSEN, J. H. (1978): Powdery mildew resistance genes in 106 Northwest European barley varieties. Kgl. Vet.-og Landbohojsskr.: 75-102.

Došlo 26. 6. 1996

Kontaktní adresa:

Ing. Antonín Dreiseitl, CSc., Zemědělský výzkumný ústav Kroměříž, s. r. o.,
Havlíčková 2787, P. O. Box 55, 767 41 Kroměříž, Česká republika
tel.: 00 420 634 426 139, fax: 00 420 634 22725

INFORMACE - NÁZORY

EPIDEMIOLOGICKÉ ASPEKTY GENU *mlo* ZPŮSOBUJÍCÍHO ODOLNOST JEČMENE K PADLÍ TRAVNÍMU

Erik SCHWARZBACH

Ing. Špunar v čísle 3/1996 tohoto časopisu zastává názor, že rezistence založená na genu *mlo* a dosud využívaná jen u ječmenů jarních by se měla využívat i při šlechtění ječmene ozimého, přičemž je bagatelizováno nebezpečí selekce rasy padlí napadající ječmeny s tímto genem (Špunar, 1969). Vzhledem k tomu, že v některých státech západní Evropy je oseto odrudami s genem *mlo* až 50 % plochy ječmene jarního, je rozšíření virulentní rasy závažnou ekonomickou hrozbou pro celé evropské zemědělství. Vzhledem k tomu, že Ing. Špunar se zabýval tímto problémem z pohledu praktického šlechtitele bez racionální argumentace, považuji za nutné upozornit na některé skutečnosti, které tento názor nepodporují, a shrnout poznatky o genu *mlo*.

Gen *mlo*, účinný proti všem známým rasám padlí, byl opakovaně získán mutací (Jørgensen, 1975) a zjištěn i v ječmeni etiopského původu (Nover, Schwarzbach, 1971). Není v silné genetické vazbě s žádným jiným známým genem rezistence k padlí. Mechanismus účinku se liší od jiných genů rezistence, vyvolávajících zpravidla hypersenzitivní reakci tím, že intracelulární kalózní papily, narůstající na místě pronikání hyfy do buňky, rostou rychleji než pronikající hyfa (Skou et al., 1984), takže zpravidla parazit odumře. Někdy však, zejména na subsidiárních buňkách průduchů, parazit uspěje a vytvoří normální sporulující kupky. Jørgensen (1975, 1994) zjistil, že jednotlivé nezávisle vzniklé alely *mlo* se mohou přes obdobný účinek nepatrně lišit pozicí na chromozomu, a zavedl pro ně označení *mlo1* až *mlo23*. Gen *mlo* má nepříznivé vedlejší účinky v podobě nekrotických skvrn a zhoršených výnosových vlastností, což dlouho bránilo šlechtitelskému využití.

Genetická analýza pleiotropních účinků (Schwarzbach, 1975) ukázala, že na rozdíl od zpětných křížení je ve vzdálených kříženích intenzita pleiotropních projevů genu *mlo* značně variabilní, takže selekce na nízkou úroveň pleiotropních projevů je možná. Následně byly v Evropě vyšlechtěny četné odrůdy ječmene jarního s genem *mlo*. Všechny jsou odvozeny ze dvou zdrojů: alely *mlo9* z mutanta SZ5139b odrůdy Diamant (Schwarzbach, 1967), např. odrůda Alexis, a alely *mlo11* z etiopského ječmene, známého z různých kolekcí pod synonymy L92, AB7, EP79, „Grannenlose zweizeilige“, „duplialbum“ (Jørgensen, 1975) aj., např. odrůda Apex.

Rezistence na bázi *mlo* je často označována jako nespecifická, proto, že je účinná proti všem známým rasám padlí, s čímž bývá spojeno očekávání trvalé účinnosti.

Avšak každá evolučně nová rezistence je zpočátku účinná proti všem rasám, dokud parazit v evoluci nenajde cestu k jejímu překonání, čímž přestane být nespecifickou. Že se padlí dokáže přizpůsobovat mlo, je známé z často citovaného selekčního experimentu, v němž byl po 37 generací vystaven v laboratorních podmínkách avirulentní izolát padlí intenzivní masové selekci na reprodukci na rostlinách s mlo. Výsledkem byl pozvolný nárůst reprodukce padlí až na padesátinásobně vyšší hodnotu (Schwarzbach, 1979). Po několika dalších generacích (celkem 48) a dalším nárůstem virulence jsem pro obavy z vytvoření nebezpečné rasy pokusy ukončil. Z výsledné populace bylo izolováno 6 linií padlí s významně odlišnou reprodukcí na ječmenu s mlo, takže muselo v průběhu experimentu dojít v populaci nejméně ke třem různým mutacím virulence. Nejefektivnější linie HL-3 s 12% infekční účinností (Anderson, 1989) existuje beze změny dodnes a je jediným evropským izolátem padlí reagujícím specificky s mlo. Lyngkjær et al. (1996) zjistili podobný stupeň virulence vůči mlo i u japonské rasy „Racel“, která naštěstí je avirulentní k běžným genům rezistence evropských ječmenů. Při křížení izolátů Racel x HL-3 (Atzema et al., 1996) štěpily nejméně tři nezávislé faktory pro virulenci a autoři vyvozují, že příčinou dlouhého trvání rezistence je, že padlí musí akumulovat dostatečný počet účinných allel, aby dosáhlo plné virulence.

Mutace a selekce, demonstrována v laboratoři, probíhá pochopitelně se vzrůstajícím podílem mlo na celkové ploše ječmene i v polních podmínkách. Trvání rezistence od roku 1979 odpovídá teoretickým očekáváním odvoditelným ze selekčních jevů, které popsali Wolfe a Schwarzbach (1978). Selektce ras probíhá především při primární infekci, při níž spory různých ras ze vzdálených zdrojů náhodně přistávají ve vzešlých porostech. Směr a intenzita této selekce odpovídá relativnímu rozšíření odrůd s různými geny rezistence v regionu. Následná selekce v odrůdově čistých porostech již prakticky nemá vliv na složení populace padlí v regionu. Při pěstování ječmene ozimého a jarního a při zohlednění posklizňového výdrolu můžeme počítat zhruba se třemi selekčními cykly za rok. Označíme-li relativní reprodukci (v relaci k ostatním rasám) virulentní a avirulentní rasy symboly r_v a r_a a výchozí relativní frekvenci f_0 , odpovídá výsledná relativní frekvence f_t virulentní rasy po n selekčních cyklech přibližně výrazu (Wolfe, Schwarzbach, 1978):

$$f_t = \frac{f_0 r_v^n}{f_0 r_v^n + (1 - f_0) r_a^n}$$

Relativní reprodukce r_v virulentní rasy vůči avirulentní vyplývá ze vztahu:

$$r_v = \frac{P_{vr} + (1 - P_r) f_{vs}}{P_{ar} + (1 - P_r) f_{as}}$$

kde: P_r – podíl odrůd s mlo na ploše ječmene

f_{vr} – reprodukce (fitnes) virulentní rasy na rostlinách s mlo v relaci k reprodukci na rostlinách bez mlo

f_{vs} – reprodukce (fitnes) virulentní rasy na rostlinách bez mlo v relaci k avirulentní rase

f_{ar} – reprodukce (fitnes) avirulentní rasy na rostlinách s mlo v relaci k rostlinám bez mlo

f_{as} – reprodukce (fitnes) avirulentní rasy na rostlinách bez mlo (základ pro srovnání)

Dosaďme-li jako realistické hodnoty za:

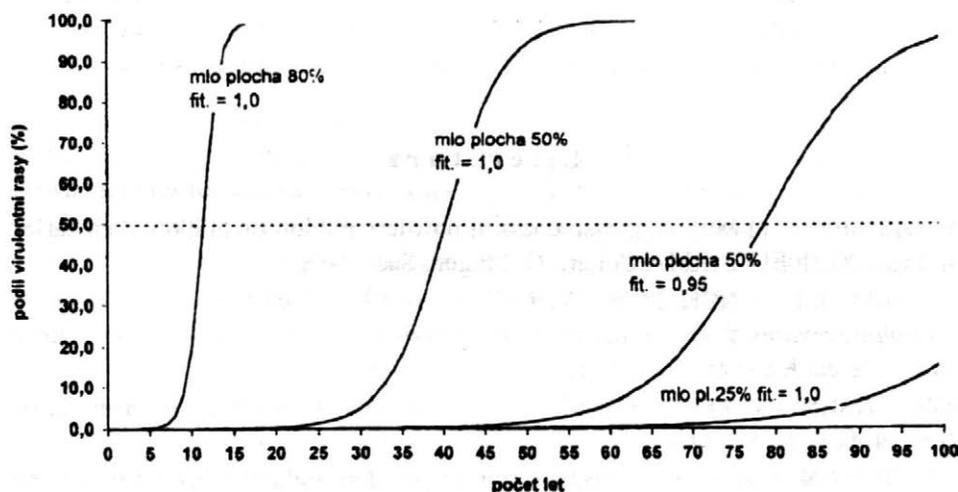
P_r varianty 25 %, 50 % a 80 %

f_{vr} a f_{vs} 0,10 a 1,00 (při P_r 50 % též $f_{vs} = 0,95$)

f_{ar} a f_{as} 0,001 a 1,00

f_0 0,00001 (výchozí reletativní četnost v-rasy)

obdržíme předpověď nárůstu frekvence virulentní rasy (obr. 1).



x-axis: years, y-axis: relative frequency [%]

The four curves from left: 1 – mlo-area 80% fitness on non-mlo hosts 1.0; 2 – mlo-area 50% fitness 1.0; 3 – mlo-area 50% fitness 0.95; 4 – mlo-area 25% fitness 1.0

1. Nárůst parciálně virulentní rasy při různém podílu mlo na ploše ječmene – Increase in frequency of the partially virulent race dependent on the proportion of mlo-hosts on the barley area

Závěry jsou jednoznačné. Za předpokladu, že virulentní rasa má na rostlinách mlo reprodukční schopnost podobnou HL-3 a stejnou reprodukci (fitnes) na rostlinách bez mlo jako avirulentní rasa a podíl mlo na ploše ječmene (včetně ozimého) nepřesáhne

25 %, což je současná situace v západní Evropě, kde plocha ječmene ozimého převyšuje plochu jarního, nemusíme se téměř do konce příštího století obávat rozšíření virulentní rasy. Využívání mlo v ječmeni ozimém by však zejména v zemích s jeho vysokým podílem mohlo vést k rychlému rozšíření virulentní rasy.

Uvedené vzorce samozřejmě skutečnost zjednodušují. Předpoklad konstantní infekční účinnosti virulentní rasy je nereálný. Tak jako v laboratorním experimentu se pravděpodobně bude infekční účinnost virulentní rasy pozvolna zvyšovat, nevíme sice, v jaké míře a do jaké výše, vedlo by to však k rychlejšímu nárůstu než vyplývá z obr. 1. Není též známé, k jakému kvantitativnímu nárůstu relativní reprodukce na odrůdách s mlo došlo v posledních téměř dvaceti letech existence odrůd s mlo v evropské populaci padlí. Rovněž není známé, zda virulentní rasa selektovaná na ječmenech jarních bude mít dostatečnou reprodukci i na ječmenech ozimých bez mlo v zimním a podzimním klimatu. Je možné, že v ječmenech ozimých bez mlo se zastoupení virulentní rasy v důsledku nižší reprodukce opět snižuje, takže celkový nárůst by byl pomalejší, jak ilustruje srovnání dvou prostředních křivek grafu, popř. i nulový. Nepřítomnost mlo v ječmenech ozimých může proto být hlavní příčinou dosavadní trvanlivosti účinnosti genu mlo. Ze všech jmenovaných důvodů může být nebezpečné vnášet gen *mlo* do ječmenů ozimých, dokud neznáme dostatečně, co se za polních podmínek odehrává v populaci padlí vystavené odrůdám s mlo.

L i t e r a t u r a

- ANDERSEN, L. (1989): Aggressiveness of powdery mildew on mlo resistant barley. In: Proc. XIIth EUCARPIA Congr., Göttingen, Sect. 3-18.
- ATZEMA, J. L., FINCK, M. R., WOLFE, M. S. (1996): Genetics of the response of *Erysiphe graminis* f. sp. *hordei* to ml-o resistance in barley. In: Proc. 9th Eur. & Medit. Cereal Rusts & Powd. Mildew Conf., Luneren: 55-57.
- JÖRGENSEN, J. H. (1994): Genetics of powdery mildew resistance in barley. Critic. Rev. Pl. Sci., 13: 97-119
- JÖRGENSEN, J. H. (1995): Identification of powdery mildew resistant barley mutants and their allelic relationship. Barley Genetics III (Proc. Symp. Garching 1975): 446-455.
- LYNGKJAER, M. F., JENSEN, H. P., ÖSTERGARD, H. (1995): A Japanese powdery mildew isolate with exceptionally large infection efficiency on ml-o resistant barley. Phytopathology, 128: 1-95.
- NOVER, I., SCHWARZBACH, E. (1971): Inheritance studies with a mildew resistant barley mutant. Barley Genet. Newsl., 1: 36-37.
- SCHWARZBACH, E. (1975): The pleiotropic effects of the mlo gene and their implications in breeding. Barley Genetics III (Proc. Symp. Garching 1975): 440-445.

SCHWARZBACH, E. (1967): Recesivní totální odolnost ječmene k padlí travnímu (*Erysiphe graminis* D. C. f. sp. *hordei* Marchal) jako mutace indukovaná etylmetan-sulfonátem. Genet. a Šlecht., 3: 159–161.

SCHWARZBACH, E. (1979): Response to selection for virulence against *mlo* based mildew resistance in barley, not fitting the gene-for-gene hypothesis. Barley Genet. Newsl., 9: 85–88.

SKOŮ, J. P., JÖRGENSEN, J. H., LILHOLT, U. (1984): Comparative studies on callose formation in powdery mildew compatible and incompatible barley. Phytopath. Z., 109:147–168.

ŠPUNAR, J. (1996): Geneticko-šlechtitelské a epidemiologické aspekty zabudování *mlo* genu rezistence k padlí travnímu do ječmene ozimého. Genet. a Šlecht., 32: 213–220.

WOLFE, M. S., SCHWARZBACH, E. (1978): Patterns of race changes in powdery mildews. Ann. Rev. Phytopathol., 16: 159–180.

Epidemiologic Aspects of the *mlo* Gene for Resistance of Barley to Powdery Mildew

Spring barley varieties carrying the *mlo* gene occupy a large increasing proportion of the barley crop in Europe. Although the gene has been utilised in commercially grown varieties for almost twenty years, it is still effective against the present mildew population. Only two partially virulent mildew isolates with infection efficiency of about 10% are known so far, one produced in the laboratory, the other originating from Japan. Present breeding attempts to introduce *mlo* also into winter barley could turn harmful to European agriculture, since this might cause a breakdown of *mlo*-based resistance. Calculations of frequency changes of a race similarly virulent like the mentioned isolates, presented for different proportions of *mlo* hosts in the total barley crop, explain the so far observed duration of resistance, but indicate a possible rapid frequency increase of the partially virulent race with if a high relative area was covered by *mlo* varieties. For better estimates of the durability, however, crucial quantitative information is lacking: the past years response of the European mildew population to growing of *mlo* varieties, the fitness of partially *mlo*-virulent strains on non-*mlo* spring and winter barley, and the highest infection efficiency of mildew on *mlo* hosts that can result by continued mutation and selection on *mlo*-hosts.

Kontaktní adresa:

RNDr. Erik Schwarzbach, dr. agr. habil., Václavov 23, 671 72 Míroslav, Česká republika

ŠLECHTĚNÍ BRUKVOVITÝCH OLEJNIN V KANADĚ

Koncem října minulého roku jsem měl spolu s Ing. Miroslavem Hochmanem a RNDr. Miroslavem Grigou, CSc. (Agritec Šumperk) možnost navštívit většinu pracovišť v Saskatchewan Research Park zabývajících se výzkumem a šlechtěním brukvovitých olejnin (řepka – *Brassica napus* a řepice – *Brassica campestris*, syn. *rapa*). Protože šlechtění těchto plodin je v Kanadě na vysoké úrovni, rozhodli jsme se podělit se o své postřehy se čtenáři tohoto časopisu.

Ve šlechtění na výnos je v Kanadě velké úsilí věnováno využití heterozního efektu a první hybridní odrůdy se objevily v prodeji. K řízenému opylení jsou využívány oba genetické systémy (CMS – cytoplasmatická samčí sterilita a AI – autoinkompatibilita) a v odrůdových pokusech jsou i hybridy s transgenní kontrolou tvorby pylu. Prvotní nadšení z těchto odrůd poněkud snížil jejich nižší výnos. Příčiny těchto nižších výnosů jsou spatřovány v neúplné připravenosti většiny systémů CMS pro praktické využití a v předchozích selekcích na obsah kyseliny erukové a glukosinulátů, které zúžily genofond využitelný pro tvorbu hybridních kombinací. Proto pokračují vědecké práce na CMS a po celém světě jsou hledány vhodné materiály pro další křížení. V letošním roce by měla být povolena i první syntetická odrůda řepky.

Snížení obsahu kyseliny linolenové a zvýšení obsahu kyseliny linolové a olejové v oleji zůstávají hlavními cíli ve šlechtění na kvalitu. Objevuje se však i snaha o přenesení genů pro některé mastné kyseliny, které olej ze semen brukvovitých olejnin neobsahuje, z jiných rostlin. Jako příklad mohou sloužit kyselina vernolová a ricinová, které mají využití při výrobě plastických hmot a polyuretanových maziv. Snížení obsahu kyseliny fytové a sinapinu v extrahovaných šrotech zvýší využití živin z těchto šrotů.

Další oblastí, na kterou je kladen velký důraz, je tolerance k herbicidům. Po odrůdách odolných k triazinovým herbicidům byla v roce 1995 registrována první odrůda řepky rezistentní k glufosinate ammonium a loni byla povolena první její odrůda rezistentní ke glyphosate. Šlechtitelé mají k dispozici i řepku rezistentní k imazethaphyr.

Prioritami do budoucna zde zůstávají hybridní odrůdy, využití mutagenese a přenosu genů ke změně skladby mastných kyselin v oleji, rezistence k herbicidům, získání odrůd *Brassica juncea* a *Sinapsis alba* s dvounulovou kvalitou, odolnost k chorobám a škůdcům a vyšlechtění žlutosemenné řepky.

Dr. Ing. Jaroslav Salava

REVIEW

MENDEL, MARKER, CONSTRUCTS – PLANT BREEDING BETWEEN TRADITIONAL METHODS AND MOLECULAR TECHNIQUES

Heiko C. BECKER

*Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung,
Georg-August-Universität Göttingen, Germany*

Plant breeding in a wide sense is an integrated part of agriculture since its beginning. When women and men started cultivating plants some 9 000 years ago, they also started to select plants according to the human desires. Human selection was the driving force for the evolution from wild plants to cultivated crops. For many thousands of years, this selection was merely utilizing the naturally occurring variation. About 200 years ago however, some gardeners and farmers noticed that they could largely increase the natural amount of variation by artificially crossing two different plants. The earliest scientific explanation to this observation was given by Gregor Mendel in his famous lecture 1865 in Brno at the "Naturforschender Verein in Brünn". Mendel's ingenious theory was supported later by the chromosome theory of inheritance and by the detection of the DNA as biochemical substance of inheritance. Within the last two decades molecular genetics led to two important developments in plant breeding: the use of differences in the DNA structure as molecular "markers", and the possibility to isolate genes and combine isolated genes into "constructs" that can be transferred to other organisms. In the following I will discuss possibilities and limitations of Mendelian genetics for plant breeding taking into account recent developments in gene technology. All examples are chosen from quality improvement of oilseed *Brassic*as.

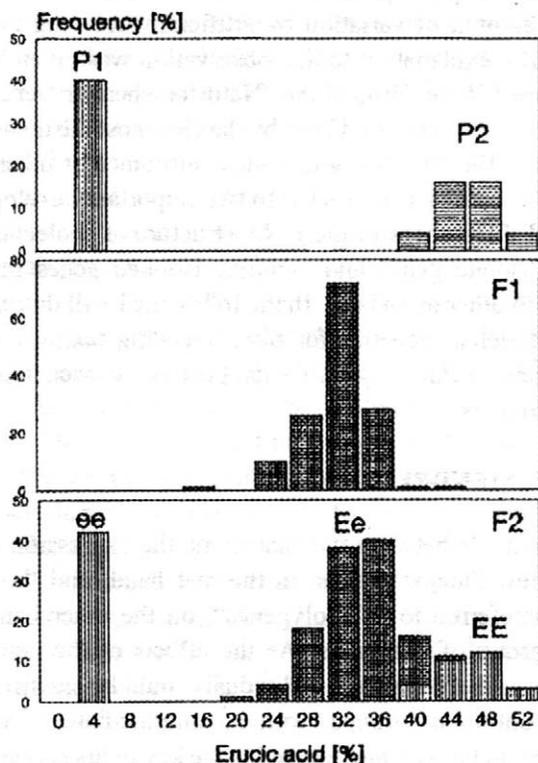
MENDEL

An important distinction must be made between the characters, the expression of which is controlled by one or a few "major" genes on the one hand, and those controlled by several genes, often referred to as "polygenes", on the other hand. Mendel worked with the former group of characters. As the effects of the genes governing such characters could be easily recognised, individuals could be classified unambiguously into discrete, discontinuous groups, with no intermediate forms. Mendel's investigations were simple and direct, and herein lay the key to his success.

Mendel was aware that not all characters presented a straightforward pattern of inheritance. Some characters, he wrote: "do not allow a clear and distinct separation, because the variation is more of a 'more or less' nature which is difficult to define. Such characters are unsuitable for the experiments, which had to be restricted to those that are clear and distinct." Later he assumed that "the uniformity of behaviour shown by all the analysed characters justifies the assumption that those characters not investigated, where the variation between the plants is less distinct, behave in the same manner." Apparently, therefore, quantitative characters, as we now call them, were already recognised by Mendel as a separate category, obeying nonetheless the same rules as those with which he worked. This view was supported in the first decade of this century by the work of Johanssen in Denmark and Nilsson-Ehle in Sweden, who between them established what we now call quantitative genetics.

Example 1

There are many examples for agronomically important traits which are simply inherited. One of them is the content of erucic acid in the oil of turnip rapeseed (*Brassica campestris*). Fig. 1 shows the distribution of parents, F₁ and F₂ plants in a

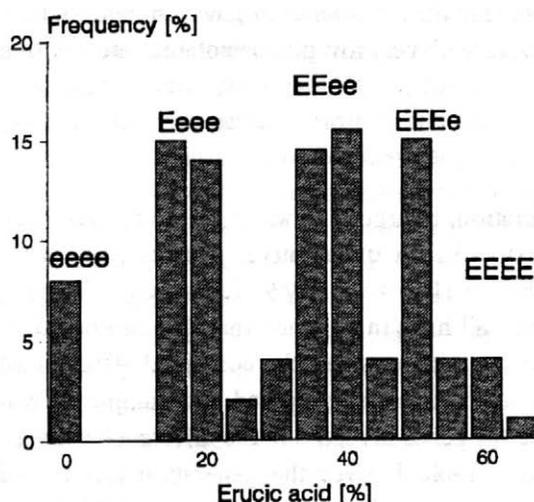


1. Erucic acid content in a *B. campestris* cross between a high erucic acid cultivar and an erucic acid free mutant (from Johnson, 1974)

cross between an erucic acid free mutant and a plant with high erucic acid content. The parents differ in one gene for erucic acid content and in F_2 we observe a clear 1 : 2 : 1 segregation between erucic acid free homozygotes (ee), heterozygotes (Ee) and high erucic acid homozygotes (EE). The erucic acid content of the heterozygotes is intermediate and there is a slight overlap between Ee and EE genotypes.

Example 2

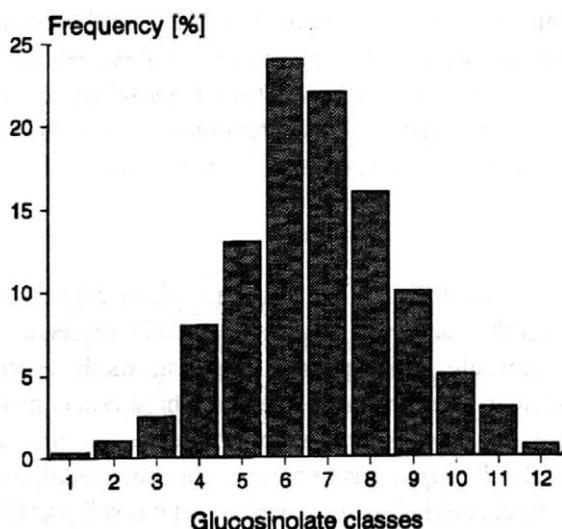
The pattern of inheritance becomes more difficult for characters, whose expression is controlled by more than one gene. If the number of genes is low, the F_2 segregation can still be explained by the Mendelian rules of inheritance. Fig. 2 shows the erucic acid content in the F_2 of a cross between an erucic acid free and a high erucic plant of rapeseed (*Brassica napus*). Whereas *B. campestris* is a diploid species, *B. napus* is an allotetraploid one. Correspondingly, *B. napus* has two genes for erucic acid, one located on each of its two genomes. The classes in F_2 partly overlap, but it is still possible to realize the pattern of a digenic inheritance. The five possible F_2 genotypes are indicated in Fig. 2. Their frequency distribution is close to the expected 1 : 4 : 6 : 4 : 1 ratio. However, if more than two genes are involved, it becomes more and more difficult to distinguish between the various classes.



2. Erucic acid content in the F_2 of a *B. napus* cross between the double-low cultivar Profit and a resynthesized high-erucic acid line (from Lühs, Friedt, 1995)

Example 3

For many other traits, we observe a continuous variation and no distinct classes can be observed. Fig. 3 shows the distribution of glucosinolate content in an F_2 of *B. napus*. No longer can individuals be classified into distinct groups, as the charac-



ters vary throughout a continuous range from one extreme to the other. Consequently, such characters are referred to as quantitative characters, as opposed to the qualitative or "Mendelizing" characters which Mendel worked with. In this case it is likely that only a small number of genes are involved in the inheritance of glucosinolate content, because it was possible to select genotypes with very low glucosinolate content within a few generations of breeding work.

Example 4

For the analysis of quantitative variation, a large number of methods have been proposed which are described in textbooks on quantitative genetics (e.g. Bos, Caligari, 1996; Comstock, 1995; Falconer, 1989; Kearsey, Pooni, 1996; Wricke, Weber, 1986). They all have in common that they are based on means and variances. Instead of analysing single genes, the combined effect of all genes involved in the expression of a certain character is studied. As example we will use a procedure to estimate the number of genes involved in the difference between two genotypes for a certain character. Table I gives the generation means and variances for glucosinolate content in a cross between two lines largely differing in glucosinolate content. The number of contributing genes is most commonly estimated by the Castle-Wright-Index (for a brief review see Mayo, 1987). The number of genes k is a function of the difference between the two parents and the additive genetic variance. From Table I we can calculate k as $(P_1 - P_2)^2 / 4V_{DH-lines} = 4.3$. This result is an indication that in this cross only four genes are involved in the inheritance of glucosinolate content. However, this might be an underestimation, because the

I. Inheritance of glucosinolate content [$\mu\text{mol/g}$] in various generations of a rapeseed cross (from Uzunova et al., 1995)

Generation	Mean	Variance ^b
P1 ('Mansholt')	62.3	122.10
P2 ('Samurai')	11.2	6.86
F1	51.5	70.89
DH-lines ^a	35.1	150.55

^adoubled haploid lines from microspore culture

^bP1, P2, F1: between single plants; DH-lines: between line means

estimation procedure is based on many assumptions which are not completely realistic, e.g. that all genes act in the same manner and have effects of the same magnitude.

Conclusions

Classical genetics founded by Gregor Mendel is of outstanding importance to understand the laws of inheritance. For practical plant breeding, however, the analysis of single genes is of limited value. The vast majority of characters plant breeders work with, is under the control of many genes. Therefore it is quantitative genetics which might be most helpful to optimize selection procedures in plant breeding. Sometimes Mendelian genetics and quantitative genetics are considered as two different types of genetics. This was perhaps most clearly stated by Jinks and Pooni (1986) when they reviewed their work on biometrical genetics: "Mendelian genetics has provided the plant breeder with the methodology for manipulating major genetically controlled discontinuous differences. Biometrical geneticists of the Birmingham school have developed the equivalent methodology for manipulating the heritable portion of continuously varying differences." However, Jinks and Pooni overemphasize both the differences between Mendelian genetics and biometrical genetics and the general impact of genetics on practical plant breeding. Biometrical genetics is mainly a further development of classical genetics and is based on the fundamental work of Mendel and his successors; and plant breeding is mainly an empirical science: plant breeders made crosses and developed new cultivars long before Mendel, and today most plant breeders have very limited knowledge on biometrical genetics and are nevertheless successful.

MARKERS

In recent years, several different types of molecular markers have been developed like RFLP, RAPD, AFLP and microsatellites. They all are based on differences in the

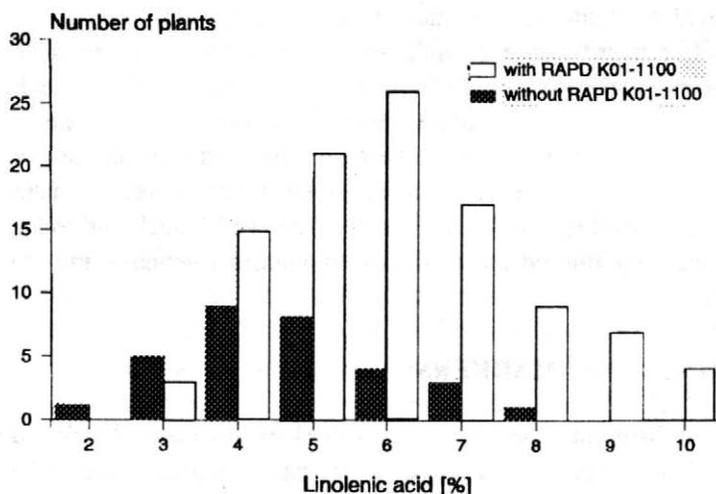
DNA sequence between two genotypes without knowledge of the biological significance of these differences. Molecular markers are very valuable tools for several purposes:

- Identification and protection of cultivars
- Identification of single genes (e.g. for resistance)
- Marker assisted accelerated backcrossing
- Prediction of heterosis from the genetic distance for markers
- Identification of „Quantitative Trait Loci“ (QTL)

In the following we will concentrate on the last mentioned application, the identification of QTL, which are genes influencing agronomically important traits. The identification of QTL by help of molecular markers is in principal rather simple. A segregating population of plants or lines is established, and each plant or line is analysed for both its phenotype in agronomic traits and its molecular marker pattern. For each marker, plants are grouped into two sub-populations differing in this respective marker and the phenotype of the two sub-populations is compared. In most cases the two populations differing in marker pattern will not differ significantly in their average phenotype. In some cases however, the populations differing in a specific marker also differ in their agronomic performance. Then it can be concluded that this marker is identical or linked to a gene with significant influence on the expression of the trait under investigation.

Example 1

Fig. 4 gives an example for detecting QTL for linolenic acid in rapeseed. Two rapeseed lines largely differing in their content of linolenic acid were crossed and a

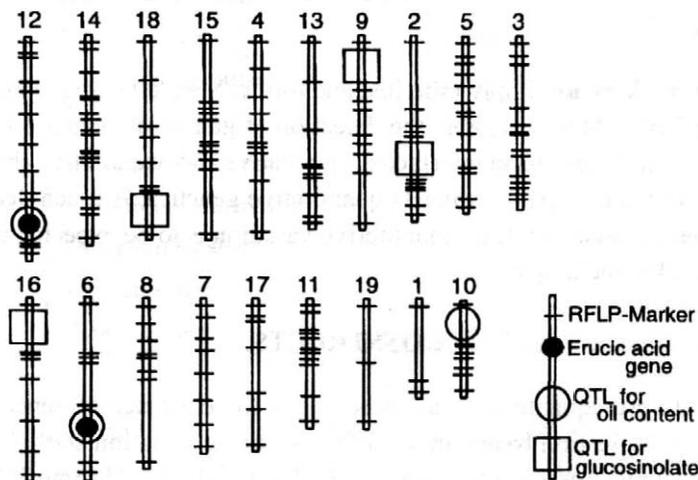


4. Histogram of linolenic acid content of two different genotype classes revealed with RAPD marker K01-1100 (from Hu et al., 1995)

F₂ population containing 132 plants was analysed for RAPD markers and linolenic acid content. Because of the dominant inheritance for RAPD markers, the F₂ populations showed 3 : 1 segregation for marker present : absent. Plants showing the RAPD band K01-1100 had a significantly higher linolenic acid content than plants without this RAPD band. Hence it can be concluded that the RAPD marker K01-1100 is linked to a gene for high linolenic acid.

Example 2

Molecular markers can be localized on chromosome maps in the same way like phenotypic mutants. Fig. 5 shows an RFLP linkage map for rapeseed developed by W. Ecke, M. Uzunova and coworkers in Göttingen (Uzunova et al. 1995; Ecke et al., 1995). On this map genes for erucic acid content, oil content, glucosinolate content, and several other agronomic traits are localized. The two genes for erucic acid mapped are the two genes well known from classical genetics (Fig. 2). When mapping genes for high oil content, it was very interesting that two of the three identified genes are located very close to the genes for erucic acid. Probably this coincidence is not just by chance. Erucic acid has a molecular mass that is about 20% higher than that of oleic acid. So if the number of molecules is unaffected, high erucic acid genotypes are expected to be higher in oil content. In rapeseed breeding it has been observed that the first cultivars free of erucic acid had a reduced oil content. The gene mapping makes it very likely that this is a direct effect of the genes for erucic acid on the oil content.



5. RFLP linkage map with position of genes for erucic acid and QTL for oil and glucosinolate content (combined from Uzunova et al., 1995; Ecke et al., 1995)

Example 3

In Fig. 5 also four QTLs for glucosinolate content are localized. The position of their genes and their contribution to the expression of this trait is given in Table II.

II. Mapping position and additive effect of genes for glucosinolate content (from Uzunova et al., 1995)

Linkage group – position	Additive effect [$\mu\text{mol/g}$]
2 – RP1201.H1	3.4
9 – RP1100.E1	4.3
16 – WG3F7.H1	7.8
18 – RP1249.H1	3.5

All alleles for high glucosinolate content are from the parent 'Mansholter' and their contribution to the expression of glucosinolate content is of about the same magnitude. This situation is the optimal case for the method to estimate the 'minimum number of genes' by methods of quantitative genetics. Hence in this case both quantitative genetics (Table I) and molecular marker analysis (Table II) come to the same result: four genes are involved in the difference between the two parents in glucosinolate content.

Conclusions

Molecular markers are simply inherited and follow Mendelian segregation. In QTL analysis, marker techniques enable the detection of genes with small effects. Therefore, molecular markers are an interface of qualitative and quantitative characters and in this field Mendelian genetics meets quantitative genetics. A much deeper insight into the genetic fundamentals of quantitative variation is to be expected in the future by help of marker techniques.

CONSTRUCTS

The ultimate prerequisite for plant breeding is the existence of genetic variation. Agriculture and selection based on naturally occurring variation started some 9 000 years ago, artificial crosses as breeding method were introduced some 200 years ago, and the first artificial gene transfer was made not earlier than in 1983. This dramatically increasing pace of scientific progress frightens many people and today the application of gene technology in agriculture is not yet accepted by the majority of

III. Transgenic crop lines no longer regulated, petitions approved or pending (from B o s e m a r k, 1995, modified)

Crop	Trait	Institution	Countries
Rapeseed	Hybrid system	PGS	EC, Canada
	Herbicide tolerance (Basta)	AgrEvo	Canada
	Herbicide tolerance (Roundup)	Monsanto	Canada
	Oil quality (Lauric acid)	Calgene	USA
Maize	Insect resistance	Ciba-Geigy	EC, USA, Canada
	Insect resistance	Northr. King	USA
	Insect resistance	Monsanto	USA
	Hybrid system	PGS	USA
	Herbicide tolerance (Basta)	AgrEvo	USA
Potato	Insect resistance (Bt)	Monsanto	USA
Linseed	Herbicide tolerance (Sulfonylurea)	Univ. Sask.	Canada
Tobacco	Herbicide tolerance (Bromoxynil)	SEITA	EC
Soybean	Herbicide tolerance (Roundup)	Monsanto	EC, USA
Cotton	Herbicide tolerance (Bromoxynil)	Calgene	USA
	Herbicide tolerance (Round up)	Monsanto	USA
	Herbicide tolerance (Sulfonylurea)	Du Pont	USA
	Insect resistance (Bt)	Monsanto	USA
Tomato	Fruit ripening altered	Calgene	USA
	Fruit ripening altered	DNAP	USA
	Fruit ripening altered	Zeneca	USA
	Fruit ripening altered	Agritope	USA
	Fruit ripening altered	Monsanto	USA
Squash	Virus resistance	Asgrow	USA
Chicory	Hybrid system	Beijo-Zaden	EC

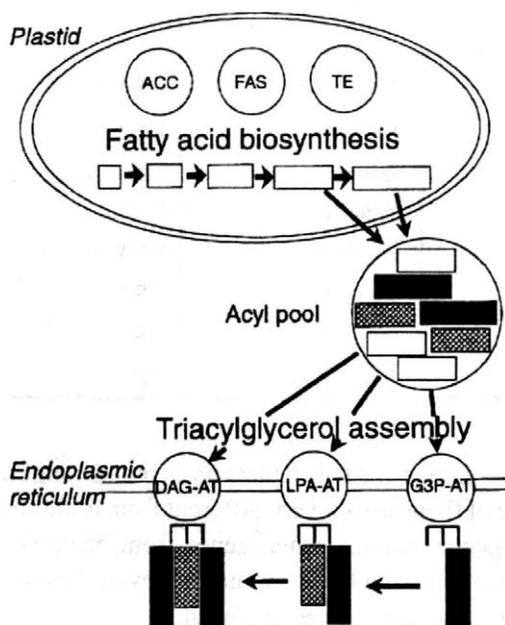
the population. However, it should be emphasized that there is a broad range of applications for gene technology. Some of them are not very different from traditional breeding, whereas others go across species borders when genes from bacteria or animals are transferred to plants, a possibility which Mendel has not even dreamt of – and as a devout Christian perhaps had considered to be unethical.

Today a molecular gene transfer is principally possible between all biological species. However, a successful gene transfer requires that the gene to be transferred is incorporated into a more complex 'construct'. A construct contains at least the gene of interest and a promotor regulating the gene expression, and in most cases also a selectable marker like antibiotic resistance. The promotor may be either always active ('constitutive') or only active during certain developmental stages or in a specific tissue of the plant.

Gene technology is used for a wide range of genetic modifications in plants. Table III gives an overview over transgenic plants that are already grown on a large scale or are expected to be so in the near future. It is obvious that gene technology is still concentrating on only a few crops and mainly on characters like herbicide tolerance or insect resistance. However, in an experimental stage, many other species and other traits are under investigation.

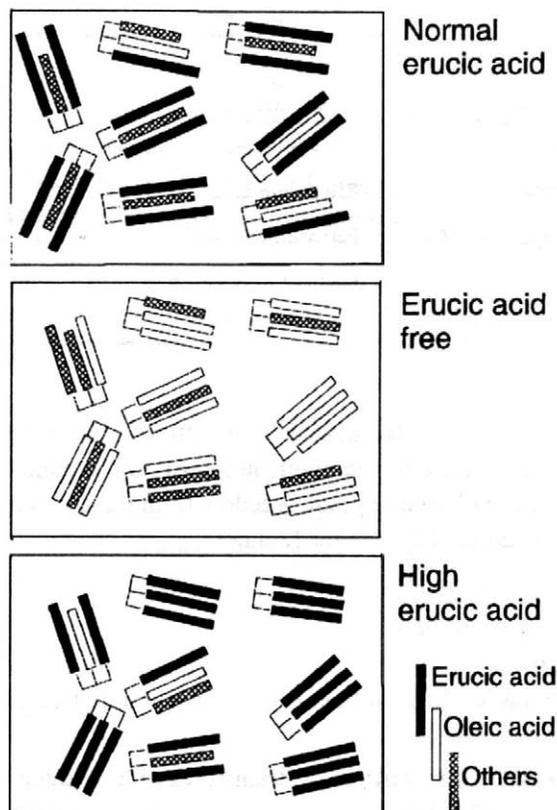
Example

One of the most exciting examples for the potential of gene technology is the modification of fatty acid synthesis. Fig. 6 gives a schematic outline of the biosynthesis of storage lipids, for details see Töpfer et al. (1995). Plant oils are chemically glycerol esters of fatty acids. Fatty acid biosynthesis occurs in the plastids, the most important enzymes involved are acetyl-CoA carboxylase (ACC), fatty acid synthase



6. Schematic outline of the storage lipid synthesis in plants (for explanation see the text)

(FAS), and acyl-ACP-thioesterase (TE). Products of fatty acid synthesis are exported into the cytoplasm. In the endoplasmic reticulum, triacylglycerols are formed by stepwise acylation of glycerol-3-phosphate. There are three acyltransferases involved in this pathway, glycerol-3-phosphate acyltransferase (G3P-AT), lysophosphatidic acid acyltransferase (LPA-AT), and diacylglycerol acyltransferase (DAG-AT). The LPA-AT of rapeseed is discriminating erucic acid, therefore erucic acid is found only in the first and third position, but never in the second position of the triacylglycerol. The maximal achievable erucic acid content in rapeseed oil is therefore theoretically 66.6%. There are plants like *Limnanthes*, where seeds accumulate trierucin with erucic acid in all three positions of the glycerol molecule. The LPA-AT gene of the meadowfoam *Limnanthes douglasii* has been isolated (Hanke et al., 1995). Transformed rapeseed plants showed trierucin synthesis, but not an increased erucic acid content (E. Schaffert and C. Möllers – personal communication). Trierucin synthesis is an essential requirement for a very high erucic acid content, but obviously also the amount of erucic acid molecules in the acyl pool has to be increased to reach much higher levels of erucic acid than in present rapeseed cultivars.



7. Schematic presentation of the triacylglycerol molecules in three different types of rapeseed oil

Conclusion

Gene technology substantially widens the possibility of traditional plant breeding. Fig. 7 shows the chemical structure of three different types of rapeseed oil. In natural rapeseed, erucic acid is the main fatty acid, but it can only be found in positions 1 and 3 of the triacylglycerol. By conventional breeding it was possible to select erucic acid free mutants with oleic acid as main fatty acid. Very high erucic acid cultivars are possible in the future, if trierucin synthesis will be enabled by gene transfer. Table IV summarizes the possibilities for modified oil quality in rapeseed. Some of them can be achieved by traditional breeding methods, whereas other require the use of gene technology. Gene technology will change oil and starch quality, will make plants tolerant for herbicides and in some cases also resistant to insects and diseases. However, most agronomic traits are inherited by many genes and it will be a very long way to characterize all of them by molecular methods. Therefore I expect the largest

IV. Varieties of oilseed rape with different chemical compositions (from Carruthers, 1995)

	Non-transgenic varieties	Transgenic varieties
Available now	Zero erucic acid High erucic acid (40–60%)	Lauric acid (30–40%) Stearic acid (30–40%)
Anticipated in 5–15 years	Very high oleic acid (85%) Palmitic acid (10–20%) Very low α -linolenic acid (< 3%)	Very high erucic acid (60–80%) Ricinoleic acid Petroselineic acid Gamma linolenic acid Epoxy fatty acids

impact of biotechnology in the next ten years by marker techniques. This very powerful tool to dissect quantitative variation into the contribution of single genes will be more and more widely used and will enable plant breeders to make a more directed use of the rules of inheritance detected by Gregor Mendel.

References

- BOS, I., CALIGARI, P. (1966): Selection Methods in Plant Breeding. London, Chapman & Hall.
- BOSEMARK, N. O. (1995): Genteknik – ett kraftfullt redskap i växtförädlingen. Sveriges Utsädesförenings Tidskrift, 105: 134–139.

- COMSTOCK, R. E. (1995): Quantitative Genetics with Special Reference to Plant and Animal Breeding. Ames, Iowa, USA, Iowa State Univ. Press.
- CARRUTHERS, S. P. (1995): Potential developments and market-size limitations for new oilseed-rape opportunities. In: Proc. 9th Int. Rapeseed Congr. 4–9 July 1995, Cambridge, U.K. : 1327–1331.
- ECKE, W., UZUNOVA, M., WEIBLEDER, K. (1995): Mapping the genome of rapeseed (*Brassica napus* L.). II. Localization of genes controlling erucic acid synthesis and seed oil content. Theor. Appl. Genet., 91: 972–977.
- FALCONER, D. S. (1989): Introduction to Quantitative Genetics. 3rd edition. Harlow, Longman.
- HANKE, C., PETEREK, G., WOLTER, F. P., FRENTZEN, M. (1995): cDNA clones from *Limnanthes douglasii* encoding an eurocyl-CoA specific 1-acylglycerol-3-phosphate acyltransferase. In: KADER, J.-C., MAZLIAK, P. (Eds): Plant Lipid Metabolism. Dordrecht, The Netherlands, Kluwer Academic: 531–533.
- HU, J., QUIROS, C., ARUS, P., STRUSS, D., RÖBBELEN, G. (1995): Mapping of a gene determining linolenic acid concentration in rapeseed with DNA-based markers. Theor. Appl. Genet., 90: 258–262.
- JINKS, J. L., POONI, H. S. (1986): Description and illustration of the practical application of biometrical genetics to plant breeding. In: Proc. Sixth Meet. EU-CARPIA Sect. Biometrics in Plant Breeding. Birmingham, U.K. July 28th–August 1st: 1–20.
- JÖNSSON, N. R. (1975): Breeding for low erucic acid content in winter turnip rape (*Brassica campestris* L. var. *biennis* L.). Z. Pflanzenzüchtg., 73: 259–268.
- KEARSEY, M. J. – POONI, H. S. (1996): The Genetical Analysis of Quantitative Traits. London, Chapman & Hall.
- LÜHS, FRIEDT, W. (1995): Breeding of high-erucic acid rapeseed by means of *Brassica napus* resynthesis. In: Proc. 9th Int. Rapeseed Congr., Cambridge, U.K., 4–9 July: 449–451.
- MAYO, O. (1987): The Theory of Plant Breeding. 2nd ed. Oxford, Clarendon Press.
- RÜCKER, B. (1993): Genetische Analyse von Qualitäts- und Ertragsmerkmalen bei Winterraps (*Brassica napus* L.) unter besonderer Berücksichtigung des Glucosinolatgehaltes der Samen. Göttingen, Cuvillier Verlag.
- TÖPFER, R., MARTINI, N., SCHELL, J. (1995): Modification of plant lipid synthesis. Science, 268: 681–686
- UZUNOVA, M., ECKE, W., WEIBLEDER, K., RÖBBELEN, G. (1995): Mapping the genome of rapeseed (*Brassica napus* L.). I. Construction of an RFLP linkage map and localization of QTLs for seed glucosinolate content. Theor. Appl. Genet., 90: 194–204.
- WRICKE, G., WEBER, W. E.: Quantitative Genetics and Selection in Plant Breeding. Berlin, de Gruyter 1986.

Mendel, markery a genové manipulace – šlechtění rostlin mezi tradičními metodami a molekulárními technikami

Nové biotechnologické metody nenahrazují, ale podstatně rozšiřují možnosti tradičního šlechtění rostlin. Nejsou v rozporu s klasickou mendelovskou genetikou, nýbrž z ní vycházejí. Nadále však zůstává otevřenou otázkou, do jaké míry povedou nové technologie k revoluci v tradiční šlechtitelské metodice. Diskutuje se o vyhlídkách a omezeních šlechtění rostlin, které vychází z mendelovské genetiky, a o nových možnostech, které otevírá genová technologie. Největší přínos v příštích 20 letech je možné očekávat od markerovacích technik. Všechny příklady byly vybrány ze šlechtění na zvyšování kvality u olejnatých plodin rodu *Brassica*.

Contact address:

Prof. Heiko C. Becker, Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Georg August Universität Göttingen, Von-Siebold-Str. 8, D-37075 Göttingen, Germany
tel: +49 551 394 381, fax: +49 551 394 601, e-mail: HBECKER1@gwdg.de

NOVÉ ODRŮDY – NEW VARIETIES

Ječmen ozimý Luxor

Povolen: Česká republika 1996

Slovenská republika 1996

Šlechtitelská práva: SELGEN a. s., Praha, Česká republika

Šlechtitel a udržovatel: SELGEN a. s., Šlechtitelská stanice Lužany

Rodokmen: Okal x Lunet

Metoda šlechtění: Rok křížení 1986. Od populace F₂ se zahájil výběr na regenerační schopnost a polní odolnost k listovým chorobám, poléhání a na zimovzdornost. V populaci F₃ byly provedeny orientační zkoušky výnosu a první klasové výběry. Od F₅ byl u linií testován výnos zrna, kvalitativní parametry, zimovzdornost, specifická odolnost k padlí travnímu a virové zakrslosti ječmene (BYDV). Do státních zkoušek bylo novošlechtění přihlášeno v F₇ pod označením SG-L72 a současně bylo založeno udržovací šlechtění.

Během státních zkoušek byly ve spolupráci s VÚRV Praha-Ruzyně provedeny podrobné testy mrazuvzdornosti a v zahraničí testy na virovou mozaiku ječmene (BYMV). SG-L72 byl povolen pod názvem Luxor v roce 1996 v generaci F₉.

Odolnost k chorobám: Dobrá polní odolnost k padlí travnímu (*Erysiphe graminis*) spojená s genem *M1-Brw*. Dobrá je i odolnost ke rzi ječné (*Puccinia hordei*) a rynchosporiové skvrnitosti (*Rhynchosporium secalis*). Pouze průměrná je odolnost k hnědé skvrnitosti (*Pyrenophora teres*). Odrůda není odolná k virózám BYDV a BYMV.

Kvalitativní ukazatele: Krmná odrůda s dobrou stravitelností při průměrném obsahu škrobu 61–63 % a 10,5–12,5 % bílkovin.

Výnosy zrna: Výnosy zrna jsou špičkové při velmi dobré stabilitě mezi ročníky i lokalitami. Nejlépe se uplatňují jeho přednosti v intenzivnějších polohách bramborářské oblasti a v oblasti řepařské.

Ostatní vlastnosti: Polopozdní typ víceřadého ječmene se středně vysokým stéblem, s dobrou odolností k vyzimování, regenerační schopností a odolností k poléhání. Dobře snáší pěstování po obilninách.

Winter barley Luxor

Registered: Czech Republic 1996

Slovak Republic 1996

Plant breeders rights: SELGEN a. s., Prague, Czech Republic

Breeder and maintainer: SELGEN a. s., Plant Breeding Station Lužany

Parentage: Okal x Lunet

Breeding method: Year of crossing 1986. Screening for regeneration ability, field resistance to leaf diseases, lodging and winterhardiness was practised since F₂ generation. In F₃ population the yield ability was estimated and ear selection was started. Since F₅ pedigree lines were evaluated for grain yield, quality, winterhardiness, resistance to mildew and barley yellow dwarf virus (BYDV). Line SG-L72 was tested in official trials from 1993 to 1995 (F₇-F₉) and then registered as the variety Luxor in 1996.

Disease resistance: Good powdery mildew resistance is provided by gene *MI-Brw*. Moderately resistant to leaf rust of barley (*Puccinia hordei*) and scald (*Rhynchosporium secalis*). Resistance to net blotch (*Pyrenophora teres*) is lower. It is susceptible to virus diseases (BYDV and BYMV).

Quality: Variety for feeding purposes with good digestibility, starch content 61-63%, protein content 10.5-12.5%.

Grain yield: Very good, the best results in sugar beet and intensive potato growing regions.

Other characteristics: Medium late six-row variety, with medium straw height and good lodging resistance, good winterhardiness and regeneration ability.

Ing. Pavel Mařík

SELGEN, a.s., Šlechtitelská stanice Lužany, 334 54 Lužany

tel.: 00 420 19 798 24 28, fax: 00 420 19 798 24 25

Ječmen jarní Atribut

Povolen: Česká republika 1996

Slovenská republika 1996

Šlechtitelská práva: SELGEN a.s., Praha, Česká republika

Šlechtitel a udržovatel: SELGEN a.s., Šlechtitelská stanice Stupice

Rodokmen: KM V 3/283 x BR 2174

Metoda šlechtění: Křížení bylo provedeno v roce 1984. V generaci F₂ následoval individuální výběr rostlin, F₃ potomstva rostlin byla vyseta na parcelách 1,2 m². Základem odrůdy Atribut se stalo potomstvo 13161 (z rostliny 2681-2.35). V generacích F₄ až F₇ byly založeny výnosové zkoušky na 10 m² parcelách v 1–4 opakováních a na 1–10 lokalitách. V generaci F₄ provedena reselekcce – individuální výběry rostlin. Počínaje generací F₄ testování odolnosti proti padlí travnímu (*Erysiphe graminis*), rzi ječné (*Puccinia hordei*) a hnědé skvrnitosti (*Pyrenophora teres*) ve fytoškolních s umělou infekcí, odolnost proti padlí travnímu testována také ve skleníku. Rovněž od F₄ testování sladovnické jakosti. V letech 1991–1992 zařazen do mezistaničních předzkoušek, do prvního roku státních zkoušek zařazen v roce 1993, po tříletém zkoušení povolen pod názvem Atribut.

Odolnost proti chorobám: Odolnost proti padlí travnímu (*Erysiphe graminis*) je vynikající, rasově nespecifická, daná genem *mlo*. Rezistence proti listovým skvrnitostem (*Pyrenophora teres*, *Rhynchosporium secalis*) je střední, proti rzi ječné (*Puccinia hordei*) nižší. Atribut se vyznačuje velmi dobrou odolností proti viru žluté zakrslosti ječmene (BYDV).

Sladovnická jakost: Slad vyrobený ze zrna odrůdy Atribut se vyznačuje příznivým obsahem extraktu, vynikající aktivitou proteolytických, amylolytických a cytolytických enzymů, normálním stupněm prokvašení a normálním obsahem beta-glukanů. Vzhledem k dosaženým hodnotám technologických znaků byla zařazena do skupiny výběrových odrůd.

Výnosy zrna: Nadprůměrných výnosů dosahuje Atribut v řepařské a bramborařské výrobní oblasti, v oblasti horské a kukuřičné jsou výnosy nižší.

Ostatní vlastnosti: Atribut je polopozdní odrůda s krátkým stéblem, dobře odnožující, středně odolná proti poléhání. Zrno je středně velké až velké s dobrou výtěžností předního zrna, plucha je jemně vrásčitá, slámově žluté barvy. Nemá specifické požadavky na agrotechniku.

Spring barley Atribut

Registered: Czech Republic 1996

Slovak Republic 1996

Plant breeders rights: SELGEN a.s., Prague, Czech Republic

Breeder and maintainer: SELGEN a.s., Plant Breeding Station Stupice

Parentage: KM V 3/83 x BR 2174

Breeding method: Early yield testing. Crossing was made in the year 1984. In F₂ generation individual plant selection, F₃ plant progenies on 1.2 m² plots. Atribut originates from the plant progeny 13161 of the plant 2681-2.35. Grain yield was evaluated since F₄ to F₇ in trials with 10 m² plots in 1-4 replications and on 1-10 locations. In F₄ we started reselection to select homogenous lines. Beginning in F₄ generation there was tested resistance to powdery mildew (*Erysiphe graminis*), brown rust (*Puccinia hordei*), and net blotch (*Pyrenophora teres*) in artificially inoculated nurseries. Resistance to powdery mildew was evaluated also in greenhouse tests. Beginning F₄, the malting quality was evaluated, too. After 2 years of further multi-location trials line SG-S 167 was tested in the official trials since 1993 to 1995 and then registered as variety Atribut in 1996.

Disease resistance: Excellent powdery mildew (*Erysiphe graminis*) race non-specific resistance is provided by gene *mlo*, brown rust (*Puccinia hordei*) resistance is somewhat lower whereas resistance to net blotch (*Pyrenophora teres*) and scald (*Rhynchosporium secalis*) is medium. Atribut has very good resistance to the barley yellow dwarf virus (BYDV).

Malting quality: Excellent, Atribut has good hot water extract, excellent activity of proteolytic, amylolytic, and cytolytic enzymes, average final attenuation as well as average beta-glucan content. Atribut belongs to the group of varieties with superior malting quality.

Grain yields: Atribut has very good yields in the sugar growing and potato growing regions. In the mountain and maize growing regions the yields are less satisfactorily.

Other characters: Atribut is medium late variety with short stem, good tillering, and medium lodging resistance. Grain is of average to large size, with good sieving rate, and with fine, yellow husk. It requires no special agronomical measures.

Ing. Ivan Langer, CSc., Ing. Marie Langrová

SELGEN, a.s., Šlechtitelská stanice Stupice, 250 84 Sibřina

tel.: 00 420 2 677 10 646, 00 42 2 677 10 676, fax: 00 420 2 677 11 398

Pšenice ozimá Samara

Povolena: Česká republika 1995

Šlechtitelská práva: SELGEN a.s., Praha, Česká republika

Šlechtitel a udržovatel: SELGEN a.s., Šlechtitelská stanice Stupice

Rodokmen: Regina * CWW WN 156

Metoda šlechtění – rodokmenová: Individuální výběry rostlin od F₂ do F₄, v F₅ sklizeň dvouřádkové mikroparcely. Výnos zrna byl hodnocen od F₆ do F₉ na parcelách 10 m² postupně ve více opakováních a na více lokalitách (zkoušky staniční, firemní a mezistaniční). Selekcce na odolnost k hlavním chorobám byla prováděna od generace F₁. Pod umělými infekcemi padlím travním a rzemi byla testovány generace F₂, F₆–F₉, u *Septoria nodorum* F₇–F₉. Skleníkové testy na odolnost k padlí travnímu ve stadiu klíčnicích rostlin probíhaly v F₆–F₉. Podrobnější testy jakosti, mrazuvzdornosti a odolnosti k porůstání zrna byly prováděny od generace F₆. Udržovací šlechtění bylo zahájeno v generaci F₈. Nové šlechtění SG-S258 bylo přihlášeno do SOZ v roce 1992 a povoleno pod názvem Samara v roce 1995 (generace F₁₂).

Odolnost k chorobám: Je odolná ke rzi plevové (9), má lepší odolnost k braničnatce plevové (7), odolnost k ostatním chorobám je střední (hodnocena stupni 5–6), s výjimkou rzi travní, ke které je náchylnější (4). Odolnost k chorobám je hodnocena stupnicí 9–1, 8–9 = odolné, 3–1 = velmi náchylné.

Genetické založení odolnosti: Padlí travní – *Pm2* + *Pm6*, odolnost ke rzi plevové je pravděpodobně založena na genu *Yr1*, odolnost ke rzi pšeničné je řízena dosud nepojmenovaným genem (+), který je účinný k rase 61 a 12, ale jen k některým biotypům rasy 61SaBa (VÚRV Praha-Ruzyně – P. Bartoš, R. Hanušová).

Jakost: Krmná jakost C3. Má vysoký obsah lepku (Go 30,1 %), který má nízkou bobtnavost (Qo 1–3 cm³). Pokusné bochničky mají malý objem (395 cm³/100 g). Tomu odpovídá i nízká hodnota sedimentačního testu SDS (24,3 ml). Není proto vhodná pro pekařské využití. Lze předpokládat podle poměru obsahu lepku a nízké sedimentační hodnoty dobrou jakost krmnou. Nízkou pekařskou jakost potvrzují i její gluteninové podjednotky: 6+8 a 2+12. Odolnost k porůstání zrna v klase je velmi dobrá.

Mrazuvzdornost: Je střední až nižší, hodnocená stupněm 5.

Výnos zrna: Hodnocení je založeno na průměru pokusů ÚKZÚZ v letech 1991 až 1995. Odrůda Samara měla průměrné výnosy v oblasti řepařské a nadprůměrné v bramborařské a horské oblasti (107–108 % na průměr odrůd v pokuse).

Ostatní vlastnosti: Je polopozdní až pozdní odrůdou se střední délkou stébla (90 až 95 cm) i střední odolností k poléhání. Klas je bílý, hranolovitého tvaru, středně hustý, v horní čtvrtině klasu má krátké až středně dlouhé osinky. Listy jsou na počátku metání vzpřímené, silně ojiněné.

Winter wheat Samara

Registered: Czech Republic 1995

Plant breeders' rights: SELGEN, a.s., Prague, Czech Republic 1995

Breeder and maintainer: SELGEN, a.s., Plant Breeding Station Stupice

Parentage: Regina * CWW WN156

Breeding method – pedigree: Individual plant selections since F₂ to F₄. In F₅ of plant progeny microplots were harvested. Grain yield was evaluated progressively in more replications and on more locations with plot size 10 m² from F₆ to F₉. Screening for disease resistance was practised from F₁. Generations F₂, F₆–F₉ were tested in special nurseries under artificial infections with mildew and rusts, from F₇ also with *Septoria nodorum*. Screening for mildew resistance on seedlings in greenhouse were done in F₇–F₉. More detailed analyses for quality, frost resistance and sprouting resistance were done in F₇–F₉. More detailed analyses for quality, frost resistance and sprouting resistance were performed since F₆. After three years of official trials line SG-S258 was registered as Samara in F₁₂.

Disease resistance: Resistant to yellow rust (9), good resistance to *Septoria nodorum* (7), only moderately resistant to mildew and brown rust (6). It is susceptible to stem rust (4). Disease resistance is expressed on 9–1 scale, 8–9 ratings = resistant, 6–7 moderately resistant, 4–5 susceptible, 1–3 very susceptible.

Resistance genes: Mildew – *Pm2* + *Pm6*, yellow rust probably *Yr1*, resistance to brown rust (not yet defined gene +) is effective to race 61 and 12, but only to some biotypes of race 61SaBa (VÚRV Praha-Ruzyně – P. Bartoš, R. Hanušová).

Quality: C3 – high gluten content (Go 30%), with very low swelling capacity (Qo 1–3 cm³). It is not suitable for baking purposes. Glutenin subunits are: 6+8 and 2+12. It has very good sprouting resistance.

Frost resistance: Middle to lower, evaluated with note 5.

Grain yield: Yield is expressed in relation to the mean of official trials (years 1991–1995). Variety Samara yielded medium in sugar beet area and 7–8% over average in potato area and in higher elevations.

Other characteristics: Late variety with average straw length (90–95 cm) and average lodging resistance. The spike is white, parallel shape, with normal density and with short or middle scurs in the upper part. The leaves on the beginning of heading are erect with strong glaucosity.

Ing. Alena Hanišová, Ing. Miloš Haniš, CSc.

SELGEN, a.s., Šlechtitelská stanice Stupice, 250 84 Sibřina

tel.: 00 420 2 677 10 646, 00 420 2 677 10 676, fax: 00 420 2 677 11 398

Instructions for authors

Manuscripts in duplicate should be addressed to: RNDr. Marcela Braunová, Ústav zemědělských a potravinářských informací, Slezská 7, 120 56 Praha 2, Czech Republic.

Manuscript should be typed with a wide margin, double spaced on standard A4 paper. Articles on **floppy disks** are particularly welcome. Please indicate the editor programme used.

Text

Full research manuscript should consist of the following sections: Title page, Abstract, Keywords, a short review of literature (without "Introduction" subtitle), Materials and Methods, Results, Discussion, References, Tables, Legends to figures. A title page must contain the title, the complete name(s) of the author(s), the name and address of the institution where the work was done, and the telephone, fax and e-mail numbers of the corresponding author. The Abstract shall not exceed 120 words. It shall be written in full sentences and should comprise base numerical data including statistical data. As a rule, it should not give an exhaustive review of literature. In the chapter Materials and Methods, the description of experimental procedures should be sufficient to allow replication of trials. Organisms must be identified by scientific name. Abbreviations should be used if necessary. Full description of abbreviation should follow the first use of an abbreviation. The International System of Units (SI) and their abbreviations should be used. Results should be presented with clarity and precision. Discussion should interpret the results. It is possible to combine Results and Discussion in one section. References in the text to citations comprise the author's name and year of publication. If there are more than two authors, only the first one should be named in the text, followed by the phrase "et al.". References should include only publications quoted in the text. They should be listed in alphabetical order under the first author's name, citing all authors, full title of an article, abbreviation of the periodical, volume number, year, first and last page numbers.

Tables and Figures

Tables, figures and photos shall be enclosed separately. The text must contain references to all these annexes. Figures should be referred solely to the material essential for documentation and for the understanding of the text. Duplicated documentation of data in figures and tables is not acceptable. All illustrative material must be of publishing quality. Figures cannot be redrawn by the publisher. All figures should be numbered. Photographs should exhibit high contrast. Both line drawings and photographs are referred to as figures. Each figure should contain a concise, descriptive legend.

Offprints: Forty offprints of each paper are supplied free of charge to the author.

Authors have full responsibility for the contents of their papers. The board of editors of this journal will decide on paper publication, with respect to expert opinions, scientific importance, contribution and quality of the paper.

Obsah

Martynov S., Dobrotvorskaya T., Stehno Z., Dotlačil L.: Genetic diversity of czech and slovak wheat cultivars in the period 1954–1994 – Změny genetické diverzity českých a slovenských odrůd pšenice v letech 1954–1994 .	1
Hanušová R., Stuchlíková E., Bartoš P., Škorpík M.: Přenos genů rezistence ke rzi pšeničné a padlí travnímu z <i>Triticum durum</i> do <i>Triticum aestivum</i> – Transfer of leaf rust and powdery mildew resistance genes from <i>Triticum durum</i> into <i>Triticum aestivum</i>	13
Věchet L.: Diverzita odolnosti českých a slovenských odrůd pšenice ozimé ke rzi plevové s odlišnou patogenitou ke genu rezistence <i>Yr9</i> – The diversity of resistance of czech and slovak winter wheat varieties to yellow rust populations with different pathogenity to the gene of resistance <i>Yr9</i>	21
Vacke J., Šíp V., Škorpík M.: Reakce vybraných odrůd a novošlechtění ječmene jarního na infekci virem žluté zakrslosti ječmene – Response of selected spring barley varieties and advanced breeding lines to the infection with barley yellow dwarf virus.	33
Dreiseitl A.: Odolnost k padlí travnímu u novošlechtění ječmene – Resistance to powdery mildew of barley lines.	45
INFORMACE – NÁZORY	
Schwarzbach E.: Epidemiologické aspekty genu <i>mlo</i> způsobujícího odolnost ječmene k padlí travnímu – Epidemiologic aspects of the <i>mlo</i> gene for resistance of barley to powdery mildew	55
PŘEHLEDY – REVIEW	
Becker H. C.: Mendel, marker, constructs – plant breeding between traditional methods and molecular techniques – Mendel, markery a genové manipulace – šlechtění rostlin mezi tradičními metodami a molekulárními technikami	61
NOVÉ ODRŮDY – NEW VARIETIES	
Mařík P.: Ječmen ozimý Luxor – Winter barley Luxor	75
Langer I., Langrová M.: Ječmen jarní Atribut – Spring barley Atribut	77
Hanišová A., Haniš M.: Pšenice ozimá Samara – Winter wheat Samara	79
AKTUALITY – NEWS	
Salava J.: Šlechtění brukvovitých v Kanadě	60

Vědecký časopis GENETIKA A ŠLECHTĚNÍ ♦ Vydává Česká akademie zemědělských věd – Ústav zemědělských a potravinářských informací, Praha ♦ Redakce: Slezská 7, 120 56 Praha 2, tel.: 02/251 098, fax: 02/242 539 38, e-mail: braun@uzpi.agrec.cz ♦ Sazba: RNDr. Marcela Braunová, Nad Palatou 54, 150 00 Praha 5 ♦ Tisk: ÚZPI Praha ♦ © Ústav zemědělských a potravinářských informací, Praha 1997