

UNIVERZITA PALACKÉHO V OLOMOUCI  
PŘÍRODOVĚDECKÁ FAKULTA  
KATEDRA BOTANIKY

# Duplicity v genofondové kolekci lociky seté

---

Diplomová práce

**Bc. Kateřina Grygarová**

Matematika-biologie

Prezenční studium

Vedoucí práce:

Doc. Ing. Eva Křístková Ph.D.

**Olomouc  
2013**

Prohlašuji, že jsem tuto diplomovou práci vypracovala samostatně s použitím uvedené literatury a s odborným dohledem vedoucí této diplomové práce.

V Olomouci dne

---

Bc. Kateřina Grygarová

Předem své práce bych chtěla poděkovat paní docentce Evě Křístkové, vedoucí své diplomové práce, za cenné rady a za pomoc při metodických postupech a organizaci tohoto pokusu. Dále bych chtěla poděkovat paní Vondrákové a paní Zoubkové za pomoc při pracích v laboratoři, paní doktorce Petrželové za pomoc při hodnocení plísně salátové, paní doktorce Krškové za pomoc při statistickém zpracování dat a paní doktorce Sedlákové za rady ohledně zpracování výsledků týkající se plísně salátové.

**Jméno a příjmení autora:** Kateřina GRYGAROVÁ

**Název práce:** Duplicity v genofondové kolekci lociky seté

**Typ práce:** diplomová

**Pracoviště:** Katedra botaniky Přírodovědecké fakulty Univerzity Palackého v Olomouci

**Vedoucí práce:** Doc.Ing. Eva Křístková, Ph.D.

**Rok obhajoby práce:** 2013

**Abstrakt:** Předložená diplomová práce je zaměřena na zpracování dat morfologického hodnocení šesti kvantitativních a osmi kvalitativních znaků souboru 14 genotypů *Lactuca sativa* L. odrůdy 'Atrakce', uchovávaných v české národní genofondové kolekci. Cílem práce bylo vytipovat morfologické duplicity. Genotypy 09H5700127 a 09H5700134 se výrazně morfologicky odlišovaly od ostatních genotypů souboru. Naopak genotypy 09H5700128 a 09H5700129 se ve fenotypových projevech vzájemně nejvíce podobaly, stejně jako genotypy 09H5700015 a 09H5700125. Tyto dvojice genotypů lze tedy považovat za morfologické duplicity. Identický soubor genotypů byl hodnocen na rezistenci vůči 22 izolátům *Bremia lactucae* Regel, přičemž většina těchto genotypů byla náchylná vůči izolátům plísně. Genotypy 09H5700126/93, 09H5700128, 09H5700129 a 09H5700133 byly 100% náchylné vůči všem testovaným izolátům. Genotyp 09H5700127 byl odolný k sedmi izolátům. Genotyp 09H5700977 byl rezistentní k dvanácti izolátům plísně salátové.

**Klíčová slova:** *Bremia lactucae*, duplicity, genofondové kolekce, genetické zdroje, *Lactuca sativa*, locika setá, morfologie, plíseň salátová, rezistence

**Počet stran:** 84

**Počet příloh:** 1

**Jazyk:** čeština

**Autor's first name and surname:** Kateřina GRYGAROVÁ

**Title:** Duplicates in germplasm collections of lettuce

**Type of thesis:** diploma

**Department:** Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc

**Supervisor:** Doc.Ing. Eva Křístková, Ph.D.

**The year of presentation:** 2013

**Abstrakt:** This diploma thesis is focused on the processing of data issued from the morphological assessment of six quantitative and eight qualitative traits of 14 genotypes *Lactuca sativa* L. cultivar 'Atrakce', held in the Czech national germplasm collection. The aim of this work was to identify the morphological duplicates. Genotypes 09H5700127 and 09H5700134 differed significantly to all other genotypes of the set. Conversely phenotypes of genotypes 09H5700128 and 09H5700129 were very similar, as well as genotypes 09H5700015 and 09H5700125. These pairs of genotypes can be considered as morphological duplicates.

Identical set of genotypes was evaluated for resistance to 22 isolates of *Bremia lactucae* Regel. The majority of genotypes were susceptible to isolates to *B. lactucae*. Genotypes 09H5700126/93, 09H5700128, 09H5700129 and 09H5700133 were susceptible to all isolates tested. Genotype 09H5700127 was resistant to seven isolates. The genotype 09H5700977 was resistant to 12 isolates tested.

**Keywords:** *Bremia lactucae*, duplicates, genetic resources, germplasm collections, *Lactuca sativa*, lettuce, morphology, resistance

**Number of pages:** 84

**Number fo appendices:** 1

**Language:** Czech

## **Obsah**

OBSAH .....	6
1. ÚVOD .....	8
2. CÍLE PRÁCE .....	10
3. LITERÁRNÍ PŘEHLED .....	11
3.1. Locika setá ( <i>Lactuca sativa</i> L.).....	11
3.2. Odrůda salátu hlávkového 'Atrakce' .....	12
3.3. Genetické zdroje rostlin a parazitických hub .....	13
3.3.1. Evidence a popis genetických zdrojů rostlin rodu <i>Lactuca</i> .....	15
3.3.2. Duplicity v genofondových kolekcích rostlin.....	16
3.4. Statistické zpracování dat .....	19
3.5. <i>Bremia lactucae</i> Regel .....	22
4. MATERIÁL A METODY .....	27
4.1. Přehled materiálu .....	27
4.2. Metody.....	30
4.2.1. Metody hodnocení morfologických znaků genotypů odrůdy 'Atrakce' .....	30
4.2.1.1. Metody pěstování rostlin .....	30
4.2.1.2. Proces sběru dat a vyhodnocování dat statistickými testy.....	30
4.2.1.3. Metody pro statistickou analýzu dat.....	32
4.2.2. Metody hodnocení rezistence testovaných genotypů salátu vůči <i>B. lactucae</i> .....	33
4.2.2.1. Organizace pokusů .....	33
4.2.2.2. Množení a udržování <i>Bremia lactucae</i> pro pokusy.....	33
4.2.2.3. Příprava inokula .....	34
4.2.2.4. Inokulace a inkubace .....	34
4.2.2.5. Hodnocení rezistenčních testů .....	34

5. VÝSLEDKY.....	36
5.1. Analýza morfológických dat.....	36
5.1.1. Analýza kvantitativních morfológických znaků .....	36
5.1.1.1. Podobnost genotypů odrůdy 'Atrakce' podle kvantitativních znaků .....	48
5.1.1.2. Korelační závislosti mezi kvantitativními morfológickými znaky genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' .....	49
5.1.2. Analýza kvalitativních morfológických znaků .....	57
5.1.2.1. Podobnost genotypů odrůdy 'Atrakce' podle kvalitativních znaků .....	68
5.2. Rezistence genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' vůči izolátům <i>Bremia lactucae</i> .....	69
6. DISKUZE.....	71
6.1. Variabilita v projevu vybraných morfológických znaků.....	71
6.2. Stálost fenotypového projevu hodnocených morfológických znaků .....	73
6.3. Hodnocení odolnosti souboru genotypů odrůdy 'Atrakce' vůči izolátům <i>Bremia lactucae</i> .....	75
7. ZÁVĚR.....	77
8. PŘEHLED LITERATURY .....	78
9. PŘÍLOHA.....	85

## 1. Úvod

Listová zelenina patří v Evropě k ekonomicky významným skupinám pěstovaných plodin. Pojem listová zelenina zahrnuje velký počet pěstovaných plodin, patřících do různých botanických čeledí. V Evropě existuje nejméně 17 institucí zabývajících se genofondovými kolekcemi listové zeleniny (Lebeda a Boukema, 2005). Salát (locika setá) je obecně považován za jednu z hlavních listových zelenin (Van Treuren et al., 2012).

Šlechtění salátu je zaměřeno vedle výnosových parametrů a znaků důležitých pro konzumenty a spotřebitele, také na tvorbu odrůd odolných vůči chorobám a škůdcům. Mezi nejnebezpečnější patogeny salátu patří plíseň salátová (*Bremia lactucae* Regel) (Lebeda et al., 2007) a hlavní pozornost šlechtitelů je tedy zaměřena především na vyšlechtění rezistentních odrůd salátu. I když moderní šlechtitelské postupy stále intenzivně využívají ve šlechtění salátu planě rostoucí druhy rodu *Lactuca*, je velmi důležité uchovávat staré krajové odrůdy. Tyto odrůdy mohou být odolné vůči aktuálním biotickým a abiotickým faktorům a další výhodou je, že je lze využít při klasickém křížení (Lebeda a Křístková, 1995).

Genetické zdroje planě rostoucích druhů rodu *Lactuca*, které jsou uchovávány v genových bankách po celém světě, jsou nedílnou součástí celosvětového rostlinného dědictví (Lebeda et al., 2009). Genové banky poskytují bohatý zdroj diverzity, která je široce využívána ve šlechtění nových kultivarů a pro výzkum (van de Wouw et al., 2011). Činnost genových bank na mezinárodní úrovni koordinuje Biodiversity International.

U řady starých krajových odrůd uchovávaných v genových bankách nejsou k dispozici kompletní pasportní data. Bylo zjištěno, že vysoký podíl vzorků je označen chybnými názvy. Mnoho starých kultivarů je v kolekci uchováváno vícekrát, a to pod stejnými nebo podobnými názvy, a často také ve více kolekcích (van de Wouw et al., 2011). Hlavním cílem genových bank je vytvoření sbírky, která by reprezentovala genetickou diverzitu genových poolů pěstovaných plodin co nejrozsáhleji, ale zároveň s minimem nadpočetných vzorků (van Treuren et al., 2012). Prvním krokem pro identifikaci duplicit v genofondových kolekcích je stanovení fenotypové podobnosti u položek s obdobnými nebo stejnými pasportními daty.

Předložená diplomová práce navazuje na bakalářskou práci, která byla obhájena v roce 2009 (Grygarová, 2009). Tato bakalářská práce byla zaměřena na získávání,



shromáždění a zaznamenání popisných dat vybraných genetických zdrojů salátu odrůdy 'Atrakce'. Předložená diplomová práce je zaměřená na zpracování dat pro vybrané morfologické znaky u souboru 14 genotypů salátu (*Lactuca sativa* L.) odrůdy 'Atrakce' na základě výsledků, získaných v roce 2008 v rámci bakalářské práce, jejich vyhodnocením vhodnými statistickými metodami a na jejich základě vytipovat v souboru možné morfologické duplicity. Tato práce je také součástí aktivit rozvíjených v rámci studie biodiverzity krajových odrůd rodu *Lactuca* a jejich interakci s patogeny, kterými se zabývá Oddělení fytopatologie Katedry botaniky Přírodovědecké fakulty Univerzity Palackého v Olomouci.

## ***2. Cíle práce***

Předložená diplomová práce má tyto cíle:

1. Zpracovat data pro vybrané morfologické znaky u souboru 14 položek genetických zdrojů salátu (*Lactuca sativa* L.) odrůdy 'Atrakce' na základě výsledků získaných v roce 2008 v rámci bakalářské práce.
2. Vyhodnotit data vhodnými statistickými metodami.
3. Vytipovat případné morfologické duplicity v tomto souboru.
4. Posoudit stálost fenotypového projevu vybraných morfologických znaků.
5. Vyhodnotit odolnost studovaného souboru k 22 vybraným izolátům (rasám) plísňe salátové (*Bremia lactucae*) v testech *in – vitro*.
6. Stanovit variabilitu v projevu morfologických znaků a variabilitu reakce k plísni salátové mezi genotypy i v rámci jednotlivých genotypů.

### ***3. Literární přehled***

Rozmanitost rostlinných druhů a forem vzniklých dlouhou evolucí je nenahraditelným a jedinečným zdrojem duchovních i materiálních hodnot a předpokladem harmonického rozvoje každého biotopu. Různorodost a pestrost rostlinných druhů podmiňuje jeho malou zranitelnost a umožňuje snadněji překonat náhlé změny biotických a abiotických činitelů (Lebeda a Křístková, 1995).

#### **3.1. Locika setá (*Lactuca sativa* L.)**

Charakteristikou druhu locika setá (*Lactuca sativa* L.) jsem se velmi podrobně zabývala ve své bakalářské práci Grygarová (2009). Na tomto místě pouze stručně shrnu nejdůležitější charakteristiku.

Kulturní locika setá (*Lactuca sativa* L.) patří do rodu *Lactuca* (čeleď Asteraceae), který zahrnuje asi 100 planě rostoucích druhů. Je to jednoletá rostlina, mnohotvárná zejména vzhledem k charakteristice listů. Nejvýznamnější rozlišovací znaky mezi různými formami jsou barva, tvar, bublinatost a okraj listu (Rubatzky a Yamaguchi, 1996). Listy tvoří růžici nebo hlávku, podle jejíž pevnosti se dané formy také rozlišují. Květy jsou sestaveny v drobné úbory, jsou souměrné, jazýčkovité, světlžluté, zesponu někdy nafialovělé, s jednoduchým spodním semeníkem (Müller, 1959). Nažky jsou vejčité klínovité, zploštělé, na horním konci tupě zašpičatělé, na spodním protáhlé a rovně zakončené. Na obou stranách se táhne po celé délce 5 až 7 dobře znatelných žeber. Na horním zašpičatělém konci k nažce nasedá zobánek a chmýr s paprscitě uspořádanými rameny (Müller, 1959). Barevnost nažek, resp. jejich oplodí, je rozmanitá a tvoří škálu od bílé a odstínů žluté po hnědou, šedou až černou (Rubatzky a Yamaguchi, 1996). V semenářství a pěstitelství se pojem nažky nahrazuje slovem semena, což je sice termín nesprávný, ale srozumitelný a zřejmý pro semenáře i pěstitele.

Proces domestikace salátu vedl ke ztrátě nebo potlačení některých vlastností charakteristických pro planě rostoucí lociky. Došlo například ke snížení obsahu latexu (mléčné tekutiny produkované speciálními buňkami), eliminaci hořké chuti, absenci listových trichomů a v neposlední řadě bylo výrazně oddáleno vybílání a kvetení. Moderní šlechtitelské metody se zaměřují na zdokonalení odrůd s ohledem na tvar listů, kompaktnost hlávek, přítomnost antokyanu, odolnost vůči vybílání, rezistenci vůči chorobám, škůdcům a abiotickým faktorům prostředí (Lebeda et al., 2007).

### 3.2. Odrůda salátu hlávkového 'Atrakce'

Pro přehlednost jsou na tomto místě uvedeny informace, které byly v mé bakalářské práci (Grygarová, 2009). Odrůda 'Atrakce' patří k těm, které se tradičně pěstovaly a pěstují na území celé Evropy. V publikaci kolektivu autorů vedených C. M. Rodenburgem (Rodenburg et al., 1960) je uvedeno, že tato odrůda, uváděná pod názvem 'Sans rivale à Graine Blanche', v překladu přibližně 'Bez rivala bílosemenná', je známá od roku 1890. Pochází z odrůdy 'Lorhois' (synonymum 'Trocadéro à Graine Blanche'), výběrem rostlin bez antokyanu. Ze záznamů šlechtitele Vilmorin-Andrieux je zřejmé, že již tehdy byly vlastnosti této odrůdy velmi oceňovány a v prvních letech nebylo dost osiva, aby uspokojila poptávku.

V katalogích firem John A. Bruce & Co. a J. A. Summers z roku 1902 byla tato odrůda v Americe uváděna pod názvem 'Unrivalled'. Později byla tato odrůda lépe známá jako 'White Boston'. Pod tímto jménem se v roce 1931 dostala do Holandska a prostřednictvím A. R. Zwaan & Sohn ve Voorburgu se dále šířila pod názvem 'Attractie'. Tento název si v Holandsku uchovala doposud. V Německu byla tato odrůda od roku 1914 známá pod názvem 'Bohemia'. Současné německé označení je 'Attraktion'. V Anglii se odrůda jmenuje 'Unrivalled' nebo také 'Borough Wonder' (Rodenburg et al., 1960).

Všechny synonymní názvy této odrůdy z publikace Rodenburg et al. (1960) jsou Atrakce, Attracción, Attractie, Attraction, Attraktion, Attractiva, All Heart Exhibition, All Season, Barr's Paragon, Best of all, Blanke Zomer, Blonde du Châtelet, Blonder von Malines, Bohemia, Bohemia gelber grosser, Bohemia Sommerkopfsalat, Borough Wonder, California Butter, China, Cluseed Borough Wonder, Compactum, de Constance, de Julio, de la Bohème, de Tägerwillen, de Taegerwillen, Dětenická Atrakce, Dětenický Letní, Early Mammoth, Folger, Germania, Ideal, Improved Unrivalled, July, Kirkgate Market, Longstanding, Gloire de Nantes, Mammoth Green, Market Favourite, Market King, Money Maker, New Market, Northern Queen, Ohne Gleichen, Osmaston Beauty, Our Choice, Paragon, Perfect, Premium, Prima Donna, Puru Green Trocadéro, Reichenbacher Riese, Reliance, Salad Favourite, Sans rivale à graine blanche améliorée, Sans rivale améliorée, Spring Queen, Stamm 4100, Summer Cabbage, Tägerwiller, Trocadéro Impoved, Unrivalled, Unrivalled Summer, Unserpassed, Unwins Ideal, Wagners Stamm 4100, Weissenseer Riesen, Weisser

Boston, White Big Boston, White Boston, White Heart, Winter Favourite, Woodwards Earley Mammoth (Rodenburg et al., 1960).

Odrůda má semena bílé barvy; listy jsou dosti jemné, lesklé, světle zelené, bez antokyanu, okraj listu silně zvlňný. Hlávka je velmi pevná, dobře uzavřená. Listy původního typu 'Sans rivale à Graine Blanche' byly méně bublinaté a tato odrůda měla více spodních listů než současná odrůda, hlávka byla trochu větší a doba sklizňové zralosti byla delší. Odrůda je vhodná pro polní letní pěstování, není vhodná pro pěstování v krytých prostorách. Je málo náchylná k hnědnutí okrajů listů, ale je náchylná k plísni salátové (*Bremia lactucae*) a virové mozaice salátu (Rodenburg et al., 1960).

### **3.3. Genetické zdroje rostlin a parazitických hub**

V České republice je v současné době uchovávání genetických zdrojů rostlin zajišťováno „Národním programem konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství“ (dále jen „Národní program“) na období let 2012 až 2016, navazujícím na předchozí fázi Národního programu na období 2007 až 2011. Jeho legislativní rámec je ošetřen Zákonem o konzervaci a užívání genetických zdrojů rostlin a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství 148/2003 Sb. a Prováděcí vyhláškou k zákonu o konzervaci a využívání genetických zdrojů rostlin a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství 458/2003 Sb.

Tento Národní program je dále rozdělen do tří podprogramů, z nichž uchovávání genetických zdrojů rostlin je zajišťováno podprogramem „Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin a agrobiodiversity“ (Národní program rostlin) a uchovávání genetických zdrojů mikroorganismů je zajišťováno podprogramem „Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů mikroorganismů a drobných živočichů hospodářského významu“ (Národní program mikroorganismů) ([http://genbank.vurv.cz/genetic/nar\\_prog/Dokumenty/NPGZ\\_12\\_16.pdf](http://genbank.vurv.cz/genetic/nar_prog/Dokumenty/NPGZ_12_16.pdf)).

Z hlediska uchovávání genetických zdrojů zeleniny má v naší republice nejvýznamnější postavení Centrum aplikovaného výzkumu zelenin a speciálních plodin Olomouc Výzkumného ústavu rostlinné výroby Praha – Ruzyně. V průběhu asi padesáti let zde byly soustředěny rozsáhlé kolekce prakticky všech významných zeleninových druhů (Lebeda a Křístková, 1995).

Spolupráce pracovišť genových bank je na mezinárodní úrovni podporována organizací Biodiversity International, dříve pojmenovanou jako Mezinárodní ústav pro genetické zdroje rostlin (International Plant Genetic Resources Institute – IPGRI), který byl ustanoven v roce 1974 pod názvem International Board of Plant Genetic Resources (IBPGR) – Mezinárodní výbor pro genetické zdroje rostlin ([www.biodiversityinternational.org](http://www.biodiversityinternational.org)).

V Evropě je spolupráce genových bank zajišťována The European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks (ECPGR). Tento program je zcela financován členskými zeměmi a jeho činnost je koordinována Biodiversity International. Program je zaměřený na dlouhodobé uchovávání genetických zdrojů rostlin a jejich následné využívání. V rámci programu jsou vytvářeny pracovní skupiny pro důležité zemědělské plodiny. Jednou z těchto pracovních skupin je Pracovní skupina pro listovou zeleninu (Leafy Vegetables Working Group – LVWG). Pracovní náplní této skupiny je v první řadě uchovávání genetických zdrojů listové zeleniny. S tímto souvisí vytvoření databáze genetických zdrojů listové zeleniny, s co nejmenším počtem nadpočetných vzorků a s doplněním chybějících položek. Všechny položky v databázi musí být správně popsány. S tím souvisí vytvoření minimálních sad deskriptorů, které budou dostupné pro širokou veřejnost. Další činností LVWG je regenerace položek z genových bank (Smékalová a van Treuren, 2010).

Záznamy o regeneracích položek z kolekcí jsou často neúplné nebo chybějí. Pracovní skupina se také zabývá problematikou tzv. safety – duplication. Tento termín zahrnuje položky, které je potřeba pro jejich jedinečnost chránit a jsou tedy uchovávány několikrát v různých genových bankách. Opačným problémem jsou položky, které se v kolekcích vyskytují několikrát a to neúmyslně a nevědomě. Takovým položkám říkáme duplicitní. Jedním z úkolů pracovní skupiny je racionalizace kolekcí, která spočívá ve vytipování, vyhledávání a následném odstraňování těchto duplicit z kolekcí. Posledním úkolem pracovní skupiny je zahrnutí planě rostoucích příbuzných druhů do kolekcí. Tyto druhy mohou být důležitým zdrojem vlastností využitelných ve šlechtění (Smékalová a van Treuren, 2010).

Genetickými zdroji mikroorganismů se rozumí mikroorganismy, které mají pozitivní i negativní význam v zemědělství a v krmivářském, zpracovatelském a potravinářském průmyslu zhodnocujícím zemědělskou produkci, a to jako užitečné organismy nebo jako škodliví činitelé (fytopatogenní viroidy, viry, rickettsie, mykoplasmy, bakterie, houby, rhizobia, bakterie, kvasinky, plísně atp.)

([http://genbank.vurv.cz/genetic/resources/documents/NPGZ\\_07\\_11.pdf](http://genbank.vurv.cz/genetic/resources/documents/NPGZ_07_11.pdf)). Povinnost dlouhodobě uchovat svěřené sbírky genetických zdrojů (včetně zajištění potřebných regenerací) vyplývá pověřené osobě a účastníkům z Národního programu mikroorganismů z § 15 zákona č. 148/2003 Sb. o konzervaci a využívání genetických zdrojů rostlin a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství a o změně zákona č. 368/1992 Sb., o správních poplatcích ve znění pozdějších předpisů (zákon o genetických zdrojích rostlin a mikroorganismů), kteří přitom jsou povinni dodržovat zásady a postupy stanovené vyhláškou č. 458/2003 Sb., kterou se provádí zákon o genetických zdrojích rostlin a mikroorganismů

([http://genbank.vurv.cz/genetic/resources/documents/NPGZ\\_07\\_11.pdf](http://genbank.vurv.cz/genetic/resources/documents/NPGZ_07_11.pdf)).

Avšak uchovávání hub (*in – situ*, *ex – situ*) není stále ještě dobře vyvinuto. Kultury biotrofních rostlinných parazitických hub nejsou většinou začleněny v celosvětových kolekcích hub, protože jejich udržování je složité (Lebeda, 1998). Jejich uchovávání souvisí se systematickým výzkumem, který může poskytovat informace pro lepší pochopení variability, funkce a interakce s hostiteli. Tato znalost je také důležitým klíčem pro praktické využití genetických zdrojů v rostlinném šlechtitelství a rostlinné biotechnologii zahrnující šlechtění salátu (Lebeda, 1998).

Katedry botaniky Přírodovědecké fakulty Univerzity Palackého v Olomouci spravuje specifické sbírky fytopatogenních mikroorganismů. V roce 2011 zahrnovala sbírka 174 izolátů 17 druhů fytopatogenních hub a houbám podobných organismů, zařazených v národní databázi. V případě *Bremia lactucae* je dlouhodobě udržováno celkem 60 kmenů (Lebeda, 2012).

### **3.3.1. Evidence a popis genetických zdrojů rostlin rodu *Lactuca***

V roce 2000 byla vytvořena Mezinárodní databáze rodu *Lactuca* (ILDB), která je spravována ústavem CGN Wageningen v Holandsku (Stavelíková et al., 2002). Tato databáze je zaměřena především na pasportní data všech položek genetických zdrojů rodu *Lactuca* ve světě. V současné době zahrnuje databáze pasportní data 11 697 položek z 30 kolekcí. Z České republiky je do této databáze zahrnuto 13 kolekcí (<http://www.cgn.wur.nl/UK/CGN+Plant+Genetic+Resources/Collections/Leafy+vegetables/Lettuce/>).

Popisná data každé položky genetických zdrojů uchovávaných v genových bankách umožňují její efektivní využití ve výzkumu a šlechtění. Minimální sada popisných znaků pro genetické zdroje druhu *Lactuca sativa* byla vytvořena pro potřeby

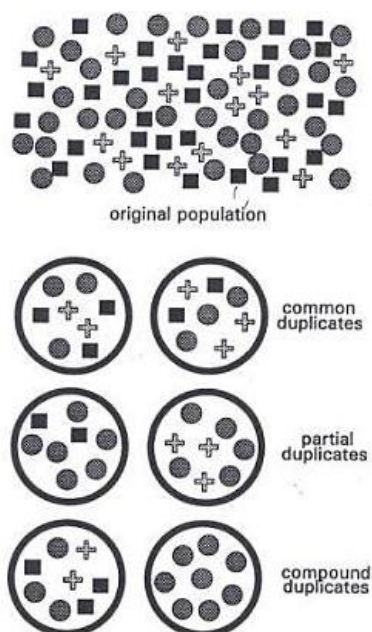
pracovní skupiny ECPGR pro genetické zdroje listových zelenin (Lebeda a Boukema, 2005). V rámci České republiky byla Radou pro genetické zdroje rostlin České republiky přijata minimální sada deskriptorů pro popis genetických zdrojů *L. sativa* (Chytilová et al., 2004). Komplexní soubor popisných znaků pro charakterizaci a popis kolekcí genetických zdrojů *L. sativa* byl publikován Křístková et al. (2008). Soubor byl vytvořen na základě studia kolekce genetických zdrojů pěstovaného salátu (Superatová, 2005), tradičních i nových odrůd salátu (Křístková a Lebeda, 1999), popisů *L. sativa* v československých monografiích (Feráková, 1977), květeně České republiky (Grulich, 2004) a popisů významných tradičních odrůd (Rodenburg, 1960).

### 3.3.2. Duplicity v genofondových kolekcích rostlin

Problematikou identifikace duplicit v genofondových kolekcích se zabývají genové banky po celém světě (Dobrovolskaya et al., 2005; Hamilton et al., 2003; Medina et al., 2010; Rossel et al., 2009; Smýkalová et al., 2011; Wiesnerová a Wiesner, 2008). Vzorky v genové bance nazýváme duplicitní, jestliže se geneticky shodují. Tuto definici lze použít pouze na vzorky, které nebyly regenerovány nebo vegetativně množeny. Geneticky identické vzorky mohou vznikat při vegetativním množení nebo špatnou manipulací s osivem, například smícháním nebo záměnou osiva. Také opakovaný sběr vzorků planě rostoucích rostlin nebo sběr krajových odrůd má za následek duplicitní materiál, který je uchováván v genových bankách (Smékalová a van Treuren, 2010; van Hintum a Boukema, 1999; Lipman et al., 1997; Knüpffer et al., 1997). Identifikace duplicit je důležitá z hlediska racionalizace kolekcí, která spočívá ve vyřazování duplicit z kolekcí rostlin a má své nezastupitelné místo v řízení práce genových bank (Hamilton et al., 2003). Na problém duplicit v Mezinárodní databázi rodu *Lactuca* (ILDB) byl zaměřen projekt EU GENRES, který byl vytvořen Pracovní skupinou pro listovou zeleninu a byl ukončen v roce 2010 (Treuren et al., 2012).

Duplicity můžeme rozdělovat podle podobnosti alel do několika typů. *Běžná duplicita* (common duplicates) znamená, že duplicity jsou odvozeny ze stejných populací a sdílejí všechny alely. Tento typ duplicity je nejčastější příčinou duplicit v genových bankách. *Částečná duplicita* (partial duplicates) je tvořena dvěma vzorky vzniklými ze stejné populace, majícími ale jen část alel nebo genotypu stejných. Zvláštní případ částečné duplicity je *složená duplicita* (compound duplicates), kde je jeden vzorek tvořen výběrem alel z některého jiného vzorku (obrázek 1) (Knüpffer et al., 1997).





**Obrázek 1:** Různé typy duplicit (Knüpffer et al., 1997).

Kvalita a kompletnost dokumentace vzorků genových bank jsou dalšími faktory, ovlivňující identifikaci duplicit. Běžně se setkáváme s problémem nekompletních dat (například absence země původu). Častým nedostatkem bývají informace napsané ve špatných kolonkách (například sběrné místo nebo sběrné číslo zapsané jako jméno vzorku). Setkáváme se také s homonymními a synonymními názvy kultivarů, a v neposlední řadě s překlepy v názvech vzorků, které byly překládány z cizích jazyků nebo přepisovány do latinky. Vzorky s nejasnou dokumentací nemohou být identifikovány jako duplicity, proto musí být považovány za unikátní vzorky. Všechny tyto uvedené nedostatky mají za následek výskyt mnoha duplicitních vzorků uvnitř Central Crops Databases (CCDB) (van Hintum a Boukema, 1999; Knüpffer et al., 1997; Lipman et al., 1997). Při vytipování duplicit slouží pasportní data v této databázi plodin jako primární ukazatele. Avšak totožná pasportní data nemusejí nezbytně naznačovat, že korespondující vzorky jsou shodné. Naopak, některé vzorky mají totožné názvy (např. názvy odrůd), ale zcela odlišnou genetickou výbavu (Lipman et al., 1997).

Hledání duplicit v CCDB je obvykle prováděno ve dvou krocích. První krok je zaměřen na porovnávání záznamů v centrální databázi jednotlivých políček s jistou pravděpodobnou jedinečností obsahu políček. To se vztahuje na názvy vzorků, sběrných čísel (související s jedinečnou identifikací sběratele nebo sběrné výpravy), nebo čísel vzorků a čísel dárců. Jestliže jsou v některých políčkách nalezena stejná data, je velice

pravděpodobné, že jsou korespondující vzorky duplicitní (van Hintum a Boukema, 1999; Knüpfger et al., 1997; Lipman et al., 1997).

V další kroku je nezbytné porovnat popisy vzorků s podobnými nebo odlišnými pasportními daty. To znamená, že porovnáváme vzorky vzhledem k podobnosti názvů, na pravděpodobnost překlepů, na přehození částí názvu, na pomlčky a mezery v číslech vzorků, atd. Z toho vyplývá, že aplikované metody pro odhalování duplicit pomocí pasportních dat musí umožňovat porovnání názvů položek komplexním způsobem, který postihne všechny uvedené podmínky. Některé techniky se postupně vyvíjely a v minulosti byly používány pro různé centrální databáze plodin. Pravděpodobné duplicity vytípané touto cestou, musí být velice pečlivě zkoumány (van Hintum a Boukema, 1999; Knüpfger et al., 1997; Lipman et al., 1997).

Pro zkoumání duplicit v genofondových kolekcích pomocí srovnání názvu vzorků jsou používány dvě metody. První metoda s názvem KWIC (keyword in context) index je metoda, která vytváří možnost určení vzorků se shodným nebo podobnými slovy nebo čísly, na základě části názvu vzorku, i když se názvy liší. Druhá metoda se nazývá Funkce Soundex, která byla navržena pro skupinu slov s podobným zněním. Tato metoda zachovává první písmeno a převádí následující 3 souhlásky (skupiny souhlásek) do třech číslic. Fonetická podobnost odráží výslovnost anglických slov, avšak použitelnost pro databázi genetických zdrojů rostlin, která uchovává původní informace v mnoha různých jazycích, je omezena. Avšak použijeme-li aplikaci pečlivě, můžeme nalézt pravděpodobné duplicity, které by nebylo možné nalézt ani pomocí KWIC indexu (van Hintum a Boukema, 1999; Knüpfger et al., 1997; Lipman et al., 1997).

Prvním krokem při identifikování duplicit v kolekcích by tedy měla být kontrola samotných pasportních dat. Díky této kontrole je možno předem vytípané několik vzorků či skupin vzorků v databázi, u kterých je vysoká pravděpodobnost duplicitního výskytu. Takto vytípané vzorky lze následně podrobně prozkoumat z hlediska morfologických znaků, kdy dané vzorky současně vypěstujeme a na základě fenotypového projevu porovnáváme morfologické znaky podle předem určených klasifikátorů. Pokud se vzorky ve fenotypovém projevu výrazně odlišují, je vysoce pravděpodobné, že dané vzorky nejsou duplicitní. Naopak, jsou-li si vzorky výrazně podobné, považujeme tyto za duplicitní a podrobíme je dalšímu zkoumání. Další zkoumání vzorků je založeno na popisných molekulárních technikách, které udávají ve většině případů velice podrobnou analýzu genetické podobnosti vzorků. Ale ani

molekulární techniky nemusejí dát jednoznačnou odpověď, a to hlavně z důvodu nedostatečného množství vzorku DNA, která byla použita pro analýzu (van Hintum a Boukema, 1999; Knüpfper et al., 1997; Lipman et al., 1997).

Pro výzkum duplicit se využívá mnoha metod, z nichž metoda výzkumu na základě morfologických znaků byla použita v této diplomové práci. Další metodou výzkumu je metoda digitální obrazové analýzy založená na snímání obrazu částí rostlin a následném matematickém zpracování získaných parametrů. Tato metoda je rychlejší a jednodušší než běžné morfologické metody. Je založená na vytvoření a zpracování obrázků, které jsou následně zpracovány v programu, který je schopen na základě morfologických znaků určit podobnost mezi zkoumanými objekty (Smýkalová et al., 2011). Nejpoužívanějšími metodami pro analyzování pravděpodobných duplicitních vzorků jsou různé analýzy molekulárních markerů. Příkladem používaných molekulárních markerů mohou být RAPD markery, TRAP markery, RFLP markery, ALFP markery nebo SSR markery (Lebeda et al., 2007).

Po ukončení identifikace a ověření duplicit jsou vzorky v Centrální databázi plodin rozděleny na unikátní vzorky a na skupiny duplicitních vzorků. Duplicitní vzorky jsou z kolekce následně odstraněny (van Hintum a Boukema, 1999; Knüpfper et al., 1997; Lipman et al., 1997).

### **3.4. Statistické zpracování dat**

Práce s biologickým materiálem je velmi zajímavá, přináší však s sebou určité zvláštnosti (Vacková, 1985). Statistika aplikovaná na biologické jevy se nazývá biometrika. Využívá se tedy při statistickém zkoumání hromadných jevů biologického charakteru a je například naprosto nezbytná v zemědělském výzkumu zaměřeném na problematiku šlechtění zemědělských plodin, plemenitbu hospodářských zvířat, kontrolu jakosti rostlinných a živočišných produktů atd. (Stávková a Dufek, 2005).

Statistické zjišťování je výchozí etapou celého statistického zkoumání. Spočívá v získávání, shromažďování a zaznamenávání informací o statistických jednotkách zkoumaných souborů, jevech a procesech. Má-li statistické zjišťování zajistit vyhovující a spolehlivé slovní či číselné údaje, je třeba pro každý konkrétní případ volit odpovídající druh zjišťování a organizační formu (Stávková a Dufek, 2005).

Základní rozdíl mezi pokusy s rostlinným materiálem a pokusy např. fyzikálními nebo chemickými je v tom, že výsledky opakovaných biologických pokusů nejsou nikdy zcela stejné. Příčinu je nutno hledat především v tom, že zvláště v polním pokuse

uplatňuje vliv na výsledky pokusu tolik činitelů, že nedokážeme navodit pro opakované pokusy zcela stejné podmínky. Těmito podmínkami rozumíme například vliv různé půdní úrodnosti, biologické hodnoty osiva, klimatické podmínky u opakovaných pokusů a především vliv specifické reakce jedinců na připravené podmínky. Všechny tyto příčiny mění podmínky pokusu natolik, že jeho výsledky musíme považovat za odhady skutečných poměrů a podrobit je matematicko – statistickému zpracování (Vacková, 1985).

Statistické zpracování spočívá ve vhodném využití statistických metod s cílem dospět k výsledkům, které umožňují kvantitativní analýzu zkoumaného souboru, jevu či procesu (Stávková a Dufek, 2005).

Počátky využívání mnohorozměrných metod v taxonomii se datují od konce padesátých let 20. století. Jejich nástup bezprostředně souvisel s rychlým rozvojem výpočetní techniky (Marhold a Suda, 2002). Tzv. numerická taxonomie (*numerical taxonomy*) slouží ke klasifikaci studovaných organismů. Principy numerické taxonomie se dají shrnout do několika kroků: (1) čím vyšší je počet použitých znaků, tím lepší je daná klasifikace; (2) každý znak má při klasifikaci stejnou váhu; (3) celková podobnost mezi taxonomickými jednotkami je funkcí jejich podobnosti v jednotlivých znacích; (4) taxony se rozlišují na základě odlišných korelací mezi znaky; (5) na fylogenezi je možné usuzovat z taxonomické struktury a z korelací mezi znaky, zohledněny přitom jsou předpoklady o evolučních procesech a mechanismech; (6) taxonomie se považuje za praktickou a empirickou vědu; (7) klasifikace se zakládají na empirické podobnosti (Stávková a Dufek, 2005).

Při hodnocení hospodářsky důležitých vlastností u šlechtitelského materiálu je možno používat různých matematicko-statistických metod. Jejich výběr záleží především na splnění podmínek pro použití zvolené metody, druhu a přesnosti informací, které si přejeme získat. Většina metod hodnocení šlechtitelského materiálu se opírá o využití vypočteného průměru, směrodatné odchylky a střední chyby a další manipulací s nimi.

Zpracovat veškerý získaný materiál je ve většině případů nemožné, proto je nutno odebrat z této základní populace ke zhodnocení vzorek či výběrový soubor, který by ji reprezentoval. Reprezentativnost zajišťuje náhodný výběr jedinců do vzorku a jejich dostatečný počet (Vacková, 1985).

Při hodnocení kvantitativních znaků se používají popisné charakteristiky, jako jsou aritmetický průměr, směrodatná odchylka, Medián, minimum a maximum hodnot.

Pro hodnocení podobnosti položek v projevech kvantitativních znaků se často používá Scheffeho test, což je metoda vícenásobného porovnání středních hodnot, která je považována za obecnou, ale někdy méně citlivou (Marhold a Suda, 2002). Pomocí tohoto testu rozdělujeme soubor na několik homogenních skupin podle průměrných hodnot znaků. Dále je možné mezi kvantitativní znaky vyhodnotit korelační závislost pomocí tzv. Spearmanova korelačního koeficientu při hodnotách pravděpodobnosti  $p < 0,05$  (5%). Tento koeficient zachycuje monotónní vztahy a je rezistentní vůči odlehlým hodnotám (Marhold a Suda, 2002). Při hodnocení kvantitativních znaků se používají četnosti hodnot projevu znaku a Modus. Při statistickém zpracování dat se používají různé počítačové programy. Programy použité v této práci byly NCSS, SPSS a Statistika. Možným výstupem z programu NCSS je dendrogram, který může být vytvořen metodou průměrné vzdálenosti a který zobrazuje hierarchickou klasifikaci genotypů na základě podobnosti v projevech znaků, tak jak ji popisuje Marhold a Suda (2002). Výstup z hodnocení kvantitativních znaků pomocí programu SPSS může být tabulka s přehledem popisných charakteristik a pomocí programu Statistika můžeme získat krabicový graf (box plot), ve kterém mohou být naznačeny prostřední hodnoty všech znaků, tzv. Medián. Také bývá z těchto grafů patrné, jestli byly u některých z hodnocených znaků odchylky. Tyto odchylky jsou v grafech označeny jako odlehlá pozorování a extrémy. Hlavním rozdílem je velikost odchylky vzhledem ke kvantilovému rozpětí, ve kterém se nachází 50% jedinců souboru. Jestliže je hodnota od nejbližšího kvartilu dále než ve vzdálenosti 1,5násobku kvartilového rozpětí (vzdálenost stran obdélníku), pak ji v grafu označujeme jako odlehlé pozorování. Extrém je od nejbližšího kvartilu dále než o trojnásobek kvartilového rozpětí. Ostatní hodnoty, které se významně neodlišují od průměru, tzn., že od nejbližšího kvartilu nejsou dále než 1,5krát velikosti kvartilového rozpětí, se zobrazují v grafu, jako tzv. tykadla (Marhold a Suda, 2002).

Výstupem z programu NCSS je u každého znaku dendrogram, zobrazující hierarchickou klasifikaci genotypů na základě podobnosti v projevech znaků. Výstupem z programu SPSS je u každého kvalitativního znaku tzv. 100% skládaný pruhový graf, zaznamenávající procentuální zastoupení stupně určeného na základě vyhodnocení kvalitativního znaku podle stupnice uvedené v klasifikátoru Křístková et al. (2008). Tabulky s Scheffeho testy, tabulky se Spearmanovými korelacemi a krabicové grafy jsou výstupy z programu Statistika.

### 3.5. *Bremia lactucae* Regel

Plíseň salátová, jejímž původcem je *Bremia lactucae* Regel, houba z čeledi Peronosporaceae, řádu Peronosporales, který patří do skupiny vývojově pokročilých peronosporálních hub (Lebeda et al., 2002; Michelmore a Wong, 2008) je považována za jedno z hospodářsky nejzávažnějších houbových onemocnění salátu (Lebeda et al., 2002; Michelmore a Wong, 2008; Petrželová a Lebeda, 2011). Hostitelský okruh tohoto patogenu je velmi široký a zahrnuje kromě rodu *Lactuca* více než 200 dalších druhů ze 40 rodů čeledi Asteraceae. Nejběžnějším planě rostoucím hostitelem tohoto patogenu z rodu *Lactuca* je *Lactuca serriola* (Lebeda a Petrželová, 2010), která je zároveň nejrizikovějším hostitelem mezi dvouletými plevely stejně jako locika jedovatá (*Lactuca virosa* L.) (Benada a Špaček, 1961).

*B. lactucae* je celosvětově rozšířena na všech kontinentech s výjimkou Antarktidy (Marlatt, 1974) a objevuje se všude tam, kde se pěstuje salát, zejména v regionech s mírným klimatem (Crute a Dixon, 1981). Naše znalosti o zeměpisném rozšíření této houby jsou založeny především na jejím výskytu na kulturním salátu (*L. sativa*) (Lebeda et al., 2002).

*Bremia lactucae* patří mezi obligátně biotrofní parazity a je schopna infikovat salát v jakékoli fázi růstu od semenáčků až po dospělé rostliny (Crute, 1992). Prvním příznakem napadení jsou světle zelené až žluté skvrny na horní straně listu, které jsou ohraničené hlavní žilnatinou. Nejdříve bývají napadány přízemní listy a odtud se infekce šíří na listy výše postavené (Benada a Špaček, 1961). Na spodní straně listu se pak objeví během 24 až 48 hodin bílé chomáčky plísně. Nakonec infikované pletivo listu zhnědne a nekrotizuje a může být vstupní branou pro sekundární infekce jinými patogeny, například houbou *Botrytis cinerea* (plíseň šedá) (<http://hallogijs.110mb.com/content.html#control#control>), což znázorňuje obrázek 2. V semenných porostech salátu je za příznivých podmínek pro vývoj *B. lactucae* často napadáno i květenství. Choroba pokračuje rovněž i na sklizených hlávkách salátu (Benada a Špaček, 1961).



**Obrázek 2.** Sekundární napadení plísní *Botrytis cinerea* na semenáčcích *L. sativa* (vyfotografováno 13. 9. 2010).

*Bremia lactucae* je většinu svého životního cyklu diploidní a převážně heterotalická. Životní cyklus tohoto patogenu má pohlavní i nepohlavní fázi, přičemž z epidemiologického hlediska je významná především nepohlavní fáze, resp. šíření *B. lactucae* pomocí nepohlavních konidií (konidiosporangii) během vegetační sezóny. (Michelmore a Wong, 2008).

Druh *Bremia lactucae* se liší od jiných druhů čeledi Peronosporaceae morfologií nepohlavních sporangioforů, které jsou dichotomicky větvené a jejichž konce mají hvězdicovitý tvar (Benada a Špaček, 1961). Na jejich okrajích je několik výrůstků (sterigmat), na nichž se tvoří sporangia s papilkou, která jsou hyalinní a jejich velikost kolísá podle vnějších podmínek, kdy za normálních povětrnostních podmínek je jejich průměrná velikost 18,3 x 15,5  $\mu\text{m}$ , za trvalých dešťů 22,1 x 17,9  $\mu\text{m}$ . Nepohlavní konidie (resp. konidiosporangia) tvořící se uvnitř sporangií jsou tenkostěnné, kulovité, průměrné velikosti 4,2  $\mu\text{m}$ . Mycelium houby je intercelulární s kyjovitými haustoriemi (Benada a Špaček, 1961). Většina spor klíčí během 5 hodin. Pro klíčení je nezbytná vysoká vlhkost, takže suché plodiny, mohou zabránit šíření *Bremie*. Tomu můžeme dále napomáhat tím, že nezavlažujeme v ranních hodinách, kdy jsou spory uvolňovány, ale na konci dne. Spory *B. lactucae* mohou vytvářet druhou generaci spor za méně než 10 dní. To znamená, že se plíseň salátová může rychle šířit přes rozlehlé oblasti. Poměrně chladné teploty a vlhko nebo vlhké klimatické podmínky prospívají sporulaci a infekci plísně salátové (<http://hallogijs.110mb.com/content.html#control#control>). *B. lactucae*

má velmi specifické nároky na podmínky prostředí (Petrželová a Lebeda, 2000). Rozsah teploty umožňující sporulaci *B. lactucae* se pohybuje od 4 do 20 °C s optimálním rozsahem od 10 do 15 °C nebo 6 až 11 °C a také vyžaduje relativní vlhkost dosahující alespoň 80 %. Ačkoli teplota a relativní vlhkost působí na polí současně, účinky závislosti těchto dvou proměnných na sporulaci *B. lactucae* nebyly dosud nikdy zkoumány (Su et al., 2004).

V epidemiologii této choroby se uplatňují také pohlavní cestou vzniklé výtrusy (oospory), které přežívají v půdě ve zbytcích pletiv a mohou způsobit infekci dalších hostitelských rostlin (Petrželová a Lebeda, 2000). Pohlavní spory (oospory) *B. lactucae* jsou tlustostěnné, kulovité, 26 – 35 µm velké, tvořené jednodenním mnohojaderným konidiosporangiem a nesou ve vodě rozpustný autoinhibitor klíčení a klíčí pouze ve volné vodě. Z tohoto důvodu jsou pro vývoj epidemie rozhodující dlouhá období, kdy jsou listy salátu mokré. Klíčení probíhá pomocí pochvy klíčku, který vyrůstá z distálního konce oospory (Crute, 1992).

Ochranu proti plísni salátové lze podle Roda et al. (2005) rozdělit na přímou a nepřímou. Nepřímá značí preventivní opatření, ke kterým patří desinfekce pěstebních substrátů, včasná a důsledná likvidace posklizňových zbytků, hluboká orba a rytí, intenzivní větrání pěstíren, likvidace plevelných rostlin, vhodný způsob závlivky a především pěstování odolných odrůd. Šlechtění na rezistenci je však značně komplikováno existencí značného množství ras a stálým vznikem ras nových, které dosavadní rezistenci překonávají. Přímá ochrana zahrnuje moření osiva a chemickou ochranu vegetace (přípravky na bázi mědi, dithiokarbamidany, dikarboximidy, karbamáty), která je možná jen v semenných kulturách.

Během posledních několika desítek let bylo dosaženo významného pokroku ve studiu biologie a genetiky *B. lactucae* a její interakce s *Lactuca* spp. V České republice je problematika plísně salátové dlouhodobě studována od druhé poloviny 70. let (nejdříve na šlechtitelské stanici ve Smržicích a od roku 1994 na Katedře botaniky Přírodovědecké fakulty Univerzity Palackého v Olomouci) (Petrželová a Lebeda, 2000). Interakce mezi *L. sativa* a *B. lactucae* obecně odpovídá vztahu gen–proti–genu, ve kterém je rezistence určována dominantními *Dm* geny rezistence (neboli R-faktory) v hostiteli, jež odpovídají dominantním avirulentním faktorům patogenu (Lebeda et al., 2008). Pro salát je známo více než 40 hlavních *Dm* genů rezistence, přičemž se předpokládá existence mnoha dalších a pouze některé z nich mají větší praktický význam ve šlechtění salátu (Beharav et al., 2006; Petrželová a Lebeda, 2000).



U rodu *Lactuca* se obecně rozlišují čtyři základní typy rezistence: rasově specifická, rasově nespecifická, polní a nehostitelská rezistence (Lebeda, 1998). Dosud nejužívanějším typem rezistence je rasově specifická rezistence, která je nejčastěji chápána jako kvalitativní jev, to znamená, že se projevuje buď nepřítomností příznaků infekce, nebo intenzivní reprodukcí patogenu (Lebeda, 1982). Tento typ rezistence je řízen nejčastěji jedním nebo několika geny, které bývají označovány jako geny velkého účinku (major geny). Obvykle je rezistence určována jedním dominantním genem (Lebeda, 1982). Velkou nevýhodou šlechtění na tento typ rezistenci je skutečnost, že neposkytuje trvalou odolnost proti plísni, protože zavedení odrůd s novými geny, příp. kombinacemi genů rezistence, je obvykle dříve či později následováno výskytem nových ras houby schopných tuto rezistenci překonávat (Petrželová a Lebeda, 2000). Pro zvýšení efektivity genů rezistence se většinou používá kombinace dvou a více genů. Pravdou však bohužel zůstává, že i přes neustálý velmi intenzivní výzkum rezistence salátu, nebyla doposud nalezena žádná kombinace známých faktorů resp. genů rezistence, která by poskytovala trvalou odolnost salátu proti plísni salátové. Výzkum se v současné době zaměřuje na hledání potencionálních zdrojů rezistence v okruhu botanických (planě rostoucích) druhů rodu *Lactuca* (Petrželová a Lebeda, 2000).

*B. lactucae* je neobyčejně variabilní patogen, který vytváří množství ras s odlišnou virulencí. Tuto variabilitu nelze hodnotit morfologicky, ale je to možné pouze na základě reakcí jednotlivých izolátů s příslušnými diferenčními genotypy salátu a *Lactuca* spp. Variabilita plísně salátové byla z počátku vyjadřována pomocí tzv. fyziologických ras. Pojem fyziologická rasa je ve fytopatologii používán již od počátku tohoto století a jsou jím chápány morfologicky stejné izoláty určitého druhu patogena, které se od ostatních izolátů téhož druhu liší pouze schopností napadat různé genotypy (odrůdy) jednoho hostitelského druhu, případně druhů příbuzných. Fyziologické rasy plísně salátové byly dosud označovány velkými písmeny podle země nálezů a čísly podle pořadí, jak byly postupně nalézány resp. popsány. Na území Československa bylo takto rozlišeno celkem 12 ras označených CS1 – CS12, i když jejich celkový počet byl daleko větší. Ukázalo se, že takto definované rasy mohou zahrnovat velký počet izolátů, které jsou geneticky odlišné. Proto se od tohoto způsobu popisu izolátů ve vědeckých pracích ustoupilo, nicméně ve šlechtitelské praxi jejich popis resp. použití stále přetrvávalo až do současné doby (Petrželová a Lebeda, 2000).

Zcela nová koncepce popisu virulence, určená pro nejrozšířenější a hospodářsky nejvýznamnější izoláty (rasy) *B. lactucae*, byla vypracována na základě dohody

některých států EU (zejména Holandsko a Francie) v roce 1999 v Olomouci – Holicích v areálu Přírodovědecké fakulty Univerzity Palackého. Při klasickém popisu izolátů na základě rozlišování náchylných a rezistentních reakcí a výčtu jednotlivých faktorů virulence, jsou výsledky testování velmi málo přehledné a jejich využití v pěstitelské a šlechtitelské praxi málo efektivní. Z tohoto důvodu byl mezinárodní skupinou IBEB (International *Bremia* Evaluation Board) navržen pro identifikaci a pojmenovávání ras *B. lactucae* nový systém, využívající tzv. sextet – kódy (Petrželová a Lebeda, 2000). Toto mezinárodně uznávané pojmenování ras plísně salátové by mělo výrazně usnadnit práci šlechtitelům a pěstitelům salátu, protože umožňuje poměrně velmi snadno určit identitu každého izolátu a stanovit, zda se nejedná o zcela nový izolát plísně (Petrželová a Lebeda, 2000). Takto nově popsané rasy jsou součástí protokolů UPOV a mezinárodní deskripce nových odrůd salátu (Petrželová a Lebeda, 2011).

Komplexním výzkumem plísně salátové se dlouhodobě zabývá Fytopatologická laboratoř Katedry botaniky Přírodovědecké fakulty Univerzity Palackého v Olomouci. Toto pracoviště je také oficiální referenční laboratoří pro monitorování virulence *B. lactucae* v rámci evropské sítě IBEB. Zatím je toto pracoviště jediným tohoto typu v zemích bývalé tzv. „Východní Evropy“ (Petrželová a Lebeda, 2000).

## **4. Materiál a metody**

### **4.1. Přehled materiálu**

#### **Odrůda 'Atrakce'**

Soubor pro hodnocení morfologických znaků zahrnoval 14 genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' z Centra aplikovaného výzkumu zelenin a speciálních plodin Olomouc VÚRV – v. v. i. Jejich přehled je uveden v tabulce 1. Z let 1955 a 1957 bylo do kolekce zahrnuto pět genotypů, které pocházely z Holandska, Maďarska a Rakouska. Další genotypy pocházely z let 1962 až 1967 a byly získány od šlechtitelských firem nebo výzkumných ústavů v bývalé NDR, Maďarsku, Švýcarsku, Itálii a Československu. Genotyp 09H5700126 byl jako jediný v celém souboru zastoupen dvěma vzorky ze dvou ročníků regenerace (1993 a 1996). Posledním genotypem zařazeným do kolekce byl 'Dětenický letní' 09H5700977 z roku 1996 jako reintrodukce naší odrůdy z Genové banky ve Wageningen (Holandsko). Pouze u jediné položky (09H5700015) není rok získání do kolekce znám. Tentýž soubor 14 genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' byl obdobným způsobem hodnocen již v roce 2004 Lucií Superatovou (Superatová, 2005).

#### ***Bremia lactucae***

Pro komplexnost hodnocení vlastností vybrané odrůdy 'Atrakce' byly všechny hodnocené genotypy salátu testovány také na rezistenci vůči plísni salátové (*Bremia lactucae*).

Pro testy bylo použito celkem 22 oficiálních ras *B. lactucae*, které pocházely z *L. sativa* a u nichž je znám fenotyp virulence (van der Arend et al., 2006). V roce 2002 byla hodnocena rezistence souboru vůči 18 rasám a v roce 2010 vůči 4 rasám plísně salátové. Všechny testované izoláty jsou součástí České národní sbírky mikroorganismů (Mze ČR, NPGZ-M/03-023) udržované na Katedře botaniky Přírodovědecké fakulty UP v Olomouci (<http://botany.upol.cz>). Přehled testovaných izolátů je uveden v tabulce 2.

**Tabulka 1.** Přehled položek genetických zdrojů salátu hlávkového odrůdy 'Atrakce' zahrnutých do morfologického hodnocení v roce 2004 a 2008.

<b>EVIGEZ číslo</b>	<b>Otherno/ Donorno</b>	<b>Název</b>	<b>Rzk</b>	<b>Stát původu</b>	<b>Reg.</b>
09H5700015	9-1-1/18	Dětenická atrakce	?	CSK, Breeding Stn. Dětenice	1993
09H5700125	9-1-1	Attraction	1955	HUN, Agrimpex Budapešť	1993
09H5700126 <sup>93</sup>	9-1-1/1	Attraction	1955	NLD Groots Zaadteit, Enkhuizen	1993
09H5700126 <sup>99</sup>	9-1-1/1	Attraction	1955	NLD, Groots Zaadteit, Enkhuizen	1999
09H5700127	9-1-1/10	Attraction	1962	DDR, Chrestensen N.L., Erfurt	1987
09H5700128	9-1-1/11	Attraktion	1964	AUT, RICP Pratur	1993
09H5700129	9-1-1/12	Attrazione	1966	ITA, Ansaloni A., Roma	1989
09H5700130	9-1-1/13	Super Attraktion	1966	CHE, Mauser Samen, Zurich	1993
09H5700131	9-1-1/14	Attrakcion	1967	HUN, Inst. of Agrobotany, Tapioszele	1993
09H5700132	9-1-1/2	Atrakce	1963	CSK, RICP Prague	1993
09H5700133	9-1-1/3	Attraction	1957	NLD, Inst. for Plant Breeding, Wageningen	1993
09H5700134	9-1-1/4	Attractie	1955	NLD, Inst. for Plant Breeding, Wageningen	1993
09H5700135	9-1-1/8	Attraction	1957	AUT, Ziegler W., Vienna	1993
09H5700977	CGN 04192	Dětenický letní	1996	NLD, CGN Wageningen	1998

EVIGEZ číslo – číslo položky v Národním systému evidence genetických zdrojů, horní indexy u položky 09H5700126 označují rok regenerace

Otherno/donoro – číslo položky v databázi donora, případně označení položky ve starším systému evidence

Rzk – rok získání položky do kolekce

Stát původu – zkratka státu podle mezinárodního akronymu (Multicrop passport descriptors)

Reg – rok regenerace položky, z něhož pochází osivo pro hodnocení v roce 2008

? – není známo

**Tabulka 2.** Seznam použitých izolátů (ras) *Bremia lactucae* hodnocených v roce 2002 a 2010.

Katalogové číslo ve sbírce mikroorganismů <sup>1</sup>	Označení izolátu (rasy) <i>B. lactucae</i> <sup>2</sup>	Sextet-kód <sup>3</sup>	Hostitel <sup>1</sup>	Rok izolace <sup>4</sup>	Původ <sup>4</sup>
UPOC-FUN-001	Bl: 1 = NL1*	EU B 11-58-00-00	<i>L. sativa</i>	1964	Nizozemí
UPOC-FUN-002	Bl: 2 = NL2*	EU B 63-58-00-49	<i>L. sativa</i>	1996	Nizozemí
UPOC-FUN-003	Bl: 3 = NL3*	EU B 56-59-01-32	<i>L. sativa</i>	1965	Nizozemí
UPOC-FUN-004	Bl: 4 = NL4*	EU B 27-59-00-00	<i>L. sativa</i>	1998	Nizozemí
UPOC-FUN-005	Bl: 5 = NL5*	EU B 05-27-01-00	<i>L. sativa</i>	1972	Nizozemí
UPOC-FUN-006	Bl: 6 = NL6*	EU B 27-62-00-00	<i>L. sativa</i>	1973	Nizozemí
UPOC-FUN-007	Bl: 7 = NL7*	EU B 47-59-00-00	<i>L. sativa</i>	1976	Nizozemí
UPOC-FUN-008	Bl: 10 = NL10*	EU B 63-59-00-00	<i>L. sativa</i>	1979	Nizozemí
UPOC-FUN-009	Bl: 12 = NL12*	EU B 57-63-03-00	<i>L. sativa</i>	1981	Nizozemí
UPOC-FUN-010	Bl: 13 = NL13*	EU B 21-63-00-00	<i>L. sativa</i>	1998	Nizozemí
UPOC-FUN-011	Bl: 14 = NL14*	EU B 63-62-00-00	<i>L. sativa</i>	1981	Nizozemí
UPOC-FUN-012	Bl: 15 = NL15*	EU B 31-31-00-00	<i>L. sativa</i>	1983	Nizozemí
UPOC-FUN-013	Bl: 16 = NL16*	EU B 63-31-02-00	<i>L. sativa</i>	1987	Nizozemí
UPOC-FUN-014	Bl: 17 = NL17*	EU B 22-59-41-08	<i>L. sativa</i>	1999	Švédsko
UPOC-FUN-015	Bl: 18*	EU B 59-31-10-00	<i>L. sativa</i>	1999	Velká Británie
UPOC-FUN-016	Bl: 20*	EU B 63-31-10-00	<i>L. sativa</i>	1999	Německo
UPOC-FUN-017	Bl: 21**	EU B 63-31-51-00	<i>L. sativa</i>	1999	Itálie
UPOC-FUN-018	Bl: 22*	EU B 59-63-09-16	<i>L. sativa</i>	2000	Nizozemí
UPOC-FUN-019	Bl: 23*	EU B 63-31-02-01	<i>L. sativa</i>	2001	Francie
UPOC-FUN-020	Bl: 24**	EU B 59-31-10-01	<i>L. sativa</i>	2002	Nizozemí
nemá	Bl: 25**	EU B 59-31-42-00	<i>L. sativa</i>	2004	Nizozemí
nemá	Bl: 27**	EU B 63-63-13-19	<i>L. sativa</i>	2010	Evropa

<sup>1</sup>[http://www.vurv.cz/collections/vurv.exe/list?lang=cz&org=FY&coll=\\* &term=bremia&cond=AND&rows=20&B1=Vyhledat](http://www.vurv.cz/collections/vurv.exe/list?lang=cz&org=FY&coll=* &term=bremia&cond=AND&rows=20&B1=Vyhledat)

<sup>2</sup> van der Arend et al., 2006, <http://www.worldseed.org/isf/ibeb.html>

<sup>3</sup><http://www.worldseed.org/isf/ibeb.html>

<sup>4</sup> Melichářiková Z., 2011, <http://www.worldseed.org/isf/ibeb.html>

\* izoláty zahrnuté do rezistenčních testů v roce 2002

\*\* izoláty zahrnuté do rezistenčních testů v roce 2010

## 4.2. Metody

### 4.2.1. Metody hodnocení morfologických znaků genotypů odrůdy 'Atrakce'

#### 4.2.1.1. Metody pěstování rostlin

Rostliny hodnoceného souboru salátu byly pěstovány v roce 2008 na pozemcích Katedry botaniky Přírodovědecké fakulty Univerzity Palackého (dále jen PŘF UP) v areálu Biocentra PŘF UP v Olomouci – Holicí. Dne 28. března 2008 byl ve skleníku proveden výsev semen do kelímků se sterilním materiálem Agroperlit. Ve stadiu plně vyvinutých děložních listů byly 7. dubna 2008 semenáčky přesázeny do sadbovačů se zahradnickým substrátem. Dne 6. května 2008 byly rostliny ve stadiu přibližně deseti pravých listů vysázeny na pole do sponu 50 x 50 cm. Každý hodnocený genotyp byl pěstován ve čtyřech opakováních, v každém ze čtyř opakování bylo 8 rostlin. Celý pozemek měl rozměry 30 x 5 m (Grygarová, 2009). Uspořádání pokusných členů v poli bylo vytvořeno na základě metody znáhodněných bloků.

#### 4.2.1.2. Proces sběru dat a vyhodnocování dat statistickými testy

Morfologické hodnocení rostlin bylo prováděno během celého vegetačního cyklu rostlin od března 2008 do konce srpna 2008, kdy byla sklizena semena salátu. Ve stádiu semenáčků a mladého listu byl každý genotyp hodnocen jako celek a po výsadbě byly rostliny individuálně očíslovány a hodnoceny. Celkem bylo u každého genotypu hodnoceno 32 rostlin. Hodnocení bylo prováděno vizuálně, některé charakteristiky byly zjišťovány měřením a vážením. Hodnocení bylo prováděno podle klasifikátoru genetických zdrojů *Lactuca sativa* (Křístková et al., 2008).

Pro následné statistické zpracování bylo vybráno celkem 6 kvantitativních znaků: šířka hlávky, výška hlávky, hmotnost hlávky s listy a bez listů, výška hlávky v průřezu a šířka hlávky v průřezu a 8 kvalitativních znaků: mladý list – postavení, mladý list – barva, mladý list – antokyan, vertikální zvlnění okrajů listů, bublinatost listů, forma rozety, tvar hlávky v průřezu a pevnost hlávky. Znaky mladý list – postavení, mladý list – barva, mladý list – antokyan byly hodnoceny ve stádiu mladých listů po výsadbě rostlin do pole. Znaky šířka hlávky, výška hlávky, hmotnost hlávky s listy a bez listů, výška hlávky v průřezu, šířka hlávky v průřezu, forma rozety, tvar hlávky v průřezu a pevnost hlávky byly hodnoceny ve stádiu sklizňové zralosti. Znaky vertikální zvlnění okrajů listů a bublinatost listu byly hodnoceny ve stádiu adultních

vnějších listů. Projevy znaků vertikální zvlnění a bublinatost byly hodnoceny 26. 5. 2008 a 20. 6. 2008. Cílem opakování hodnocení bylo zjistit, zda se vertikální zvlnění listů a bublinatost listů mění se stářím rostlin.

Hodnoty kvantitativních znaků byly získány měřením nebo vážením rostlin. Hodnoty pro znaky šířka hlávky a výška hlávky byly získány změřením každé hlávky osmi pokusných rostlin v souboru 14 genotypů ve všech čtyřech opakováních (celkově 448 rostlin). Šířka hlávky byla měřena vysouvacím metrem nad rostlinou, kdy byl měřen průměr listové růžice v nejširším místě. Výška hlávky byla také měřena vysouvacím metrem, kdy byl konec měřidla přiložen k podložce, a na stupnici byla odečtena hodnota odpovídající nejvyššímu bodu listové růžice. Znaky hmotnost hlávky s listy a bez listů, výška hlávky v průřezu a šířka hlávky v průřezu byly hodnoceny pouze u poloviny hodnocených rostlin, a to z důvodu ponechání druhé poloviny rostlin pro následující hodnocení (celkově 224 rostlin). Znak hmotnost hlávky byl hodnocen u všech rostlin dvakrát, jednou s listy a poté bez listů. Hmotnost hlávky s listy byla zjištěna zvážením každé hlávky bez odstranění vnějších listů nevhodných ke konzumaci. Hmotnost hlávky bez listů byla měřena u každé hlávky po odstranění vnějších listů nevhodných ke konzumaci. Výška hlávky v průřezu byla měřena po odstranění vnějších listů vysouvacím metrem od vrcholu hlávky po bázi košťálu. Šířka hlávky v průřezu byla měřena po odstranění vnějších listů v nejširším místě kolmo na košťál.

Hodnoty kvalitativní znaků byly získány individuálním hodnocením každé rostliny a přiřazením hodnoty podle stupnice pro hodnocený znak podle klasifikátoru Křístková et al. (2008). Postavení mladého listu bylo hodnoceno na 3 – 5 listů každé rostliny, kdy byla hodnocena průměrná velikost úhlu, kterou svíraly tyto listy s podložkou. Barva mladého listu byla hodnocená vizuálním pohledem na 3 – 5 listů každé rostliny. Přítomnost a rozmístění antokyanu na listech byla vizuálně hodnocena na všech listech každé rostliny. Vertikální zvlnění okrajů listů bylo hodnoceno ve dvou fázích fenologického vývoje rostlin. Jednou byl znak hodnocen ve stádiu mladého listu a poté ve stádiu sklizňové zralosti. Hodnocení vertikálního zvlnění okrajů listů spočívalo ve vizuálním zkoumání 3 – 5 listů každé rostliny, a následném přiřazením stupně podle průměrného projevu zvlnění. Bublinatost listů byla hodnocena obdobným způsobem jako vertikální zvlnění okrajů listů. Forma rozety byla hodnocena vizuálně na základě rozvolněnosti rozety a rozložitosti vnějších listů před tvorbou hlávky. Při hodnocení tvaru hlávky byly pro jasnější představu o tvaru hlávky, použity poznatky

z kvantitativního měření znaků šířka a výška hlávky v průřezu. Pevnost hlávky byla hodnocena fyzickým kontaktem hodnotitele s hlávkou, který spočíval v ohmatání hlávky a následném individuálním zhodnocením kompaktnosti hlávky.

Pro každý kvalitativní znak byla předem daná stupnice, podle které se daný znak hodnotil. Některé mezistupně byly doplněny podle potřeby. Podrobnější popis práce při morfologickém hodnocení je uveden v bakalářské práci Grygarová (2009).

#### **4.2.1.3. Metody pro statistickou analýzu dat**

Z dat získaných v roce 2008 byla vybrána data, která byla dále statisticky zpracována pomocí programů NCSS, SPSS a Statistika.

Pro hodnocení kvantitativních znaků byly použity popisné charakteristiky, jako jsou aritmetický průměr, směrodatná odchylka, Medián, minimum a maximum hodnot. Pro hodnocení podobnosti genotypů v projevech kvantitativních znaků byl proveden Scheffeho test. Mezi kvantitativní znaky byla vyhodnocena korelační závislost, měřící těsnost vztahu dvou znaků. Závislost byla vyjádřena pomocí Spearmanova korelačního koeficientu při hodnotách pravděpodobnosti  $p < 0,05$  (5%). Hodnoty kvantitativních znaků byly zpracovány pomocí výše uvedených programů. Výstupem z programu NCSS byl vždy dendrogram. Výstup z hodnocení kvantitativních znaků pomocí programu SPSS je tvořen tabulkou s přehledem popisných charakteristik (tabulka 24). Výstupy z programu Statistika se skládají u kvantitativních znaků z tabulek uvádějících podobnost genotypů na základě Scheffeho testu, z tabulek uvádějících korelační závislosti mezi jednotlivými hodnocenými znaky pomocí tzv. Spearmanova korelačního koeficientu a z krabicového grafu, z něž můžeme pozorovat tzv. odlehlá pozorování a extrémny, které upozorňují hodnotitele na nestejnoroďost genotypu.

Kvalitativní znaky byly zpracovány v programech NCSS a SPSS. Výstupem z programu NCSS je u každého znaku dendrogram. Výstupem z programu SPSS je u každého znaku tzv. 100% skládaný pruhový graf.

Krabicové grafy, 100% skládané pruhové grafy a tabulky se Scheffeho testy a se Spearmanovými korelačními koeficienty byly vytvořeny paní RNDr. Milenou Krškovou. Dendrogramy hierarchické klasifikace jsem vytvořila pomocí programu NCSS.



#### **4.2.2. Metody hodnocení rezistence testovaných genotypů salátu vůči *B. lactucae***

Metodika hodnocení rezistence testovaných genotypů rodu *Lactuca* vůči *B. lactucae* byla detailně popsána autory Lebeda a Petrželová (2010) a dále upřesněna podle instrukcí paní RNDr. Ireny Petrželové (ústní sdělení).

##### **4.2.2.1. Organizace pokusů**

Nejprve bylo nutné vypěstovat semenáčky testovaných rostlin. Do plastových fotomisek o rozměrech 320 x 256 x 60 cm (výrobce JOBO International GmbH, Německo) bylo vyseto 30 semen od každého genotypu salátu. Fotomisky byly vystlány třemi vrstvami buničiny a jednou vrstvou filtračního papíru a vše bylo dostatečně navlhčeno destilovanou vodou. Semena byla vyseta na navlhčený filtrační papír do řádků dlouhých 11 cm. Řádky byly od sebe vzdáleny 2 cm a shora byla fotomiska zakryta sklem, jak je patrné z obrázků 31 – 34. V každé fotomisce bylo vysázeno 14 genotypů plus dvě kontrolní odrůdy ('British Hilde' a 'Cobham Green'). Fotomisky s vysetými nažkami byly přeneseny do klimatizované komory (fytotronu), kde byly ponechány při teplotách 10°C (noc) / 18°C (den) po dobu 10 dní, při dostatečné intenzitě světla a fotoperiodě 12 hodin. Před aplikováním inokula bylo nezbytné odstranit oplodí srostlé s osemněním ze semenáčku salátu a odstranit případné zahnívající semenáčky. Inokulace izoláty plísně byla prováděna ve stadiu semenáčků s plně vyvinutými děložními listy. Každý izolát se testoval ve dvou opakováních, aby se předešlo případné kolizi materiálu a znehodnocení testu (Lebeda, 1986; Lebeda a Petrželová, 2010).

##### **4.2.2.2. Množení a udržování *Bremia lactucae* pro pokusy**

Izoláty *B. lactucae* byly uchovávány na náchylných odrůdách salátů ('British Hilde' a 'Cobham Green'). Takto byly semenáčky i se zralými konidiofory *B. lactucae* uskladňovány v průhledných potravinářských kelímcích o průměru 9 cm vzduchotěsně uzavřených víčkem (výrobce Fatra a.s., provozovna Chropyně), vystlaných navlhčenou buničitou vatou a filtračním papírem. Misky byly poté zamrazeny při teplotě – 80°C a uchovávány v mrazících boxech. Před použitím těchto izolátů byly krabičky přemístěny do mrazniček s teplotou – 20°C. Z takto zamražených rostlin pak bylo získáno infekce znovu schopné inokulum resuspendací konidií v destilované vodě a následně bylo oživeno přemnožením na náchylných semenáčcích salátu (Lebeda, 1986).

#### 4.2.2.3. Příprava inokula

Do zkumavky bylo nalito malé množství destilované vody, přibližně 15 ml na jeden testovaný soubor v jednom opakování. Z plastového kelímku byly sterilní pinzetou opatrně vyjmuty infikované semenáčky a přeneseny do zkumavky s destilovanou vodou. Obsah zkumavky se protřepával na třepačce při 1200 otáčkách za minutu po dobu přibližně 10 sekund tak, aby došlo k setřepání co největšího počtu konidií. Poté byla z kádinky pinzetou odstraněna rostlinná pletiva a osemení. Před vlastní inokulací rostlin bylo vždy nutné provést mikroskopickou kontrolu hustoty konidií ve vzniklé suspenzi a koncentraci inokula případně ještě upravit (naředěním destilovanou vodou nebo omytím dalších semenáčků s nasporulovanou plísní). Za optimální koncentraci suspenze konidií pro infekční pokusy je považována koncentrace inokula  $5 \times 10^4 - 10^6$  konidií  $\times \text{ml}^{-1}$  (Lebeda, 1986).

#### 4.2.2.4. Inokulace a inkubace

Inokulace byla prováděna pomocí chromatografického rozprašovače s gumovým balónkem postříkem děložních lístků předpěstovaných semenáčků (v kelímcích nebo fotomiskách) suspenzí konidií připravenou z příslušného izolátu plísně. Po inokulaci byly všechny kelímky nebo fotomisky přeneseny do klimatizované komory (fytotronu), kultivovány při teplotě 10°C (noc) / 18°C (den) při fotoperiodě 12 hodin a prvních 24 hodin byly přikryty černou fólií. Všechny kelímky nebo fotomisky byly pravidelně vlhčeny, aby se v nich udržovala 100% vlhkost.

#### 4.2.2.5. Hodnocení rezistenčních testů

Celkem byl soubor hodnocen pětkrát (6., 8., 10., 12. a 14. den po inokulaci). První hodnocení bylo provedeno 6. den po inokulaci, kdy bylo již možné pozorovat začínající sporulaci. Následující hodnocení probíhala vždy s odstupem dvou dní. Množství a míra napadení semenáčků salátů *B. lactucae* byly hodnoceny podle kritérií, uvedených Lebedou a Petrželovou (2010). Hodnocena byla intenzita a nános bílého povlaku konidioforů s konidii (tj. intenzita sporulace plísně) na jednotlivých semenáčcích každého testovaného genotypu.

Výsledky testů v každém opakování byly interpretovány kvantitativně i kvalitativně tj. na základě rozložení počtu semenáčků testované odrůdy v jednotlivých stupních napadení (Lebeda a Petrželová, 2010), přičemž ve výsledkové části této diplomové práce jsou uvedeny pouze výsledky kvalitativního hodnocení.

### Kvalitativní hodnocení

+	náchylná reakce: makroskopicky viditelná sporulace na 80 – 100% semenáčků
–	rezistentní reakce: žádná viditelná sporulace na semenáčcích
(–)	neúplná rezistentní reakce: omezená sporulace často doprovázena makroskopicky viditelnou nekrotickou reakcí nebo blednutím
	heterogenní reakce: směsice zcela náchylných a částečně rezistentních rostlin v
(+)	testovaném vzorku; může být způsobeno oddělením nebo znečištěním použitého osiva, nebo heterogenitou izolátu

Tuto stupnici použil také ve své práci Van der Arend et al. 2006.

### Kvantitativní hodnocení

Hlavním kritériem pro kvantitativní nebo částečně kvantitativní hodnocení je intenzita patogenní sporulace.

- 0 = žádné viditelné konidiofory na listech
- 1 = sporadický (omezený) výskyt konidioforů
- 2 = < 50% povrchu listu je pokryto konidiofory
- 3 = > 50% povrchu listu je pokryto konidiofory

Intenzita infekce se vyjadřuje jako % maximální možné sporulace podle následujícího vzorce navrženého Townsendem a Heubergerem (1943).

$$P = \frac{\sum(n \times v) \times 100}{x \times N}$$

Kde:

- P = stupeň napadení
- n = počet rostlin v každé kategorii napadení
- v = hodnoty stupnice napadení
- x = rozsah stupnice napadení
- N = celkový počet hodnocených rostlin

Výsledná hodnota intenzity sporulace byla vypočítána jako průměr z hodnot získaných ve dvou opakováních.

Pro ověření správnosti testu byly k hodnocenému souboru přidány ještě dva genotypy 'Cobham Green' a 'British Hilde', které jsou považovány za vysoce náchylné vůči *B. lactucae*. Při hodnocení v roce 2002 byl použit pouze genotyp 'British Hilde' jako kontrolní vzorek v testech.

## 5. Výsledky

### 5.1. Analýza morfologických dat

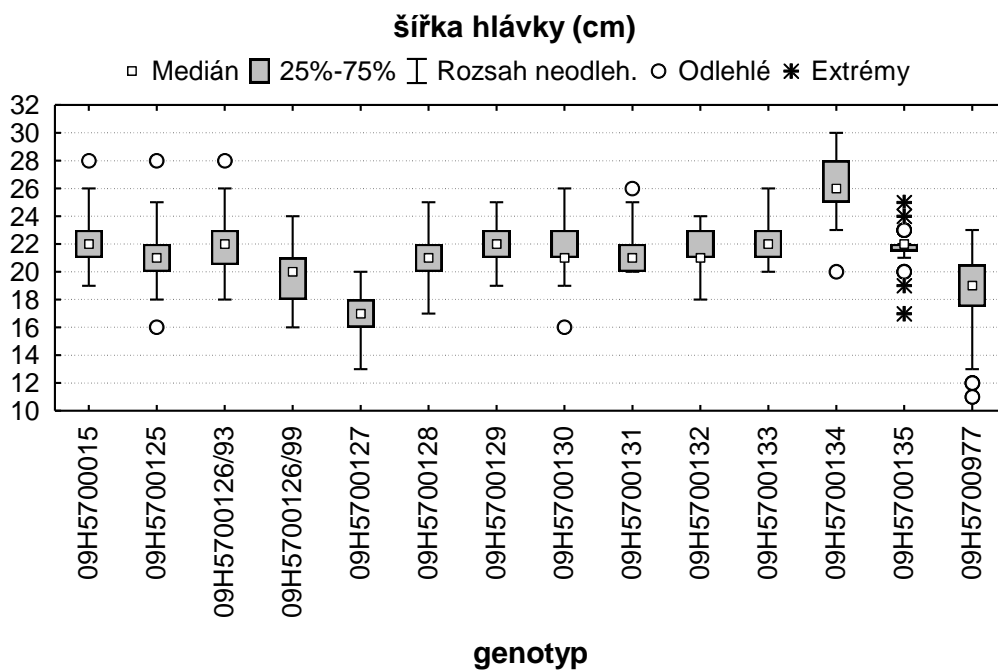
#### 5.1.1. Analýza kvantitativních morfologických znaků

Při hodnocení ve stádiu sklizňové zralosti nebylo možné hodnotit znaky hmotnost hlávky s listy, hmotnost hlávky bez listů, šířka hlávky v průřezu, výška hlávky v průřezu, tvar hlávky v průřezu a pevnost hlávky pro genotyp 09H5700126/99, protože v době hodnocení již vybíhal.

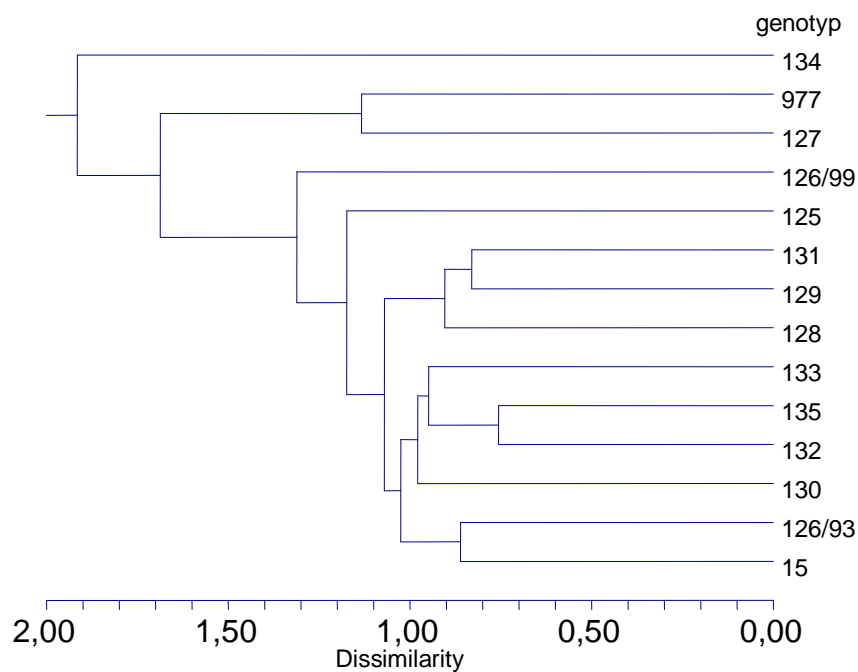
Pro hodnoty popisných charakteristik (průměr, minimum, maximum, směrodatná odchylka) všech kvantitativních znaků byla vytvořena souhrnná tabulka 24, která je uvedena v příloze.

#### *Šířka hlávky*

Šířka hlávek měřena na poli včetně vnějších listů hodnoceného souboru, se pohybovala v rozpětí 11 – 30 cm, kde průměrná hodnota šířky hlávky byla 21,4 cm a směrodatná odchylka byla 2,8 cm (tabulka 24). Šířka hlávek genotypu 09H5700127 byla nejmenší. Pohybovala se v rozmezí pouhých 13 – 20 cm (tabulka 24 a obrázek 3). Velikostí šířky hlávky se tomuto genotypu nejvíce blížil genotyp 09H5700977 (obrázek 3 a 4), u něhož byla zjištěna nejvyšší hodnota směrodatné odchylky (obrázek 3 a tabulka 24), konkrétně se šířka hlávek pohybovala v rozmezí 11 – 23 cm. Na opačné straně stojí genotyp 09H5700134, jehož hlávky dosahovaly šířky 20 – 30 cm (obrázek 3 a 4, tabulka 3 a 24). Genotyp 09H5700135 byl v tomto znaku značně nevyrovnaný (obrázek 3). Tento genotyp spolu s genotypy 09H5700015, 09H5700125, 09H5700126/93, 09H5700128, 09H5700129, 09H5700130, 09H5700131, 09H5700132 a 09H5700133 tvoří skupinu, u níž nebyl zjištěn statisticky průkazný rozdíl ve velikosti šířky hlávky (tabulka 3).



**Obrázek 3.** Krabicový graf pro šířku hlávky genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' (Na ose x s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz)))



**Obrázek 4.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle šířky hlávky (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).

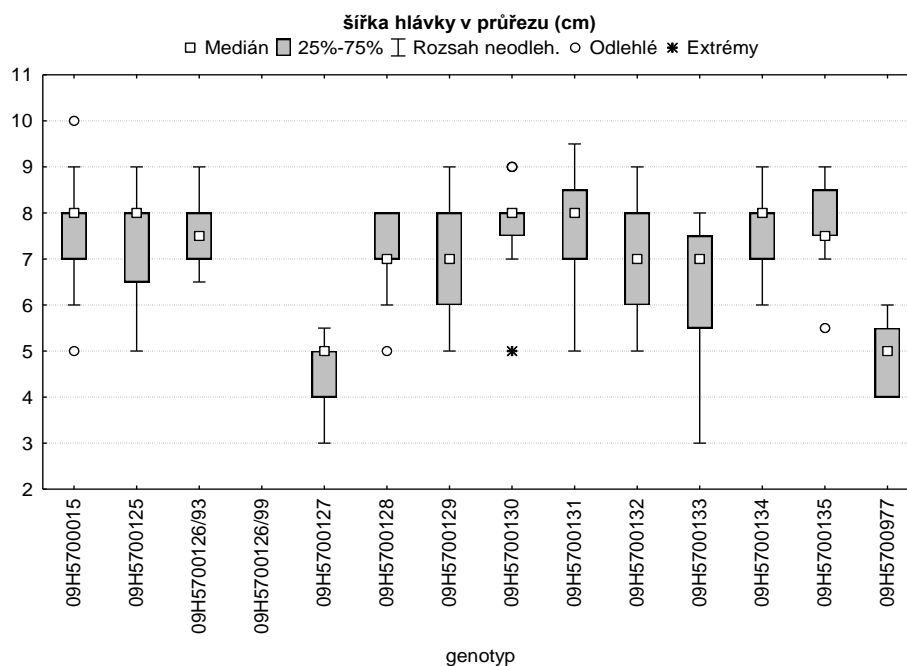
**Tabulka 3.** Šířka hlávky genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' a homogenní skupiny.

Scheffeho test; proměnná Šířka hlávky (cm)						
Chyba: meziskup. PC = 3,9408, sv = 414,00						
	genotyp	Šířka hlávky (cm) Průměr	1	2	3	4
5	09H5700127	17,00000	****			
14	09H5700977	18,28125	****	****		
4	09H5700126/99	20,00000		****	****	
6	09H5700128	21,36667			****	
2	09H5700125	21,41935			****	
9	09H5700131	21,43333			****	
10	09H5700132	21,55172			****	
8	09H5700130	21,58065			****	
13	09H5700135	21,78125			****	
7	09H5700129	21,87097			****	
11	09H5700133	21,96667			****	
3	09H5700126/93	22,09375			****	
1	09H5700015	22,37500			****	
12	09H5700134	26,30000				****

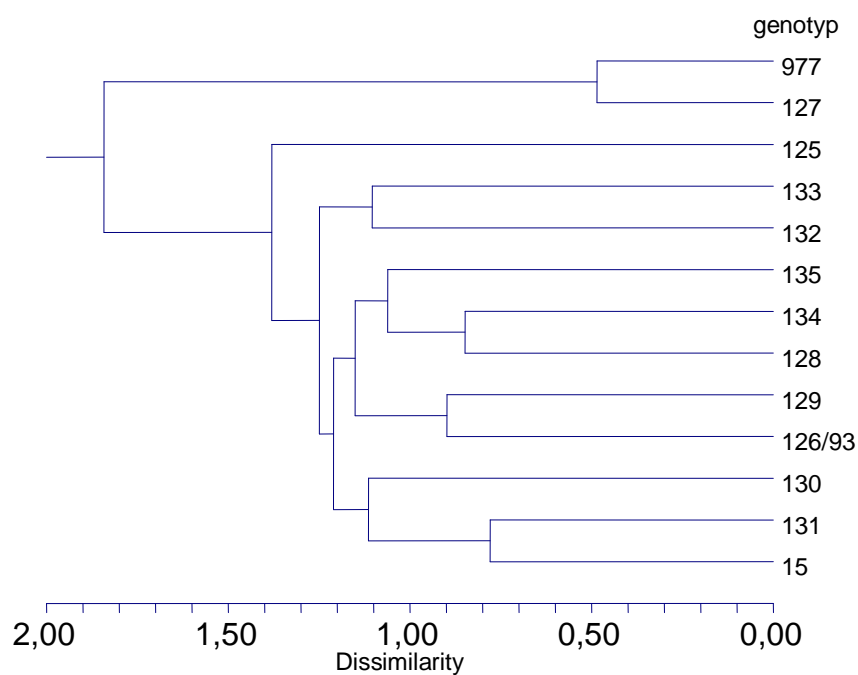
Ve sloupci s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))

#### *Šířka hlávky v průřezu*

Šířka hlávek v průřezu měřena bez vnějších listů se v rámci souboru pohybovala v rozmezí 3 – 10 cm, s průměrnou hodnotou 7 cm a s odchylkou 1,4 cm (tabulka 24). Genotypy 09H5700127 a 09H5700977 mají nejmenší šířku hlávky v průřezu (obrázek 5 a tabulka 4 a 24). V rámci dendrogramu hierarchické klasifikace tvoří samostatnou skupinu, i když jejich hodnoty šířky hlávky v průřezu při porovnání Scheffeho testem nespádají do jedné homogenní skupiny (obrázek 6 a tabulka 4). V dendrogramu hierarchické klasifikace tvoří všechny ostatní genotypy druhou velkou skupinu (obrázek 6), jejíž přesnější rozdělení na podskupiny je patrné v tabulce 4.



**Obrázek 5.** Krabicový graf pro šířku hlávky v průřezu genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' (Na ose x s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).



**Obrázek 6.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle šířky hlávky v průřezu (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).

**Tabulka 4.** Šířka hlávky v průřezu genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' a homogenní skupiny.

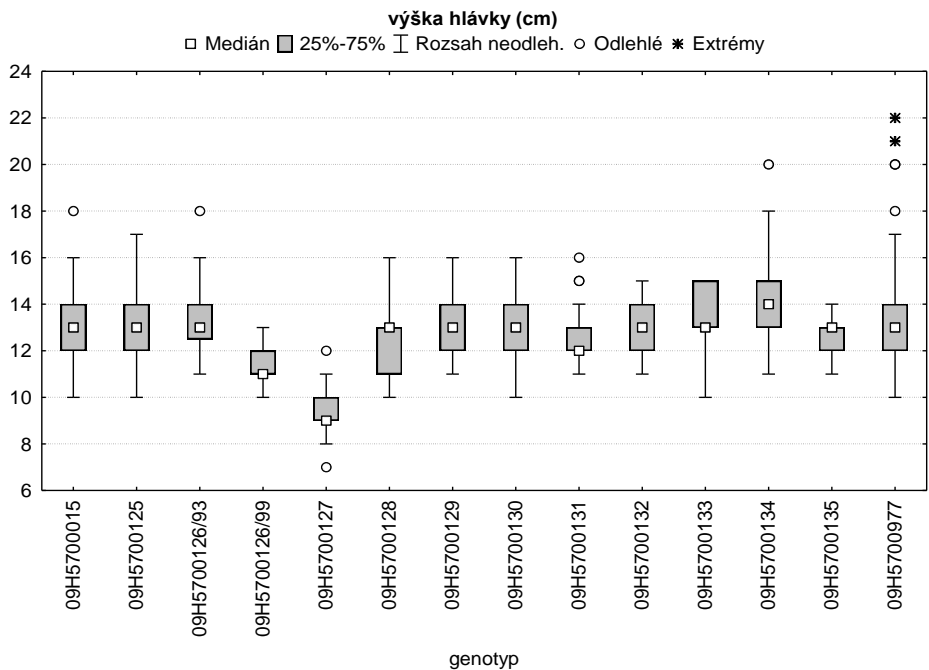
Scheffeho test; proměnná Šířka hlávky v průřezu (cm)					
Chyba: meziskup. PC = 1,1703, sv = 170,00					
	genotyp	Šířka hlávky v průřezu (cm) Průměr	1	2	3
4	09H5700127	4,576923	****		
13	09H5700977	5,000000	****	****	
10	09H5700133	6,500000		****	****
6	09H5700129	6,933333		****	****
9	09H5700132	6,933333		****	****
5	09H5700128	7,181818			****
2	09H5700125	7,500000			****
3	09H5700126/93	7,566667			****
11	09H5700134	7,636364			****
1	09H5700015	7,656250			****
8	09H5700131	7,730769			****
12	09H5700135	7,766667			****
7	09H5700130	7,812500			****

Ve sloupci s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))

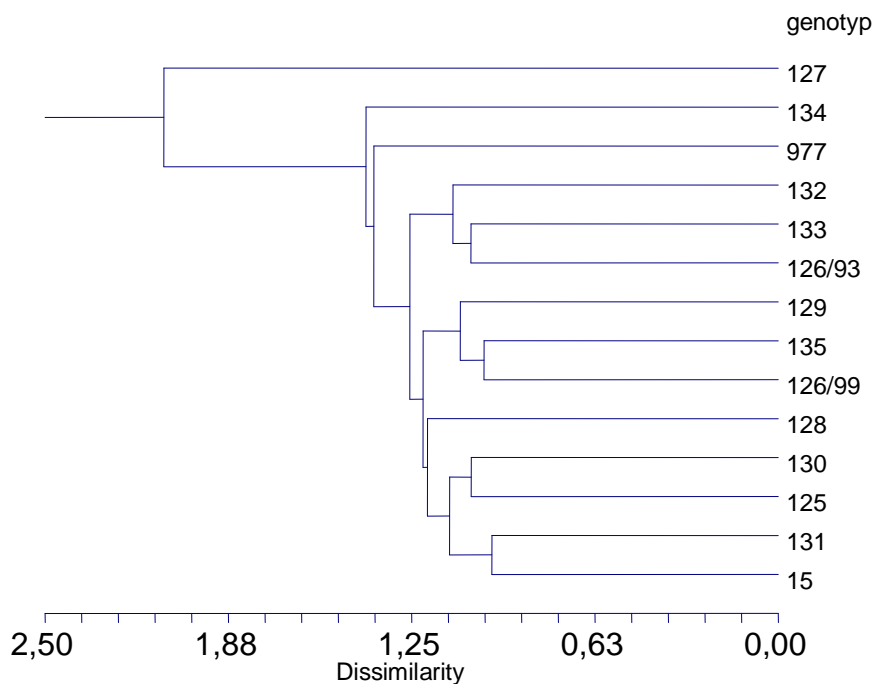
#### *Výška hlávky*

Výška hlávek měřena na poli včetně vnějších listů hodnoceného souboru se pohybovala v rozmezí 7 – 22 cm, kde průměrná výška hlávky byla 12,8 cm a od tohoto průměru se hodnoty odchylovaly průměrně o 1,9 cm (tabulka 24). Výška hlávky genotypu 09H5700127 byla nejmenší (obrázek 7 a 8). Výška jedinců tohoto genotypu se pohybovala v rozmezí 7 – 12 cm (tabulka 24 a obrázek 7). V rámci dendrogramu hierarchické klasifikace tvoří genotyp 09H5700127 samostatnou skupinu. Genotypy 09H5700134 a 09H5700977 měly nejvyšší hlávky (obrázek 7 a 8 a tabulka 5). U genotypu 09H5700977 se objevují odlehlá pozorování a extrémní, které výrazně ovlivňují průměrnou výšku hlávek a proto byl tento genotyp vyhodnocen jako heterogenní (obrázek 7). Tyto genotypy spolu s genotypy 09H5700015, 09H5700125, 09H5700126/93, 09H5700128, 09H5700129, 09H5700130, 09H5700131, 09H5700132, 09H5700133 a 09H5700135 tvoří skupinu, u níž nebyl zjištěn statisticky průkazný rozdíl ve velikosti výšky hlávky (obrázek 8 a tabulka 5).





**Obrázek 7.** Krabicový graf pro výšku hlávky genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' (Na ose x s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).



**Obrázek 8.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle výška hlávky (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).

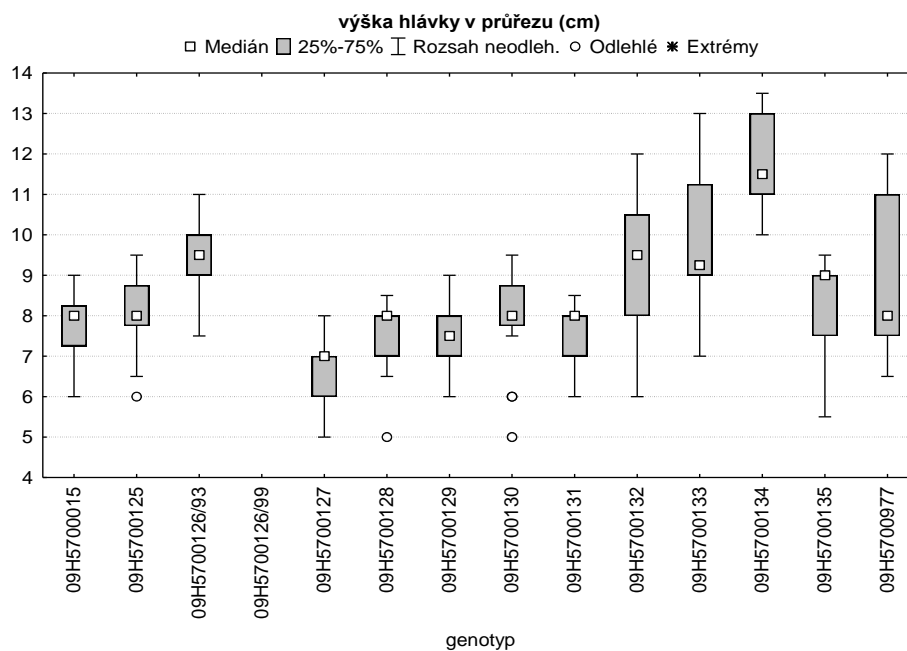
**Tabulka 5.** Výška hlávky genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' a homogenní skupiny.

Scheffeho test; proměnná Výška hlávky (cm)				
Chyba: meziskup. PC = 2,5248, sv = 398,00				
	genotyp	Výška hlávky (cm) Průměr	1	2
5	09H5700127	9,48276	****	
4	09H5700126/99	11,46154	****	****
6	09H5700128	12,43333		****
13	09H5700135	12,59375		****
9	09H5700131	12,63333		****
2	09H5700125	12,83871		****
1	09H5700015	12,9375		****
8	09H5700130	12,96774		****
10	09H5700132	13,03448		****
7	09H5700129	13,16129		****
3	09H5700126/93	13,34375		****
11	09H5700133	13,5		****
14	09H5700977	13,71875		****
12	09H5700134	13,96667		****

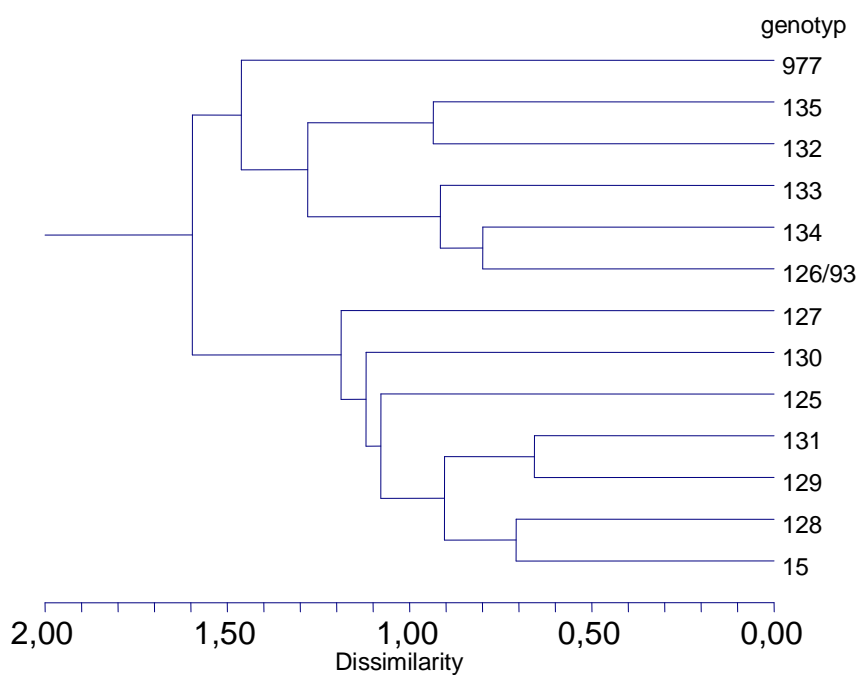
Ve sloupci s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))

#### *Výška hlávky v průřezu*

Výška hlávek v průřezu měřena bez vnějších listů se pohybovala v rozmezí 5 – 13,5 cm, s průměrnou hodnotou 8,5 cm a se směrodatnou odchylkou 1,6 cm (tabulka 24). Genotyp 09H5700127 měl nejmenší výšku hlávky v průřezu pohybující se v rozmezí 6 – 7 cm. Naopak genotyp 09H5700134 s hodnotami v rozmezí 10 – 13,5 cm je genotyp s nejvyšší hlávkou (obrázek 9 a tabulka 6 a 24). Genotypy byly podle podobnosti ve výšce hlávky v průřezu rozděleny na dvě skupiny (obrázek 10), avšak rozdílnost těchto skupin není statisticky průkazná (tabulka 6).



**Obrázek 9.** Krabicový graf pro výšku hlávky v průřezu genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' (Na ose x s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).



**Obrázek 10.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle výška hlávky v průřezu (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).

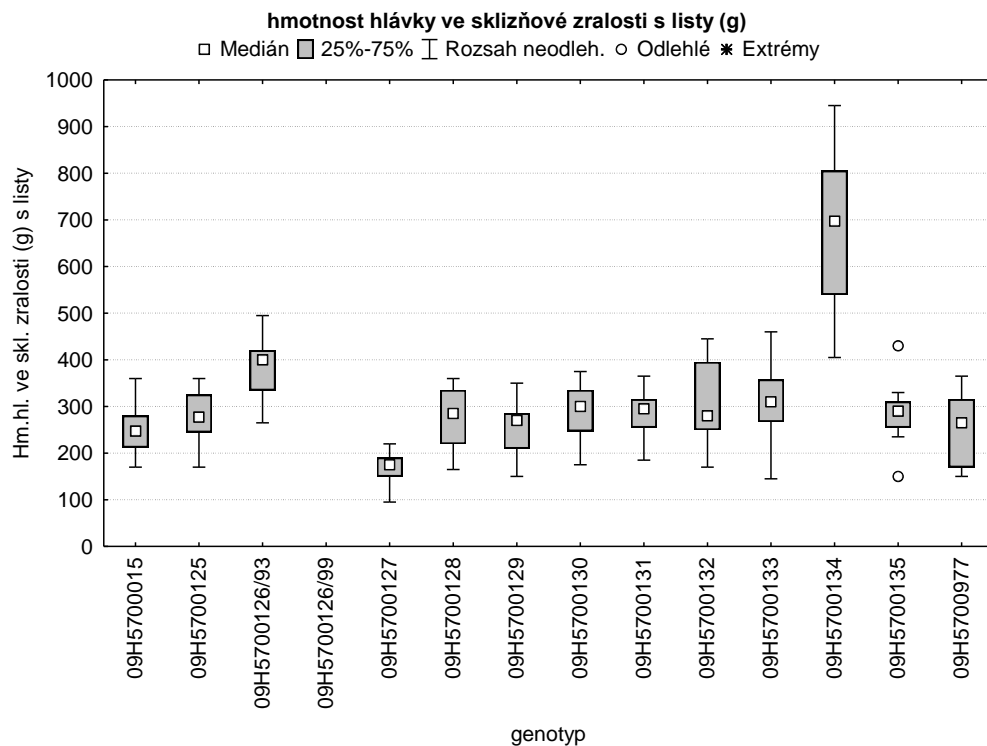
**Tabulka 6.** Výška hlávky v průřezu genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' a homogenní skupiny.

Scheffeho test; proměnná Výška hlávky v průřezu (cm)						
Chyba: meziskup. PC = 1,4106, sv = 170,00						
	genotyp	Hmotnost hlávky bez listů (g) Průměr	1	2	3	4
4	09H5700127	6,76923	****			
6	09H5700129	7,46667	****	****		
5	09H5700128	7,59091	****	****		
8	09H5700131	7,61538	****	****		
1	09H5700015	7,84375	****	****		
7	09H5700130	7,87500	****	****		
2	09H5700125	8,06250	****	****	****	
12	09H5700135	8,40000	****	****	****	
13	09H5700977	9,09091		****	****	
9	09H5700132	9,43333		****	****	
3	09H5700126/93	9,46667		****	****	
10	09H5700133	10,00000			****	****
11	09H5700134	11,86364				****

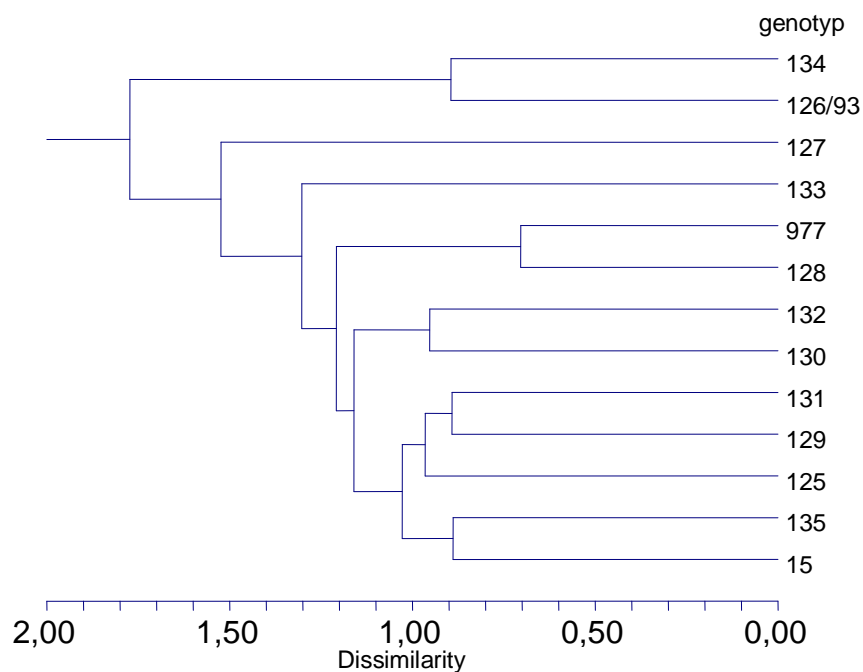
Ve sloupci s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))

#### *Hmotnost hlávky s listy*

Hmotnost hlávek s listy měřena před odstraněním vnějších listů se u hodnoceného souboru pohybuje v rozmezí 95 – 945 g s průměrem 308,53 g. Hodnota směrodatné odchylky byla 134,1 g, což značí nevyrovnanost souboru (obrázek 11 a tabulka 24). Genotyp 09H5700127 má nejmenší hmotnost hlávek s listy pohybující se v rozmezí 95 – 220 g (obrázek 11 a tabulka 7 a 24). Na opačné straně stojí genotyp 09H5700134, jehož hlávky dosahovaly hmotnosti s listy 405 g – 945 g a tvoří samostatnou homogenní skupinu (obrázek 11 a tabulka 7 a 24). Tento genotyp měl největší kvartilové rozpětí, což je patrné i z hodnoty směrodatné odchylky, která činí 165,58 g (obrázek 11 a tabulka 24). Velikostí hmotnosti hlávky s listy se tomuto genotypu nejvíce podobá genotyp 09H5700126/93 (obrázek 12).



**Obrázek 11.** Krabicový graf pro hmotnost hlávky s listy genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' (Na ose x s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).



**Obrázek 12.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle hmotnost hlávky s listy (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).

**Tabulka 7.** Hmotnost hlávky s listy genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' a homogenní skupiny.

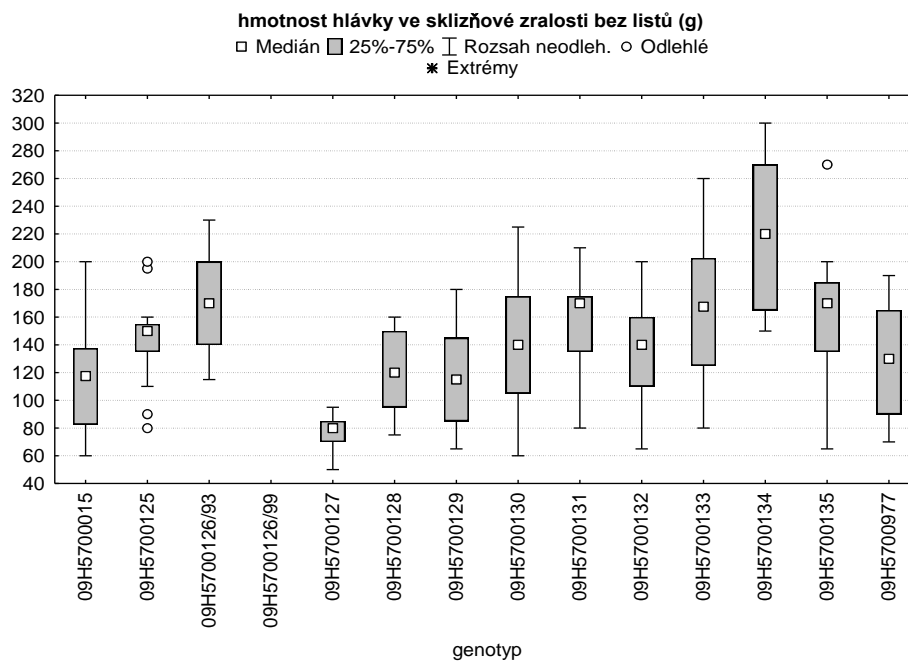
Scheffeho test; proměnná Hmotnost hlávky s listy (g)							
Chyba: meziskup. PC = 4988,2, sv = 194,00							
	genotyp	Hmotnost hlávky s listy (g) Průměr	1	2	3	4	5
5	09H5700127	157,1333	****	****			
1	09H5700015	249,3750		****	****		
14	09H5700977	252,3333		****	****		
7	09H5700129	257,6667		****	****		
6	09H5700128	274,0909		****	****	****	
2	09H5700125	278,1250		****	****	****	
13	09H5700135	284,6667			****	****	
9	09H5700131	286,1538			****	****	
8	09H5700130	290,3125			****	****	
10	09H5700132	301,0000			****	****	
11	09H5700133	310,9375			****	****	
3	09H5700126/93	382,0000				****	
12	09H5700134	678,9286					****

Ve sloupci s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))

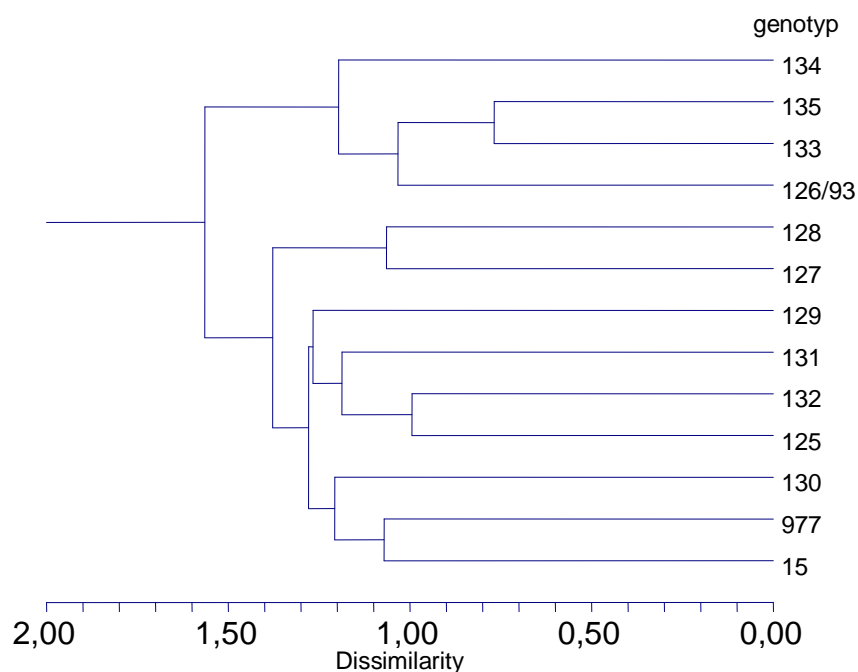
#### *Hmotnost hlávky bez listů*

Hmotnost hlávek bez listů měřena po odstranění vnějších listů se u hodnoceného souboru pohybuje v rozmezí 50 – 300 g, s průměrnou hmotností 142,8 g a směrodatnou odchylkou 49,5 g (tabulka 24). Genotypem s nejnižšími hodnotami je 09H5700127, jehož hodnoty se pohybují v rozmezí 50 – 95 g (obrázek 13 a tabulka 8 a 24). Naopak genotyp s nejvyšší hodnotou znaku je genotyp 09H5700134, který je zároveň i genotypem s nejširším kvartilovým rozpětím, který zahrnuje hmotnosti 165 – 270 g (obrázek 13 a tabulka 8 a 24). U genotypu 09H5700125 bylo zjištěno několik odlehklých pozorování (obrázek 13). Soubor byl podle podobnosti ve hmotnosti hlávky bez listů rozdělen hierarchickou klasifikací na dvě skupiny (obrázek 14), tyto rozdíly však nebyly statisticky prokázány Scheffeho testem (tabulka 8).

V porovnání s hodnotami hmotnosti hlávek s listy jsou tyto hodnoty až třikrát nižší. Nejmenší rozdíl v hmotnostech mají genotypy 09H5700131 a 09H5700135 jejichž hmotnost se snížila jen asi o 120 – 130 g. Nejvíce na váze naopak ztratil genotyp 09H5700134, který po otrhání spodních listů ztratil 480 g ze své původní hmotnosti. Taková ztráta je způsobena malou kompaktností hlávky, kvůli které spodní listy často leží na podloží a jsou náchylnější na plísně a k zahnívání.



**Obrázek 13.** Krabicový graf pro hmotnost hlávky bez listů genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' (Na ose x s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).



**Obrázek 14.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle hmotnosti hlávky bez listů (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).

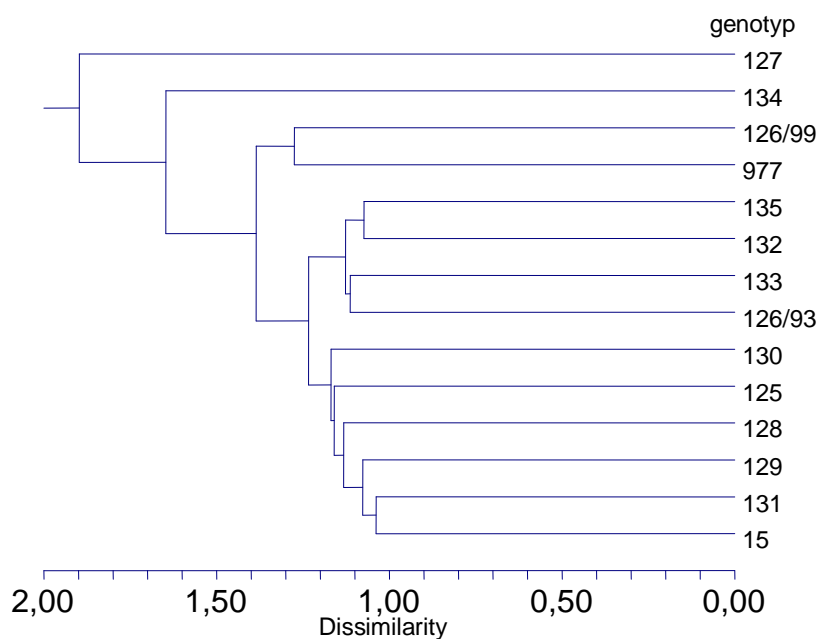
**Tabulka 8.** Hmotnost hlávky bez listů genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' a homogenní skupiny.

Scheffeho test; proměnná Hmotnost hlávky bez listů (g)						
Chyba: meziskup. PC = 1421,0, sv = 191,00						
	genotyp	Hmotnost hlávky bez listů (g) Průměr	1	2	3	4
5	09H5700127	80,4667	****			
1	09H5700015	115,9375	****	****	****	
7	09H5700129	119,0000	****	****	****	
6	09H5700128	122,2727	****	****	****	
14	09H5700977	124,6667	****	****	****	
8	09H5700130	139,6875	****	****	****	
10	09H5700132	140,0000	****	****	****	
2	09H5700125	144,0625	****	****	****	
9	09H5700131	155,3846		****	****	****
13	09H5700135	164,3333		****	****	****
3	09H5700126/93	168,6667			****	****
11	09H5700133	170,9375			****	****
12	09H5700134	223,1818				****

Ve sloupci s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))

#### 5.1.1.1. Podobnost genotypů odrůdy 'Atrakce' podle kvantitativních znaků

Z dendrogramů pro jednotlivé znaky je zřejmé, že genotyp 09H5700127 dosahoval nejnižších hodnot. Naopak genotyp 09H5700134 dosahoval nejvyšších hodnot.



**Obrázek 15.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle všech kvantitativních znaků (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).



Celková podobnost všech genotypů v uvedených kvantitativních znacích byla graficky znázorněna dendrogramem na obrázku 15. V rámci studovaného souboru existují čtyři skupiny genotypů. První skupinu tvoří genotyp 09H5700127, jehož hodnoty pro kvantitativní znaky byly vždy nejnižší. Druhou skupinu tvoří genotyp 09H5700134, jehož hodnoty patřily k nejvyšším. Třetí skupinu tvoří genotypy 09H5700126/99 a 09H5700977. Genotyp 09H5700126/99 se odlišoval časným vybíháním, kvůli kterému nemohla být hodnocena převážná část kvantitativních znaků. Genotyp 09H5700977 se od ostatních odlišuje širokým kvartilovým rozpětím, které značí nevyrovnanost v rámci genotypu. Čtvrtá skupina je tvořena zbývajícími genotypy, jejichž hodnoty kvantitativních znaků se vždy pohybují okolo průměrné hodnoty celého souboru.

#### **5.1.1.2. Korelační závislosti mezi kvantitativními morfologickými znaky genotypů salátu odrůdy 'Atrakce'**

Výsledky testování jsou uvedeny v tabulkách 9 – 22. Červené hodnoty v tabulkách znázorňují korelace, které jsou z hlediska hladiny pravděpodobnosti významné. Velice často spolu korelují znaky hmotnost hlávky s listy a hmotnost hlávky bez listů, což je pochopitelný vztah. Tyto znaky spolu nekorelují pouze u genotypu 09H5700126/93, jehož hlávky jsou příliš volné a spodní listy leží na podložce. Kvůli tomu častěji zahnívají a před konzumací se musí odstraňovat a hmotnost hlávek se tím rapidně snižuje. Velice často spolu korelují znaky hmotnost hlávky bez listů a šířka hlávky v průřezu. Těsnost těchto znaků může být zapříčiněna košťálem, který čím je těžší, tím je širší a naopak. Výjimku tvoří pouze genotyp 09H5700977 u něhož korelace nebyla průkazná.

U většiny genotypů byla prokázána korelace mezi hmotností hlávky bez listů a výškou hlávky. Stejně jako u předchozí korelace může být tato korelace zapříčiněná výškou košťálu, která ovlivňuje hmotnost hlávky. Tato korelace nebyla průkazná u genotypů 09H5700126/93 a 09H5700134. S výjimkou genotypů 09H5700131 a 09H5700134 byla prokázána korelace mezi výškou a šířkou hlávky. Tyto parametry by se daly shrnout do jednoho znaku s názvem „velikost hlávky“. S výjimkou genotypů 09H5700015, 09H5700126/93, 09H5700132, 09H5700133 a 09H5700977 byla prokázána korelace mezi šířkou hlávky a hmotností hlávky s listy. U mnoha genotypů byla prokázána korelace mezi šířkou hlávky v průřezu a hmotností hlávky s listy. Tento

vztah nebyl průkazný u genotypů 09H5700126/93, 09H5700127, 09H5700134 a 09H5700977.

**Tabulka 9.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700015.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	<b>0,6471</b>	0,003	-0,0361	0,0996	-0,0264
	p= ---	<b>p=,007</b>	p=,991	p=,894	p=,714	p=,923
Výška hlávky (cm)	<b>0,6471</b>	1	0,1469	0,0097	0,2523	-0,1645
	<b>p=,007</b>	p= ---	p=,587	p=,971	p=,346	p=,543
Hmotnost hlávky s listy (g)	0,003	0,1469	1	<b>0,7431</b>	<b>0,6297</b>	0,473
	p=,991	p=,587	p= ---	<b>p=,001</b>	<b>p=,009</b>	p=,064
Hmotnost hlávky bez listů (g)	-0,0361	0,0097	<b>0,7431</b>	1	<b>0,8177</b>	<b>0,6419</b>
	p=,894	p=,971	<b>p=,001</b>	p= ---	<b>p=,000</b>	<b>p=,007</b>
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,0996	0,2523	<b>0,6297</b>	<b>0,8177</b>	1	<b>0,6358</b>
	p=,714	p=,346	<b>p=,009</b>	<b>p=,000</b>	p= ---	<b>p=,008</b>
Výška hl. v průřezu (cm)	-0,0264	-0,1645	0,473	<b>0,6419</b>	<b>0,6358</b>	1
	p=,923	p=,543	p=,064	<b>p=,007</b>	<b>p=,008</b>	p= ---

N = 32; celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 10.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700125.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	0,4407	<b>0,5845</b>	0,2292	0,4954	0,3088
	N=31	N=31	<b>N=16</b>	N=16	N=16	N=16
	p= ---	p=,088	<b>p=,017</b>	p=,393	p=,051	p=,245
Výška hlávky (cm)	0,4407	1	0,3598	0,113	0,1599	0,4092
	N=31	N=31	N=16	N=16	N=16	N=16
	p=,088	p= ---	p=,171	p=,677	p=,554	p=,116
Hmotnost hlávky s listy (g)	<b>0,5845</b>	0,3598	1	<b>0,8578</b>	<b>0,7988</b>	<b>0,716</b>
	<b>N=16</b>	N=16	N=16	<b>N=16</b>	<b>N=16</b>	<b>N=16</b>
	<b>p=,017</b>	p=,171	p= ---	<b>p=,000</b>	<b>p=,000</b>	<b>p=,002</b>
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,2292	0,113	<b>0,8578</b>	1	<b>0,6701</b>	<b>0,6241</b>
	N=16	N=16	<b>N=16</b>	N=16	<b>N=16</b>	<b>N=16</b>
	p=,393	p=,677	<b>p=,000</b>	p= ---	<b>p=,005</b>	<b>p=,010</b>
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,4954	0,1599	<b>0,7988</b>	<b>0,6701</b>	1	0,4362
	N=16	N=16	<b>N=16</b>	<b>N=16</b>	N=16	N=16
	p=,051	p=,554	<b>p=,000</b>	<b>p=,005</b>	p= ---	p=,091
Výška hl. v průřezu (cm)	0,3088	0,4092	<b>0,716</b>	<b>0,6241</b>	0,4362	1
	N=16	N=16	<b>N=16</b>	<b>N=16</b>	N=16	N=16
	p=,245	p=,116	<b>p=,002</b>	<b>p=,010</b>	p=,091	p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 11.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700126/93.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	0,3893	0,1914	0,4331	0,3005	0,0519
	N=32	N=32	N=15	N=15	N=15	N=15
	p= ---	p=,151	p=,494	p=,107	p=,277	p=,854
Výška hlávky (cm)	0,3893	1	0,1995	0,736	0,2357	-0,0042
	N=32	N=32	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,151	p= ---	p=,476	p=,002	p=,398	p=,988
Hmotnost hlávky s listy (g)	0,1914	0,1995	1	0,399	0,3843	-0,1146
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,494	p=,476	p= ---	p=,141	p=,157	p=,684
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,4331	0,736	0,399	1	0,5839	0,2632
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,107	p=,002	p=,141	p= ---	p=,022	p=,343
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,3005	0,2357	0,3843	0,5839	1	0,025
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,277	p=,398	p=,157	p=,022	p= ---	p=,930
Výška hl. v průřezu (cm)	0,0519	-0,0042	-0,1146	0,2632	0,025	1
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,854	p=,988	p=,684	p=,343	p=,930	p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 12.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700126/99.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	-0,1106	--	--	--	--
	N=29	N=13	N=0	N=0	N=0	N=0
	p= ---	p=,719	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---
Výška hlávky (cm)	-0,1106	1	--	--	--	--
	N=13	N=13	N=0	N=0	N=0	N=0
	p=,719	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---
Hmotnost hlávky s listy (g)	--	--	--	--	--	--
	N=0	N=0	N=0	N=0	N=0	N=0
	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---
Hmotnost hlávky bez listů (g)	--	--	--	--	--	--
	N=0	N=0	N=0	N=0	N=0	N=0
	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---
Šířka hl. v průřezu (cm)	--	--	--	--	--	--
	N=0	N=0	N=0	N=0	N=0	N=0
	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---
Výška hl. v průřezu (cm)	--	--	--	--	--	--
	N=0	N=0	N=0	N=0	N=0	N=0
	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---	p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 13.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700127.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	0,3832	0,6978	0,648	0,5228	0,456
	N=29	N=29	N=13	N=13	N=13	N=13
	p= ---	p=,040	p=,008	p=,017	p=,067	p=,117
Výška hlávky (cm)	0,3832	1	0,2806	0,186	0,4496	-0,0981
	N=29	N=29	N=13	N=13	N=13	N=13
	p=,040	p= ---	p=,353	p=,543	p=,123	p=,750
Hmotnost hlávky s listy (g)	0,6978	0,2806	1	0,6462	0,1947	0,8219
	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13
	p=,008	p=,353	p= ---	p=,017	p=,524	p=,001
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,648	0,186	0,6462	1	0,5628	0,5943
	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13
	p=,017	p=,543	p=,017	p= ---	p=,045	p=,032
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,5228	0,4496	0,1947	0,5628	1	0,2301
	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13
	p=,067	p=,123	p=,524	p=,045	p= ---	p=,449
Výška hl. v průřezu (cm)	0,456	-0,0981	0,8219	0,5943	0,2301	1
	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13
	p=,117	p=,750	p=,001	p=,032	p=,449	p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 14.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700128.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	0,4638	0,7782	0,5733	0,4928	0,7092
	N=30	N=30	N=11	N=11	N=11	N=11
	p= ---	p=,010	p=,005	p=,065	p=,124	p=,015
Výška hlávky (cm)	0,4638	1	0,3876	0,4648	0,506	0,518
	N=30	N=30	N=11	N=11	N=11	N=11
	p=,010	p= ---	p=,239	p=,150	p=,112	p=,103
Hmotnost hlávky s listy (g)	0,7782	0,3876	1	0,7813	0,7169	0,8273
	N=11	N=11	N=11	N=11	N=11	N=11
	p=,005	p=,239	p= ---	p=,005	p=,013	p=,002
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,5733	0,4648	0,7813	1	0,6949	0,7688
	N=11	N=11	N=11	N=11	N=11	N=11
	p=,065	p=,150	p=,005	p= ---	p=,018	p=,006
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,4928	0,506	0,7169	0,6949	1	0,5187
	N=11	N=11	N=11	N=11	N=11	N=11
	p=,124	p=,112	p=,013	p=,018	p= ---	p=,102
Výška hl. v průřezu (cm)	0,7092	0,518	0,8273	0,7688	0,5187	1
	N=11	N=11	N=11	N=11	N=11	N=11
	p=,015	p=,103	p=,002	p=,006	p=,102	p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 15.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700129.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	0,6582	0,5912	0,2656	0,0995	0,1395
	N=31	N=31	N=15	N=15	N=15	N=15
	p= ---	p=,000	p=,020	p=,339	p=,724	p=,620
Výška hlávky (cm)	0,6582	1	0,5394	0,3458	0,0112	0,1446
	N=31	N=31	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,000	p= ---	p=,038	p=,207	p=,969	p=,607
Hmotnost hlávky s listy (g)	0,5912	0,5394	1	0,8343	0,6434	0,6385
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,020	p=,038	p= ---	p=,000	p=,010	p=,010
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,2656	0,3458	0,8343	1	0,8358	0,83
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,339	p=,207	p=,000	p= ---	p=,000	p=,000
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,0995	0,0112	0,6434	0,8358	1	0,8456
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,724	p=,969	p=,010	p=,000	p= ---	p=,000
Výška hl. v průřezu (cm)	0,1395	0,1446	0,6385	0,83	0,8456	1
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,620	p=,607	p=,010	p=,000	p=,000	p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 16.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700130.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	0,5582	0,6498	0,5169	0,57	0,4733
	N=31	N=31	N=16	N=16	N=16	N=16
	p= ---	p=,001	p=,006	p=,040	p=,021	p=,064
Výška hlávky (cm)	0,5582	1	0,6175	0,3373	0,2713	0,2986
	N=31	N=31	N=16	N=16	N=16	N=16
	p=,001	p= ---	p=,011	p=,201	p=,309	p=,261
Hmotnost hlávky s listy (g)	0,6498	0,6175	1	0,7632	0,7037	0,7008
	N=16	N=16	N=16	N=16	N=16	N=16
	p=,006	p=,011	p= ---	p=,001	p=,002	p=,002
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,5169	0,3373	0,7632	1	0,6654	0,7254
	N=16	N=16	N=16	N=16	N=16	N=16
	p=,040	p=,201	p=,001	p= ---	p=,005	p=,001
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,57	0,2713	0,7037	0,6654	1	0,6008
	N=16	N=16	N=16	N=16	N=16	N=16
	p=,021	p=,309	p=,002	p=,005	p= ---	p=,014
Výška hl. v průřezu (cm)	0,4733	0,2986	0,7008	0,7254	0,6008	1
	N=16	N=16	N=16	N=16	N=16	N=16
	p=,064	p=,261	p=,002	p=,001	p=,014	p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 17.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700131.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	0,2524	0,714	0,5943	0,4041	0,4573
	N=30	N=30	N=13	N=13	N=13	N=13
	p= ---	p=,179	p=,006	p=,032	p=,171	p=,116
Výška hlávky (cm)	0,2524	1	0,1392	0,2632	-0,0472	0,3463
	N=30	N=30	N=13	N=13	N=13	N=13
	p=,179	p= ---	p=,650	p=,385	p=,878	p=,246
Hmotnost hlávky s listy (g)	0,714	0,1392	1	0,8301	0,6436	0,6645
	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13
	p=,006	p=,650	p= ---	p=,000	p=,018	p=,013
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,5943	0,2632	0,8301	1	0,8309	0,8609
	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13
	p=,032	p=,385	p=,000	p= ---	p=,000	p=,000
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,4041	-0,0472	0,6436	0,8309	1	0,7658
	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13
	p=,171	p=,878	p=,018	p=,000	p= ---	p=,002
Výška hl. v průřezu (cm)	0,4573	0,3463	0,6645	0,8609	0,7658	1
	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13	N=13
	p=,116	p=,246	p=,013	p=,000	p=,002	p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 18.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700132.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	0,4852	0,4713	0,5835	0,3285	0,7107
	N=29	N=29	N=15	N=15	N=15	N=15
	p= ---	p=,008	p=,076	p=,022	p=,232	p=,003
Výška hlávky (cm)	0,4852	1	0,5658	0,6694	0,4876	0,5346
	N=29	N=29	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,008	p= ---	p=,028	p=,006	p=,065	p=,040
Hmotnost hlávky s listy (g)	0,4713	0,5658	1	0,8952	0,8712	0,6229
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,076	p=,028	p= ---	p=,000	p=,000	p=,013
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,5835	0,6694	0,8952	1	0,8356	0,6679
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,022	p=,006	p=,000	p= ---	p=,000	p=,007
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,3285	0,4876	0,8712	0,8356	1	0,4175
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,232	p=,065	p=,000	p=,000	p= ---	p=,122
Výška hl. v průřezu (cm)	0,7107	0,5346	0,6229	0,6679	0,4175	1
	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15	N=15
	p=,003	p=,040	p=,013	p=,007	p=,122	p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 19.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700133.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	<b>0,3688</b>	0,475	0,3254	0,2443	0,1275
	N=30	<b>N=30</b>	N=16	N=16	N=16	N=16
	p= ---	<b>p=,045</b>	p=,063	p=,219	p=,362	p=,638
Výška hlávky (cm)	<b>0,3688</b>	1	<b>0,5154</b>	0,2275	0,2074	0,2047
	<b>N=30</b>	N=30	<b>N=16</b>	N=16	N=16	N=16
	<b>p=,045</b>	p= ---	<b>p=,041</b>	p=,397	p=,441	p=,447
Hmotnost hlávky s listy (g)	0,475	<b>0,5154</b>	1	<b>0,8941</b>	<b>0,7867</b>	<b>0,8058</b>
	N=16	<b>N=16</b>	N=16	<b>N=16</b>	<b>N=16</b>	<b>N=16</b>
	p=,063	<b>p=,041</b>	p= ---	<b>p=,000</b>	<b>p=,000</b>	<b>p=,000</b>
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,3254	0,2275	<b>0,8941</b>	1	<b>0,8522</b>	<b>0,8115</b>
	N=16	N=16	<b>N=16</b>	N=16	<b>N=16</b>	<b>N=16</b>
	p=,219	p=,397	<b>p=,000</b>	p= ---	<b>p=,000</b>	<b>p=,000</b>
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,2443	0,2074	<b>0,7867</b>	<b>0,8522</b>	1	<b>0,6056</b>
	N=16	N=16	<b>N=16</b>	<b>N=16</b>	N=16	<b>N=16</b>
	p=,362	p=,441	<b>p=,000</b>	<b>p=,000</b>	p= ---	<b>p=,013</b>
Výška hl. v průřezu (cm)	0,1275	0,2047	<b>0,8058</b>	<b>0,8115</b>	<b>0,6056</b>	1
	N=16	N=16	<b>N=16</b>	<b>N=16</b>	<b>N=16</b>	N=16
	p=,638	p=,447	<b>p=,000</b>	<b>p=,000</b>	<b>p=,013</b>	p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 20.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700134.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1	0,2324	<b>0,8632</b>	0,3466	0,3664	0,4699
	N=30	N=30	<b>N=14</b>	N=11	N=11	N=11
	p= ---	p=,217	<b>p=,000</b>	p=,296	p=,268	p=,145
Výška hlávky (cm)	0,2324	1	0,2616	0,3736	0,0211	-0,4439
	N=30	N=30	N=14	N=11	N=11	N=11
	p=,217	p= ---	p=,366	p=,258	p=,951	p=,171
Hmotnost hlávky s listy (g)	<b>0,8632</b>	0,2616	1	<b>0,6211</b>	0,5496	<b>0,6612</b>
	<b>N=14</b>	N=14	N=14	<b>N=11</b>	N=11	<b>N=11</b>
	<b>p=,000</b>	p=,366	p= ---	<b>p=,041</b>	p=,080	<b>p=,027</b>
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,3466	0,3736	<b>0,6211</b>	1	<b>0,7765</b>	0,5509
	N=11	N=11	<b>N=11</b>	N=11	<b>N=11</b>	N=11
	p=,296	p=,258	<b>p=,041</b>	p= ---	<b>p=,005</b>	p=,079
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,3664	0,0211	0,5496	<b>0,7765</b>	1	<b>0,6324</b>
	N=11	N=11	N=11	<b>N=11</b>	N=11	<b>N=11</b>
	p=,268	p=,951	p=,080	<b>p=,005</b>	p= ---	<b>p=,037</b>
Výška hl. v průřezu (cm)	0,4699	-0,4439	<b>0,6612</b>	0,5509	<b>0,6324</b>	1
	N=11	N=11	<b>N=11</b>	N=11	<b>N=11</b>	N=11
	p=,145	p=,171	<b>p=,027</b>	p=,079	<b>p=,037</b>	p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 21.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700135.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1 N=32 p= ---	0,3754 N=32 p=,034	0,5878 N=15 p=,021	0,4907 N=15 p=,063	0,383 N=15 p=,159	0,6175 N=15 p=,014
Výška hlávky (cm)	0,3754 N=32 p=,034	1 N=32 p= ---	0,3593 N=15 p=,188	0,1895 N=15 p=,499	0,2274 N=15 p=,415	0,1996 N=15 p=,476
Hmotnost hlávky s listy (g)	0,5878 N=15 p=,021	0,3593 N=15 p=,188	1 N=15 p= ---	0,9521 N=15 p=,000	0,5564 N=15 p=,031	0,7431 N=15 p=,002
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,4907 N=15 p=,063	0,1895 N=15 p=,499	0,9521 N=15 p=,000	1 N=15 p= ---	0,5823 N=15 p=,023	0,7553 N=15 p=,001
Šířka hl. v průřezu (cm)	0,383 N=15 p=,159	0,2274 N=15 p=,415	0,5564 N=15 p=,031	0,5823 N=15 p=,023	1 N=15 p= ---	0,5728 N=15 p=,026
Výška hl. v průřezu (cm)	0,6175 N=15 p=,014	0,1996 N=15 p=,476	0,7431 N=15 p=,002	0,7553 N=15 p=,001	0,5728 N=15 p=,026	1 N=15 p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

**Tabulka 22.** Korelační závislosti mezi kvantitativními znaky genotypu 09H5700977.

Proměnná	Šířka hlávky (cm)	Výška hlávky (cm)	Hmotnost hlávky s listy (g)	Hmotnost hlávky bez listů (g)	Šířka hl. v průřezu (cm)	Výška hl. v průřezu (cm)
Šířka hlávky (cm)	1 N=32 p= ---	-0,4951 N=32 p=,004	0,2782 N=15 p=,315	0,2788 N=15 p=,314	-0,0196 N=11 p=,954	0,2524 N=11 p=,454
Výška hlávky (cm)	-0,4951 N=32 p=,004	1 N=32 p= ---	0,0548 N=15 p=,846	0,0316 N=15 p=,911	0,1441 N=11 p=,673	0,0174 N=11 p=,960
Hmotnost hlávky s listy (g)	0,2782 N=15 p=,315	0,0548 N=15 p=,846	1 N=15 p= ---	0,9355 N=15 p=,000	0,414 N=11 p=,206	0,8491 N=11 p=,001
Hmotnost hlávky bez listů (g)	0,2788 N=15 p=,314	0,0316 N=15 p=,911	0,9355 N=15 p=,000	1 N=15 p= ---	0,5817 N=11 p=,060	0,8106 N=11 p=,002
Šířka hl. v průřezu (cm)	-0,0196 N=11 p=,954	0,1441 N=11 p=,673	0,414 N=11 p=,206	0,5817 N=11 p=,060	1 N=11 p= ---	0,2591 N=11 p=,442
Výška hl. v průřezu (cm)	0,2524 N=11 p=,454	0,0174 N=11 p=,960	0,8491 N=11 p=,001	0,8106 N=11 p=,002	0,2591 N=11 p=,442	1 N=11 p= ---

N – celkový počet hodnocených rostlin

Označené korelace jsou významné na hladině pravděpodobnosti  $p < ,05000$

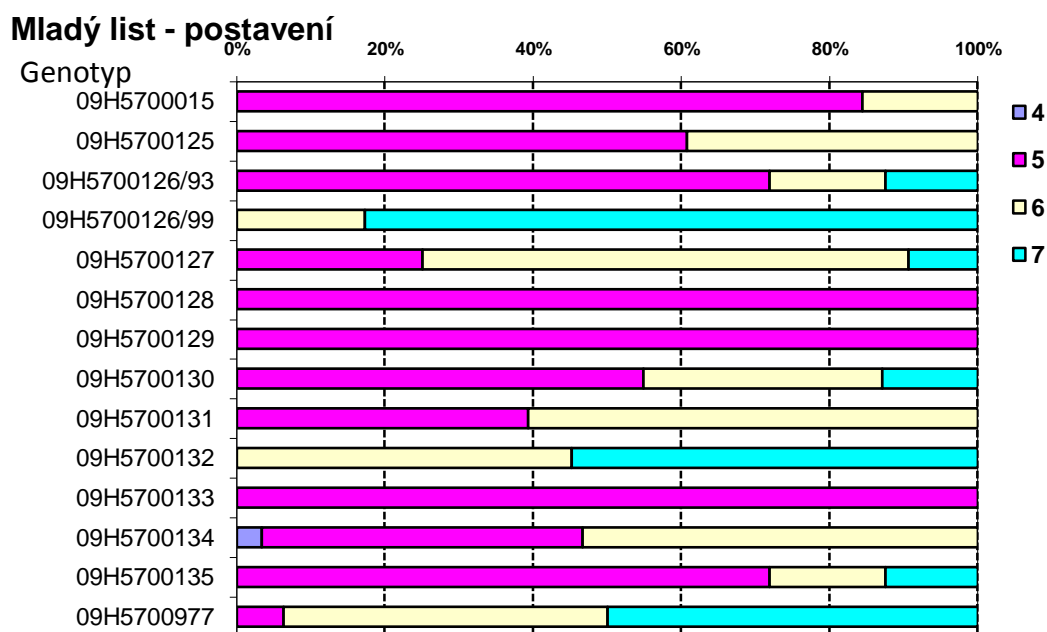


## 5.1.2. Analýza kvalitativních morfologických znaků

### *Mladý list – postavení*

Genotypy 09H57000128, 09H57000129 a 09H57000133 jsou v tomto znaku zcela vyrovnané a listy svírají s vodorovnou základnou úhel  $41^\circ - 50^\circ$  (obrázek 16 a 17). Naopak genotypy 09H57000126/93, 09H57000127, 09H57000130, 09H57000134, 09H57000135 a 09H57000977 jsou v projevu tohoto znaku heterogenní (obrázek 16).

Z hlediska postavení mladého listu existují v rámci sledovaného souboru dvě hlavní skupiny. První skupina obsahuje genotypy 09H57000126/99, 09H57000132 a 09H57000977, u nichž listy mladých rostlin svírají s vodorovnou základnou úhel  $61^\circ - 70^\circ$ . Do druhé skupiny patří ostatní genotypy, jejichž listy nejčastěji svírají s vodorovnou základnou úhel  $41^\circ - 50^\circ$  nebo  $51^\circ - 60^\circ$  (obrázek 17).



Stupnice hodnoceného znaku

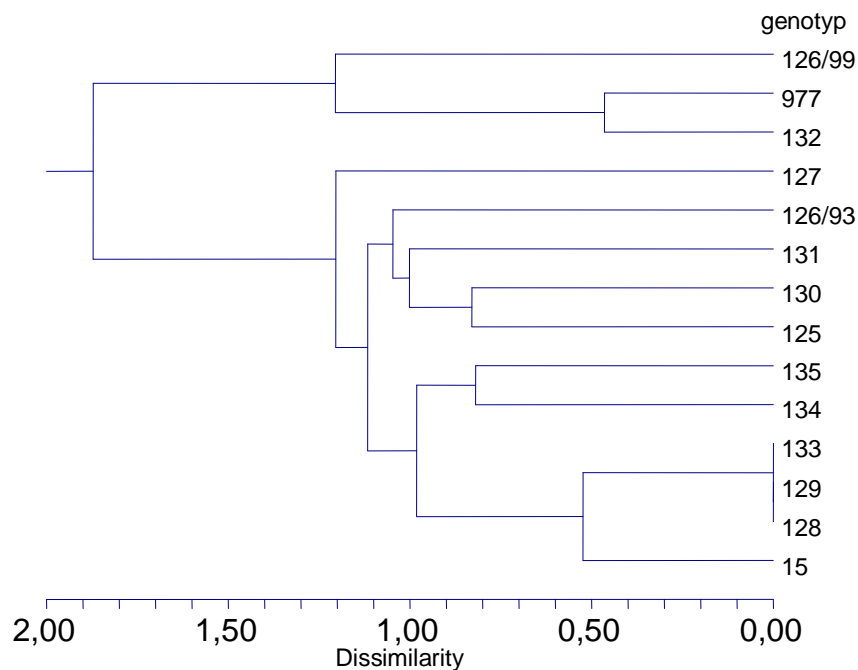
4 úhel 5. až 6. pravého listu s vodorovnou základnou  $31^\circ - 40^\circ$

5 úhel 5. až 6. pravého listu s vodorovnou základnou  $41^\circ - 50^\circ$

6 úhel 5. až 6. pravého listu s vodorovnou základnou  $51^\circ - 60^\circ$

7 úhel 5. až 6. pravého listu s vodorovnou základnou  $61^\circ - 70^\circ$

**Obrázek 16.** Četnost výskytu hodnot znaku mladý list – postavení (Na ose y s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).

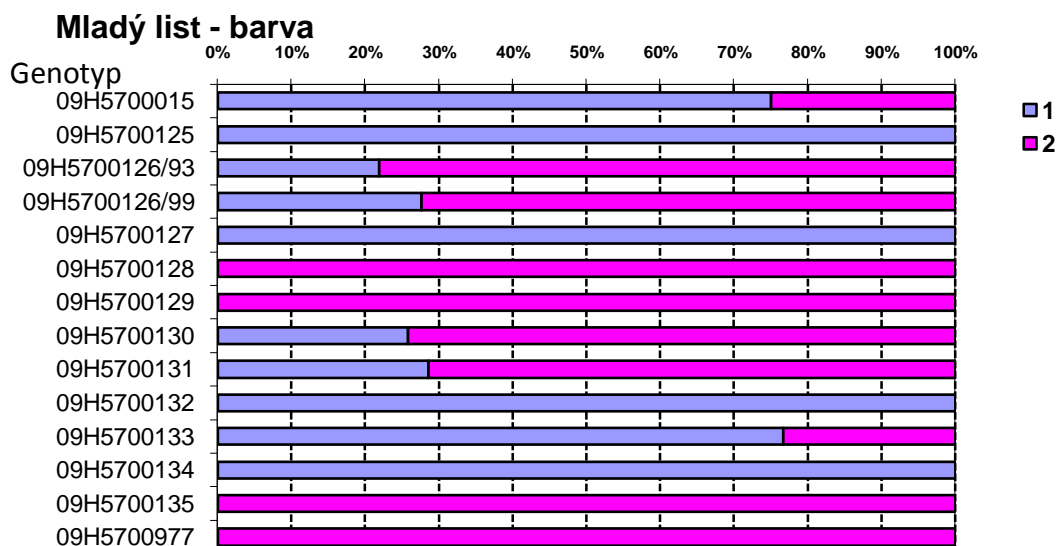


**Obrázek 17.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle postavení mladého listu (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).

#### *Mladý list – barva*

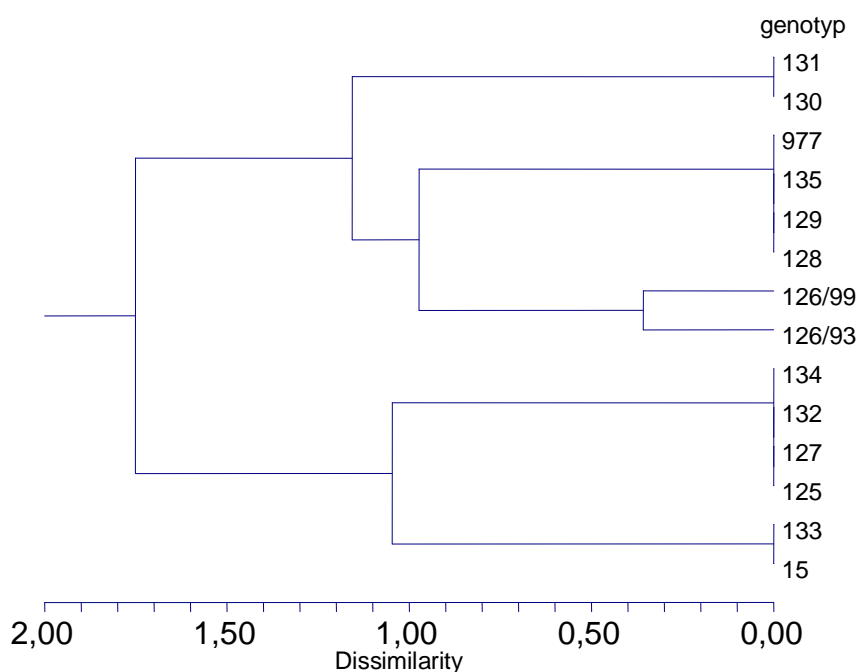
Genotypy 09H57000128, 09H57000129, 09H57000135 a 09H57000977 byly vyrovnané a rostliny měly světle zelenou barvu. Rostliny genotypů 09H57000125, 09H57000127, 09H57000132 a 09H57000134 byly také v tomto znaku zcela vyrovnané a barva mladého listu byla žlutozelená (obrázek 18 a 19).

V rámci souboru existují dvě skupiny genotypů. První skupina je tvořena genotypy s vysokým procentem rostlin světle zelené barvy. Do druhé skupiny patří genotypy, jejichž rostliny měly listy nejčastěji žlutozelené barvy (obrázek 19).



Stupnice hodnoceného znaku  
 1 žlutozelená  
 2 světle zelená

**Obrázek 18.** Četnost výskytu hodnot znaku mladý list – barva (Na ose y s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).



**Obrázek 19.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle barvy mladého listu (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).

### *Mladý list – rozmístění antokyanu a intenzita antokyanového zbarvení*

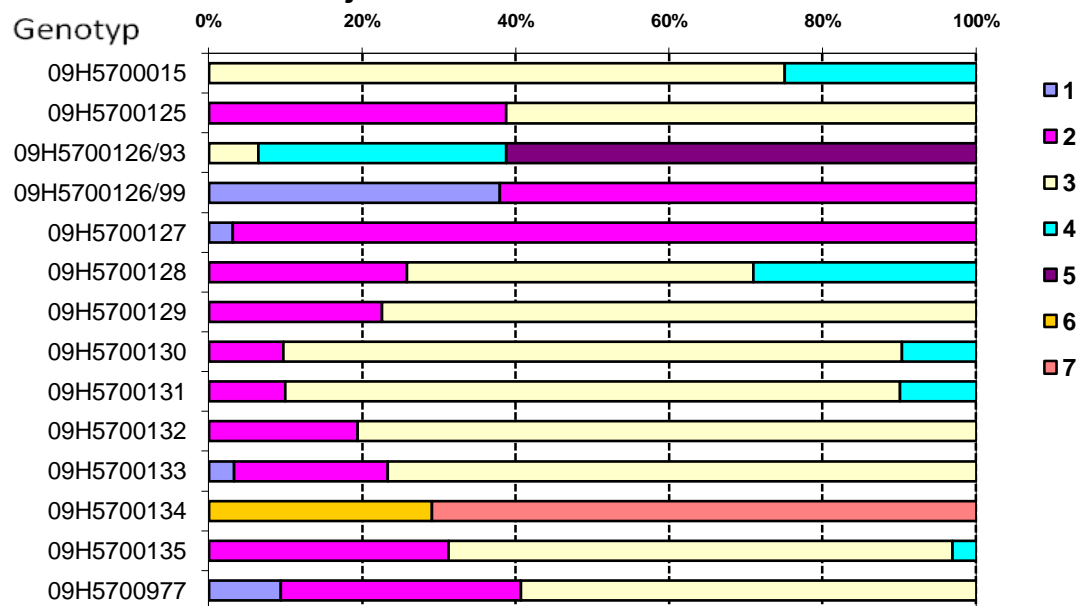
V rámci celého souboru byl detekován pouze jediný genotyp 09H5700134, u něhož se vyskytoval antokyan a to jak na žilkách, tak na okrajích čepele listů. Rostliny všech ostatních genotypů byly bez antokyanu. Proto zde nejsou pro tyto znaky zařazeny grafy a obrázky.

### *Vertikální zvlnění okrajů listů*

Tento znak byl hodnocen ve dvou termínech a to 26. 5. 2008 a 20. 6. 2008. Při prvním hodnocení byly nejvíce vyrovnané genotypy 09H5700015, 09H5700127, 09H5700129 a 09H5700132 a při druhém hodnocení byly v rámci genotypu nejvíce vyrovnané rostliny genotypů 09H5700128, 09H5700129, 09H5700130, 09H5700134 a 09H5700977. Nejméně vyrovnané byly při druhém hodnocení genotypy 09H5700015 a 09H5700135. V tomto znaku se žádné genotypy neshodovaly (obrázek 20 a 21).

V rámci souboru se zvlněním listů nejvíce odlišoval genotyp 09H5700134. Rostliny tohoto genotypu měly velice silné vertikální zvlnění okrajů listů. Druhá skupina je tvořena ostatními genotypy, jejichž rostliny měly vertikální zvlnění okrajů listů velice slabé (obrázek 22). V průběhu tvorby hlávky se vertikální zvlnění listů zmenšuje, s výjimkou genotypu 09H5700134 u něhož bylo pozorováno větší vertikální zvlnění listů (obrázek 20 a 21).

### Vertikální zvlnění okrajů listů ze dne 26/5



Při hodnocení tohoto znaku byla použita stupnice, která byla podle potřeby rozšířena o mezistupně.

3 slabé  
5 střední  
7 silné

**Obrázek 20.** Četnost výskytu hodnot znaku vertikální zvlnění okrajů listů, hodnoceno dne 26. 5. 2008 (Na ose y s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).

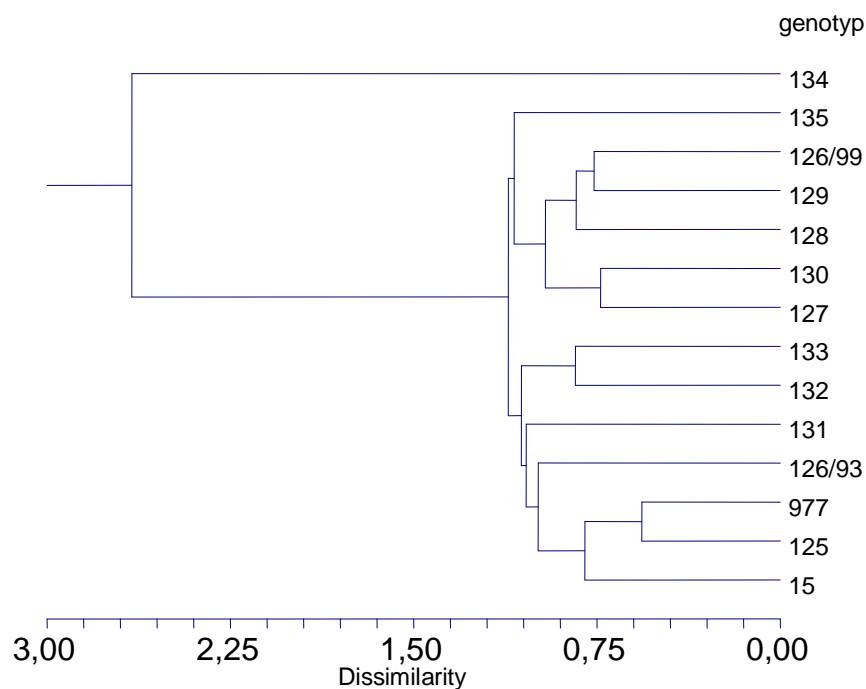
### Vertikální zvlnění okrajů listů ze dne 20/6



Při hodnocení tohoto znaku byla použita stupnice, která byla podle potřeby rozšířena o mezistupně.

3 slabé  
5 střední  
7 silné

**Obrázek 21.** Četnost výskytu hodnot znaku vertikální zvlnění okrajů listů, hodnoceno dne 20. 6. 2008 (Na ose y s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).



**Obrázek 22.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle vertikálního zvlnění okrajů listu, hodnoceného dne 20. 6. 2008 (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).

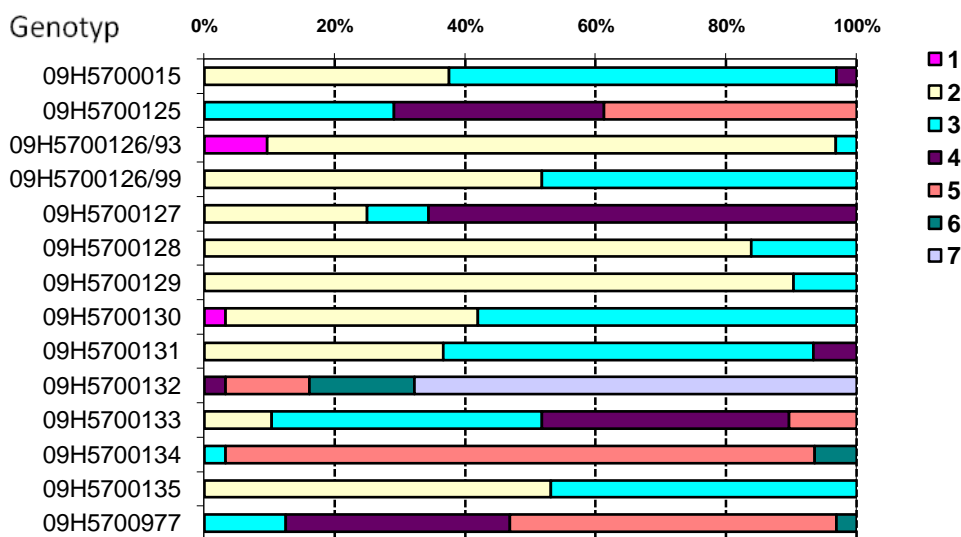
### *Bublinatost listů*

Tento znak byl hodnocen ve dvou termínech a to 26. 5. 2008 a 20. 6. 2008. Nejvíce vyrovnané byly při prvním hodnocení genotypy 09H5700128 a 09H5700129 a při druhém hodnocení byly v rámci genotypu nejvíce vyrovnané rostliny genotypů 09H5700125, 09H5700126/93 a 09H5700134. Největší heterogenita byla pozorována u třech genotypů 09H5700015, 09H5700130, 09H5700133 a 09H5700977 (obrázek 23 a 24).

V rámci souboru existují dvě výrazné skupiny. První skupinu tvoří genotypy 09H5700132 a 09H5700977 se střední až silnou bublinatostí listů. Druhá skupina je tvořena ostatními genotypy, jejichž rostliny měly bublinatost listů velmi slabou až střední (obrázek 25).

Zatímco u vertikálního zvlnění byl pozorován jednoznačný trend snižování projevu znaku, tak u bublinatosti listů tomu tak nebylo. Rostliny některých genotypů měly při druhém termínu hodnocení výrazněji bublinaté listy a jiné naopak méně.

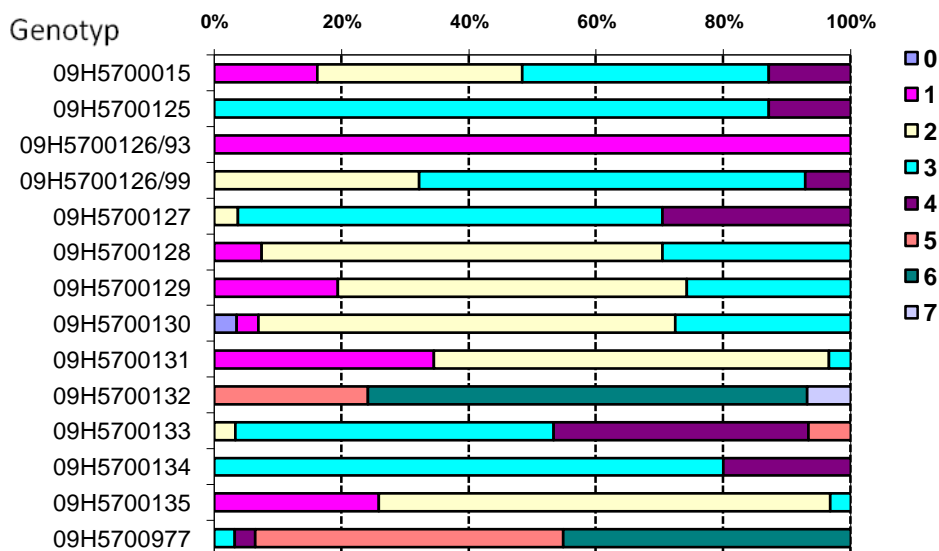
### Bublinatost listů ze dne 26/5



Při hodnocení tohoto znaku byla použita stupnice, která byla podle potřeby rozšířena o mezistupně  
 0 žádná  
 3 slabá  
 5 střední  
 7 silná

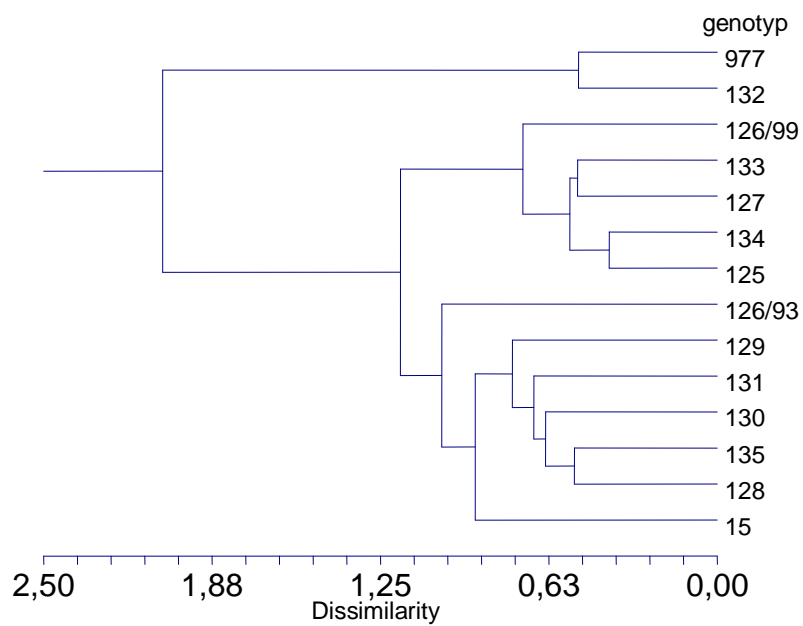
**Obrázek 23.** Četnost výskytu hodnot znaku bublinatost listů, hodnoceno dne 26. 5. 2008 (Na ose y s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).

### Bublinatost listů ze dne 20/6



Při hodnocení tohoto znaku byla použita stupnice, která byla podle potřeby rozšířena o mezistupně  
 0 žádná  
 3 slabá  
 5 střední  
 7 silná

**Obrázek 24.** Četnost výskytu hodnot znaku bublinatost listů, hodnoceno dne 20. 6. 2008 (Na ose y s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).

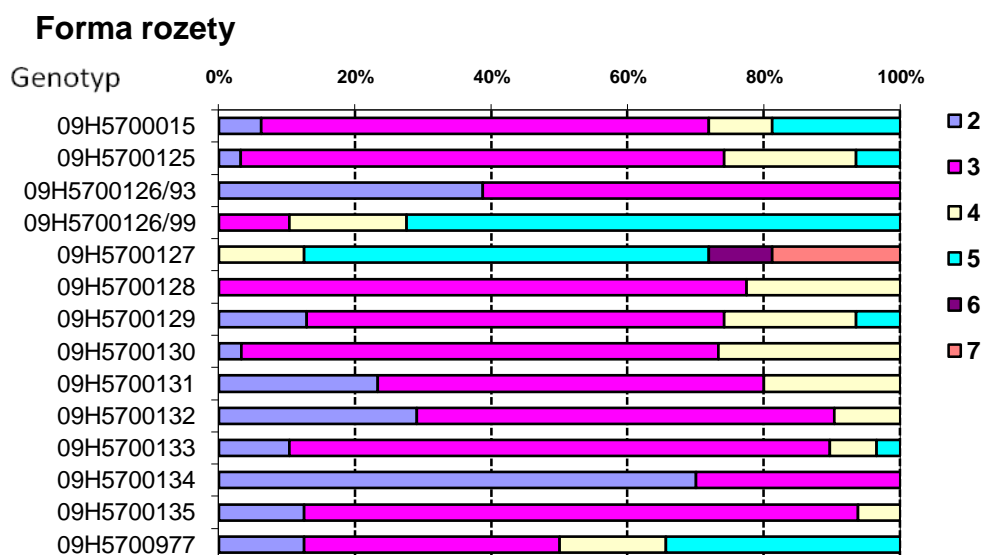


**Obrázek 25.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle bublinatosti listů, hodnocené dne 20. 6. 2008 (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).



## Forma rozety

Formou rozety rozumíme vizuální hodnocení na základě rozvolněnosti rozetových listů před začátkem tvorby hlávky. Toto hodnocení je značně subjektivní a žádný z genotypů nebyl v tomto znaku vyrovnaný (obrázek 26).



Při hodnocení tohoto znaku byla použita stupnice, která byla podle potřeby rozšířena o mezistupně.

3 volná

5 střední

7 kompaktní

**Obrázek 26.** Četnost výskytu hodnot znaku forma rozety (Na ose y s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).

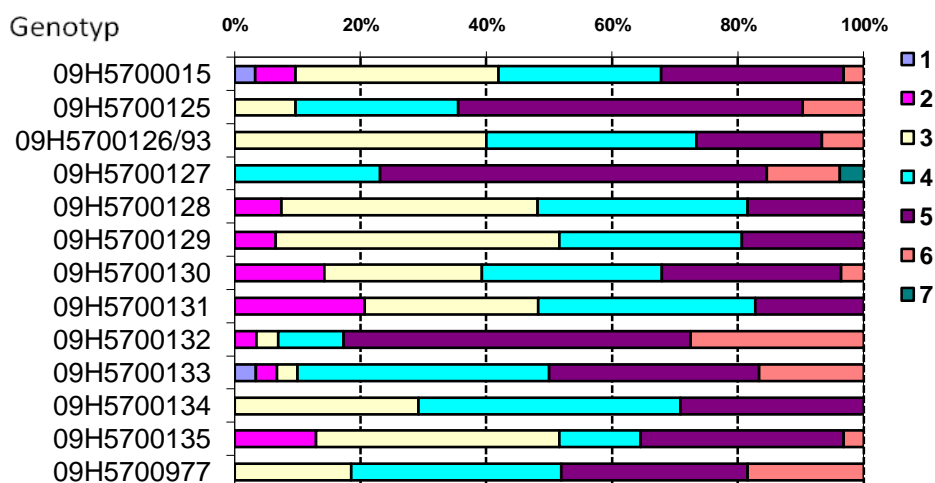
## Pevnost hlávky

Pevnost hlávky byla hodnocena značně subjektivně, konkrétně pohmatem v době sklizňové zralosti hlávek. I v tomto znaku existovala v rámci genotypů značná heterogenita (obrázek 27). Při vizuálním porovnání pruhových grafů formy rozety a pevnosti hlávky vidíme, že rostliny genotypu 09H5700127 měly pevnou hlávku a zároveň i velmi kompaktní rozetu. U ostatních genotypů nebyly na první pohled patrné závislosti mezi kompaktností hlávky a formou rozety.

Při porovnání pevnosti hlávek a hmotnosti hlávek nebyla zjištěna žádná zřejmá závislost. Může to být zapříčiněno stavbou a rozměry hlávky genotypů. Genotypy mající velkou a těžkou hlávku, ji neměly příliš pevnou. Vysoká hmotnost byla

v takovém případě následkem velkého počtu listů, které k sobě nebyly dostatečně nahlučeny, aby vytvářely kompaktní hlávku.

### Pevnost hlávky



Stupnice hodnoceného znaku

- 1 nepevná
- 2 velmi nízká
- 3 nízká
- 4 zvolna střední
- 5 střední
- 6 téměř vysoká
- 7 vysoká

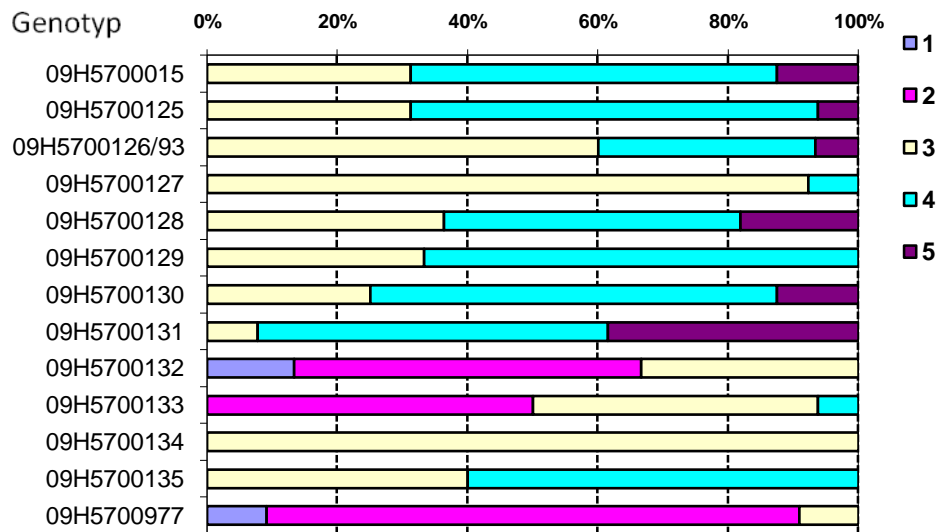
**Obrázek 27.** Četnost výskytu hodnot znaku pevnost hlávky (Na ose y s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).

### Tvar hlávky v průřezu

S výjimkou genotypu 09H57000134 byly všechny genotypy v tomto znaku značně nevyrovnané (obrázek 28).

Genotypy 09H57000127, 09H57000132, 09H57000133, 09H57000134 a 09H57000977 měly tvar hlávky v průřezu podlouhle eliptický, eliptický nebo široce eliptický. Tvar hlávky v průřezu ostatních genotypů byl široce eliptický, kruhovitý nebo příčně eliptický.

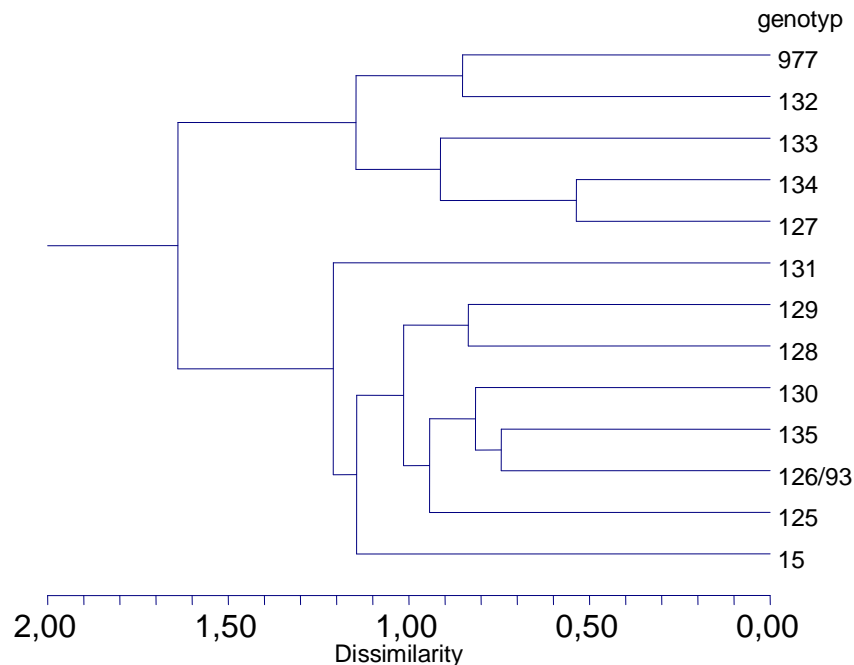
## Tvar hlávky v průřezu



Stupnice hodnoceného znaku.

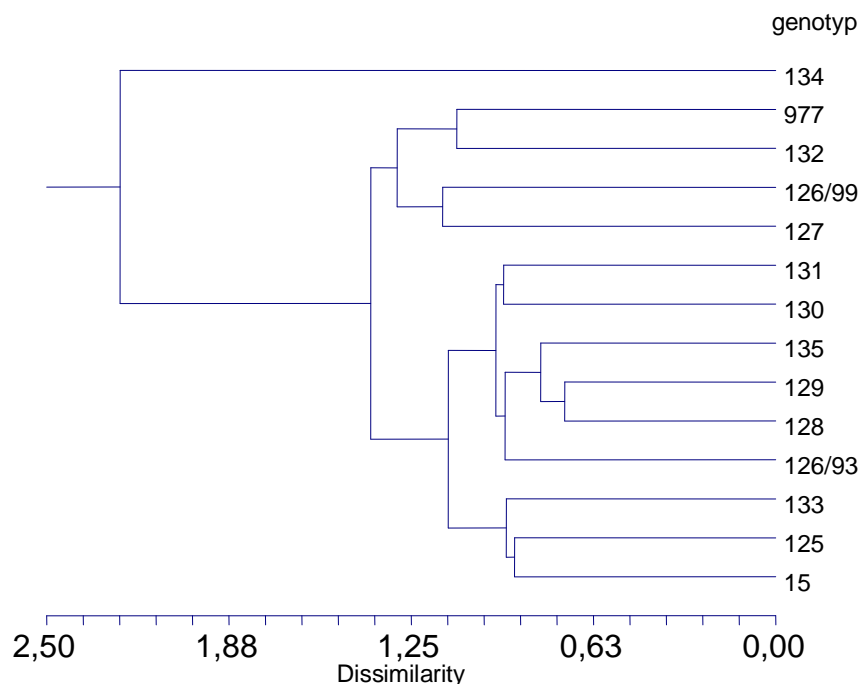
- 1 podlouhle eliptická
- 2 eliptická
- 3 široce eliptická
- 4 kruhovitá
- 5 příčně eliptická

**Obrázek 28.** Četnost výskytu hodnot znaku tvar hlávky v průřezu (Na ose y s názvem genotyp jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).



**Obrázek 29.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle tvaru hlávky v průřezu (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).

### 5.1.2.1. Podobnost genotypů odrůdy 'Atrakce' podle kvalitativních znaků



**Obrázek 30.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle všech kvalitativních znaků (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).

V rámci hodnoceného souboru existují tři skupiny genotypů (obrázek 30). První obsahuje genotyp 09H5700134. Tato skupina se od ostatních odlišuje hlavně přítomností antokyanu v listech a silným vertikálním zvlněním okrajů listů. Druhá skupina je tvořena genotypy 09H5700126/99, 09H5700127, 09H5700132 a 09H5700977. Tyto genotypy se vyznačují větší kompaktností hlávek, podlouhle eliptickou, eliptickou až široce eliptickou hlávkou v průřezu, silnou bublinatostí listů a postavením mladých listů, které svírají s vodorovnou základnou úhel  $51^{\circ}$  -  $60^{\circ}$  nebo  $61^{\circ}$  -  $70^{\circ}$ . Třetí skupina zahrnuje genotypy 09H5700015, 09H5700125, 09H5700126/93, 09H5700128, 09H5700129, 09H5700130, 09H5700131, 09H5700133 a 09H5700135, které jsou charakteristické volnou hlávkou, kruhovitou nebo příčně eliptickou hlávkou, slabou bublinatostí listů, slabým vertikálním zvlněním listů, nepřítomností antokyanu a postavením mladých listů, které svírají s vodorovnou základnou úhel  $41^{\circ}$  -  $50^{\circ}$  nebo  $51^{\circ}$  -  $60^{\circ}$ .

## 5.2. Rezistence genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' vůči izolátům *Bremia lactucae*

V tabulce 23 jsou shrnuty výsledky testovaného souboru 14 genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' na rezistenci vůči 22 izolátům plísně salátové (*Bremia lactucae*). Pouze u jednoho izolátu Bl: 18 se nepodařilo vyhodnotit jeho reakci vůči genotypům 09H5700128 a 09H5700129 testovaného souboru. Příčinou byla absence těchto dvou genotypů při hodnocení v roce 2002 (nepodařilo se namnožit osivo na test). Reakce genotypů hodnoceného souboru vůči testovaným izolátům *B. lactucae* se lišily, přičemž většina těchto genotypů byla náchylná vůči izolátům plísně.

Výjimkou byla reakce genotypu 09H5700977, který se ukázal jako nejvíce rezistentní ze všech genotypů testovaného souboru. Vůči více než polovině testovaných izolátů, byla reakce tohoto genotypu hodnocena jako úplně rezistentní a k dalším dvěma jako neúplně rezistentní. Pouze u osmi izolátů byla pozorována výrazná sporulace (náchylná reakce) na tomto genotypu. Z tohoto důvodu by měl tento genotyp zaujmout významné místo ve šlechtění odrůdy na rezistenci vůči plísni a také by bylo vhodné jej často využívat pro pěstování v polních podmínkách. Dalším genotypem, který měl relativně vysokou odolnost, byl genotyp 09H5700127, který vykazoval rezistentní reakci vůči sedmi izolátům a vůči dalším dvěma neúplně rezistentní reakci. Také tento genotyp by bylo vhodné často zařazovat pro pěstování v polních podmínkách. Genotyp 09H5700126/99 byl náchylný vůči většině z testovaných izolátů, ale u několika izolátů byla zaznamenána neúplně rezistentní reakce nebo rezistentní reakce. Reakce ostatních testovaných genotypů salátu vůči izolátům byla převážně náchylná.

Genotypy 09H5700126/93, 09H5700128, 09H5700129 a 09H5700133 byly dokonce 100% náchylné vůči všem testovaným izolátům. A z tohoto důvodu jsou tyto genotypy zcela nevhodné pro pěstování v polních podmínkách, protože nejsou vůbec odolné proti plísni. A také genotyp 09H5700015 můžeme na základě jeho reakce zahrnout k těmto náchylným genotypům, kdy pouze vůči jediné rase byla jeho reakce heterogenní. Zajímavá byla reakce genotypu 09H5700134, u něhož se vyskytovaly všechny typy reakcí.

**Tabulka 23.** Reakce souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' vůči 22 izolátům *Bremia lactucae* (značení intenzity patogenní sporulace podle Lebeda a Petrželová 2010).

Číslo položky <sup>*</sup>	09H5700 015	09H5700 125	09H5700 126/93	09H5700 126/99	09H5700 127	09H5700 128	09H5700 129	09H5700 130	09H5700 131	09H5700 132	09H5700 133	09H5700 134	09H5700 135	09H5700 977	British Hilde	Cobham Green
Izolát <sup>**</sup>																
Bl: 1 = NL1 <sup>1</sup>	+	+	+	(-)	(-)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	n
Bl: 2 = NL2 <sup>1</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	n
Bl: 3 = NL3 <sup>1</sup>	(+)	-	+	-	-	+	+	+	-	-	+	-	+	(-)	(+)	n
Bl: 4 = NL4 <sup>1</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	n
Bl: 5 = NL5 <sup>1</sup>	+	+	+	(-)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	n
Bl: 6 = NL6 <sup>1</sup>	+	+	+	+	+	+	+	(+)	+	+	+	+	(-)	+	-	n
Bl: 7 = NL7 <sup>1</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	n
Bl: 10 = NL10 <sup>1</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	n
Bl: 12 = NL12 <sup>1</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	n
Bl: 13 = NL13 <sup>1</sup>	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	n
Bl: 14 = NL14 <sup>1</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	-	(-)	+	+	+	+	+	n
Bl: 15 = NL15 <sup>1</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	n
Bl: 15 = NL16 <sup>1</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	n
Bl: 17 = NL17 <sup>1</sup>	+	-	+	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	n
Bl: 18 <sup>1</sup>	+	+	+	(-)	-	n	n	+	+	+	+	+	(+)	-	-	n
Bl: 20 <sup>1</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	n
Bl: 21 <sup>2</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	(-)	+
Bl: 22 <sup>1</sup>	+	+	+	+	(-)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	n
Bl: 23 <sup>1</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	(-)	n
Bl: 24 <sup>2</sup>	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Bl: 25 <sup>2</sup>	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	(+)	-	+
Bl: 27 <sup>2</sup>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

<sup>\*</sup>) EVIGEZ číslo – číslo položky v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))

<sup>\*\*</sup>) van der Arend et al., 2006, <http://www.worldseed.org/isf/ibeb.html>

<sup>1</sup>) izoláty zahrnuté do rezistenčních testů v roce 2002

<sup>2</sup>) izoláty zahrnuté do rezistenčních testů v roce 2010

n – nehodnoceno

stupnice používána pro hodnocení napadení semenáčků:

+

náchylná reakce: makroskopicky viditelná sporulace na 80 – 100% semenáčků

-

rezistentní reakce: žádná viditelná sporulace na semenáčcích

(-)

neúplná rezistentní reakce: omezená sporulace často doprovázena makroskopicky viditelnou nekrotickou reakcí nebo blednutím; < 50% povrchu listu je pokryto konidiofory

(+)

heterogenní reakce: směsice zcela náchylných a částečně rezistentních rostlin v testovaném vzorku; může být způsobeno oddělením nebo znečištěním použitého osiva, nebo heterogenitou izolátu; > 50% a ≤ 75% povrchu listu je pokryto konidiofory

## **6. Diskuze**

### **6.1. Variabilita v projevu vybraných morfologických znaků**

V předložené diplomové práci byla statisticky zpracována data, získaná z morfologického hodnocení souboru 14 genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' z roku 2008 a na základě výsledných údajů byly v tomto souboru vytipovány možné duplicity. V rámci souboru byl podle kvalitativních znaků nejvíce odlišný genotyp 09H5700134, který byl proměnlivý v mnoha těchto znacích. Jedná se o tzv. ledový typ salátu, který se od tzv. typu máslového salátu představovaného všemi ostatními hodnocenými genotypy odlišuje v řadě kvalitativních morfologických znaků. Tento genotyp se od ostatních genotypů souboru odlišoval také v mnoha kvantitativních znacích. Nejvíce se v rámci souboru odlišoval v těchto znacích genotyp 09H5700127. Také genotyp 09H5700977 byl v projevech mnoha morfologických znaků odlišný od ostatních genotypů souboru. K tomuto genotypu byl v hierarchické klasifikaci často přiřazován genotyp 09H5700126/99. Toto přiřazení je ale zavádějící, protože u tohoto genotypu nebylo možné hodnotit většinu kvantitativních znaků a několik kvalitativních znaků, neboť v době hodnocení již vybíhal do květu. Naopak genotypy 09H5700128 a 09H5700129 se ve fenotypových projevech nejvíce podobaly. Stejně tak se velice výrazně podobaly i genotypy 09H5700015 a 09H5700125. Tyto dvojice genotypů lze tedy považovat za morfologické duplicity. Podle případové studie Van de Wouw et al. (2011) by měly být genotypy považované za duplicity přezkoumány metodou molekulárních a proteinových markerů. Pokud by se nám podařilo soubor našich 14 položek charakterizovat pomocí metody molekulárních a proteinových markerů, získali bychom komplexní pohled na celý soubor (morfologie, reakce k patogenům, molekulární markery) – z toho by pak vyplynulo doporučení pro práci s touto genofondovou kolekcí.

Největší proměnlivost v rámci genotypu se projevovala u genotypů 09H5700977, 09H5700134 a 09H5700133, protože rozpětí mezi průměrnými hodnotami znaků u těchto genotypů bylo značné a směrodatná odchylka patřila u těchto genotypů k nejvyšším. Tato značná variabilita může být způsobená příměsí v osivu, a bylo by vhodné tento jev ověřit dalším hodnocením. Naopak nejvyrovnanějším genotypem v projevech kvantitativních znaků byl genotyp 09H5700127, protože rozsah průměrných hodnot znaků nebyl vysoký a hodnoty směrodatné odchylky patřily vždy k nejnižším.

Výsledky statisticky zpracovaných dat z morfologického hodnocení tohoto souboru potvrzují až na menší odchylky závěry publikované v mé bakalářské práci (Grygarová, 2009). Při srovnání dendrogramu hierarchické klasifikace podle kvalitativních znaků s diagramem z mé bakalářské práce (Grygarová, 2009) vytvořeným na základě vzhledu a morfologie viditelné pouhým okem lze tyto rozdíly identifikovat (obrázky 35, 36 a 37).

Genotyp 09H5700134 se od ostatních genotypů souboru lišil tak markantně, že byly tyto rozdíly patrné i pouhým okem, a proto byl tento genotyp zařazen do samostatné skupiny. Tento genotyp se vyznačoval hlavně přítomností antokyanu v listech a silným vertikálním zvlněním okrajů listů. Jednalo se o tzv. ledový salát.

Byla statisticky potvrzena podobnost na základě kvalitativních znaků mezi genotypy 09H5700126/99, 09H5700127, 09H5700132 a 09H5700977, kdy byly genotypy 09H5700127, 09H5700132 a 09H5700977 řazeny do stejné skupiny již na základě vzhledu a morfologie viditelné pouhým okem a skupina do které byl zařazen genotyp 09H5700126/99 si byla s touto skupinou velice podobná.

V rámci skupiny genotypů 09H5700128, 09H5700129, 09H5700130, 09H5700131 a 09H5700135, jejichž podobnost byla prokázána statistickými metodami, byly genotypy 09H5700129, 09H5700130, 09H5700131 a 09H5700135 zařazené v jediné skupině již na základě porovnání genotypů podle vzhledu a morfologie pouhým okem. Poslední významnější skupina byla podle hierarchické klasifikace zastoupena genotypy 09H5700015, 09H5700125 a 09H5700133, což potvrdilo podobnost genotypů 09H5700125 a 09H5700133 podle vzhledu a morfologie, ale nepotvrdilo zcela podobnost podle těchto dvou kritérií pro genotyp 09H5700015, který byl přiřazen do jiné, ale přesto ne příliš vzdálené skupiny.

Při srovnání dendrogramu hierarchické klasifikace podle kvantitativních znaků s diagramem vytvořeným na základě vzhledu a morfologie viditelné pouhým okem z mé bakalářské práce (Grygarová, 2009) je vidět, že rozdíly mezi hierarchií skupin obou grafů jsou výraznější než při srovnání klasifikace kvalitativních znaků s tímto diagramem. Tento rozdíl je pochopitelný, protože diagram z mé bakalářské práce vznikl na základě porovnání vzhledu a morfologie genotypů, zatímco dendrogram hierarchické klasifikace podle kvantitativních znaků vznikl na základě přesných hodnot získaných měřením a vážením.

Co ale nebylo patrné pouhým okem, byla odlišnost genotypu 09H5700127, který se podle kvantitativních znaků lišil do ostatních genotypů v souboru statisticky nejvíce.



Dále nebylo při hodnocení podle vzhledu a morfologie patrné, že také genotypy 09H5700126/99 a 09H5700977 se od ostatních genotypů tolik odlišují, tak jak je to patrné z dendrogramu.

Vyhledáváním a ověřováním duplicit v kolekcích planě rostoucích druhů rodu *Lactuca* se zabývá Katedra botaniky Přírodovědecké fakulty Univerzity Palackého v Olomouci v rámci projektu GENE – MINE (Lebeda et al., 2007). Díky morfologickému hodnocení bylo zjištěno, že mnoho položek v kolekcích genových bank je duplicitních. U takto vytipovaných položek byla následně stanovena podobnost molekulárních markerů metodou AFLP (Rajčić a Dehmer, 2008).

U takto malých souborů jako byl soubor 14 genotypů salátu odrůdy 'Atrakce', má takové morfologické hodnocení, na základě kterého jsou poté v souboru vytipovány možné duplicity, význam. Opravdu zkušený hodnotitel je na základě fenotypového projevu morfologického znaku schopen vytipovat v tomto souboru možné duplicity, které jsou na základě takového hodnocení poté testovány různými metodami molekulárních markerů.

## **6.2. Stálost fenotypového projevu hodnocených morfologických znaků**

Vytipování možných duplicit v testovaném souboru 14 genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' předcházelo morfologické hodnocení tohoto souboru, pro jehož spolehlivost bylo potřeba hodnotit soubor v několika letech a získaná data následně porovnat kvůli ověření stálosti fenotypového projevu morfologických znaků vzhledem k různým vnějším podmínkám. Stejný soubor 14 genotypů byl hodnocen již v roce 2004 Lucií Superatovou, jejíž výsledky byly publikovány v práci Superatová (2005). Data získaná v roce 2008, která byla statisticky zpracována v této diplomové práci, se u mnoha znaků shodují s daty získanými v roce 2004.

V publikaci kolektivu autorů vedených C. M. Rodenburgem (Rodenburg, 1960) je uvedeno, že tato odrůda, uváděná pod názvem 'Sans Rivale à Graine Blanche', v překladu přibližně 'Bez rivala bílosemenná', je známá od roku 1890. Pochází z odrůdy 'Lorthoïs' (synonymum 'Trocadero à Graine Blanche'), výběrem rostlin bez antokyanu. Při hodnocení na přítomnost antokyanu v obou letech bylo zjištěno, že se vyskytoval pouze u rostlin genotypu 09H5700134. Toto zjištění je velice důležité z hlediska odlišnosti tohoto genotypu od ostatních genotypů v souboru.

Dále se hodnocení shodovala ve fenotypovém projevu bublinatosti listů, kdy byla u genotypů 09H5700132 a 09H5700977 zjištěna v obou letech hodnocení

bublinatost listů střední až silná. Také hmotnost hlávek měla v obou letech testování stálý fenotypový projev, kdy genotyp 09H5700134 měl největší hmotnost hlávek a naopak genotyp 09H5700127 měl nejmenší hmotnost hlávek. Stejně tak měl tento genotyp v obou letech hodnocení nejmenší šířku hlávky a genotyp 09H5700134 opět naopak největší šířku hlávky. I výška hlávky byla v obou letech u genotypu 09H5700134 velká, ale pro genotyp 09H5700127 už nejnižší hodnoty výšky hlávky v obou letech neplatily.

Superatová (2005) uvádí, že genotyp 09H5700128 byl hodnocen jako genotyp s nejmenší výškou hlávky a genotyp 09H5700127 se svými hodnotami výrazně neodlišoval od ostatních genotypů v souboru. Další znaky, ve kterých se rozcházejí výsledky z této diplomové práce s výsledky publikovanými Superatová (2005) jsou znaky kvalitativní, které byly hodnoceny na základě individuálního přístupu hodnotitele. Ale například znak postavení mladého listu se opírá o velikost úhlu pravého listu s vodorovnou základnou, což lze považovat za kvantitativní pohled, ale přesto se výsledky z obou let v tomto znaku rozcházejí. Většina genotypů byla v roce 2004 hodnocena stupněm 1 a 5, což značí úhel o velikosti  $15^\circ$  -  $50^\circ$ , ale v roce 2008 byly genotypy hodnoceny stupni 5, 6 a 7, které zastupují velikosti úhlů  $41^\circ$  -  $70^\circ$ . Tento jev mohl být zapříčiněn odstraňování zahnívajících spodních listů, což mohlo v roce 2008 zkreslit výsledky hodnocení.

Pro znak pevnost hlávky byl v roce 2004 vyhodnocen jako genotyp s nejpevnější hlávkou genotyp 09H5700125, který sice v roce 2008 patřil do skupiny genotypů s pevnější hlávkou, ale nejpevnější hlávku měl v roce 2008 genotyp 09H5700127.

Díky tomuto srovnání bylo určeno, že genotypy 09H5700127, 09H5700134 mají stálý fenotypový projev. Stálost fenotypového projevu morfologických znaků genotypu 09H5700977 je diskutabilní, protože například ve znaku bublinatost listů byl v obou letech výsledek hodnocení stejný, ale výška hlávek tohoto genotypu byla v každém roce výrazně odlišná. U genotypu 09H5700126/99 není možné porovnat větší část znaků, protože v době hodnocení tento genotyp již vybíhal do květu. Pasporní data často nejsou úplná a jejich původ je neznámý a není ani známo, jakým způsobem, nebo jak často byly vzorky regenerovány (van de Wouw et al., 2011). Genotyp 09H5700126 byl do kolekce zařazen ze dvou ročníků regenerace, takže fenotypové projevy morfologických znaků u těchto dvou ročníků, by se měly podobat. Při hodnocení ovšem bylo zjištěno, že ročníky regenerace 09H5700126/93 a 09H5700126/99 se výrazně odlišují téměř ve všech hodnocených znacích. Tato anomálie mohla být způsobena

chybným označením vzorku v genové bance, příměsí v osivu nebo chybnou manipulací se vzorky při regeneraci. Fenotypové projevy hodnocených znaků se u zbývajících genotypů zásadně nelišily.

### **6.3. Hodnocení odolnosti souboru genotypů odrůdy 'Atrakce' vůči izolátům *Bremia lactucae***

Výsledky hodnocení odolnosti testovaného souboru 14 genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' vůči 22 izolátům *Bremia lactucae* Regel ukázaly odlišnosti v reakci genotypů vůči izolátům plísně. Většina genotypů testovaného souboru byla náchylná vůči izolátům *B. lactucae*. Dokonce genotypy 09H5700126/93, 09H5700128, 09H5700129 a 09H5700133 byly 100% náchylné vůči všem izolátům plísně. Výjimkou byl genotyp 09H5700977, který se ukázal jako nejvíce rezistentní ze všech genotypů testovaného souboru. A také genotyp 09H5700127, u kterého byla zaznamenána rezistentní reakce, příp. neúplná rezistentní reakce vůči 41% izolátů plísně.

Výsledky zpracované v této diplomové práci jsou v souladu s již dříve publikovanými daty o náchylnosti odrůdy 'Atrakce' vůči izolátům plísně (Lebeda et al., 1980; Lebeda, 1984; Melichaříková, 2011). Lebeda et al. (1980) a Lebeda (1984) ve svých pracích uvádí, že reakce této odrůdy byla 100% náchylná. Také Melichaříková (2011) uvádí, že odrůda 'Atrakce' byla náchylná k většině testovaných izolátů, ale na rozdíl od Lebedy et al. (1980) a Lebedy (1984), ale ve shodě s výsledky této diplomové práce, byla u některých genotypů odrůdy 'Atrakce' pozorována také rezistentní reakce. Konkrétně se jednalo o genotyp 09H5700132, na němž nebyla viditelná žádná sporulace izolátu Bl: 17. Z výsledků prezentovaných v této diplomové práci je dále zřejmé, že tento genotyp byl rezistentní i vůči izolátu Bl: 3, což se v práci Melichaříkové (2011) nepotvrdilo. Vysvětlením pro vysoký stupeň rezistence genotypu 09H5700977, by mohla být skutečnost, že tento genotyp byl vyšlechtěn teprve nedávno, čemuž odpovídá i jeho pozdější rok registrace (1996). Což neplatí pro genotyp 09H5700127, který byl registrován již v roce 1962 a přesto vykazoval značnou odolnost vůči některým izolátům. Naopak náchylná reakce ostatních genotypů testovaného souboru k izolátům plísně by mohla souviset s rokem jejich registrace (přelom 60. a 70. let 20. století).

Na základě výsledků zpracovaných v této diplomové práci lze říci, že odrůda 'Atrakce' se jeví jako náchylná, vůči izolátům *Bremia lactucae*, ale v rámci jednotlivých genotypů této odrůdy byly pozorovány rozdílné reakce vůči testovaným izolátům. A

tato skutečnost potvrzuje fakt, že interakce salátu a *B. lactucae* funguje na principu a teorii gen–proti–genu a systém *L. sativa* – *B. lactucae* je jedním z dosud nejlépe prostudovaných příkladů interakce založené na této teorii, kdy každému genu rezistence hostitele odpovídá specifický faktor virulence resp. avirulence patogenu. V současné době je známo nejméně 40 specifických genů resp. faktorů rezistence salátu (Petrželová a Lebeda, 2000). A právě šlechtění salátu na rezistenci je základem ochrany salátu vůči plísni salátové. Rasově specifická rezistence, která je dosud nejužívanějším typem rezistence ve šlechtění salátu, ale neposkytuje trvalou ochranu proti plísni, protože zavedení odrůd s novými geny příp. kombinacemi genů rezistence je obvykle dříve či později následováno výskytem nových ras houby schopných tuto rezistenci překonávat (Petrželová a Lebeda, 2000). O patogenu *B. lactucae* bylo již publikováno mnoho prací, ze kterých je zřejmé, že se jedná o neobyčejně variabilního patogena, který vytváří množství ras s odlišnou virulencí (Beharav et al., 2006; Lebeda a Petrželová, 2010; Petrželová a Lebeda, 2000). Pravdou však bohužel zůstává, že i přes neustálý velmi intenzivní výzkum rezistence salátu, nebyla dosud nalezena žádná kombinace známých faktorů resp. genů rezistence, která by poskytovala trvalou ochranu salátu proti plísni salátové (Petrželová a Lebeda, 2000). Je proto důležité se touto problematikou zabývat i v budoucnu.

## 7. Závěr

V předložené diplomové práci byla statisticky zpracována data, získána z morfologického hodnocení souboru 14 genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' z roku 2008 a na základě výsledných údajů byly v tomto souboru vytipovány možné duplicity. V rámci souboru byl podle kvalitativních znaků nejvíce odlišný genotyp 09H5700134 a dále genotypy 09H5700127 a 09H5700977. Genotypy 09H5700128 a 09H5700129 se ve fenotypových projevech nejvíce podobaly. Stejně tak se velice výrazně podobaly i genotypy 09H5700015 a 09H5700125. Tyto dvojice genotypů lze tedy považovat za morfologické duplicity. Tyto dvojice genotypů, které si byly ve fenotypových projevech nejvíce podobné, navrhuji otestovat metodou molekulárních a proteinových markerů na vzájemnou podobnost a na základě výsledků takového testování doporučuji následné zvážení vyřazení duplicitních genotypů z kolekce.

Soubor 14 genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' byl také hodnocen na rezistenci vůči 22 izolátům *Bremia lactucae* Regel a výsledky tohoto hodnocení ukázaly odlišnosti v reakci testovaných genotypů vůči izolátům plísně. Většina genotypů testovaného souboru byla náchylná vůči izolátům plísně. Dokonce genotypy 09H5700126/93, 09H5700128, 09H5700129 a 09H5700133 byly 100% náchylné vůči všem testovaným izolátům. Výjimkou byl genotyp 09H5700977, který byl rezistentní k největšímu počtu izolátů plísně. A rovněž i genotyp 09H5700127, u kterého byla zaznamenána rezistentní reakce, případně neúplná rezistentní reakce vůči 41% izolátů plísně.

## 8. Přehled literatury

- AREND, A. VAN DER, GAUTIER, J., GRIMAUULT, V., KRAAN, P., LAAN, R. VAN DER, MAZET, J., MICHEL, H., SCHUT, J. W., SMILDE, D., WITTE, I. DE (2006): Identification and denomination of "new" races of *Bremia lactucae* in Europe by IBEB until 2006, pp. 27-37. In: Pink, D. (ed) Conference Abstracts of the EUCARPIA Leafy Vegetables 2007, 18-20 April 2007.
- BEHARAV, A., LEWINSOHN, D., LEBEDA, A., NEVO, E. (2006): New wild *Lactuca* genetic resources with resistance against *Bremia lactucae*. Genetic Resources Crop Evolution. 53: 467 – 474.
- BENADA, J., ŠPAČEK, J. (1961): Zemědělská fytopatologie Díl III Choroby zeleniny. 1. vyd. Praha: Státní zemědělské nakladatelství, 714 pp.
- CHYTILOVÁ, V., KRÍSTKOVÁ, E., LOSÍK, J., PETŘÍKOVÁ, K., STAVĚLÍKOVÁ, H. (2004): 7.9. Metodika řešení kolekce zelenin, aromatických kořeninových rostlin, 7.9.1. Speciální část: Zelenina. Díl III. – Speciální plodinové metodiky (7.9. Methods of treating the collection of vegetable, aromatic and spice plants, 7.9.1. Special part: Vegetables. Volume III. – Special crop methods), pp. 70–85. In: Dotlačil, L., Stehno, Z., Fáberová, I., Holubec, V. (eds), Rámcová metodika Národního programu konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin a agro-biodiverzity (Frame methods of the National programme of the conservation and utilization of plants and agro-biodiversity). Praha, Rada genetických zdrojů, Výzkumný ústav rostlinné výroby (Council for Genetic Resources, Research Institute of Crop Production), Genetické zdroje č. 90. (In Czech)
- CRUTE, I. R. (1992): Downy mildew of lettuce, Chapter 8, pp. 165 – 185. In: Chaube, H. S., Singh, U. S., Mukhopadhyay, A. N., Kumar, J. Plant diseases of international importance. Volume II. Diseases of vegetables and oil seed crops. Prentice hall, Englewood Cliffs, New Jersey. CRUTE, I. R., DIXON, G. R. (1981): Downy mildew diseases caused by the genus *Bremia* Regel, pp 421–460. In: Spencer, D. M. (ed) *The Downy Mildews*. Academic Press, New York.
- DOBROVOLSKAYA, O., SALEH, U., MALYSHEVA-OTTO, L. (2005): Rationalising germplasm collections: a case study for wheat. Theoretical and Applied Genetics 111: 1322 – 1329.
- DOLEŽALOVÁ, I., LEBEDA, A., KRÍSTKOVÁ, E. (2001): Původ a variabilita kulturních forem salátu hlávkového. Živa, XLIX (LXXXVII), 1: 20 – 22.

- FERÁKOVÁ, V.(1977): The genus *Lactuca* L. in Europe. Bratislava, Univerzita Komenského: 122 pp.
- FRANKEL, O. H., BROWN, A.H.D. (1984): Plant genetic resources today: a critical appraisal. pp. 249 – 257. In: Holden, J.H.W. and Williams, J.T. (eds.) Crop Genetic Resources: Conservation & Evaluation. George Allen & Urwin Ltd. London.
- GRULICH, V. (2004): *Lactuca* L., pp. 487 – 497. In: Slavík, B., Štěpánková, J. (eds.), Květena České republiky 7. Academia, Praha.
- GRYGAROVÁ, K. (2009): Morfologická variabilita genotypů lociky seté (*Lactuca sativa* L.) odrůdy 'Atrakce'. Bakalářská práce. Univerzita Palackého v Olomouci, Přírodovědecká fakulta, Katedra botaniky, 82 pp.
- HAMILTON, R. S., ENGELS, J., HINTUM, Th. J. L. VAN (2003): Rationalization of genebank management, pp. 80 – 92. In: Engels, J. M. M., Visser, L. (eds.). A guide to effective management to germplasm collections. IPGRI Handbooks for Genebanks No. 6. IPGRI, Rome, Italy.
- HINTUM, Th. J. L. VAN, BOUKEMA, I. W. (1999): Genetic resources of leafy vegetables, pp. 59 – 71. In: Lebeda, A., Křístková, E. (eds.), EUCARPIA Leafy Vegetables '99. Proceeding of Eucarpia Meeting on Leafy Vegetables Genetics and Breeding, 8 – 11 June, 1999, Olomouc, Czech Republic, Palacký University Olomouc, Czech Republic.
- HODGKIN, T.(2004): GENE-MINE: Improving the use of germplasm collections with the aid of novel methods for genetic data sets. IPGRI Newsletter, 29: 13.
- KNÜPFER, H., FRESE, L., JONGEN, M., W., M. (1997): Using central crop databases: searching for duplicates and gaps, pp. 67 – 77. In: Lipman, E., Jongen, M. W. M., Hintum, Th., J., L. van (eds.): Central Crop Databases: Tools for Plant Genetic Resources Management: Report of a Workshop, 13-16 October 1996, Budapest, Hungary. Bioversity International. 100 pp.
- KŘÍSTKOVÁ, E. , DOLEŽALOVÁ, I. , LEBEDA, A. , VINTER, V. , NOVOTNÁ, A. (2008): Description of morphological characters of lettuce (*Lactuca sativa* L.) genetic resources. Horticultural Science (Prague), 38; 113 – 129.
- KŘÍSTKOVÁ, E., LEBEDA A. (1999): Collection of *Lactuca* spp. genetic resources in the Czech Republic. pp. 109–116 In: Lebeda, A., Křístková, E. (eds), Eucarpia Leafy Vegetables '99. Olomouc, Palacký University.

- LEBEDA, A. (1982): Biologie a genetika interakce *Lactuca sativa* – *Bremia lactucae* a její význam ve šlechtění salátu na rezistenci. Kandidátská disertační práce, Výzkumný ústav rostlinné výroby Praha – Ruzyně, VŠÚZ Olomouc, 311 pp.
- LEBEDA, A. (1984): Race-specific factors of resistance to *Bremia lactucae* in the world assortment of lettuce. *Scientia Horticulture*, 22: 23 – 32.
- LEBEDA, A. (1986): *Bremia lactucae*, pp. 105 – 113. In: Lebeda, A. (ed.), *Metody testování rezistence zelenin vůči rostlinným patogenům*. VHI Sempra, Výzkumný a šlechtitelský ústav zelinářský Olomouc; Československá vědeckotechnická společnost Praha, Brno.
- LEBEDA, A. (1998): Biodiversity of the interactions between germplasm of wild *Lactuca* spp. and related genera and lettuce downy mildew (*Bremia lactucae*), Report on research programme „Biological Resources Management for Sustainable Agriculture Systems“, Horticulture Research International, Wellesbourne (U.K.), 70 pp.
- LEBEDA, A. (2012): B 3.7 Fytopatogenní mikroorganismy e.č. NPGZ-M/03-023. Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství. Výroční zpráva za rok 2011, Univerzita Palackého v Olomouci, Přírodovědecká fakulta Katedry botaniky.
- LEBEDA, A., BOUKEMA, I. W. (2005): *Ad hoc* Meeting on leafy vegetables. Appendix E. Minimum descriptors for leafy vegetables, p. 91. In: Thomas G., Astley D., Boukema I., Daunay M.C., Del Greco A., Diez M.J., van Dooijweert W., Keller J., Kotlínska T., Lebeda A., Lipman E., Maggioni L., Rosa E. (comp.) Report of a Vegetable network. Joint Meeting with an *Ad hoc* group of Leafy vegetables, 22 – 24 May 2003, Skierniewice, Poland. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- LEBEDA, A., CRUTE, I. R., BLOK, I., NORWOOD, J. M. (1980): The identification of factors determining race specific resistance to *Bremia lactucae* in some Czechoslovakian Lettuce Cultivars, *Z. Pflanzenzüchtg.* 85, 71 – 77.
- LEBEDA, A., DOLEŽALOVÁ, I., KŘÍSTKOVÁ, E., NOVOTNÁ, A. (2007): Identification of duplicates in *Lactuca* germplasm collections. In: EUCARPIA Leafy Vegetables 2007, Conference Abstract, 18 – 20 April 2007, University of Warwick, Warwick HRI, UK; Oral Presentation, p. 21.



- LEBEDA, A., DOLEŽALOVÁ, I., KŘÍSTKOVÁ, E., PETRŽELOVÁ, I., MIESLEROVÁ, B., NOVOTNÁ, A. (2009): Wild *Lactuca* germplasm for lettuce breeding: current status, gaps and challenges. - *Euphytica* 170: 15 – 34. Springer, Netherlands.
- LEBEDA, A., KŘÍSTKOVÁ, E. (1995): Genetické zdroje zelenin rodu *Lactuca*. *Zahradnictví*, 22 (4): 117 – 121.
- LEBEDA, A., PETRŽELOVÁ, I. (2010): Screening for resistance to lettuce downy mildew (*Bremia lactucae*). pp. 245 – 256 In: Mass screening techniques for selecting crops resistant to diseases. IAEA, Austria, Vienna.
- LEBEDA, A., PETRŽELOVÁ, I., MARYŠKA, Z. (2008): Structure and variation in the wild-plant pathosystem: *Lactuca serriola* - *Bremia lactucae*. *Europ. J. Plant Pathol.* 122, pp. 127 – 146. Reprinted in: Lebeda, A., Spencer-Phillips, P.T.N., Cooke, B.M. (Eds.): *The Downy Mildews – Genetics, Molecular Biology and Control*. Springer, Dordrecht.
- LEBEDA, A., PINK, D. A. C., ASTLEY, D. (2002): Aspects of the interactions between wild *Lactuca* spp. and related genera and lettuce downy mildew (*Bremia lactucae*), pp. 85 – 117. In: Spencer Phillips, P. T. N., Gisi, U., Lebeda, A. (eds.): *Advances in Downy Mildew Research*. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht.
- LEBEDA, A., RYDER, E. J., GRUBE, R., DOLEŽALOVÁ, I., KŘÍSTKOVÁ, E. (2007): Lettuce (*Asteraceae; Lactuca* spp.), Chapter 9, pp. 377 – 472. In: Singh, R. (ed.): *Genetic Resources, Chromosome Engineering, and Crop Improvement Series, Volume 3 – Vegetable Crops*. CRC Press, Boca Raton.
- LEBEDA, A., SPENCER-PHILLIPS, P. T. N., COOKE, B. M. (2008): *The Downy Mildews – Genetics, Molecular Biology and Control*. Springer, Dordrecht. 206 pp.
- LIPMAN, E., JONGEN, M. W. M., HINTUM, TH., J., L. VAN (1997): *Central Crop Databases: Tools for Plant Genetic Resources Management*. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. CGN, Wageningen, The Netherlands. 100 pp.
- MARHOLD, K., SUDA, J. (2002): *Statistické zpracování mnohorozměrných dat v taxonomii (Fenetické metody)*, Universita Karlova v Praze, nakladatelství Karolinum, 195 pp.
- MARLATT, R. B. (1974): Nonpathogenic diseases of lettuce, their identification and control. *Bulletin, Agricultural Experiment Stations, University of Florida* 721 A: 47.

- MEDINA, W., SKURTYS, O., AQUILERA, J. M. (2010): Study on image analysis application for identification Quinoa seeds (*Chenopodium quinoa* Willd) geographical provenance. LWT – Food Science and Technology 43: 238 – 246.
- MELICHAŘÍKOVÁ, Z. (2011): Rasově specifická rezistence vůči *Bremia lactucae* u krajových odrůd lociky seté. Diplomová práce (Mgr.). Univerzita Palackého v Olomouci. Přírodovědecká fakulta, Olomouc. 125 pp.
- MICHELMORE, R., WONG, J. (2008): Classical and molecular genetics of *Bremia lactucae*, cause of lettuce downy mildew, pp. 19 – 30. European Journal of Plant Pathology / European Foundation for Plant Pathology, volume 122(1).
- MÜLLER, S. (1959): Salát hlávkový, pp. 401 – 419. In: Podešva J. (ed.) Encyklopedie zelinářství, část speciální, díl II. Československá akademie zemědělských věd, Státní zemědělské nakladatelství. Praha.
- PETRŽELOVÁ, I., LEBEDA, A. (2000): Plíseň salátová, její genetická variabilita a rezistence salátu, Rostlinolékař 6:13 – 16.
- PETRŽELOVÁ, I., LEBEDA A. (2011): Distribution of race-specific resistance against *Bremia lactucae* in natural populations of *Lactuca serriola*. European Journal of Plant Pathology, 129, 157 – 192.
- RAJICIC, T. S., DEHMER, K. J. (2008): Analysis of wild *Lactuca* gene bank accessions and implications for wild species conservation, pp. 429 – 436. In: Maxted, N., Ford – Lloyd, B. V., Kell, S. P., Iriondo, J. M., Dulloo, M. E. and Turok, J. (eds.). Crop wild relative conservation and use, CABI, Wallingford.
- ROD, J., HLUCHÝ, M., ZAVADIL, K., PRÁŠIL, J., SOMSSICH, I., ZACHARDA, M. (2005): Plíseň salátu (*Bremia lactucae*), p. 156 In: Obrazový atlas chorob a škůdců zeleniny střední Evropy, Ochrana zeleniny v integrované produkci včetně prostředků biologické ochrany rostlin. Biocont Laboratory, spol. s.r.o., Brno.
- RODENBURG C. M. (ed.), (1960): Salatsorten, eine internationale monographie. Instituut voor de veredeling van Tuinbouwgewassen, Wageninge, Holland, 228 pp.
- ROSSEL, G., ROBLES, R., TAY, D. (2009): Identification of duplicate accessions within a sweetpotato germplasm collection using morfological characterization and AFLP markers, pp. 25 – 30. In: Book of preceedings The 15th International Symposium of the International Society for Tropical Root Crops (ISTRC) wil be held in Lima, Peru from November 2 – 7.

- RUBATZKY, V. E., YAMAGUCHI, M. (1996): World Vegetables, International Thomson Publishing. 497 pp.
- SMÉKALOVÁ, K., VAN TREUREN, R. (2010): Working group on leafy vegetables, pp. 23 – 32. In: Maggioni, L., Daunay, M. C., van Dooijeweert, W., Astley, D., Bas, N., Branca, F., Dieze Niclós, M. J., Geoffriau, E., Keller, J., Kotlińska, T., Smékalová, K., van Treuren, R., Lipman, E. Report of a Vegetable Network. Third Meeting, 10 – 12 November 2009, Catania, Italy. Biodiversity International, Rome, Italy.
- SMÝKALOVÁ, I., HAMPEL, D., PAVELEK, M. (2012): Determination of duplicates of accessions in germplasm collection of flax/linseed by means of digital image analysis. *Industrial Crops and Products* 36: 177 – 187.
- STÁVKOVÁ, J., DUFEK, J. (2005): Biometrika. Mendlova zemědělská a lesnická univerzita v Brně, 194 pp.
- SU, H., VAN BRUGGEN, A. H. C., SUBBARAO, K. V., SCHERM, H. (2004): Sporulation of *Bremia lactucae* affected by temperature, relative humidity, and wind in controlled condition. *Phytopathology* 94: 396 – 401.
- SUPERATOVÁ, L. (2005): Morfologická variabilita genetických zdrojů hlávkového salátu odrůdy 'Atrakce'. Absolventská práce, Vyšší odborná škola a Střední zemědělská škola, Kostelec nad Orlicí, Česká republika, 72 pp.
- TREUREN, R., VAN COQUIN, P., LOHWASSER, U. (2012): Genetic resources collection of leafy vegetables (lettuce, spinach, chicory, artichoke, asparagus, lamb's lettuce, rhubarb and rocket salad): composition and gaps. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 59: 981 – 997.
- VACKOVÁ, V. (1985): Návodů pro cvičení ze šlechtění rostlin. Vysoká škola zemědělská v Brně, SPN Praha, 109 pp.
- WIESNEROVÁ, D., WIESNER, I. (2008): Computer image analysis of seed shape and seed color for flax cultivar description. *Computers and Electronics in Agriculture* 61: 126 – 135.
- WOUW, M. VAN DE, TREUREN, R., VAN HINTUM, T. VAN (2011): Authenticity of old cultivars in genebank collections: A case study on lettuce. *Crop Science*, vol. 51: 736 – 746.

Internetové odkazy:

<http://hallogijs.110mb.com/content.html#control#control> (6. 3. 2012)

[http://genbank.vurv.cz/genetic/nar\\_prog/](http://genbank.vurv.cz/genetic/nar_prog/) (8. 7. 2009)

[http://genbank.vurv.cz/genetic/resources/documents/NPGZ\\_07\\_11.pdf](http://genbank.vurv.cz/genetic/resources/documents/NPGZ_07_11.pdf) (13. 11. 2012)

[http://genbank.vurv.cz/genetic/nar\\_prog/Dokumenty/NPGZ\\_12\\_16.pdf](http://genbank.vurv.cz/genetic/nar_prog/Dokumenty/NPGZ_12_16.pdf) (10. 11. 2012)

<http://www.biodiversityinternational.org> (7. 6. 2009)

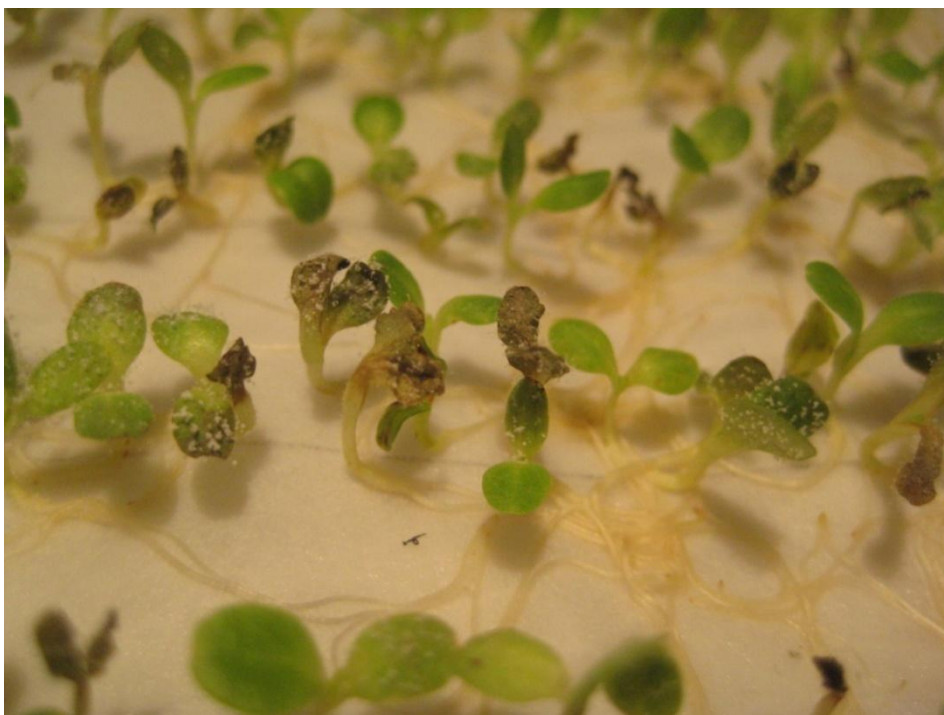
<http://www.cgn.wur.nl/UK/CGN+Plant+Genetic+Resources/Collections/Leafy+vegetables/Lettuce/>(9. 11. 2012)

[http://www.ecpgr.cgiar.org/networks/vegetables/leafy\\_vegetables.html](http://www.ecpgr.cgiar.org/networks/vegetables/leafy_vegetables.html) (11. 3. 2012)

## 9. Příloha



**Obrázek 31.** Ukázka rozmístění semen diferenciačního souboru genotypů odrůdy 'Atrakce' ve fotografickém boxu pro hodnocení na rezistenci proti testovaným izolátům plísně salátové.



**Obrázek 32.** Detailní pohled na semenáčky diferenciačního souboru genotypů odrůdy 'Atrakce' napadené patogenem *Bremia lactucae*.



**Obrázek 33.** Ukázka napadení semenáčků diferenciačního souboru genotypů odrůdy 'Atrakce' izolátem Bl: 24.



**Obrázek 34.** Ukázka napadení semenáčků diferenciačního souboru genotypů odrůdy 'Atrakce' izolátem Bl: 27.

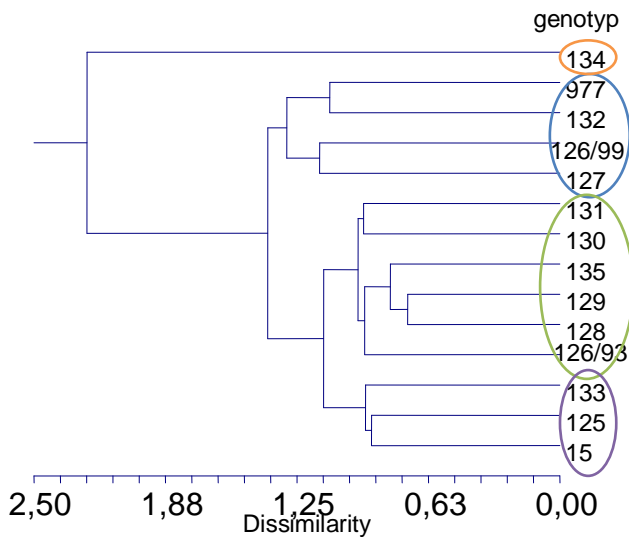
**Tabulka 24.** Popisné charakteristiky kvantitativních znaků hodnoceného souboru genotypů salátu odrůdy 'Atracce' (V řádce s názvem genotypy jsou uvedena EVIGEZ čísla, což jsou čísla položek v Národním systému evidence genetických zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))).

Znak	Popisné charakteristiky znaku	Genotyp*)														Všechny genotypy
		09H5700015	09H5700125	09H5700126/93	09H5700126/99	09H5700127	09H5700128	09H5700129	09H5700130	09H5700131	09H5700132	09H5700133	09H5700134	09H5700135	09H5700977	
Šířka hlávky	Průměr (cm)	22,38	21,42	22,09	20,00	17,00	21,37	21,87	21,58	21,43	21,55	21,97	26,30	21,78	18,28	<b>21,37</b>
	N	32	31	32	29	29	30	31	31	30	29	30	30	32	32	<b>428</b>
	Minimum (cm)	19	16	18	16	13	17	19	16	20	18	20	20	17	11	<b>11</b>
	Maximum (cm)	28	28	28	24	20	25	25	26	26	24	26	30	25	23	<b>30</b>
	Směrodatná odchylka (cm)	1,83	2,41	2,26	2,1	1,51	1,81	1,45	1,8	1,48	1,53	1,35	2,18	1,45	3,44	<b>2,8</b>
Výška hlávky	Průměr (cm)	12,94	12,84	13,34	11,46	9,48	12,43	13,16	12,97	12,63	13,03	13,5	13,97	12,59	13,72	<b>12,79</b>
	N	32	31	32	13	29	30	31	31	30	29	30	30	32	32	<b>412</b>
	Minimum (cm)	10	10	11	10	7	10	11	10	11	11	10	11	11	10	<b>7</b>
	Maximum (cm)	18	17	18	13	12	16	16	16	16	15	15	20	14	22	<b>22</b>
	Směrodatná odchylka (cm)	1,56	1,68	1,56	0,88	0,99	1,41	1,24	1,28	1,27	1,18	1,28	1,99	0,84	3,15	<b>1,88</b>
Hmotnost hlávky s listy	Průměr (g)	249,38	278,13	382	n	157,13	274,09	257,67	290,31	286,15	301	310,94	678,93	284,67	252,33	<b>308,53</b>
	N	16	16	15	n	15	11	15	16	13	15	16	14	15	15	<b>192</b>
	Minimum (g)	170	170	265	n	95	165	150	175	185	170	145	405	150	150	<b>95</b>
	Maximum (g)	360	360	495	n	220	360	350	375	365	445	460	945	430	365	<b>945</b>
	Směrodatná odchylka (g)	48,92	56,51	58,76	n	43,89	64,92	54,01	59,96	51,16	79,29	70,86	165,58	59,14	71,51	<b>134,13</b>
Hmotnost hlávky bez listů	Průměr (g)	115,94	144,06	168,67	n	77,31	122,27	119	139,69	155,38	140	170,94	223,18	164,33	124,67	<b>142,81</b>
	N	16	16	15	n	13	11	15	16	13	15	16	11	15	15	<b>187</b>
	Minimum (g)	60	80	115	n	50	75	65	60	80	65	80	150	65	70	<b>50</b>
	Maximum (g)	200	200	230	n	95	160	180	225	210	200	260	300	270	190	<b>300</b>
	Směrodatná odchylka (g)	42,47	31,42	36,37	n	11,7	30,85	36,99	44,33	35,85	37,89	50,34	54,56	45,15	36,13	<b>49,54</b>
Šířka hlávky v průřezu	Průměr (cm)	7,66	7,5	7,57	n	4,58	7,18	6,93	7,81	7,73	6,93	6,5	7,64	7,77	5	<b>7,04</b>
	N	16	16	15	n	13	11	15	16	13	15	16	11	15	11	<b>183</b>
	Minimum (cm)	5	5	6,5	n	3	5	5	5	5	5	3	6	5,5	4	<b>3</b>
	Maximum (cm)	10	9	9	n	5,5	8	9	9	9,5	9	8	9	9	6	<b>10</b>
	Směrodatná odchylka (cm)	1,21	1,17	0,73	n	0,7	0,94	1,24	0,95	1,28	1,06	1,37	0,77	0,87	0,74	<b>1,43</b>
Výška hlávky v průřezu	Průměr (cm)	7,84	8,06	9,47	n	6,77	7,59	7,47	7,88	7,62	9,43	10	11,86	8,4	9,09	<b>8,54</b>
	N	16	16	15	n	13	11	15	16	13	15	16	11	15	11	<b>183</b>
	Minimum (cm)	6	6	7,5	n	5	5	6	5	6	6	7	10	5,5	6,5	<b>5</b>
	Maximum (cm)	9	9,5	11	n	8	8,5	9	9,5	8,5	12	13	13,5	9,5	12	<b>13,5</b>
	Směrodatná odchylka (cm)	0,8	0,92	1,04	n	0,82	1	0,76	1,22	0,74	1,49	1,64	1,11	1,02	1,78	<b>1,69</b>

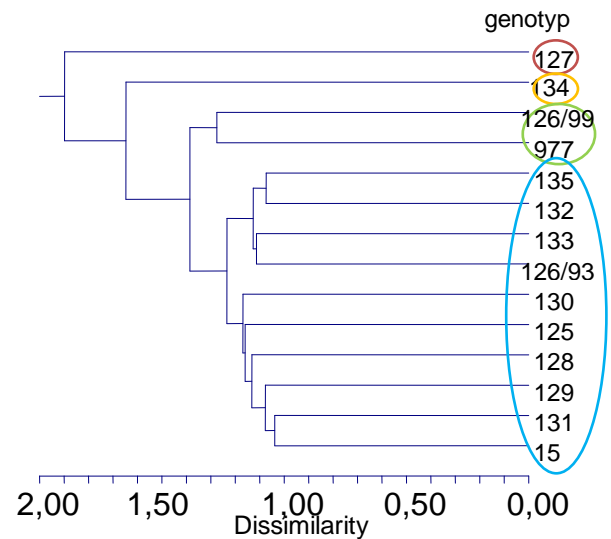
N – celkový počet rostlin v souboru

n – nehodnoceno

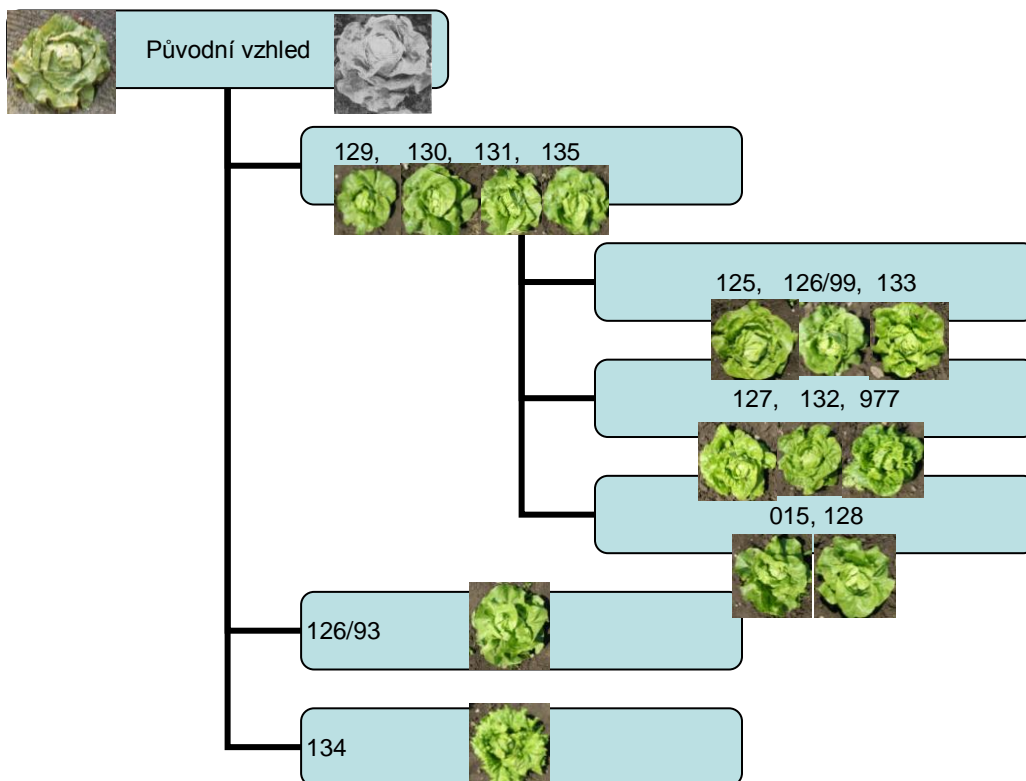
\*) EVIGEZ číslo – číslo položky v Národním systému evidence genových zdrojů ([www.vurv.cz](http://www.vurv.cz))



**Obrázek 35.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle všech kvalitativních znaků (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ).



**Obrázek 36.** Hierarchická klasifikace souboru genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle všech kvantitativních znaků (genotyp – poslední tři znaky z evidenčního čísla položky v databázi EVIGEZ)..



**Obrázek 37.** Diagram rozdělující soubor genotypů salátu odrůdy 'Atrakce' podle vzhledu a morfologie (trojmístná čísla jsou poslední tři číslice z čísla v systému EVIGEZ).