

Přírodovědecká fakulta Univerzity Palackého v Olomouci

Katedra botaniky



DIPLOMOVÁ PRÁCE

Patogenní variabilita padlí dýňovitých v České republice v letech 2013–2016

Autor práce:	Bc. Eva Rušáková
Studijní program:	N1101 Matematika
Studijní obor:	Matematika – Biologie
Forma studia:	Prezenční
Vedoucí diplomové práce:	RNDr. Božena Sedláková, Ph.D.

Olomouc 2018

Prohlášení

Prohlašuji, že jsem tuto diplomovou práci vypracovala samostatně podle metodických pokynů vedoucí diplomové práce a za použití uvedené literatury.

V Olomouci

Podpis.....

Poděkování:

Chtěla bych poděkovat RNDr. Boženě Sedlákové, Ph.D., vedoucí mé diplomové práce, za odborné vedení, množství odborné literatury, cenné rady, trpělivost a připomínky při vypracování diplomové práce. Dále bych ráda poděkovala pracovníkům, kteří se zúčastnili sběrů izolátů a testování patogenní variability padlí dýňovitých na vybraných izolátech v letech 2013 až 2015, a také sběru izolátů v roce 2016, díky nimž jsem mohla zrealizovat experimentální část své diplomové práce.

Také bych chtěla poděkovat vedení fytopatologické laboratoře a katedry botaniky, že mi bylo umožněno se zúčastnit Powdery mildew school 2017, kde jsem získala spoustu nových informací o studiu padlí ve světě.

Tento výzkum byl podporován granty QH 71229, MSM 6198959215, IGA Přf 2014 001, IGA Přf 2015 001, IGA Přf 2016 001, IGA Přf 2017 001, IGA Přf 2018 001.

BIBLIOGRAFICKÁ IDENTIFIKACE

Jméno a příjmení autora: Bc. Eva Rušáková

Název práce: Patogenní variabilita padlí dýňovitých v České republice v letech 2013–2016

Typ práce: Diplomová

Pracoviště: Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta UP v Olomouci, Šlechtitelů 11, 783 71 Olomouc-Holice

Vedoucí práce: RNDr. Božena Sedláková, Ph.D.

Rok obhajoby práce: 2018

Abstrakt: Teoretická část této diplomové práce obsahuje literární rešerši, která je zaměřena na patogenní variabilitu padlí, především padlí dýňovitých, a to na úrovni patotypů a ras popsaných v České republice (ČR) a ve světě. Dále je zde zařazena kapitola o čeledi dýňovité (*Cucurbitaceae*), která je zaměřena hlavně na druh *Cucumis melo*, jelikož patogenní variabilita padlí dýňovitých na úrovni ras je testována na souboru jeho genotypů. Následující část literární rešerše je věnována genům rezistence vybraných zástupců čeledi *Cucurbitaceae* vůči padlí a šlechtění odolných odrůd.

Praktická část obsahuje zpracované výsledky studia patogenní variability (patotypů a ras) padlí dýňovitých z let 2013 až 2016 z ČR. Během tohoto období byla testována patogenní variabilita celkem 114 izolátů padlí dýňovitých (35 *Golovinomyces orontii* (*Go*) a 79 *Podosphaera xanthii* (*Px*)). Celkem bylo na diferenčním souboru 6 genotypů čeledi *Cucurbitaceae* popsáno 8 různých patotypů a na souboru 21 genotypů *C. melo* navržených Lebedou et al. (2008) 95 ras. Výsledky této studie potvrdily, že česká populace padlí dýňovitých je obzvláště na úrovni ras dlouhodobě vysoce variabilní, a ukázaly se rovněž i rozdíly v patogenní variabilitě mezi oběma patogeny.

Klíčová slova: *Golovinomyces orontii*, *Podosphaera xanthii*, padlí dýňovitých, *Cucurbitaceae* (dýňovité), patogenní variabilita, patotypy, rasy.

Počet stran: 101

Počet příloh: 3

Jazyk: Čeština

BIBLIOGRAPHICAL IDENTIFICATION

Author's first name and surname: Bc. Eva Rušáková

Title: Pathogenicity variation of cucurbit powdery mildew populations in the Czech Republic from 2013 to 2016

Type of Thesis: Master thesis

Department: Department of Botany, Faculty of Science, Palacky University in Olomouc, Šlechtitelů 11, 783 71 Olomouc-Holice

Supervisor: RNDr. Božena Sedláková, Ph.D.

The year of presentation: 2018

Abstract: The theoretical part includes literature review that is focused on pathogenic variation (pathotypes and races) of powdery mildew, mainly on cucurbit powdery mildew (CPM) in the Czech Republic (CR) and in the world. Next part deals with family *Cucurbitaceae* and mainly with melon (*Cucumis melo*) because pathogenic variation (races) is screened on a differential set composed by *C. melo* genotypes. Next section of theoretical review is concerned with resistance genes selected species of the family *Cucurbitaceae* and resistance breeding.

The practical part is focused on processing of data obtained from studies of pathotypes and races between 2013 and 2016 from CR. Pathogenic variation was tested on a set of 114 isolates, 35 *Golovinomyces orontii* (*Go*) and 79 *Podosphaera xanthii* (*Px*). For pathotypes determination there was used a set of 6 differential genotypes of family *Cucurbitaceae* and races were detected using a set of 21 genotypes of *Cucumis melo* proposed by Lebeda et al. (2008). Altogether were determined 8 various pathotypes and 95 races from 2013 to 2016 in CR. These results showed that czech CPM population expressed race specificity, but also there were observed differences in the pathogenic variation between both pathogens.

Key words: *Golovinomyces orontii*, *Podosphaera xanthii*, cucurbit powdery mildews, *Cucurbitaceae*, pathogenicity variation, pathotypes, races.

Number of pages: 101

Number of appendices: 3

Language: Czech

Obsah

1	ÚVOD.....	7
2	CÍL.....	8
3	LITERÁRNÍ REŠERŠE.....	9
3.1	Patogenní variabilita padlí (řád Erysiphales).....	9
3.1.1	Forma specialis (speciální forma).....	10
3.1.2	Patotyp.....	11
3.1.3	Rasa (fyziologická rasa).....	11
3.2	Padlí dýňovitých.....	13
3.2.1	Padlí dýňovitých – obecná charakteristika.....	13
3.2.2	Patogenní variabilita padlí dýňovitých.....	14
3.3	Charakteristika čeledi dýňovité (<i>Cucurbitaceae</i>).....	28
3.3.1	Rod <i>Citrullus</i> SCHRADER (lubenice).....	29
3.3.2	Rod <i>Cucurbita</i> L. (dýně).....	29
3.3.3	Rod <i>Cucumis</i> L. (okurka, meloun).....	30
3.3.4	Další méně významné rody pěstované v ČR jako okrasné rostliny.....	41
3.4	Geny rezistence významných zástupců čeledi <i>Cucurbitaceae</i> vůči vybraným rasám padlí dýňovitých.....	43
3.5	Šlechtění rostlin na rezistenci.....	46
4	MATERIÁL A METODY.....	48
4.1	Zpracování dat o izolátech.....	48
4.2	Testování patogenní variability.....	49
5	VÝSLEDKY.....	54
5.1	Patogenní variabilita padlí dýňovitých v roce 2013 v ČR.....	54
5.2	Patogenní variabilita padlí dýňovitých v roce 2014 v ČR.....	58
5.3	Patogenní variabilita padlí dýňovitých v roce 2015 v ČR.....	62
5.4	Patogenní variabilita padlí dýňovitých v roce 2016 v ČR.....	66
5.5	Patogenní variabilita padlí dýňovitých v letech 2013 - 2016 v ČR.....	68
6	DIDAKTICKÁ ANALÝZA.....	77
7	DISKUSE.....	78
8	ZÁVĚR.....	83
9	POUŽITÁ LITERATURA.....	85
10	PŘÍLOHY.....	91

1 ÚVOD

Vřeckovýtrusé houby (*Ascomycota*) z řádu Erysiphales, které se v české terminologii označují jako padlí, jsou biotrofní parazité vyšších rostlin. Jedná se o rozsáhlou a rozmanitou taxonomickou skupinu organismů. Tyto houby mají kosmopolitní rozšíření, zahrnují asi 820 druhů a jsou studovány po celém světě na širokém okruhu hostitelů. Padlí vytváří na hostitelské rostlině charakteristické povrchové bílé mycelium. Napadá planě rostoucí rostliny i kulturní plodiny. Silné infekce způsobují nekrózy pletiv, omezený vývoj a opad plodů, snižování výnosu a kvality rostlinných produktů (Lebeda et al., 2017). Padlí představuje velmi variabilní skupinu rostlinných patogenů, z hlediska taxonomického i hlediska interakce rostlina-patogen.

Souhrnným názvem padlí dýňovitých označujeme druhy, které napadají zástupce čeledi dýňovitých (*Cucurbitaceae*). Na této čeledi byly popsány tři druhy padlí, které patří do různých rodů (*Golovinomyces*, *Podosphaera*, *Leveillula*) (Braun a Cook, 2012). Málo běžným druhem na dýňovitých je *Leveillula taurica*. Naopak velmi významné jsou druhy *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) (Lebeda et al., 2017).

Padlí je na rostlinách z čeledi dýňovitých považované za nebezpečného patogena a způsobuje velké hospodářské ztráty. Jako velmi problematická se z pohledu ochrany rostlin ukazuje genetická variabilita patogenity obou druhů na úrovni patotypů i ras. Pro určení patotypů padlí dýňovitých se v České republice (ČR) používá diferenciační soubor navržený Lebedou et al. (2008), který obsahuje 6 genotypů zástupců čeledi *Cucurbitaceae*, pro determinaci ras soubor 21 genotypů *Cucumis melo*. Patogenní variabilita padlí dýňovitých je velmi vysoká, české populace jsou jedinečné a výrazně odlišné ve srovnání s populacemi jiných evropských zemí i jiných částí světa (Lebeda a Sedláková, 2004, 2006; Sedláková et al., 2016).

Variabilita na úrovni patotypů i ras, problematika rozšíření, hostitelského okruhu a škodlivosti padlí dýňovitých na území ČR je dlouhodobě zkoumána kolektivem pracovníků Katedry botaniky, Přf UP pod vedením prof. Lebedy. Padlí dýňovitých je na našem území každoročně zaznamenáváno, dlouhodobě převažuje druh *Go*, ale mění se četnost jeho výskytu jako samostatného druhu nebo ve směsi, naopak výskyt pouze druhu *Px* jako samostatného patogenu byl na našem území zaznamenáván jen vzácně (Lebeda 1983; Křístková et al. 2009).

2 CÍL

Cílem této diplomové práce je:

1. Zpracování literární rešerše k tématu patogenní variabilita padlí dýňovitých (*Golovinomyces orontii* a *Podosphaera xanthii*), a to hlavně v České republice (ČR) do roku 2012 a jejich doplnění o nové poznatky.
2. Experimentální práce:
 - zpracování experimentálních dat o patogenní variabilitě padlí dýňovitých v ČR v letech 2013–2015
 - determinace patogenní variability (detekce patotypů a ras) na vybraném souboru izolátů padlí dýňovitých z roku 2016 z ČR s využitím diferenciačních genotypů nově navrhovaných souborů pro determinaci patotypů a ras padlí dýňovitých Lebedou et al. (2008) včetně nového systému jejich pojmenování.
3. Zpracování, vyhodnocení a interpretace získaných výsledků.
4. Vytvoření prezentace a výukových listů vztahujících se k tematickému zaměření této práce pro jejich využití ve výuce biologie na základních a středních školách.

3 LITERÁRNÍ REŠERŠE

(převzato a upraveno podle bakalářské práce: Rušáková, 2016)

3.1 Patogenní variabilita padlí (řád Erysiphales)

Vyhraněná biologická specializace je charakteristická pro řadu zástupců řádu Erysiphales. Obvykle se objevují pouze na rostlinách určitých čeledí, rodů, či pouze na určitém druhu. Tato vlastnost je typická zejména pro biotrofní fytopatogenní organismy, jako jsou původci padlí dýňovitých (*Golovinomyces orontii*, *Podosphaera xanthii*) nebo původce padlí salátu (*Golovinomyces cichoracearum*) (Lebeda et al., 2017).

Rozmanitost hostitelského okruhu rozděluje padlí na monofágní, oligofágní a polyfágní druhy. Monofágní druhy parazitují pouze na jednom druhu hostitelské rostliny, patří mezi ně např. *Erysiphe catalpae* vázaný na rod *Catalpa*, jež se vyskytuje na všech čtyřech druzích tohoto rodu v mnoha zemích světa, včetně České republiky (Ale-Agha et al., 2004 IN Lebeda et al., 2017). Za oligofágní druhy považujeme ty, které parazitují na různých druzích a rodech hostitelské rostliny v rámci jedné čeledi, což je např. *Blumeria graminis*, která se vyskytuje na 113 rodech čeledi *Poaceae*. Za polyfágní druhy považujeme takové druhy, které parazitují na druzích a rodech různých čeledí. Do této skupiny patří např. *Golovinomyces orontii*, který se vyskytuje na několika rodech z čeledí *Asteraceae*, *Brassicaceae*, *Crassulaceae*, *Cucurbitaceae*, *Solanaceae* a dalších (tabulka 1.).

Řada studií ukázala, že biologická specializace řádu Erysiphales se projevuje i na nižších taxonomických nebo patogenních úrovních, jako jsou forma specialis, patotyp nebo rasa, a nekončí na úrovni druhu hostitelské rostliny (Lebeda et al., 2017).

Tabulka 1. Příklady různého stupně biologické specializace vybraných zástupců řádu Erysiphales (podle Braun a Cook, 2012; Paulech, 1995) – hostitelský okruh druhu *Golovinomyces orontii* (převzato a upraveno z Lebeda et al., 2017)

Polyfágní druhy	Příklady druhů /počet/ a rodů (počet) z různých čeledí	rozšíření
<i>Golovinomyces orontii</i>	<i>Acanthaceae</i> (2), <i>Apocynaceae</i> (2), <i>Araliaceae</i> (1), <i>Asclepiadaceae</i> (1), <i>Asteraceae</i> (5), <i>Begoniaceae</i> (1), <i>Bignoniaceae</i> (1), <i>Brassicaceae</i> (8), <i>Campanulaceae</i> (2), <i>Cannabaceae</i> (1), <i>Caryophyllaceae</i> (1), <i>Cistaceae</i> (2), <i>Crassulaceae</i> (9), <i>Cucurbitaceae</i> (5), <i>Ericaceae</i> (2), <i>Euphorbiaceae</i> (1), <i>Gentianaceae</i> (1), <i>Gesneriaceae</i> (4), <i>Hippuridaceae</i> (1), <i>Hydrangeaceae</i> (1), <i>Lamiaceae</i> (3), <i>Linaceae</i> (1), <i>Malvaceae</i> (5), <i>Moraceae</i> (1), <i>Myrtaceae</i> (1), <i>Oxalidaceae</i> (1), <i>Papaveraceae</i> (1), <i>Pedaliaceae</i> (1), <i>Potamogetonaceae</i> (1), <i>Primulaceae</i> (1), <i>Rosaceae</i> (1), <i>Rutaceae</i> (1), <i>Saxifragaceae</i> (1), <i>Scrophulariaceae</i> s.lat. (10), <i>Solanaceae</i> (14), <i>Urticaceae</i> (3), <i>Valerianaceae</i> (1), <i>Verbenaceae</i> (1), <i>Violaceae</i> (1), <i>Vitaceae</i> (1)	cirkumpolární

3.1.1 Forma specialis (speciální forma)

Vnitrodruhová taxonomická jednotka používaná pro některé fytopatogenní houby, včetně vybraných druhů padlí (tabulka 2.), se nazývá forma specialis. Jedná se o populace (izoláty) bez morfologických rozdílů, které se však od sebe liší fyziologicky, tzn. svou parazitní adaptací na různé rody a druhy hostitelské rostliny. K rozlišení formy specialis se používají křížové testy, kdy se izolátem z určitého hostitelského okruhu inokuluje co nejširší spektrum hostitelů patřících do hostitelského okruhu daného patogenu (Lebeda et al., 2017).

Tabulka 2. Příklady hospodářsky významných druhů, u kterých byly rozlišeny speciální formy (formae speciales) (podle Clarke a Akhcha, 2003; Paulech, 1995), převzato a upraveno z Lebeda et al., 2017

Druh* (počet f. sp.)	Hostitelský okruh	Citace
Forma specialis (f. sp.)		
<i>Erysiphe pisi</i> (4)		Hammarlund (1925)**
f. sp. <i>pisi</i>	<i>Pisum sativum</i> , <i>P. arvense</i>	
f. sp. <i>medicaginis-sativae</i>	<i>Medicago sativa</i> subsp. <i>sativa</i> , <i>M. sativa</i> subsp. <i>falcata</i>	
f. sp. <i>medicaginis-lupinae</i>	<i>Medicago lupina</i>	
f. sp. <i>vicia-sativae</i>	<i>Vicia sativa</i> , <i>V. sepium</i> , <i>V. sylvatica</i>	
<i>Blumeria graminis</i> (7)		Marchal (1902):** studie z USA: Hardison (1944, 1945a,b) *** studie z Izraele: Segal et al. (1980) a Wahl et al. (1978)***
f. sp. <i>tritici</i> Marchal	druhy rodu <i>Triticum</i>	
f. sp. <i>hordei</i>	druhy rodu <i>Hordeum</i>	
f. sp. <i>secalis</i>	druhy rodu <i>Secale</i>	
f. sp. <i>avenae</i>	druhy rodu <i>Avena</i>	
f. sp. <i>poae</i>	druhy rodu <i>Poa</i>	
f. sp. <i>bromi</i>	druhy rodu <i>Bromus</i>	
f. sp. <i>arrhenantheri-elatii</i>	<i>Arrhenantherum elatius</i>	
<i>Golovinomyces fischeri</i> (2) (dříve <i>Golovinomyces cichoracearum</i> var. <i>fischeri</i>)		studie z Velké Británie: Bevan et al. (1993a,b,c)***
f. sp.	<i>Senecio vulgaris</i> , <i>S.</i> <i>vernalis</i>	
f. sp.	<i>Senecio sylvaticus</i> , <i>S.</i> <i>viscosus</i>	

* názvosloví podle Brauna a Cooka (2012)

**citace převzaty z Paulecha (1995)

***citace převzaty z Clarkeho a Akhchy (2002)

3.1.2 Patotyp

Fytopatologická kategorie, pomocí které charakterizujeme patogenní variabilitu z hlediska hostitelského okruhu daného patogena na úrovni rodů, druhů, popřípadě variet hostitelské čeledi patogena, se nazývá patotyp (Lebeda, 1989a, 1989b IN Lebeda et al., 2017). Patotypy nejdou rozeznat podle morfologických znaků, ale pouze podle patogenity na přesně definovaném souboru diferenciacních genotypů hostitele. Dá se tedy označit jako pomocná fytopatologická kategorie patogenity, která upřesňuje a podle určitého kódu popisuje hostitelský okruh daného izolátu určitého druhu padlí (Lebeda et al., 2017).

3.1.3 Rasa (fyziologická rasa)

Nejnižší kategorii patogenity a nejdetailejší diferenciaci virulence určitého patogenního organismu popisuje fyziologická rasa. Rasy rozlišujeme hlavně u houbových organismů a bakterií. Můžeme ji definovat jako biotyp nebo skupinu biotypů uvnitř druhu, které se od jiných biotypů liší fyziologickými charakteristikami, primárně však virulencí. Obdobně jako patotypy, ani rasy nelze odlišit morfologicky (Lebeda, 1989a, 1989b IN Lebeda et al., 2017). Determinace ras se provádí biologickým testem, tzn. inokulací čisté kultury patogena na soubor přesně definovaných genotypů hostitelského druhu, ty se liší přítomností rasově specifických genů rezistence. K popisu ras se používají nejrůznější systémy, počínaje abecedními a alfanumerickými až po numerické (Lebeda et al., 2017).

Tabulka 3. Přehled patogenů z řádu Erysiphales, u nichž je známa patogenní variabilita na úrovni patotypů nebo ras (Lebeda et al., 2017).

Fyziologická specializace (patotypy/rasy)			
Název choroby*	Původce**	Hostitel	Literatura
Patotypy		Čeď (počet diferenciacních genotypů)	
Padlí dýňovitých	<i>Golovinomyces cichoracearum</i> , <i>Podosphaera xanthii</i>	<i>Cucurbitaceae</i> (6)	Lebeda et al. (2011)
Padlí ječmene	<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>hordei</i>	<i>Hordeum vulgare</i> (29)***	Dreiseitl (2014, 2015)***
Rasy		Druh (počet diferenciacních genotypů)	
Padlí rajčete	<i>Pseudoidium neolycopersici</i>	<i>Solanaceae</i> (20 rodů /70 druhů/) ****	Jones et al. (2001), Lebeda a Mieslerová (1999, 2002)

Padlí dýňovitých	<i>Golovinomyces cichoracearum</i> , <i>Podosphaera xanthii</i>	<i>Cucumis melo</i> (11)	Jahn et al. (2003), Lebeda et al. (2011), Sedláková a Lebeda (2010)
Padlí hrachu	<i>Erysiphe pisi</i>	<i>Pisum sativum</i> (14)	Tiwari et al. (1997)
Padlí jabloně	<i>Podosphaera leucotricha</i>	<i>Malus domestica</i> (7)	Lesemann et al. (2004)
Padlí salátu	<i>Golovinomyces cichoracearum</i> s.str.	<i>Lactuca</i> spp.(13) (<i>L. serriola</i> /2/, <i>L. sativa</i> x <i>L. serriola</i> hybrid /1/, <i>L. sativa</i> /6/, <i>L. saligna</i> /2/, <i>L. virosa</i> /2/)	Lebeda et al.(2012)
Padlí starčku	<i>Golovinomyces fischeri</i> (dříve <i>Golovinomyces cichoracearum</i> var. <i>fischeri</i>)	<i>Senecio vulgaris</i> (51)	Bevan et al. (1993) Clarke a Akhkha (2002) Harry a Clarke (1986)
Padlí travní	<i>Blumeria graminis</i>	<i>Hordeum spontaneum</i> (23)	Dinnor a Eshed (1987), Clarke a Akhkha (2002), Eyal et al. (1973)

* české názvy chorob podle Kůdely et al. (2012) s výjimkou padlí salátu a padlí starčku, které v této publikaci nejsou zmiňovány

** latinské názvy druhů podle Brauna a Cooka (2012)

*** autor používá označení patotyp nesprávně, ve skutečnosti se jedná u druhu *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* o rasy

3.2 Padlí dýňovitých

3.2.1 Padlí dýňovitých – obecná charakteristika

Padlí dýňovitých patří mezi časté listové choroby dýňovitých rostlin v mírném a subtropickém podnebí, které způsobují značné hospodářské ztráty (Sitterly, 1978; Lebeda et al., 1999 IN Lebeda a Sedláková, 2010). Jako původci této choroby se objevují tři druhy z řádu Erysiphales (oddělení: Ascomycota, třída: Leotimycetes). Endoparazitický druh s minimálním ekonomickým významem, *Leveillula taurica* (Lév.) G. Arnaud, který je vázán na oblast Středozeří. Dva ektoparazitické druhy, *Golovinomyces orontii* (Castagne) Heluta a *Podosphaera xanthii* (Castagne) U. Braun & Shishkoff, které jsou hospodářsky významné a rozšířené celosvětově (Braun a Cook, 2012).

Hostitelský okruh obou původců padlí dýňovitých je velmi rozmanitý. *Go* patřící mezi polyfágní druhy se objevuje na hostitelích z několika čeledí, jak bylo zmíněno v kapitole 3.1 (tabulka 1). Velmi významný okruh hostitelů poskytuje tomuto patogenu čeleď *Cucurbitaceae* s řadou kulturních i planě rostoucích rostlin (tato čeleď je podrobněji rozebrána v kapitole 3.3). Druh *Px* má také široký okruh hostitelů, od čeledi *Asteraceae* po *Solanaceae*, ale opět nejvýznamnějšími hostiteli jsou zástupci čeledi *Cucurbitaceae* (Braun a Cook, 2012; Paulech, 1995 IN Lebeda et al., 2017)

Symptomy napadení jsou u obou zástupců téměř totožné a nelze je pouhým okem rozeznat, velmi dobře se však rozlišují při využití světelného mikroskopu, a to analýzou morfologických znaků nepohlavního (anamorfního) a pohlavního (telomorfního) stádia. Hlavními rozpoznávacími znaky nepohlavního stádia jsou tvar a velikost konidií a přítomnost či nepřítomnost fibrosinových tělísek (Křístková, 1999). Mezi morfologické rozlišovací znaky pohlavního stádia lze zařadit tyto charakteristiky: velikost a počet buněk peridie, délka a množství apendixů (přívěsků), počet a tvar askospor a jejich počet ve vřecku.

Padlí dýňovitých napadá všechny ekonomicky důležité plodiny dýňovitých: okurky (*Cucumis sativus*), melouny (*C. melo*), dýně a tykve (*Cucurbita* spp.) i vodní meloun (*Citrullus lanatus*) (Lebeda et al., 2007b; Lebeda et al., 2018). Pokud se však objeví až na konci vegetačního období, ovlivňuje výnos jen nepatrně. Obecně platí, že *Px* se vyskytuje častěji v teplejších oblastech a taktéž na chráněných místech (např. skleníky), tedy hlavně v jižní Evropě, Kalifornii, Izraeli a řadě asijských zemí (Křístková et al., 2009; Lebeda et al., 2017), *Go* je převažujícím druhem chladnějších oblastí, na polních kulturách dýňovitých zelenin (Lebeda, 1983; Zlochová, 1990 IN Lebeda et al. 2007) i planě rostoucích druzích, v Evropě, Severní a Jižní Americe, Africe, Asii a na Novém Zélandu (Lebeda et al.,

2017). V posledních letech se ukazuje, že druh *Px* se stává běžným, dokonce i dominujícím původcem padlí v mnoha částech světa, včetně Evropy (Cohen et al., 2004; McGrath, 1994, Vakalounakis et al., 1994 IN Lebeda et al. 2007), i v ČR je zaznamenáváno jeho postupné pronikání do severnějších oblastí (Křístková et al., 2002 IN Lebeda et al. 2007). Často se také v posledních letech objevují smíšené infekce *Go* i *Px* na jedné hostitelské rostlině, i na jednom listu (Lebeda et al., 2004; Křístková et al., 2009; Lebeda et al., 2018). Tyto smíšené infekce komplikují ochranu plodin pomocí fungicidů (Lebeda et al., 2010), pěstování vedoucí k rezistenci i výzkum virulence *Go* a *Px* na hostitelských rostlinách (Lebeda et al., 2007)

3.2.2 Patogenní variabilita padlí dýňovitých

Patogenní variabilita obou původců padlí je popisována na úrovni patotypů a ras. Patotypy vyjadřují tuto variabilitu na hostitelském okruhu čeledi *Cucurbitaceae*, rasy vyjadřují různorodost reakce patogenů na souboru genotypů jednoho hostitelského druhu s různými faktory rezistence, konkrétně na genotypech *Cucumis melo*. U obou původců padlí dýňovitých je patogenní variabilita velmi vysoká, což ukazují mnohé studie ze světa (hlavně *Px*) i z České republiky (*Go* i *Px*), ve kterých je uváděno velké množství determinovaných patotypů a ras (Lebeda et al., 2011).

3.2.2.1 Patotypy

Pro popis a rozlišení patotypů jsou ve světě využívány různé diferenciační soubory genotypů čeledi *Cucurbitaceae* (dýňovitých) (Bertrand, 1991; del Pino et al., 2002; Lebeda et al., 2008 IN Lebeda et al., 2011). Ve světě se stal nejvíce používaný soubor navržený Bertrandem, reprezentujícího tři zemědělsky nejvýznamnější rody z čeledi dýňovitých (*Cucumis*, *Cucurbita* a *Citrullus*), tato sada byla doplněna a přizpůsobena pro testování v ČR Křístkovou a Lebedou (1999). Dalším diferenciačním souborem pro determinaci patotypů je soubor navržený del Pinem et al., tato sada je využívána pro determinaci patotypů ve Španělsku (Lebeda et al., 2011). Výsledný patotyp je pak definován kombinací písmen A–D, které označují náchylnou reakci hostitelského genotypu s patogenem (Bertrand, 1991 IN Lebeda et al., 2011). Oba soubory zobrazuje tabulka 4.

Tabulka 4. Diferenciační soubory používané pro determinaci patotypů padlí dýňovitých (převzato a upraveno z Lebeda et al., 2011)

	Diferenciační druhy	Genotypy	Kódy ^a	Zdroje
Nejpoužívanější diferenciační soubor ^b				
	<i>Cucumis sativus</i> (okurka setá)	Marketer 430	A	Bertrand (1991)
	<i>Cucumis melo</i> (meloun cukrový)	Védrantais	B1	
	<i>Cucumis melo</i> (meloun cukrový)	PMR 45	B2	
	<i>Cucurbita pepo</i> (tykev obecná)	Diamant F1	C	
	<i>Citrullus lanatus</i> (vodní meloun)	Sugar Baby	D	
	<i>Cucurbita maxima</i> (tykev velkoplodá)	Goliáš	Cm	Křístková a Lebeda (1999)
Diferenciační soubor používaný ve Španělsku ^c				
	<i>Cucumis sativus</i> (okurka setá)	Bellpuig	A	del Pino et al. (2002)
		Negríto		
	<i>Cucumis melo</i> (meloun cukrový)	Piel de Sapo	B	
		Rochet		
	<i>Cucurbita pepo</i> (tykev obecná)	Negro Belleza	C	
		Virginia Blanco		
	<i>Citrullus lanatus</i> (vodní meloun)	Klondike	D	
		Sugar Baby		

^a kód pro každý druh

^b soubor navržený Bertrandem (1991), doplněný Křístkovou a Lebedou (1999)

^c soubor osmi genotypů ze čtyř významných druhů čeledi *Cucurbitaceae*

Od roku 2010 se patotypy zkoumaly a popisovaly podle systému navrženého Lebedou et al. (2008) na konferenci Cucurbitaceae ve francouzském Avignonu, který by měl ujednotit diferenciační soubor i popis výsledných patotypů na celém světě pro srovnávání výsledků studií.

Pro determinaci je využíván standardní systém šesti genotypů z čeledi *Cucurbitaceae* (dýňovité), jehož základ tvořil soubor navržený Francouzi (Bertrand, 1991; Bertrand et al., 1992). Byla navržena změna genotypu *Cucurbita pepo* „Diamant F1“ za nový genotyp „Kveta“ (tabulka 5). Jednotlivým genotypům je přiřazeno stálé pořadí a jemu odpovídající číselná hodnota (1, 2, 4, 8, 16 a 36), která je při náchylné reakci genotypu započtena do výsledné hodnoty, která tvoří unikátní sextetový kód, jenž popisuje daný patotyp (tabulka 6).

Tabulka 5. Nejčastěji využívaný diferenciační soubor pro determinaci patotypů padlí dýňovitých a binární reakce (+ náchylná, - rezistentní) šesti izolátů *Podosphaera xanthii* (Lebeda et al., 2007, nepublikováno). „Kveta“ je navržena, aby nahradila „Diamant F1“ v diferenciačním souboru pro popis patotypů. (Převzato a upraveno z Lebeda et al., 2008)

Číslo	Diferenciační druh	Diferenciační genotyp	Izolát a reakce					
			55/03	71/03	58/03	99/04	76/03	115/04
1	<i>Cucumis sativus</i> (okurka setá)	Marketer 430	+	+	+	+	+	+
2	<i>Cucumis melo</i> (meloun cukrový)	Védrantais	-	+	+	+	+	+
3	<i>Cucumis melo</i> (meloun cukrový)	PMR 45	-	-	-	-	+	+
4	<i>Cucurbita pepo</i> (tykev obecná)	Diamant F1	+	-	+	+	+	+
5	<i>Cucurbita maxima</i> (tykev velkoplodá)	Goliáš	+	+	+	+	+	+
6	<i>Citrullus lanatus</i> (vodní meloun)	Sugar Baby	-	-	-	+	-	+
Původ izolátu ^z			<i>Cp</i>	<i>Cp</i>	<i>Cp</i>	<i>Cm</i>	<i>Cs</i>	<i>Cx</i>

^z*Cp* - *Cucurbita pepo*; *Cm* - *Cucumis melo*; *Cs* - *Cucumis sativus*; *Cx* - *Cucurbita maxima*

Tabulka 6. Unikátní sextetový kód patotypu padlí dýňovitých (*Px*), získaný součtem náchylných reakcí na diferenciačních genotypech (tabulka 5) (převzato a upraveno z Lebeda et al., 2008)

Izolát	Číslo diferenciačního genotypu						Sextetový kód
	1	2	3	4	5	6	
	Hodnota						
	1	2	4	8	16	32	
55/03	1	0	0	8	16	0	25
71/03	1	2	0	0	16	0	19
58/03	1	2	0	8	16	0	27
99/04	1	2	0	8	16	32	59
76/03	1	2	4	8	16	0	31
115/04	1	2	4	8	16	32	63

Patotypy popsané ve světě a v České republice

Počty patotypů determinovaných ve světě zobrazuje tabulka 7. Většina publikovaných informací k patotypům ze světa se týká pouze druhu *Px*, o druhu *Go* jsou k dispozici poznatky pouze z Francie (Lebeda et al., 2011).

Tabulka 7. Přehled patotypů padlí dýňovitých zjištěných ve světě (převzato a upraveno z Lebeda et al., 2011)

Stát	Počet zjištěných patotypů		Zdroje
	<i>Go</i>	<i>Px</i>	
Francie	4	3	Bertrand (1991); Bertrand et al.(1992)
Španělsko	-	4	del Pino et al. (2002)

V České republice bylo v letech 1997–1998 testováno na patogenní variabilitu dvacet izolátů. Celkem bylo v české populaci popsáno dvanáct různých patotypů, jejich četnosti jsou znázorněny v tabulce 8 (Křístková, 1999 IN Křístková et al., 2004).

Nejrozsáhlejší výzkum této problematiky v ČR byl prováděn v letech 2001–2009 (Sedláková et al., 2016). Celkem bylo v tomto období otestováno 504 izolátů padlí dýňovitých (373 *Go*, 131 *Px*) a na tomto souboru bylo rozlišeno 14 patotypů (13 na izolátech *Go*, 7 na *Px*). Data z tohoto období byla podrobně zpracována v rámci mé bakalářské práce (2016). Zastoupení jednotlivých patotypů ukazuje tabulka 9.

Výsledky studia patogenní variability na souboru 120 izolátů padlí dýňovitých (44 *Go*, 71 *Px* z ČR a 5 *Px* z německé lokality Erfurt) z let 2010 až 2012 byly zpracovány Sedlákovou et al. (2014). Celkem bylo determinováno šest patotypů na izolátech *Go* a 5 na *Px* izolátech. Na izolátech z Německa byly popsány celkem čtyři patotypy. Jejich frekvenci výskytu znázorňuje tabulka 10 (Sedláková et al., 2014).

Tabulka 8. Přehled patotypů a ras popsáných v letech 1997–1998 na *Golovinomyces orontii* (Go), *Podosphaera xanthii* (Px) a smíšených izolátech (převzato a upraveno z Křístková et al., 1999, 2004)

Číslo izolátu	Hostitelská rostlina	Patotypy ^a	Diferenciační soubor genotypů <i>C. melo</i> ^{b, c}											rasa ^d	
			IrH	Véd	P45	Nobl	W29	E47	P5	MR1	ID	PI	ID		
<i>Go</i>															
12/98	<i>C. pepo</i>	AB1CD	-	+	(-)	-	(-)	(-)	(-)	(-)	-	0,0	(-)	8,3	·
5/98	<i>C. pepo</i>	nd	+	(-)	(-)	-	(-)	(-)	(-)	(-)	-	0,0	(-)	12,5	0
44/97	<i>C. pepo</i>	AB1B2CCm	+	+	+	(-)	+	+	+	(-)	8,3	nd			1
23/97	<i>C. maxima</i>	AB1B2CCm	+	+	+	+	+	+	-	(-)	16,7	nd			·
40/97	<i>C. pepo</i>	AB1B2C ^e	+	+	+	+	+	+	+	(-)	16,7	nd			·
21/98	<i>C. pepo</i>	AB1B2CCmD	+	+	+	-	+	+	+	(-)	25,0	(-)	8,3		1
2/97	<i>C. pepo</i>	AB1B2	+	+	+	+	+	+	(-)	(-)	25,0	nd			·
38/97	<i>C. pepo</i>	AB1B2CCm	+	+	+	+	+	+	+	(-)	25,0	nd			·
3/98	<i>C. pepo</i>	AB1B2CCmD	+	+	(-)	-	+	(-)	+	+	41,7	(-)	25,0		·
<i>Px</i>															
34/97	<i>C. pepo</i>	AB1CCm	+	+	-	+	-	-	-	(-)	25,0	nd			1
<i>Go + Px</i> (smíšené izoláty)															
17/98	<i>C. pepo</i>	AB1CCm	(-)	+	(-)	(-)	(-)	(-)	-	-	0,0	(-)	16,7		·
19/98	<i>C. maxima</i>	AB1B2CCmD	+	+	+	(-)	+	(-)	-	-	0,0	+	33,4		·
18/98	<i>C. maxima</i>	AB1B2CCm	+	+	+	+	+	(-)	(-)	(-)	8,3	-	0,0		·
27/98	<i>C. pepo</i>	B1B2CCm	+	+	+	(-)	+	(-)	+	(-)	8,3	-	0,0		·
63/98	<i>C. maxima</i>	AB1B2CCm	+	+	+	+	+	(-)	+	(-)	8,3	nd			·
83/98	<i>C. maxima</i>	AC	(-)	(-)	(-)	-	-	-	-	(-)	8,3	nd			·
74/98	<i>C. pepo</i>	AB1CD	+	+	(-)	+	(-)	(-)	(-)	(-)	16,7	nd			·
6/97	<i>C. pepo</i>	B1B2Cm	+	+	+	-	+	+	-	(-)	16,7	nd			·
9/97	<i>C. pepo</i>	B1B2	+	+	+	+	+	+	-	(-)	16,7	-			·
5/97	<i>C. pepo</i>	AB1B2Cm	+	+	+	+	+	+	-	+	33,4	nd			·

^a diferenciační soubor pro popis patotypů – A: *Cucumis sativus* (Marketer 430), B1: *C. melo* (Védrantais), B2: *C. melo* (PMR 45), C: *Cucurbita pepo* (Diamant F1), Cm: *C. maxima* (Goliáš), D: *Citrullus lanatus* (Sugar Baby)

^b diferenciační soubor genotypů *C. melo* pro popis ras – IrH: Iran H, Véd: Védrantais, P45: PMR 45, Nobl: Nantais Oblong, W29: WMR 29, E47: Edisto 47, P5: PMR 5, MR1: MR-1, PI: PI 124112

^c reakce: - rezistentní (ID = 0), (-) neúplná rezistence (0 < ID ≤ 25), + náchylná (ID > 25), nd nebylo testováno

^d popsání ras: 0, 1 popsáno podle Pitrat et al. (1996), · reakční vzor zatím nebyl popsán jako určitá rasa

^e izolát 40/97 nebyl testován na *C. maxima*

Tabulka 9. Přehled patotypů popsaných na izolátech *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) v letech 2001–2009 na území ČR (BP Rušáková, 2016)

	2001		2002		2003		2004		2005		2006		2007		2008		2009		Celkem	
	<i>Go</i>	<i>Px</i>	<i>Go</i>	<i>Px</i>	<i>Go</i>	<i>Px</i>	<i>Go</i>	<i>Px</i>	<i>Go</i>	<i>Px</i>	<i>Go</i>	<i>Px</i>	<i>Go</i>	<i>Px</i>	<i>Go</i>	<i>Px</i>	<i>Go</i>	<i>Px</i>	<i>Go</i>	<i>Px</i>
AC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	3	0
ACcM	1	-	-	-	-	1	1	-	2	-	1	1	2	-	-	-	-	-	7	2
ACcM_D	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	0
AB2CD	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0
AB2CCm	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0
AB1Cm	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0	1
AB1C	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	2	1	1	-	-	-	-	-	4	1
AB1CD	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	0
AB1CCm	-	2	1	1	4	9	16	-	9	-	22	9	8	8	14	12	-	2	74	43
AB1CCm_D	-	4	-	1	-	2	15	5	8	7	3	1	5	1	4	2	1	1	36	24
AB1B2C	8	-	3	-	1	-	1	-	-	-	1	-	1	-	-	-	-	-	15	0
AB1B2CD	1	-	1	-	3	-	1	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	7	0
AB1B2CCm	14	-	11	3	20	8	6	-	21	-	7	2	13	6	4	5	4	7	100	31
AB1B2CCm_D	2	1	28	2	17	1	12	4	17	7	1	1	10	3	6	-	30	10	123	29
celkem vzorků	27	7	45	7	45	22	53	9	57	14	41	15	42	18	28	19	35	20	373	131

Tabulka 10. Patotypy *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) identifikované v České republice a Německu v letech 2010–2012 podle nového systému navrženého Lebedou et al. (2008) (Sedláková et al., 2014)

Differential number						Sextet code	Total no. of isolates	Country/No. of isolates		
Differential value								Czech Republic	Germany	
1	2	3	4	5	6			CPM species ^y		
1	2	4	8	16	32			<i>Go</i>	<i>Px</i>	<i>Px</i>
1	0	0	8	16	0	25	1	1	-	-
1	2	0	8	16	0	27	14	6	7	1
1	2	4	8	16	0	31	39	13	24	2
1	2	4	8	0	32	47	2	1	1	-
1	2	0	8	16	32	59	14	3	10	1
1	2	4	8	16	32	63	50	20	29	1
							120	44	71	5

^xCPM pathotype sextet codes are based on compatibility scores summed across pathotype differentials

^y*Go*–*Golovinomyces orontii*, *Px*–*Podosphaera xanthii*

3.2.2.2 Rasy

V současnosti je studium ras padlí dýňovitých zaměřeno pouze na druh *Cucumis melo*. Ve světě je používáno hned několik diferenciačních souborů, které slouží k jejich rozlišení. Tyto soubory se liší počtem zahrnutých genotypů, v závislosti na zkoumaném patogenu (*Go* nebo *Px*). V ČR byl dříve k výzkumu padlí dýňovitých nejčastěji používán soubor 11 genotypů *C. melo* navržený Bertrandem v roce 1991 (Křístková et al., 2004; Lebeda et al., 2011), v roce 2005 byl k tomuto souboru přidán ještě genotyp *C. melo* PI 313970 (Sedláková et al., 2016). Přehled používaných diferenciačních souborů k determinaci ras ve světě je znázorněn v tabulce 11.

K popisu se obvykle využívala jedna ze tří metod: popisování pomocí čísel (např. 1, 2, 3), písmen (např. A, B, C) a kombinací čísel i písmen (např. 1J, 2F, 2US) (Lebeda et al. 2008, 2011). Tento způsob popisu nebyl ve světě jednotný, objektivní ani metodický a často postrádal smysl.

Tabulka 11. Diferenciační soubory (v chronologickém pořadí) pro determinaci ras padlí dýňovitých, druhů *Podosphaera xanthii* (*Px*) a *Golovinomyces orontii* (*Go*) na *Cucumis melo* (převzato a upraveno z Lebeda et al., 2011, 2016)

Rasy <i>Px</i> a <i>Go</i>	Počet genotypů	Genotypy <i>C.melo</i>	Zdroje
Rasy <i>Px</i> 1 a 2	1	PMR 45	Jagger et al. (1938)
Rasy <i>Px</i> 1, 2 a 3	5	Hale's Best Jumbo, PMR 45, PMR 5, PMR 6, Edisto 47	Thomas (1978, 1988)
Rasy <i>Px</i> 1, 2 a 3	10	Delicious 51, Top Mark, Védrantais, PMR 45, PMR 450, PMR 6, Perlita, PI 124111, PI 124112, Seminole	McCreight et al. (1987)
Rasy <i>Px</i> 1 a 2	4	Piel de Sapo, PMR 45, PMR 5, PI 124112	Vakalounakis a Klironomou (1995)
Rasy <i>Px</i> 0, 1, 2U.S., 2F, 3, 4, 5	11	Iran H, Védrantais, Top Mark, Ananas, PMR 45, PMR 5, WMR 29, Edisto 47, PI 414723, MR-1, PI 124112	Bardin et al. (1999); Bertrand (1991); Bertrand et al. (1992); Jahne et al. (2002); Lebeda a Sedláková (2010); Pitrat et al. (1998)
Rasy <i>Go</i> N, N ^S , O, P, R, R ^S , S, V, Y, Z, a, rasy <i>Px</i> 2US, B, C, F, G, H	11	Iran H, Védrantais, Solartur, PMR 45, PMR 5, WMR 29, Edisto 47, PI 414723, MR-1, PI 124112, Nantais Oblong	Křístková a Lebeda (1999); Lebeda a Sedláková (2004, 2006); Lebeda et al. (2004, 2007)
Rasy <i>Px</i> 2F, 2Z	11	Doublon, Rochet, PMR 45, PMR 5, Edisto 47, WMR 29, PI 124112, PI 414723, Negro, BG 6011, BG 6016	Alvarez et al. (2000)
Rasy <i>Px</i> 1, 2F, 2U.S., 3, 4, 5, N1, N2, N3	10	Fuyu 3, PMR 45, PMR 5, WMR 29, Edisto 47, PI 414723, Hainan 21, Quincy, Earl's Knight Natsu 2, Earl's Miyabi Natsu 2	Hosoya et al. (2000)
Rasy <i>Px</i> 1 a 2	8	PMR 45, PMR 5, WMR 29, Edisto 47, PI 313970, PI 124111, PI 124112, PI 414723	McCreight (2003)
Rasy <i>Px</i> 1, 2 a 5	8	Fuyu 3, PMR 45, PMR 5, WMR 29, Edisto 47, MR-1, PI 124112, PI 414723	Kuzuya et al. (2006)
Rasy <i>Px</i> 1 a 2	11	Iran H, Védrantais, Top Mark, PMR 45, PMR 5, WMR 29, Edisto 47, PI 414723, MR-1, PI 124111, PI 124112	McCreight (2006)

Pro sjednocení diferenciacních souborů a popisů byla Lebedou et al. (2008) navržena nová metoda pro rozlišení ras. Diferenciacní soubor obsahuje 21 genotypů *C. melo*, což má zajistit dostatečnou variabilitu a interakci pro oba patogeny padlí dýňovitých (Lebeda a Sedláková, 2006; Sedláková et al., 2014; Lebeda et al. 2007, 2008, 2012 IN Lebeda et al., 2016). Základ tvoří soubor jedenácti genotypů *C. melo* navržený Francouzi (Bertrand, 1991; Bertrand et al., 1992), jenž byl ve světě nejvíce využíván, a je doplněn o deset dalších diferenciacních genotypů *C. melo* popisujících nové rasy *Go* i *Px* (Sedláková et al., 2014; Lebeda et al., 2008, 2016). Tyto genotypy mají jasně dané a neměnné pořadí v souboru a jsou rozdělené do tří skupin po sedmi (tabulka 12). Každému genotypu je v rámci jeho skupiny přiřazena číselná hodnota (1, 2, 4, 8, 16, 32 nebo 64) a při náchylné reakci je hodnota započtena do výsledného součtu septetové skupiny. Výsledný kód rasy je tedy dán třemi součty hodnot oddělených vzájemně tečkou (tabulka 13). Výsledný triplet septetového kódu je unikátní pro každou rasu.

Tabulka 12. Soubor 21 diferenciačních genotypů *Cucumis melo* diferenciačního souboru pro detekci ras padlí dýňovitých (převzato a upraveno z Lebeda et al., 2016)

Genotypy diferenciačního souboru			Původ	
Pořadové číslo	Genotyp	Jiné označení	Zdroj	Stát
1.1	Iran H	–	INRA	Iran
1.2	Védrantais	M 319	INRA	France
1.3	PI 179901	Teti	USDA	India
1.4	PI 234607	Sweet Melon	USDA	South Africa
1.5	AR HBJ	AR Hale's Best Jumbo	USDA	USA
1.6	PMR 45	M 321	USDA	USA
1.7	PMR 6	Ames 26810	USDA	USA
2.1	WMR 29	M 322	USDA	USA
2.2	Edisto 47	NSL 34600	Clemson Univ.	USA
2.3	PI 414723	LJ 90234	USDA	India
2.4	PMR 5	Ames 26809	USDA	USA
2.5	PI 124112	Koelz 2564	USDA	India
2.6	MR-1	Ames 8578	USDA	USA
2.7	PI 124111	Koelz 2563	USDA	India
3.1	PI 313970	90625; VIR 5682	USDA	India
3.2	Noy Yizre'el	–	Bar Ilan Univ.	Israel
3.3	PI 236355	–	USDA	England
3.4	Negro	–	Univ. Zaragoza	Spain
3.5	Amarillo	–	Univ. Zaragoza	Spain
3.6	Nantais Oblong	M 320	INRA	France
3.7	Ames 31282	–	USDA	China

Diferenciační genotypy *C. melo* zveřejněné Katedrou Botaniky, Univerzity Palackého v Olomouci (Česká republika) a ARS, USDA, Salinas, California (USA)

M 319 – 322 = původní označení podle M. Pitrata, INRA, Montfavet, Francie; poskytnuty A. Lebedou v roce 1997

INRA = L'Institut National de la Recherche Agronomique, Montfavet (Francie)

USDA = United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service; informace dostupné na stránkách National Genetic Resources Program, Germplasm Resource Information Network (GRIN),

http://www.ars-grin.gov/npgs/acc/acc_queries.html

Tabulka 13. Příklad tripletů septetových kódů pro determinaci ras čtyř hypotetických izolátů padlí dýňovitých (*Go* i *Px*) na třech skupinách genotypů *C. melo* (Lebeda et al., 2016)

Hypotetický izolát	triplet																					Tripletový kód
	1							2							3							
	Číslo genotypu							Číslo genotypu							Číslo genotypu							
	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4	5	6	7	
Hodnota							hodnota							hodnota								
1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	32	64		
1. reakce	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	7.0.0
1. hodnota	1	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	31.64.33
2. reakce	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	+	-	19.16.125
2. hodnota	1	2	4	8	16	0	0	0	0	0	0	0	0	64	1	0	0	0	0	32	0	127.127.127
3. reakce	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	+	+	+	+	+	
3. hodnota	1	2	0	0	16	0	0	0	0	0	0	16	0	0	1	0	4	8	16	32	64	
4. reakce	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
4. hodnota	1	2	4	8	14	32	64	1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	32	64	

+ náchylná reakce, - rezistentní reakce

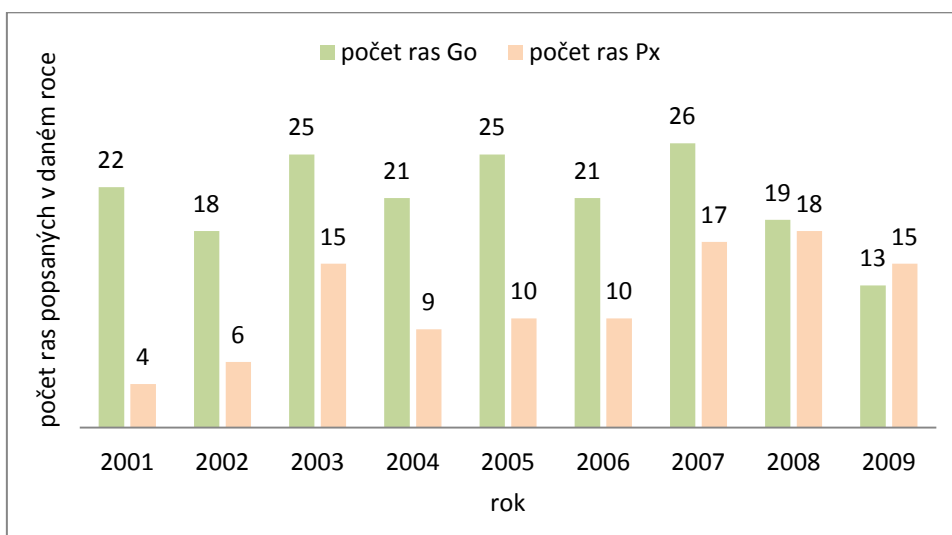
Rasy popsané ve světě a v České republice

Ucelený přehled ras padlí dýňovitých popsáných ve světě publikoval McCreight et al. (2012). Bylo popsáno 46 ras druhu *Px* na souboru 37 genotypů *C. melo*. Tento souhrn obsahoval i 15 ras popsáných v ČR z roku 2010 (McCreight et al., 2012).

V ČR v letech 1997–1998 bylo na souboru 20 izolátů (9 *Go*, 1 *Px* a 10 *Go+Px*) s využitím diferenční souboru devíti genotypů *C. melo* rozlišeno 14 reakčních vzorců (ras), jejichž přehled je uveden v tabulce 8 (Křístková et al., 2004).

Výsledky determinace ras v české populaci padlí dýňovitých z období let 2001–2009 ukázaly a potvrdily existenci velkého počtu různých ras, kdy bylo celkem popsáno 149 odlišných ras (Sedláková et al., 2016). K popisu byl využit soubor jedenácti genotypů *C. melo*, od roku 2005 byla testována reakce ještě dalšího genotypu *C. melo*, PI 313970. U patogenu *Go* bylo determinováno 120 ras na souboru 373 izolátů. U druhu *Px* bylo rozlišeno 70 různých ras na celkem 131 izolátech (graf 1). Některé rasy se v průběhu zkoumaného období opakovaně vyskytly v české populaci padlí dýňovitých a to buď v rámci jednoho roku, nebo v letech po sobě následujících, naopak většina ras byla detekována pouze 1x v celé devítileté periodě. Výskyt 42 ras byl zaznamenán jak u *Go*, tak *Px* (Sedláková et al., 2016).

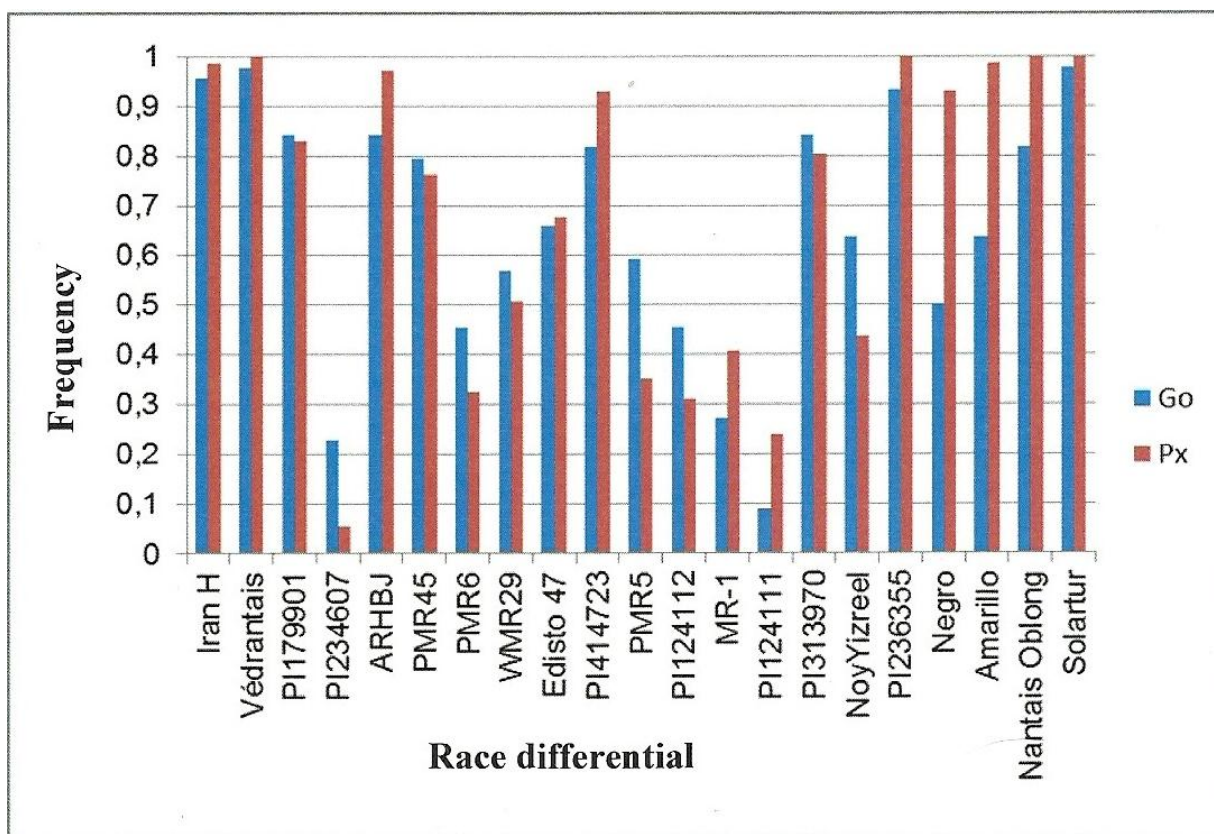
Graf 1. Počty ras popsáných v jednotlivých letech sledovaného období (2001–2009) na izolátech *Golovinomyces orontii* a *Podosphaera xanthii* na území ČR (BP Rušáková, 2016)



Výsledky studie z let 2010–2012 jsou shrnuty Sedlákovou et al. (2014). Na souboru 120 izolátů (44 *Go*, 71 *Px* z ČR a 5 *Px* z německé lokality Erfurt) bylo determinováno 106 ras (40 *Go*, 66 *Px*) v ČR a 5 různých ras *Px* u německých izolátů. Rasy byly determinovány na

souboru 21 genotypů *C. melo* a popisovány pomocí nové metody navržené Lebedou et al. (2008). Náchylnost, respektive frekvenci výskytu kompatibilní reakce, těchto diferenciačních genotypů vůči testovanému souboru izolátů znázorňuje graf 2 (Sedláková et al., 2014).

Graf 2. Četnost výskytu náchylné reakce na genotypch *Cucumis melo* v diferenciačním souboru k popisu ras padlí dýňovitých na izolátech *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podospaera xanthii* (*Px*) v letech 2010 až 2012 (Sedláková et al., 2014)



Na výsledky tohoto výzkumu z let 2010 až 2012 byl Lebedou et al. (2018) aplikován Kosmanův matematický model diverzity navržený Kosmanem (1996). Na nich byly sledovány výsledné reakce izolátů obou patogenů na genotypch diferenciačního souboru pro popis ras ve vztahu k místu a období sběru izolátů, také na hostitelské rostlině a byly srovnávány navzájem oba patogeny *Go* a *Px*. Celkem bylo analyzováno 115 izolátů z ČR z tohoto období (Lebeda et al., 2018).

Studie genetické struktury populace obou patogenů popsané mnoha autory nepopisují vztahy mezi DNA profilem patogena a jeho ostatními parametry, jako jsou například geografický původ nebo fenotypový projev na hostitelské rostlině. Matematický model navržený Kosmanem (1996) a Kosmanem a Leonardem (2007) slouží jako teoretický základ pro rozvoj efektivních výpočetních nástrojů k popisu hodnocení náchylnosti a rezistence, a k lepšímu porozumění genetického základu, struktury virulence a rozdílnosti v populacích

patogenů (Schachtel et al., 2012 IN Lebeda et al., 2018). Tyto metody byly aplikovány na studie patogenní variability zejména u obligátně biotrofních patogenů, jako například plíseň salátová (*Bremia lactucae*) na locice seté (*Lactuca sativa*) v ČR nebo padlí travní (*Blumeria graminis* f.sp.*hordei*) na ječmeni a další (Lebeda et al., 2018).

V následujících několika odstavcích jsou zmíněny některé výsledky Lebedy et al., 2018. Popisné parametry, jako náchylnost genotypů *C. melo* a frekvence ras padlí dýňovitých, faktor virulence a jeho hodnoty byly vypočítané pro celou populaci. Byla zjištěna podobnost i rozdílnost mezi oběma patogeny v reakcích jednotlivých genotypů diferenciačního souboru pro popis ras, například genotypy *C. melo* Védrantais a PI 179901 vykazovaly u obou patogenů stejné reakce, naopak velké rozdíly byly obzvláště u genotypů Amarillo (rozdíl cca 30 %) a Negro (50 %).

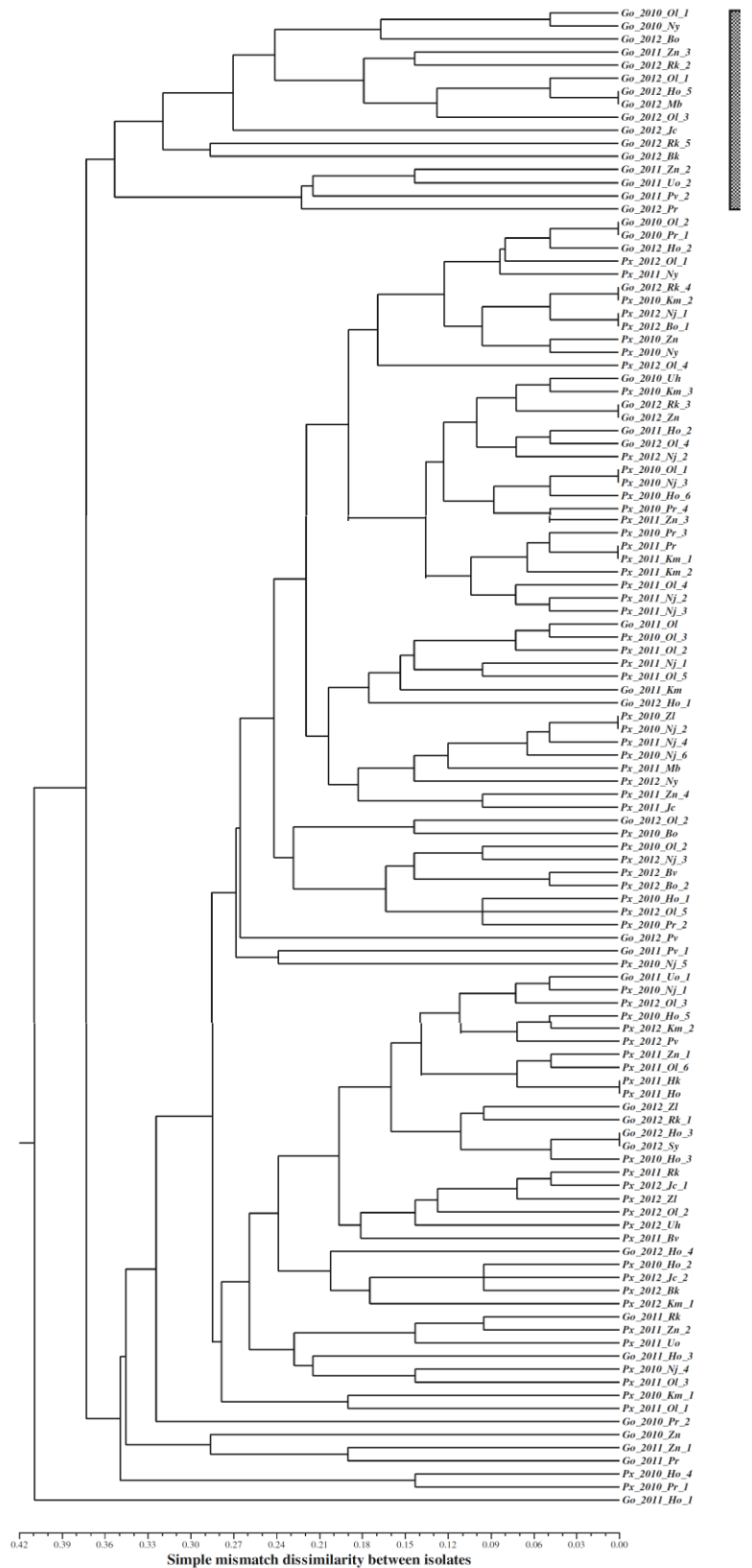
Na základě mnoha statistických vlastností a srovnání bylo vytvořeno několik dendrogramů se zaměřením na různé společné či odlišné vlastnosti, například podle hostitelské rostliny, lokality sběru – kraje, okresu, reakce na jednotlivých genotypech diferenciačního souboru nebo virulenčního faktoru.

V závislosti na rezistenci určitých genotypů diferenciačního souboru vůči všem 115 izolátům *Go* i *Px* byl vytvořen UPGMA dendrogram (dendrogram 1), který izoláty dělí do skupin právě podle reakcí genotypů. U jediného izolátu (*Go_2011_Ho_1*) nebyla za toto období zaznamenána náchylná reakce na genotypu Védrantais, proto je oddělen od všech ostatních na dendrogramu 1. Skupinka 16 izolátů *Go* v horní části dendrogramu 1 (označené šedým pruhem) vytváří vlastní podskupinu, jedná se o izoláty avirulentní na genotypu Amarillo. Tyto izoláty se liší místem i datem sběru, dokonce i hostitelskou rostlinou (Lebeda et al., 2018).

Pomocí statistických modelů aplikovaných na výsledky této studie bylo zjištěno, že virulence ras padlí dýňovitých se v průběhu let 2010 až 2012 více měnila u druhu *Go* než u *Px*. Nebyl zjištěn žádný významný rozdíl mezi izoláty *Go* pocházejících z různých hostitelských rostlin, ale u izolátů *Px* došlo k významné diferenciaci vzhledem k hostiteli. Tyto výsledky také odhalily velkou variabilitu ve virulenci *Go* a *Px* izolátů v jednotlivých letech a také různorodost v časovém a geografickém původu izolátů (Lebeda et al., 2018).

Dendrogram 1. UPGMA dendrogram 115 izolátů *Golovinomyces orontii* (Go) a *Podosphaera xanthii* (Px) z ČR z let 2010–2012. Dendrogram byl generován na základě rozdílnosti mezi izoláty v reakcích na diferenciačním souboru genotypů *Cucumis melo*

Fig. 4 UPGMA dendrogram of 115 cucurbit powdery mildew (*Golovinomyces orontii* – Go, *Podosphaera xanthii* – Px) isolates collected in the Czech Republic, 2010–2012 (specification of isolates – see Table 1). Outlier at bottom, Go_2011_Ho_1, was the only isolate avirulent on ‘Védrantais’. The group of 16 isolates in the topmost clade were avirulent on ‘Amarillo’ (gray bar). The dendrogram was generated using the simple mismatch dissimilarity between isolates



3.3 Charakteristika čeledi dýňovité (*Cucurbitaceae*)

Cucurbitaceae (dýňovité) je tropická a subtropická čeleď rostlin z řádu Cucurbitales, příbuzná s čeleděmi *Begoniaceae*, *Datisceae* a *Tetramelaceae* (Renner a Schaefer, 2016).

Řada druhů čeledi *Cucurbitaceae* jsou hospodářsky významnými druhy, zejména jsou využívány jako zelenina, například tyto celosvětově pěstované druhy jako okurka setá (*Cucumis sativus*), meloun cukrový (*Cucumis melo*) nebo vodní meloun (*Citrullus lanatus*). V mnoha kuchyních jsou však používány i jiné druhy, jako například cuketa (*Cucurbita pepo* subsp. *pepo*), a také další méně rozšířené druhy jako „hořká okurka“ (*Momordica charantia*), casabanan – „muškátová okurka“ (*Sicana odorifera*) a mnoho dalších. Mnoho druhů se využívá také v lidovém léčení, například posed bílý (*Bryonia alba*) byl používán jako projímadlo. Jako přírodní mycí houba je využíván vysušený zralý plod zástupců rodu *Luffa*, z plodů *Lagenaria siceraria* se vyrábí nádoby a hudební nástroje (Schaefer a Renner, 2011).

Zástupci čeledi jsou jednoleté i vytrvalé rostliny, bývají jednodomé i dvoudomé. Jejich kořeny jsou tenké nebo hlízovitě až řepovitě ztlustlé, větvené. Lodyhy měkce až pichlavě chlupaté nebo olysalé, popínavé či plazivé. Listy střídavé, řapíkaté, bez palistů, celistvé nebo členěné, žilnatina může být dlanitá nebo zpeřená. Lodyžní a z části listový původ mají úponky, které jsou nevětvené nebo až 2–3krát větvené vyrůstající po straně v paždí listů, nebo chybí. Květenství se u zástupců dýňovitých objevuje vrcholičnaté, hroznovité nebo jsou květy jednotlivé. Květy jsou obvykle jednopohlavné, pravidelné, kalich a koruna na bázi často srostlé ve zvonkovitou nebo kalíškovitou češuli, složené z 5–6(–7) lístků, do různé hloubky srostlých, koruna výjimečně volná až k bázi. Samčí květy mají 2–5 tyčinek, nitky srostlé po dvou a jedna volná, nebo všechny srostlé v synadrium, nebo všechny volné. Prašníky mohou být volné, spojené nebo srostlé, zprohýbané. Samičí květy mají srostlé gyneceum ze 3(–6) plodolistů, semeník mají spodní, čnělka je přímá, blizna s 1–5 laloky. Vajíček obvykle mnoho, vzácně málo až 1 (Hejný a Slavík, 1990).

Morfologie plodů a semen je hodně variabilní a často podstatná pro rozlišení jednotlivých rodů v rámci čeledi. Nejčastějším typem plodu jsou bobule, vnější oplodí může být tvrdé (*Citrullus*, *Cucumis*, *Cucurbita*) nebo strukturou podobné kůži s vláknitou dužinou. Obzvláště plody komerčně pěstovaných druhů narůstají do obrovských rozměrů (průměr až 1 m u druhu *Cucurbita pepo*). Semena vykazují také velkou rozmanitost, mohou mít například tvar kulovitý, vejčitý, hruškovitý nebo srpovitý. Obvykle je jich v plodech mnoho. Jedinečnost tvaru semen zástupců čeledi *Cucurbitaceae* umožnilo zařazení fosilních nálezů některých zástupců do rodů (Schaefer a Renner, 2011).

3.3.1 Rod *Citrullus* SCHRADER (lubenice)

Jedná se o jednoleté i vytrvalé, jednodomé i dvoudomé byliny s velkými kulatými plody s mnoha semeny. Tento rod zahrnuje čtyři druhy z východního Středozeří, severní a tropické Afriky a západní Asie (Schaefer a Renner, 2011). Plody jsou bobule, vnější oplodí tuhé, vnitřní dužnaté, šťavnaté. Hospodářsky velmi důležitým druhem je lubenice obecná (*C. lanatus* (THUNBERG) MATSUMURA et NAKAI, jejíž plody známe jako vodní meloun, velké 20–45 cm, s tmavě zeleným, světle zeleným nebo žíhaným, hladkým vnějším oplodím, vnitřní dužinu má obvykle červenou. Lodyhy bývají popínavé, 80–200 cm dlouhé, listy má v obrysu široce vejčité peřenodílné až peřenosečné, až 35 cm dlouhé. Květy žluté s průměrem 25–30 mm. Počet chromozomů v somatických buňkách je $2n = 22$. Pěstován je na polích a v zahradách na výhřevných a na živiny bohatých půdách v teplejších oblastech. (Hejný a Slavík, 1990).

3.3.2 Rod *Cucurbita* L. (dýně)

Zástupci tohoto rodu jsou jednoleté jednodomé rostliny. Jejich původ je z velké části z Ameriky, některé druhy však pochází i z Evropy, poprvé byly domestikovány zhruba před 10 000 lety. Dnes jsou rozšířeny po celém světě, nejvíce se jim daří v tropickém, subtropickém a mírném klimatu (Ferriol a Pico, 2008 IN Paris, 2016).

Popsáno je v tomto rodu asi 15 planě rostoucích druhů z tropické a subtropické Ameriky a 5 hospodářsky pěstovaných kultivarů z celého světa (Schaefer a Renner, 2011). Nejvýznamnější pěstované druhy jsou *C. pepo*, *C. maxima* a *C. moschata*, které jsou pěstovány pro své plody, semena a olej získaný ze semen, a také jako okrasné rostliny, díky ozdobným plodům. Mají velkou genetickou variabilitu, což vede k velké rozmanitosti ve velikosti, tvaru, barvě, chuti a nutriční hodnotě plodů. Modernizace v pěstování a genetické šlechtění vedou hlavně ke zvýšení výnosu, odolnosti vůči chorobám a k vyšší kvalitě plodů (Paris, 2016).

Dýně obecná (*C. pepo* L.) je druhem s největší rozmanitostí v charakteristických tvarech plodů. Mohou dorůstat až do váhy kolem 25 kg i více, jejich délka bývá 3–70 cm, tvar například kulovitý, smáčklý, kyjovitý, hruškovitý, diskovitý, zvonkovitý nebo hřibovitý. Vnější oplodí je měkké, tuhé, kožovité až dřevnaté, povrch hladký, vrásčité, bradavičité, více či méně rýhovaný v barvách bělavé, žluté, oranžové, zelené i vícebarevné. Charakteristické rysy rostliny jsou lodyhy dlouhé 0,2 až 12 m, větvené a ostře hranaté, listy dlanitolaločné s průměrem 8–70 cm, často pilovité, květy s průměrem 5–20 cm, sytě žluté až zlatožluté. Plody jsou využívány jako zelenina, k přípravě kompotů, džemů nebo jako okrasa. Semena

jsou olejnatá, olej se dříve využíval v lékařství. Počet chromozomů je $2n = 40$ (Hejný a Slavík, 1990). Druh *C. pepo* má několik poddruhů, z nichž ekonomicky a hospodářsky nejvýznamnější je *C. pepo* subsp. *pepo* skupina Zucchini (cuketa) (Paris, 2016).

Dalším významným druhem je dýně obrovská (*C. maxima* DUCHESNE), též označovaná jako tykev velkoplodá, která má plody kulovité, smáčklé nebo polokruhové dorůstající délky 30–80 cm a vážící až 100 kg. Vnější oplodí mají měkké, žluté nebo oranžové, ale i zelené až nahnědlé, povrch hladký, síťovaný až rýhovaný. Listy má 5–7úhelníkovité, na bázi celokrajné, 30–55 cm široké. Květy zlatožluté s průměrem 7–10 cm. Dýně se využívají jako zelenina nebo krmivo pro domácí zvířata. Počet chromozomů je stejný, tj. $2n = 40$ (Hejný a Slavík, 1990).

3.3.3 Rod *Cucumis* L. (okurka, meloun)

Rod *Cucumis* je starobylá skupina, která byla pěstována už před více než 4000 lety, neví se však přesně, kde se objevila poprvé. Ve starých textech nebývají dobře rozlišeny hořké druhy rodu *Cucumis* od okurky (*C. sativus*) nebo sladký (*C. melo*) a vodní meloun (*Citrullus lanatus*) (Pitrat, 2016). Dva nejdůležitější druhy tohoto rodu jsou okurka setá a meloun cukrový, které patří mezi hospodářsky velmi významné a pěstované druhy po celém světě.

Okurka setá (*C. sativus*) má lodyhy 60–200 cm dlouhé, listy 5–7 úhelníkové, někdy až mělce dlanitě laločnaté s rohy a špičatými laloky, na okraji zubaté až celokrajné. Rostliny jsou drsně štětinatě chlupaté. Květy jsou sytě žluté, samčí jednotlivě, samičí v chudokvětých svazečcích. Plody okurky jsou válcovité, elipsoidní, kyjovité až hůlkovité, 4–40 cm dlouhé a 2–10 cm široké s hrotitými chlupy nebo hladké. Jejich barva je obvykle za zralosti žlutobílá, žlutozelená až žlutohnědá. Počet chromozomů je $2n = 14$. Nezralé plody se používají jako zelenina, dříve byla jejich šťáva využívána i v lidovém léčitelství (Hejný a Slavík, 1990).

Meloun cukrový (*C. melo*) má lodyhy dlouhé 50–150 cm, listy mnohoúhelníkovité až mělce laločnaté s laloky zaokrouhlenými, okraj listu zubatý až celokrajný. Rostliny jsou drsně chlupaté. Květy má krátce stopkaté, jasně žluté. V somatických buňkách má $2n = 24$ chromozomů (Hejný a Slavík, 1990). Druh *C. melo* je charakteristický rozsáhlou diverzitou, zejména ve vzhledu plodů a semen, které se od sebe liší tvarem, velikostí, barvou. Podle velikosti semen se rozděluje do několika skupin a podskupin. Plané melouny mají velmi tenkou a mnohdy hořkou dužinu, obvykle světle zelenou, plody jsou malé (30–50g). Pěstované druhy se vyznačují většími plody (až 35 kg), nemají hořkou chuť a mají silnější

vrstvu dužiny různých barev (od světle žluté až po tmavě oranžovou), s většími semeny i listy (Pitrat, 2016).

Pitrat (2016) rozděluje zástupce druhu *C. melo* do 19 skupin, některé dělí i na podskupiny, a to podle fenotypických znaků plodů, jako jsou velikost, tvar, zbarvení bobulí, tvary, velikost a počet semen a dalších znaků.

Skupina Agrestis

Odrůdy skupiny Agrestis jsou plané, vyskytují se v Africe, Asii a Austrálii. Často jsou prodávány na trzích a konzumovány nakrájené na plátky, popřípadě sušeny k pozdější spotřebě. Vyznačují se malými listy, velkým množstvím větví, malými plody (20–50g) s hladkým, světle zeleným, tenkým vnějším oplodím někdy s tmavě zelenými skvrnami nebo pruhy, velmi tenkou, světle zelenou dužinou, která nemá výrazné aroma ani chuť, má málo cukru, ale dlouhou životnost.

Obr 1. Typický plod zástupce skupiny Agrestis (Pitrat, 2016)

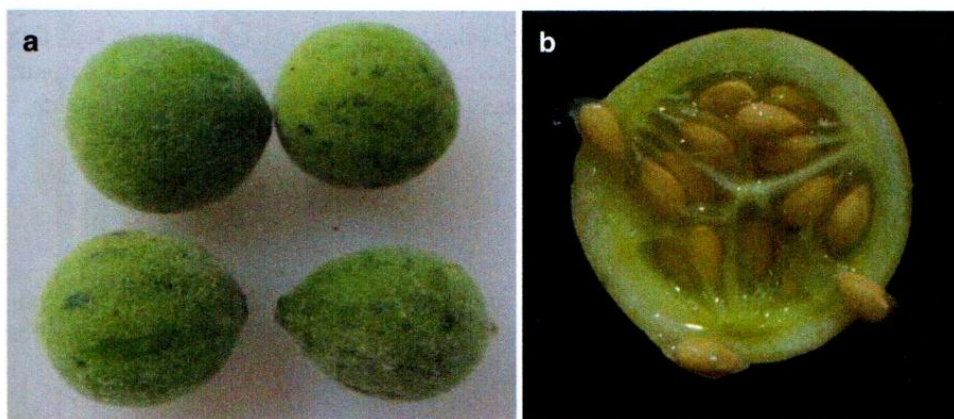


Fig. 1 Group agrestis. Typical very small fruits of a wild melon (a) and cross-section (b) showing the three fused placentas and the gelatinous sheath around the seeds

Skupina Kachri

Tato skupina tvoří přechod mezi planě rostoucími a lokálně pěstovanými druhy. Vyskytují se na suchých místech, například na polopouštích v Indii a jsou velmi odolné vůči suchu. Skupina by se dala charakterizovat jako „větší Agrestis“. Plody jsou typicky malé (100–200g), většinou světle zelené, žluté nebo krémové s tmavě zelenými či oranžovými skvrnami, tenká světle zelená dužina. Tato skupina zahrnuje genotypy AHK 119, AHK 200.

Obr 2. Typický plod zástupce skupiny Kachri (Pitrat, 2016)

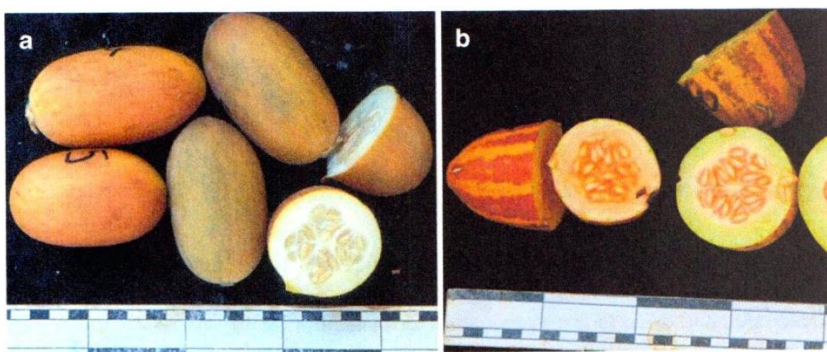


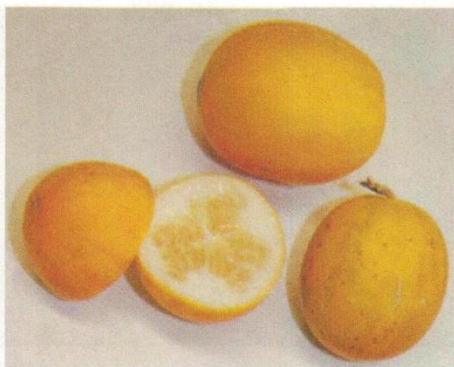
Fig. 2 Group kachri. Two accessions of this heterogeneous group intermediate between wild (Group agrestis) and cultivated types: flesh and placentas can be white (a) or coloured (b)

Skupina Chito

Skupina planých melounů typická pro území střední Ameriky a Karibských ostrovů. Plody jsou kulaté, malé (50–100 g) se světle zeleným a žlutým hladkým povrchem. Tato skupina má opět tenkou světlou nesladkou dužinu bez aromat.

Obr 3. Typický plod zástupce skupiny Chito (Pitrat, 2016)

Fig. 3 Group chito. Very small round yellow fruits, smooth, without ribs or vein tracts



Skupina Tibish

Zástupci této skupiny jsou endemity Súdánu. Plody mají eliptický nebo hruškovitý tvar, světle zelenou barvu s tmavě zelenými pruhy. Sklizeny jsou před úplnou zralostí a používají se syrové do salátů, podobně jako okurky.

Obrázek 4. Typický plod zástupce skupiny Tibish (Pitrat, 2016)

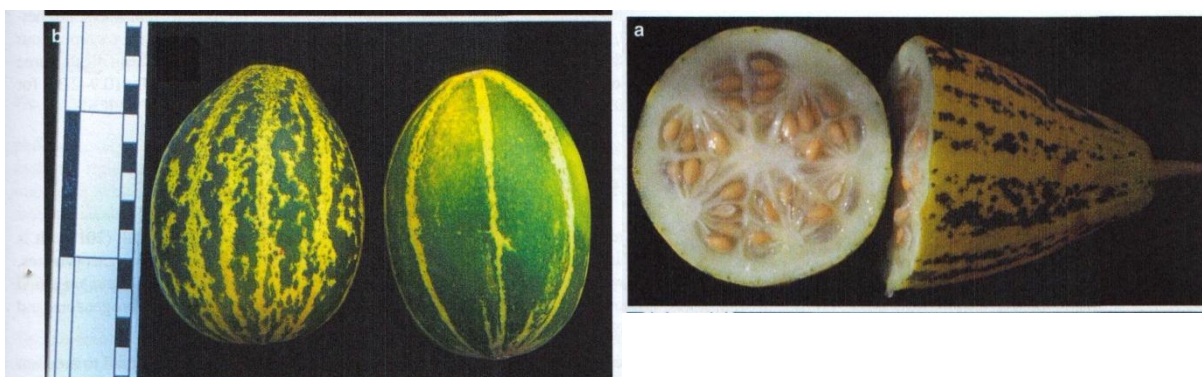
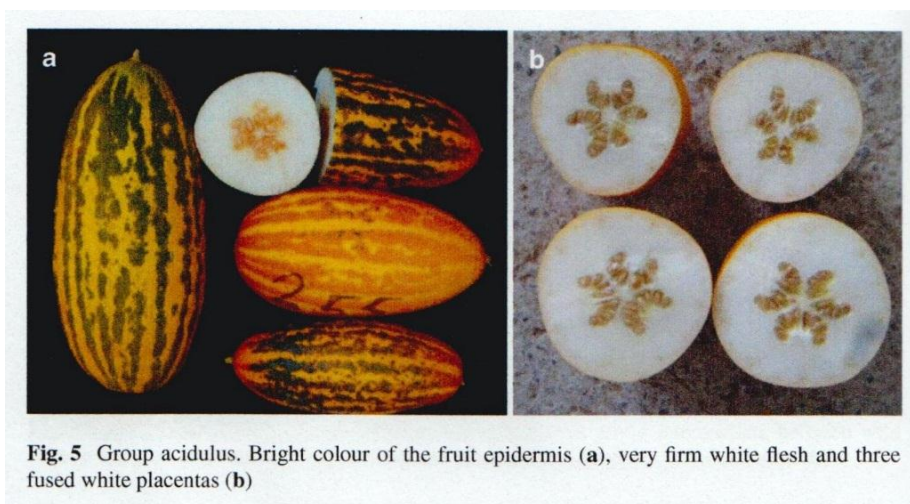


Fig. 4 Group tibish. (a) Very thin flesh and five fused placentas, (b) smooth ovoid fruits

Skupina Acidulus

Indie a Srí Lanka jsou hlavní oblasti výskytu této skupiny melounů. Patří zde genotypy PI 313970, PI 164323, PI 164723 a Keriki, které vykazují rezistenci vůči některým chorobám a škůdcům (viry, padlí, plíseň, některé druhy mšic). Typické jsou oválným nebo eliptickým tvarem plodů, žlutě či oranžově zbarveným vnějším oplodím s tmavě zelenými pruhy.

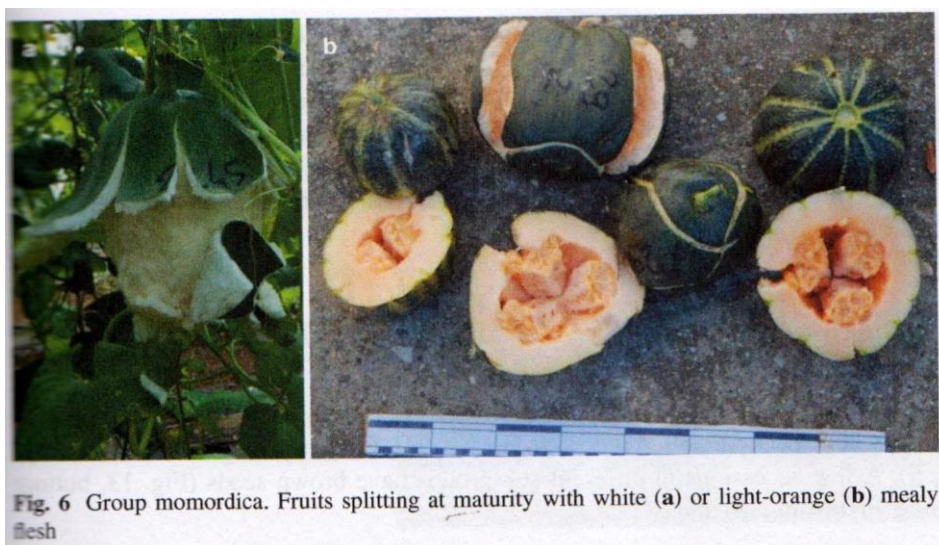
Obr 5. Typický plod zástupce skupiny Acidulus (Pitrat, 2016)



Skupina Momordica

Tato skupina je pěstována hlavně v Indii a jihovýchodní Asii. Její genotypy také vykazují odolnost vůči některým chorobám, stejně jako skupina Acidulus. Těmito genotypy jsou například MR-1, PI 124111, PI 414723. Tato skupina je velmi heterogenní, společnými znaky jsou oválný až prodloužený tvar plodů s celistvou barvou popřípadě bílými skvrnami nebo pruhy. Mají velmi tenký exokarp, který se často lehce olupuje.

Obr 6. Typický plod zástupce skupiny Momordica (Pitrat, 2016)



Skupina Conomon

Skupina pěstovaná hlavně v Číně a Japonsku, jejíž obliba má klesající tendence. Nejčastěji se plody konzumují syrové nebo nakládané. Do této skupiny patří například genotypy Tokyo Wase Shiro Uri, Ko Shori Uri a PI 266935. Typické zbarvení plodů je světle zelené, jejich tvar je oválný nebo prodloužený, povrch hladký.

Obr 7. Typický plod zástupce skupiny Conomon (Pitrat, 2016)



Fig. 7 Group conomon. Elongated fruit with white or light-green non-sweet flesh

Skupina Makuwa

Skupina původem z Dálného východu, vykazující rezistenci vůči některým chorobám a škůdcům (viry, *Fusarium*, některé mšice). Podle barvy exokarpu, tvaru semen a přítomnosti či absence rýhované struktury na povrchu plodu se dělí do šesti podskupin. Plody mají obvykle oválný tvar bez vrásnění, barva obvykle, zelená, bílá, žlutá či oranžová. Melouny mají nízkou životnost. Důležité genotypy napříč podskupinami jsou například Ogon 9, Shirokawa Nasho Makuwa 2, Ginsen Makuwa, Chenggam a další.

Obr 8. Ukázka plodů zástupců skupiny Makuwa (Pitrat, 2016)



Fig. 8 Group makuwa sub-group ogon. Uniform yellow skin colour

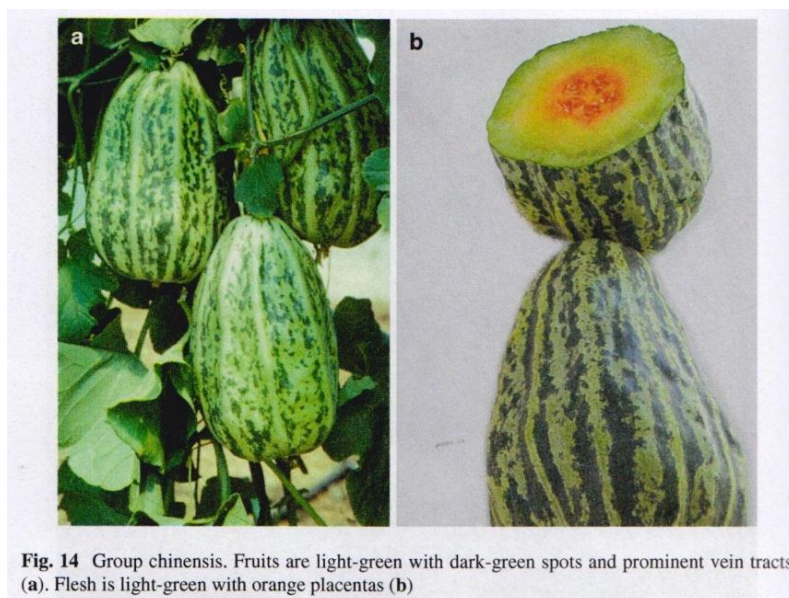


Fig. 11 Group makuwa sub-group kanro. Green skin colour with grey-green vein tracts lighter than the skin

Skupina Chinensis

Tato skupina je taktěž pěstována na Dálném východě. Byla u ní popsána rezistence vůči některým virům a mšicím. Patří zde například genotypy PI 161375, PI 255479 a PI 266934. Typická je plody hruškovitého tvaru světle zelené barvy s tmavými skvrnami. Má mohutnou oranžovo–zelenou dužinu s nízkým obsahem cukru a aromat.

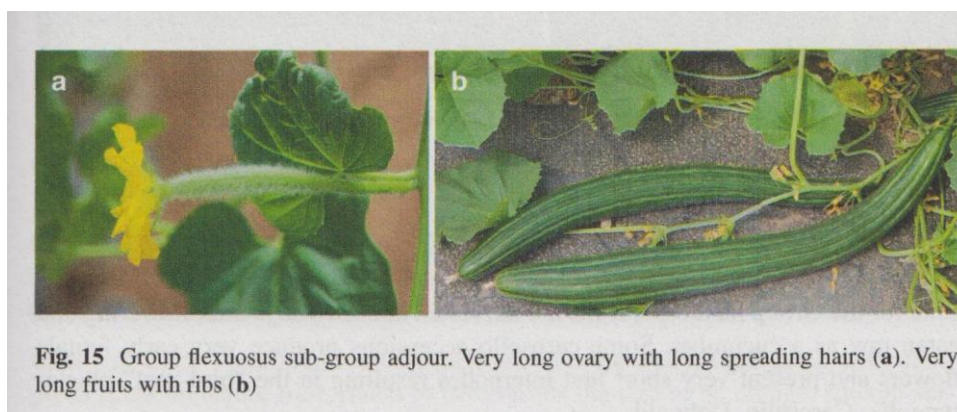
Obr 9. Typický plod zástupce skupiny Chinensis (Pitrat, 2016)



Skupina Flexuosus

Tato skupina má velkou oblast rozšíření, a to od Maroka až po Indii, také ve Středozeří (Španělsko, Itálie, Řecko) a lze ji nalézt pod spoustou názvů, jako například Adjour, Faggous, American cucumber, Snakemelon a další. Podle povrchu plodů se dělí do tří podskupin, které mají povrch buď hladký, vrásčitý nebo žebrovitý. Plody se sbírají nedozrálé a konzumují syrové v salátech nebo zavařené. Společně mají světle či tmavě zelené zbarvení velmi protáhlých plodů a velmi krátkou životnost. V rámci této skupiny jsou popsány genotypy Fakouss CM4, Cucumerino siciliano, PI 222187, AMES 20662 a další.

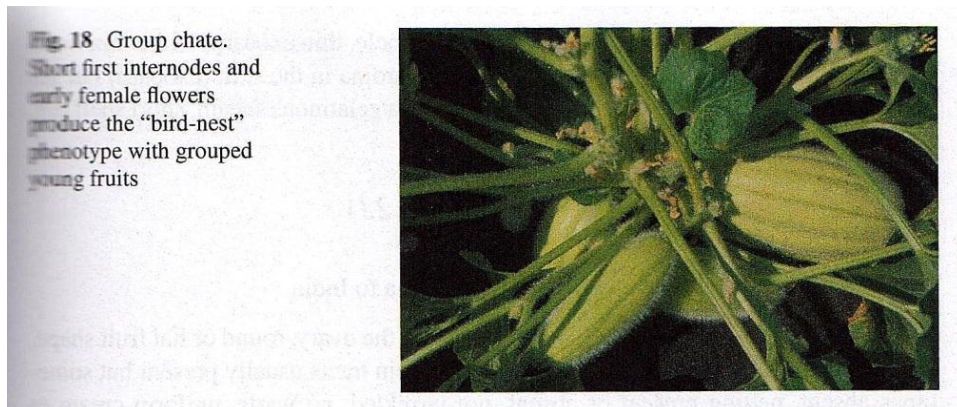
Obr 10. Typický plod zástupce skupiny Flexuosus (Pitrat, 2016)



Skupina Chate

Plody této skupiny mají oválný tvar a také se konzumují syrové. Povrch je obvykle žebrovitý krémové barvy. Genotypy této skupiny jsou pro příklad Carosello, Dolmalik.

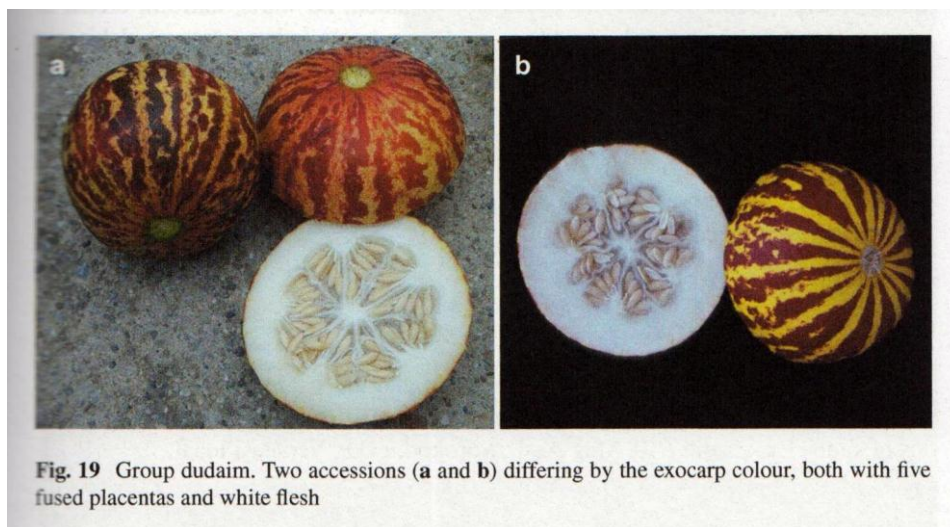
Obr 11. Typický plod zástupce skupiny Chate (Pitrat, 2016)



Skupina Dudaim

Zástupci této skupiny jsou pěstováni od Turecka po Afghánistán a severně od Turkmenistánu. Nejsou určeny ke konzumaci, ale jako vůně do domácností. Pěstované genotypy této skupiny jsou PI 177362, Queen Anne’s Pocket Melon. Plody jsou světle zelené až žluté s tmavými skvrnami, oválné velikosti asi pomeranče.

Obr 12. Typický plod zástupce skupiny Dudaim (Pitrat, 2016)



Skupina Chandalak

Hlavní oblast výskytu je centrální Asie až Indie. Zástupci se dělí do 4 podskupin podle přítomnosti či nepřítomnosti rýhované struktury či velmi jemného rýhování povrchu. Plody mají obvykle kulovitý až hruškovitý tvar, krémovou až oranžovo-hnědou barvou, někdy se skvrnami či pruhy, často s velkými jizvami po květu. Dužina je sladká a má slabou vůni. Příkladem genotypů jsou Zaami 610, Persia 202, Samsouri green, PI 124552 a další.

Obr 13. Ukázka plodů zástupců skupiny Chandalak (Pitrat, 2016)

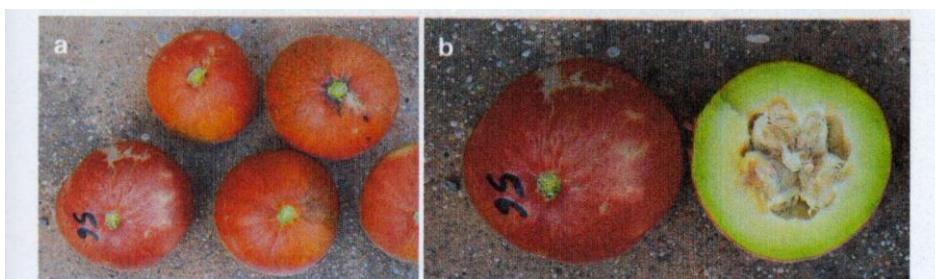


Fig. 22 Group chandalak sub-group garma. Smooth exocarp, no vein tracts, no ribs (a), thin green flesh (b)

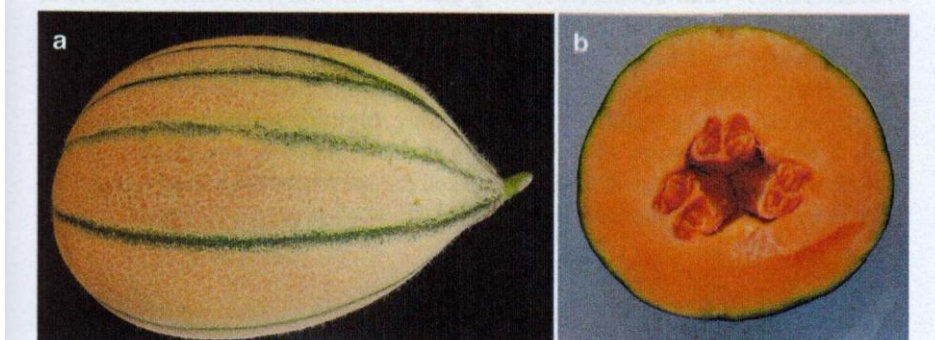


Fig. 23 Group chandalak sub-group bucharici. Ovoid to pyriform fruits, larger than the other chandalak sub-groups (a), thick orange flesh (b)

Skupina Indicus

Tato skupina melounů vykazujících vysokou kvalitu plodů je pěstována v centrální Indii. Šedé, oranžové, hnědé či krémové plody mají eliptický tvar, oranžovou mohutnou dužinu, která je šťavnatá a sladká. Skupina zahrnuje genotypy Aurangabad, Hyderabad nebo například Cuddapah.

Obr 14. Typický plod zástupce skupiny Indicus (Pitrat, 2016)

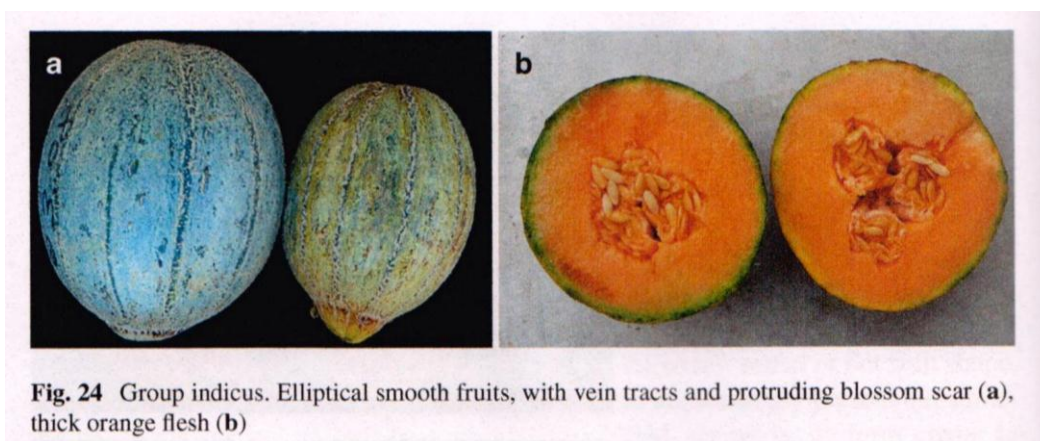


Fig. 24 Group indicus. Elliptical smooth fruits, with vein tracts and protruding blossom scar (a), thick orange flesh (b)

Skupina Ameri

Ameri melouny mají velmi vysokou kvalitu (velmi sladké plody se šťavnatou a křehkou texturou dužiny, střední až dlouhou životnost). Pěstují se hlavně v Asii, od Turecka po západní Čínu. Podle barvy oplodí a přítomnosti rýhování se skupina dělí do 4 podskupin.

Plod je obvykle oválný nebo cylindrický, barva světle oranžová, žluto-zelená s tmavými skvrnami až zelená, dužina obvykle bílá, světle zelená nebo světle oranžová. Podskupiny zahrnují spoustu genotypů, například Ananas Yokneam, Ananas Dokki, PI 534538, Shakar Palaki, Ak Uruk, Red Cotton Rose Melon, Evankey 2, Ghasari, Khagkhani a další.

Obr 15. Ukázka plodů zástupců skupiny Ameri (Pitrat, 2016)

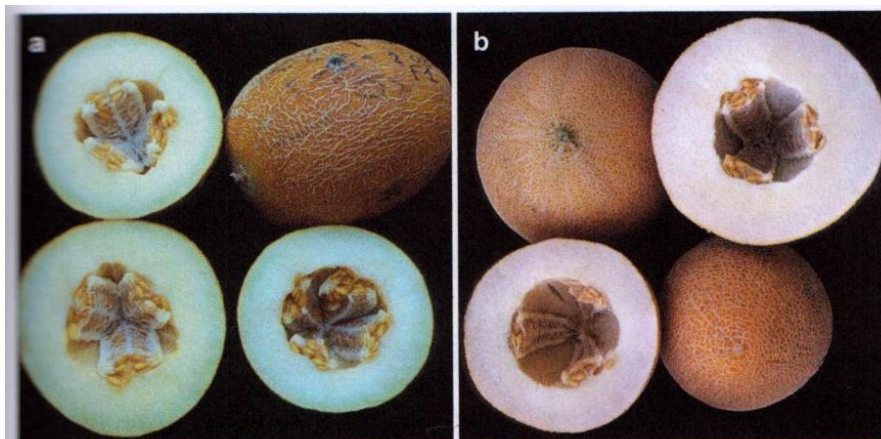


Fig. 25 Group ameri sub-group ananas. Large fruits of orange-brown uniform colour, netted without vein tracts or ribs, light-green (a) or white (b) flesh

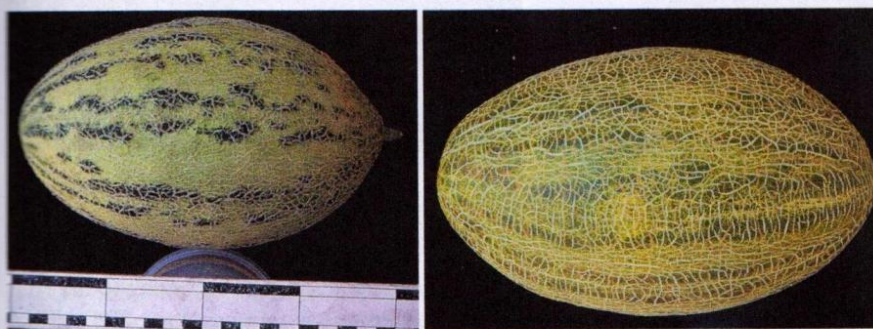


Fig. 26 Group ameri sub-group maculati. Large fruits with dark-green spots, netted exocarp

Skupina Cassaba

Skupina oblasti západní a centrální Asie. Podle barvy pokožky plodů se rozděluje do tří podskupin. Zástupci se často pletou s melouny ze skupiny Ibericus. Často hruškovitý tvar plodu, povrch vrásčitý a zbarvený celý žlutě, tmavě zeleně, popřípadě bývá žlutý s tmavě zelenými skvrnami. Má velké listy a dlouhou životnost. Významnými genotypy jsou například Kirkagac 1, Hidir, Hasan Bey, Yuva, Golden Beauty Casaba a další.

Obr 16. Ukázka plodů zástupců skupiny Cassaba (Pitrat, 2016)

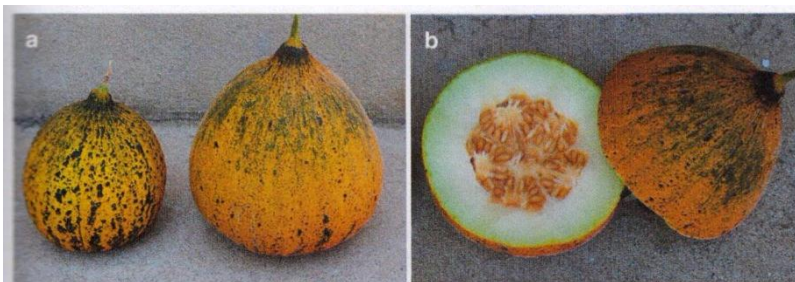


Fig. 29 Group cassaba sub-group kirkagac. Pyriform fruit shape, wrinkled exocarp, yellow colour with dark-green spots (a), five placentas, light-green flesh (b)

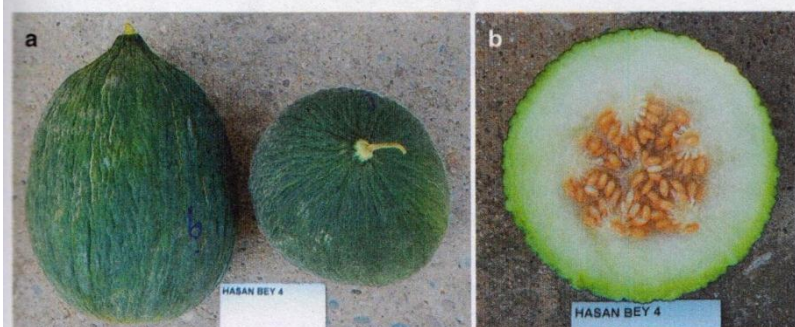


Fig. 30 Group cassaba sub-group hassanbey. Pyriform fruit shape, wrinkled exocarp, dark-green uniform colour (a), five placentas, light-green flesh (b)

Skupina Ibericus

Hlavní oblastí výskytu je Španělsko, ale tyto melouny jsou oblíbené v celém Středozeří i Severní a Jižní Americe. Podle zbarvení exokarpu rozlišujeme pět podskupin. Typická je šťavnatá dužina, obvykle široká a světle zelená s vysokým obsahem cukru. Povrch plodů v závislosti na podskupině může být žlutý, tmavě zelený, zelený se žlutými skvrnami i krémově bílý, obvykle více či méně zvrásněný. Zahrnuje například genotypy Piel de Sapo T111, Amarillo Oro, Negro, Tendral Verde, Sigura, Cavaillon Espaniol, Branco de Ribateja.

Obr 17. Ukázka plodů zástupců skupiny Ibericus (Pitrat, 2016)



Fig. 32 Group ibericus sub-group piel de sapo. Oval fruit shape, slightly wrinkled, light-green with yellow speckles and dark-green spots

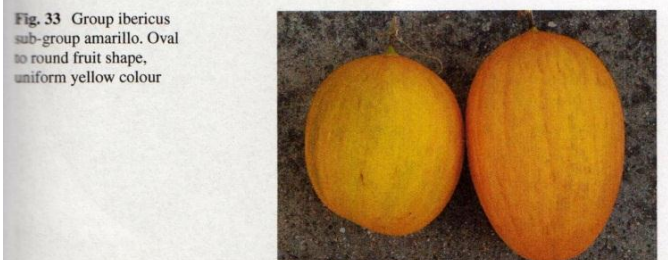
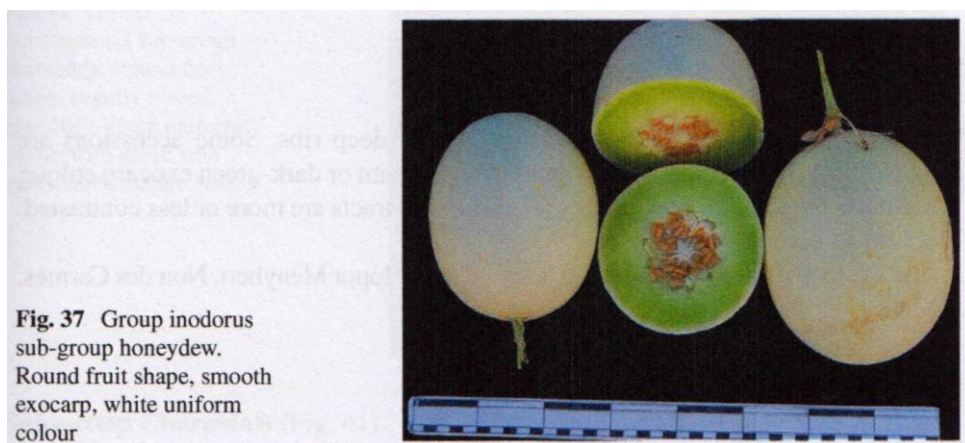


Fig. 33 Group ibericus sub-group amarillo. Oval to round fruit shape, uniform yellow colour

Skupina Indorus

Oválné plody bez vrásnění, žebber a rýhování se širokou pokožkou bývají zbarveny bíle nebo světle zeleně. Druhy podskupiny Earl's původem z Anglie mají velmi sladkou dužinu a jsou to velmi drahé odrůdy, dnes spíše pěstované v Japonsku. Zahrnuje genotypy Chung Hsing1, Earl's. Melouny z podskupiny Honeydew jsou původem ze Středozeří, dnes pěstovány v Severní a Jižní Americe, například Antibes Blanc, Angel Dew, TAMDew.

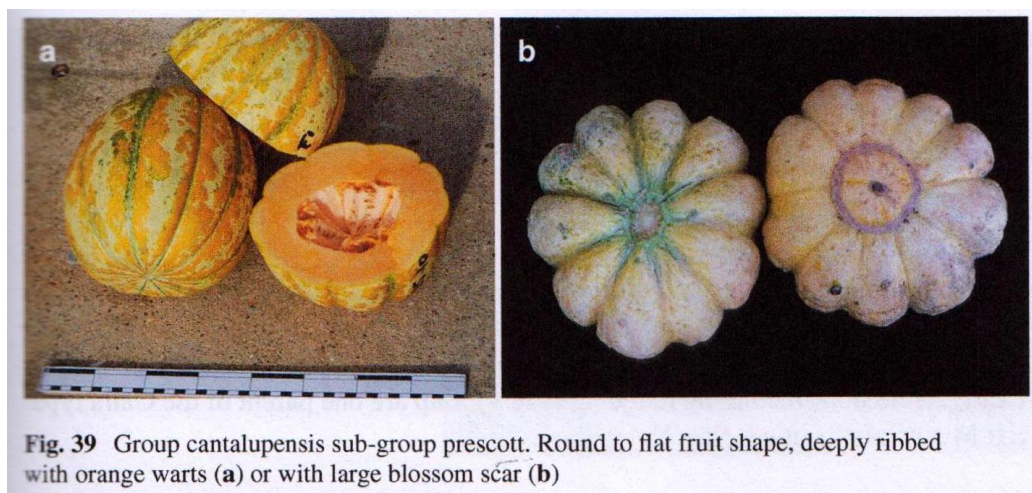
Obr 18. Typický plod zástupce skupiny Indicus (Pitrat, 2016)



Skupina Cantalupensis

Původem z Evropy, později rozšířena a pěstována v USA. Zahrnuje šest podskupin, s kulovitými až oválnými plody, které mají světle až tmavě zelený povrch s výraznými žebry, které jsou různě hluboké. Právě hloubka žebrování a tvar plodu je určující pro rozdělení do podskupin. Plody mají hladkou a šťavnatou dužinu s vysokým obsahem cukrů a silnou vůní. Skupina zahrnuje například genotypy Cantaloup de Bellegarde, Gris de Rennes, Ananas d'Amérique, Védrantais, Nantais Oblong, Noy Yizre'el, PMR 45, Top Mark, Delicious 51 a mnoho dalších.

Obr 19. Typický plod zástupce skupiny Cantalupensis (Pitrat, 2016)



3.3.4 Další méně významné rody pěstované v ČR jako okrasné rostliny

Rod *Thladiantha* BUNGE (loubenka)

Jedná se o vytrvalé byliny, které jsou rozšířené hlavně v Asii. U nás se vyskytuje druh loubenka pochybná (*T. dubia* BUNGE), která se vyskytuje na rumištích, křovinách, plotech a březích tekoucích vod. Pěstována je vzácně jako okrasná rostlina v zahradách a parcích ke krytí plotů a besídek (Hejný a Slavík, 1990).

Rod *Ecballium* A. RICHARD (tykvíce)

Tento rod zahrnuje jediný druh a to tykvíce stříkavá (*E. elaterium* (L.) A. RICHARD), která se pěstuje v botanických a školních zahradách jako okrasná rostlina pro její zvláštní plody. Původní je v jižní Evropě, severní Africe a v západní Asii (Hejný a Slavík, 1990).

Rod *Bryonia* L. (posed)

Vytrvalé, drsně chlupaté rostliny, které jsou už přes dvě tisíciletí využívány k lékařským účelům, dnes hlavně jako homeopatika, ale jejich účinnost zůstává sporná (Schaefer a Renner, 2011). Jejich rozšíření je hlavně v jižní Evropě, severní Africe a jihozápadní Asii, bylo popsáno asi 12 druhů. U nás se vyskytuje posed bílý (*B. alba* L.) rostoucí na vlhčích a živinami bohatších půdách na okrajích lesů, ohrad, zahrad a sadů. Je jedovatý, kořeny obsahují glykosidy, pryskyřice a silice, sušené se používají jako drogy. V lidovém léčitelství a jako náhražka mandragogy se používal kořen posedu dvoudomého (*B. dioica* JACQ.), který je ale taktéž jedovatý (Hejný a Slavík, 1990).

Rod *Echinocystis* TORREY et. A. GRAY (štětinec)

Jedná se o jednoleté jednodomé byliny, jejichž zástupcem je jediný druh štětinec laločnatý (*E. lobata* (MICHX) TORREY et. A. GRAY), pěstovaný na zahrádkách jako výjimečně rychle rostoucí druh ke krytí plotů (Hejný a Slavík, 1990).

Rod *Sicyos* L. (libenka)

Tento rod obsahuje asi 75 druhů převážně ze střední a jižní Ameriky, ale i severní Ameriky, Austrálie, Nového Zélandu, Tichomoří (Schaefer a Renner, 2011). U nás se objevuje druh libenka hranatá (*S. angulata* L.), vzácně pěstovaná jako okrasná rostlina (Hejný a Slavík, 1990).

Variabilitu květů některých zástupců čeledi *Cucurbitaceae* ukazuje obrázek 20.

Obr 20. Variabilita květů zástupců čeledi *Cucurbitaceae* (Renner a Schaefer, 2016)

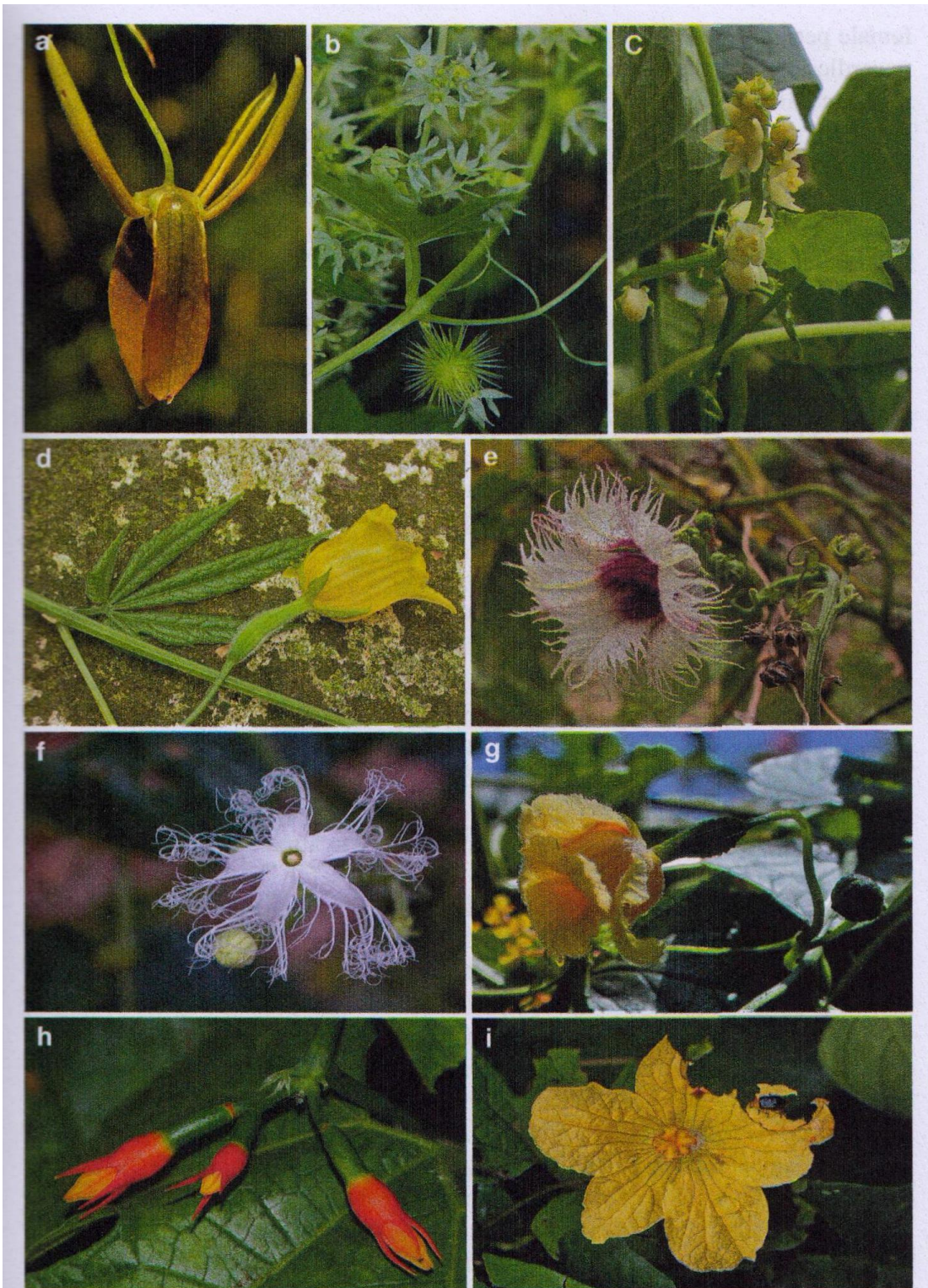


Fig. 2 Diversity of flower morphology in Cucurbitaceae: (a) *Gerrardanthus grandiflorus*, male flower (Tanzania); (b) *Echinocystis lobata*, male and female flowers (USA); (c) *Sicyos edulis* (syn. *Sechium edule*), male flowers (Brazil); (d) *Thladiantha hookeri*, female flower (China); (e) *Telfairia occidentalis*, male flower (Nigeria); (f) *Trichosanthes cucumerina*, male flower (China); (g) *Momordica leiocarpa*, female flower (Tanzania); (h) *Gurania makoyana*, female flower (Peru); (i) *Ruthalicia eglandulosa*, male flower (Sierra Leone); all photographs Hanno Schaefer

3.4 Geny rezistence významných zástupců čeledi *Cucurbitaceae* vůči vybraným rasám padlí dýňovitých

Zdroje genetických informací o čeledi *Cucurbitaceae* z pohledu růstu rostlin i rezistence vůči vybraným chorobám, včetně padlí dýňovitých, jsou shromažďovány North Carolina State University na portále Cucurbit Genetics Cooperative (<http://cuke.hort.ncsu.edu>). Nový seznam genů ovlivňujících růst a vývoj určitého hospodářsky významného druhu z čeledi dýňovitých je vydáván každý rok.

Geny rezistence vůči padlí dýňovitých na okurce seté (*C. sativus*) jsou shrnuty v tabulce 14. Studie ukazují, že na rezistenci vůči padlí (*Px*) se podílí více než jeden kontrolní gen (Fujieda a Akiya, 1962; Kooistra, 1968; Shanmugasundaram et al., 1971b IN Call a Wehner, 2010).

Tabulka 14. Geny rezistence *Cucumis sativus* popsané vůči *Podospaera xanthii* (převzato a upraveno z Call a Wehner, 2010, doplněno z Weng a Wehner, 2017)

Geny	Syn.	Charakteristika	zdroje	doplňující zdroje
<i>pm-1</i>	-	<i>powdery mildew resistance-1</i> Rezistence k <i>Px</i> pochází z kultivaru 'Natsufushinari'.	Fujieda and Akiya, 1962; Kooistra, 1971	Shanmugasunda rum et al., 1972
<i>pm-2</i>	-	<i>powdery mildew resistance-2</i> Rezistence k <i>Px</i> pochází z kultivaru 'Natsufushinari'	Fujieda and Akiya, 1962; Kooistra, 1971	Shanmugasunda rum et al., 1972
<i>pm-3</i>	-	<i>powdery mildew resistance-3</i> Rezistence k <i>Px</i> popsán na PI 200815 a PI 200818.	Kooistra, 1971	Shanmugasunda rum et al., 1972
<i>pm-h</i>	<i>s, pm</i>	<i>Hypocotyl resistance to powdery mildew</i> popsán na genotypch 'Wis. SMR 18'; 'Gy 2 cp cp', 'Spartan Salad' a 'Wis. 2757' Lokalizován na chromosomu 5; možná stejný jako gen <i>pm5.1</i>	Fanourakis, 1984; Shanmugasunda rum et al., 1971b	de Ruiter et al., 2008; He et al., 2013
<i>Pm1.1</i> *		<i>Powdery mildew resistance</i> Linie okurky ze severní Číny Jin5-508 Lokalizován na 41.1 kb region na chromosomu 1	Xu et al. 2016	
<i>pm5.1</i>	<i>CsMLO-1,</i> <i>CsMLO8,</i> <i>pm-h</i>	<i>Powdery mildew resistance</i> Popsán spolu s <i>pmh</i> .	Ni et al., 2015	

*Gen doplněn z Weng a Wehner, 2017

Na melounech (*C. melo*) bylo popsáno hned několik rezistentních genů vůči padlí. Genetické vazby mezi těmito geny stále nejsou objasněné (McCreight, 2006; Lebeda et al., 2016; Dogimont, 2011). Geny rezistence vůči oběma patogenům jsou uvedeny v tabulce 15.

Tabulka 15. Geny rezistence *Cucumis melo* popsané vůči *Podosphaera xanthii* a *Golovinomyces orontii* (převzato a upraveno z Dogimont, 2011, doplněno z Li et al, 2017; Zhu et al., 2018)

Geny	Syn.	Charakteristika	Zdroje
<i>Pm-1</i>	<i>Pm¹</i> <i>Pm-A</i>	<i>Powdery mildew resistance-1</i> Rezistence k <i>Px</i> rase 1 na genotypu PMR 5	Jageer et al., 1938
<i>Pm-2</i>	<i>Pm²</i> <i>Pm-C</i>	<i>Powdery mildew resistance-2</i> Rezistence k <i>Px</i> rase 2 v interakci s <i>Pm-1</i> na genotypu PMR 5	Bohn and Whitaker, 1964
<i>Pm-3</i>	<i>Pm³</i>	<i>Powdery mildew resistance-3</i> Rezistence k <i>Px</i> rase 1 na genotypu PI 124111	Hardwood and Markarian, 1968
<i>Pm-4</i>	<i>Pm⁴</i>	<i>Powdery mildew resistance-4</i> Rezistence k <i>Px</i> na genotypu PI 124112	Hardwood and Markarian, 1968
<i>Pm-5</i>	<i>Pm⁵</i>	<i>Powdery mildew resistance-5</i> Rezistence k <i>Px</i> na genotypu PI 124112	Hardwood and Markarian, 1968
<i>Pm-6</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-6</i> Rezistence k <i>Px</i> rase 2 na genotypu PI 124111	Kenigsbuch and Cohen, 1989
<i>Pm-7</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-7</i> Rezistence k <i>Px</i> rase 1 na genotypu PI 414723	Anagnostou et al., 2000
<i>Pm-8</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-8</i> Rezistence k <i>Px</i> rase <i>PxCh1</i> na genotypu PI 134198	Liu et al., 2010
<i>Pm-E</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-E</i> Interakce s <i>Pm-C</i> na PMR 5 vůči <i>Go</i>	Epinat et al., 1993
<i>Pm-F</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-F</i> Interakce s <i>Pm-G</i> na PI 124112 vůči <i>Go</i>	Epinat et al., 1993
<i>Pm-G</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-G</i> Interakce s <i>Pm-F</i> na PI 124112 vůči <i>Go</i>	Epinat et al., 1993
<i>Pm-H</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-H</i> Rezistence vůči <i>Go</i> a náchylnost <i>Px</i> ke genotypu Nantais Oblong	Epinat et al., 1993
<i>Pm-R</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-R</i> Rezistence k <i>Px</i> rasám 1, 2 a 5 na genotypu TGR-1551	Yuste-Lisbona et al., 2011
<i>pm-S</i>	-	<i>powdery mildew resistance-S</i> Rezistence k <i>Px</i> rase S na genotypu PI 313970	McCreight and Coffey, 2011
<i>Pm-w</i>	<i>Pm-B</i>	<i>Powdery mildew resistance-w</i> Rezistence k <i>Px</i> rase 2 na genotypu WMR 29	Pirat, 1991
<i>Pm-x</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-x</i> Rezistence k <i>Px</i> na genotypu PI 414723	Pirat, 1991
<i>Pm-x1, 3, 5*</i>		<i>Powdery mildew resistance-x</i> Rezistence k <i>Px</i> rasám 1, 5 a 3 na genotypu PI 414723	Fazza et al., 2013
<i>Pm-y</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-y</i> Rezistence k <i>Px</i> rase 2 na genotypu VA 435	Pirat, 1991; Périn et al., 2002
<i>Pm-z</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-z</i> Rezistence k <i>Px</i> rasám 1 a 2US na genotypu PI 313970	McCreight, 2003
<i>PmV.1</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-V.1</i> Rezistence k <i>Px</i> rasám 1, 2 a 3 na genotypu PI 124112	Perchepied et al., 2005
<i>PmXII.1</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-XII.1</i> Rezistence k <i>Px</i> rasám 1, 2 a 5 a <i>Go</i> rase 1 na genotypu PI 124112	Perchepied et al., 2005
<i>Pm-2F*</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-2F</i> Rezistence k <i>Px</i> rase 2F na genotypu K7-1	Zhang et al., 2012
<i>Pm-Edisto47*</i>	-	<i>Powdery mildew resistance-Edisto47</i> Rezistence k <i>Px</i> na genotypu Edisto 47	Ning et al., 2013
<i>Pm-px A/B*</i>	-	<i>Powdery mildew resistance- px A/B</i> Rezistence k <i>Px</i>	Fukino et al., 2008
<i>BPm12.1*</i>	-	<i>Powdery mildew resistance- BPm12.1</i> Rezistence k <i>Px</i>	Li et al., 2017

*Geny doplněny z Li et al, 2017 a Zhu et al., 2018

Geny rezistence na rodu *Cucurbita* spp. shrnuje tabulka 16. Jako efektivní zdroje rezistence vůči padlí dýňovitým by v budoucnu mohly být využity především planě rostoucí druhy tykví, jako např. druh *C. lundelliana* nebo *C. okeechobeensis* (Paris a Padley, 2014).

Genotypy skupiny *C. pepo* subsp. *texana* vykazují nižší rezistenci vůči padlí než genotypy *C. pepo* subsp. *pepo*, naopak však vyšší náchylnost k plísním (Lebeda a Křístková, 2000 IN Paris, 2016). Rezistentní geny *C. okeechobeensis* byly vneseny do genomu *C. pepo*, a takto vyšlechtěné druhy by se měly začít pěstovat komerčně (Jahn et al., 2002; Paris a Cohen, 2002; Formisano et al., 2010 IN Paris, 2016).

Tabulka 16. Geny rezistence rodu *Cucurbita* popsané vůči *Podosphaera xanthii* (převzato a upraveno z Paris a Padley, 2014)

Geny	Charakteristika	druh <i>Cucurbita</i>	zdroje
<i>Pm</i>	<i>Powdery mildew resistance</i> Resistance k <i>Px</i>	<i>lundelliana</i>	Rhodes, 1964
<i>Pm-0</i>	<i>Powdery mildew resistance-0</i> Resistance k <i>Px</i>	<i>okeechobeensis</i> <i>pepo</i>	Cohen et al., 2003 Contin, 1978 Jahn et al., 2002
<i>pm-1</i>	<i>powdery mildew resistance-1</i> Série 3 alel: <i>pm-1^P</i> pro náchylnost na genotypu 'Ponca' dominantní k <i>pm-1^L</i> pro rezistenci na genotypu 'La Primera', která je dominantní k <i>pm-1^W</i> pro náchylnost na 'Waltham Butternut'	<i>moschata</i>	Adenji et al., 1983
<i>pm-2</i>	<i>powdery mildew resistance-2</i> rezistentní na genotypu 'Seminole', recesivní ke genu <i>Pm-2</i> pro náchylné reakce	<i>moschata</i>	Adenji et al., 1983

Vodní melouny (*C. lanatus*) byly dlouho dobu považované za odolné vůči původním rasám *Px*, byl však u nich objeven gen s vysokou náchylností, který je popsán v tabulce 17 (Robinson et al., 1975 IN Wehner, 2012). Studie rezistence vůči rasám *Px* vedly k vyšlechtění několika genotypů s označením PI rodu *Citrullus* (Levi et al., 2016). Zjištění genových linií druhů *C. lanatus*, *C. mucospermus* a *C. amarus* s rezistencí vůči několika chorobám (např. padlí, *Phytophthora*) se využívá ke šlechtění vodních melounů. Mezi tyto genotypy patří PI 494531, PI 482326, PI 482328, PI 189225 a PI 532738. Studie ukazují, že znalosti genů *C. amarus* jsou cennými zdroji pro vývoj šlechtění vodního melounu (Levi et al., 2016)

Tabulka 17. Gen náchylnosti *Citrullus lanatus* popsaný vůči *Podosphaera xanthii* (převzato a upraveno z Wehner, 2012)

Geny	Charakteristika	Zdroje
<i>pm</i>	<i>powdery mildew susceptibility</i> náchylné k <i>Px</i> popsáno na PI 269677, 'Sugar Baby' a dalších genotypch <i>C. lanatus</i>	Robinson et al., 1975

3.5 Šlechtění rostlin na rezistenci

Využití genové rezistence ke šlechtění kulturních rostlin proti škůdcům a patogenům je důležitá součást integrované ochrany rostlin. Mezi hostitelskou rostlinou a patogenním organismem existuje řada složitých interakcí, které se v různých podmínkách projevují odlišně, jako například náchylnost, odolnost, hypersenzitivita, polní rezistence, tolerance, rasově specifická a nespecifická rezistence, trvalá rezistence (Lebeda, 1988; Lebeda et al., 2017).

Trvalá rezistence má obvykle polygenní základ dědičnosti a bývá řízena minor geny. Odrůdy s touto rezistencí pěstované na velkých plochách jsou obvykle odolné proti širokému spektru ras určitého patogena i při silném infekčním tlaku. Při hybridizaci a šlechtění rostlin na rezistenci se využívá několik metod: kombinační křížení, zpětné křížení, vícenásobné křížení, cyklické křížení, ramsch metoda, konvergentní křížení, metoda hromadného výběru a metoda individuálního výběru. Nejčastěji bývá využíváno kombinační křížení. V poslední době je častá i řada biotechnologických metod (Lebeda et al., 2017).

U patogenů s vnitrodruhovou variabilitou a hlavně u obligátních parazitů, jako jsou padlí nebo rzi, se využívá šlechtění na rasově specifickou rezistenci. Při tomto šlechtění se využívají geny s velkým účinkem. Tato rezistence však bývá překonána vznikem nových ras, popřípadě patotypů, patogena. Kombinační křížení je základní metodou šlechtění rasově specifické odolnosti. V rámci šlechtěného druhu se často kromě zdrojů rezistence využívají i zdroje z taxonomicky vzdálených druhů, také mezidruhová a mezirodová hybridizace. V případě, že vybíráme linie s různými geny rezistence, je zapotřebí mít k dispozici rasy patogena s vhodnými geny virulence. Například při zjišťování odolnosti vůči padlí trav se využívají syntetické odrůdy složené ze směsi odrůd nebo linií s různými geny rezistence (Lebeda et al., 2017).

Dlouhodobě zkoumané a dobře popsané jsou zdroje rezistence u pšenice seté (*Triticum aestivum*) proti *Blumeria graminis* f.sp. *tritici*. Rod *Triticum* L. patří do čeledi lipnicovité (*Poaceae*) a zahrnuje asi 20 druhů, kulturních i planě rostoucích. Systematické členění tohoto rodu je založeno na rozdílnostech genomu. Díky velké rozmanitosti je pěstována ve všech zeměpisných šířkách na jižní i severní polokouli. S rozšířením ozimé pšenice u nás vzrostl i počet nákaz padlím travním. V současnosti je evidováno 35 genů podmiňujících rezistenci pšenice vůči tomuto druhu padlí. Tyto geny se označují symbolem „Pm“ (z anglického Powdery mildew) a číslem, např. *Pm1*. Šlechtitelé ke zlepšení kvality pšenice využívají příbuzné druhy planě rostoucích i domestikovaných trav. Řada popsaných genů má i jiný

původ než u druhu *Triticum aestivum*. Například bylo do pšenice šlechtěním přeneseno rameno chromozomu 1RS žita, a tím byly získány geny rezistence *Pm7* a *Pm8* (Yahiaoui et al., 2004 IN Lebeda et al., 2017). Přehled popsáných genů rezistence u pšenice vůči *B. graminis* ukazuje tabulka 18.

Tabulka 18. Zdroje genů rezistence „*Pm*“ u pšenice proti *Blumeria graminis* f.sp. *tritici*

Geny rezistence	Zdroje rezistence
<i>Pm1a, b, c, d, e</i> <i>Pm3a, b, c, d, e, f, g, j</i> <i>Pm5c, Pm5d, Pm9, Pm10, Pm11, Pm14, Pm15, Pm18, Pm22,</i> <i>Pm23, Pm24, Pm28</i>	<i>Triticum aestivum</i>
<i>Pm2, Pm19</i>	<i>Aegilops squarosa</i>
<i>Pm3h</i>	<i>Triticum durum</i>
<i>Pm4a, Pm5a</i>	<i>Triticum dicoccum</i>
<i>Pm4b, Pm33</i>	<i>Triticum carthlicum</i>
<i>Pm6, Pm27, Pm37</i>	<i>Triticum timopheevii</i>
<i>Pm7, Pm8, Pm17, Pm20</i>	<i>Secale cereale</i>
<i>Pm12, Pm32</i>	<i>Aegilops speltoides</i>
<i>Pm13</i>	<i>Aegilops longissima</i>
<i>Pm16, Pm26, Pm30</i>	<i>Triticum dicoccoides</i>
<i>Pm21</i>	<i>Haynaldia villosa</i>
<i>Pm25</i>	<i>Triticum monococcum</i>
<i>Pm29</i>	<i>Aegilops ovata</i>
<i>Pm34, Pm35</i>	<i>Aegilops tauschii</i>

Obr. 21. Symptomy napadení listů pšenice (*Triticum aestivum*) padlím trav (*Blumeria graminis* f.sp. *tritici*) spojené s nekrotizací pletiva (foto: K. Hudec, Lebeda et al., 2017)



4 MATERIÁL A METODY

V praktické části mé diplomové práce jsem zpracovávala data o patogenní variabilitě vybraného souboru izolátů padlí dýňovitých z let 2013–2015 z území ČR, která mi byla poskytnuta pracovníky Katedry botaniky, Přírodovědecké fakulty Univerzity Palackého v Olomouci. Izoláty z roku 2016, které byly získány při sběrových expedicích pracovníky Katedry botaniky, jsem testovala na patogenní variabilitu pomocí nově navrženého systému Lebedou et al. (2008). Podrobná metodika testování je popsána v následující kapitole 4.2.

4.1 Zpracování dat o izolátech

Celkem byla v letech 2013 až 2015 na souboru 88 izolátů (35 *Go*, 53 *Px*) testována patogenní variabilita (patotypy i rasy) pracovníky Katedry botaniky (tabulka 1). V roce 2016 jsem testovala na patogení variabilitu 26 izolátů *Px*. Testované izoláty pocházely z různých hostitelských rostlin (tabulka 2). Izoláty pocházely ze sedmi krajů, dvaceti okresů a padesáti čtyř lokalit ČR. Vzorky padlí dýňovitých, z nichž byly získány izoláty druhů *Go* i *Px*, byly sbírány na zahradách, ve sklenících a na polích. Ze vzorků padlí dýňovitých pocházejících z roku 2016 byly testovány pouze *Px* izoláty. Druh *Go* se vyskytoval pouze ve směsi nebo v herbarizovaných vzorcích.

Patotypy byly testovány na souboru šesti genotypů čeledi *Cucurbitaceae* (Lebeda et al., 2008). Rasy byly testovány s využitím souboru jedenadvaceti diferenčních genotypů *Cucumis melo* (Lebeda et al., 2008). Hodnotící protokoly testování z let 2013 až 2015 a informace o testovaných izolátech (číslo izolátu, kraj, okres a lokalita sběru, hostitelská rostlina) z celého sledovaného období, které jsem zpracovávala v rámci této diplomové práce, mi byly poskytnuty RNDr. Boženou Sedlákovou, Ph.D. K jejich tabulárnímu a grafickému zpracování jsem využila Microsoft Office Excel 2010.

Tabulka 1. Počet izolátů obou patogenů (*Golovinomyces orontii* a *Podosphaera xanthii*) testovaných na patogenní variabilitu (patotypy i rasy) v letech 2013 až 2016 z území ČR.

Rok	Počet izolátů	
	<i>Go</i>	<i>Px</i>
2013	12	10
2014	4	32
2015	19	11
2016	0	26
Celkový počet izolátů	35	79

Tabulka 2. Původ testovaných izolátů *Golovinomyces orontii* a *Podosphaera xanthii* z let 2013 až 2016 z území ČR

Hostitelská rostlina	Počet izolátů	
	<i>Go</i>	<i>Px</i>
<i>Cucurbita pepo</i>	27	39
<i>Cucurbita maxima</i>	7	20
<i>Cucumis sativus</i>	0	7
<i>Cucumis melo</i>	1	3
<i>Cucurbita moschata</i>	0	5
<i>Cucurbita ficifolia</i>	0	1
<i>Lagenaria siceraria</i>	0	2
<i>Citrullus lanatus</i>	0	2

4.2 Testování patogenní variability

Rostlinný materiál

K určení patotypů padlí dýňovitých je využíván soubor 6 genotypů čeledi *Cucurbitaceae* (tabulka 3) a popisu ras 21 genotypů *Cucumis melo* (tabulka 4), jejichž semena byla vyseta ve skleníku do plastových květináčků o průměru 7 cm naplněných navlhčeným perlitem (Lebeda et al., 2008). Jakmile se na rostlinách vyvinuly děložní listy, byly přesazeny do květináčů se zahradní zeminou a zahradnickým substrátem v poměru 2:1. Sazenice byly pěstovány ve skleníku při teplotách 25°C/15°C (den/noc), 12-ti hodinové fotoperiodě, denně zalévány a 1x týdně přihnojovány (Kristalon Start – NU3 B. V., Vlaardingen, Nizozemsko). Obdobně byly vysety a napěstovány semena odrůd dýně obecné (*Cucurbita pepo*) Diamant F1, melounu cukrového (*Cucumis melo*) Solartur, popřípadě okurky seté (*Cucumis sativus*) Perseus F1, které sloužily jako náchylná kontrola v testech. Listy pro přípravu listových disků na testy byly odebírány z šesti až osmi týdnů starých rostlin (ve stádiu 3–6 pravého listu) (Lebeda, 1986; Lebeda a Sedláková, 2010).

Tabulka 3. Soubor šesti diferenačních genotypů čeledi *Cucurbitaceae* diferenačního souboru pro detekci patotypů padlí dýňovitých (Lebeda et al., 2008)

Číslo	Diferenační druh	Diferenační genotyp
1	<i>Cucumis sativus</i> (okurka setá)	Marketer 430
2	<i>Cucumis melo</i> (meloun cukrový)	Védraçais
3	<i>Cucumis melo</i> (meloun cukrový)	PMR 45
4	<i>Cucurbita pepo</i> (tykev obecná)	Kveta
5	<i>Cucurbita maxima</i> (tykev velkoplodá)	Goliáš
6	<i>Citrullus lanatus</i> (vodní meloun)	Sugar Baby

Tabulka 4. Soubor 21 diferenčních genotypů *Cucumis melo* diferenčního souboru pro detekci ras padlí dýňovitých (převzato a upraveno z Lebeda et al., 2016)

Genotypy diferenčního souboru			Původ	
Pořadové číslo	Genotyp	Jiné označení	Zdroj	Stát
1.1	Iran H	–	INRA	Iran
1.2	Védrantais	M 319	INRA	France
1.3	PI 179901	Teti	USDA	India
1.4	PI 234607	Sweet Melon	USDA	South Africa
1.5	AR HBJ	AR Hale's Best Jumbo	USDA	USA
1.6	PMR 45	M 321	USDA	USA
1.7	PMR 6	Ames 26810	USDA	USA
2.1	WMR 29	M 322	USDA	USA
2.2	Edisto 47	NSL 34600	Clemson Univ.	USA
2.3	PI 414723	LJ 90234	USDA	India
2.4	PMR 5	Ames 26809	USDA	USA
2.5	PI 124112	Koelz 2564	USDA	India
2.6	MR-1	Ames 8578	USDA	USA
2.7	PI 124111	Koelz 2563	USDA	India
3.1	PI 313970	90625; VIR 5682	USDA	India
3.2	Noy Yizre'el	–	Bar Ilan Univ.	Israel
3.3	PI 236355	–	USDA	England
3.4	Negro	–	Univ. Zaragoza	Spain
3.5	Amarillo	–	Univ. Zaragoza	Spain
3.6	Nantais Oblong	M 320	INRA	France
3.7	Ames 31282	–	USDA	China

Diferenční genotypy *C. melo* zveřejněné Katedrou Botaniky, Univerzity Palackého v Olomouci (Česká republika) a ARS, USDA, Salinas, California (USA)

M 319–322 = původní označení podle M. Pitrat, INRA, Montfavet, Francie; poskytnuty A. Lebedou v roce 1997

INRA = L'Institut National de la Recherche Agronomique, Montfavet (Francie)

USDA = United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service; informace dostupné na stránkách National Genetic Resources Program, Germplasm Resource Information Network (GRIN), http://www.ars-grin.gov/npgs/acc/acc_queries.html

Uchovávání izolátů padlí dýňovitých použitých k testování

Dále byla pěstována semena náchylné odrůdy melounu cukrového (*C. melo*) Solartur, popřípadě okurky seté (*C. sativus*) Perseus F1, na kterých se kultury padlí dýňovitých uchovávaly a namnožovaly na testy, která byla nejprve vyseta ve skleníku do plastových kelímků o průměru 7 cm naplněných navlhčeným perlitem. Jakmile se u těchto sazenic plně vyvinuly děložní listy, byly přepíchány po dvou rostlinkách do kelímků (o průměru 7 cm) s navlhčeným perlitem. Ve skleníku byly takto připravené sazenice nechány do doby, než budou použity k přeočkování uchovávaných izolátů.

Kultury padlí dýňovitých byly uchovávány na děložních lístcích náchylných odrůd v průhledných plastových krabičkách přikrytých plastovými víky ve fytotronu. Zde byly kultivovány při inkubační teplotě 18/22°C (den/noc) a fotoperiodě 12 hodin. Obvykle po čtrnácti dnech byly kultury padlí dýňovitých přeočkovány na nové semenáčky, kdy byly

konidie přeneseny pouhým přiložením listu s udržovanou kulturou izolátu na děložní listky nového semenáčku náchylné odrůdy (Lebeda a Sedláková, 2010).

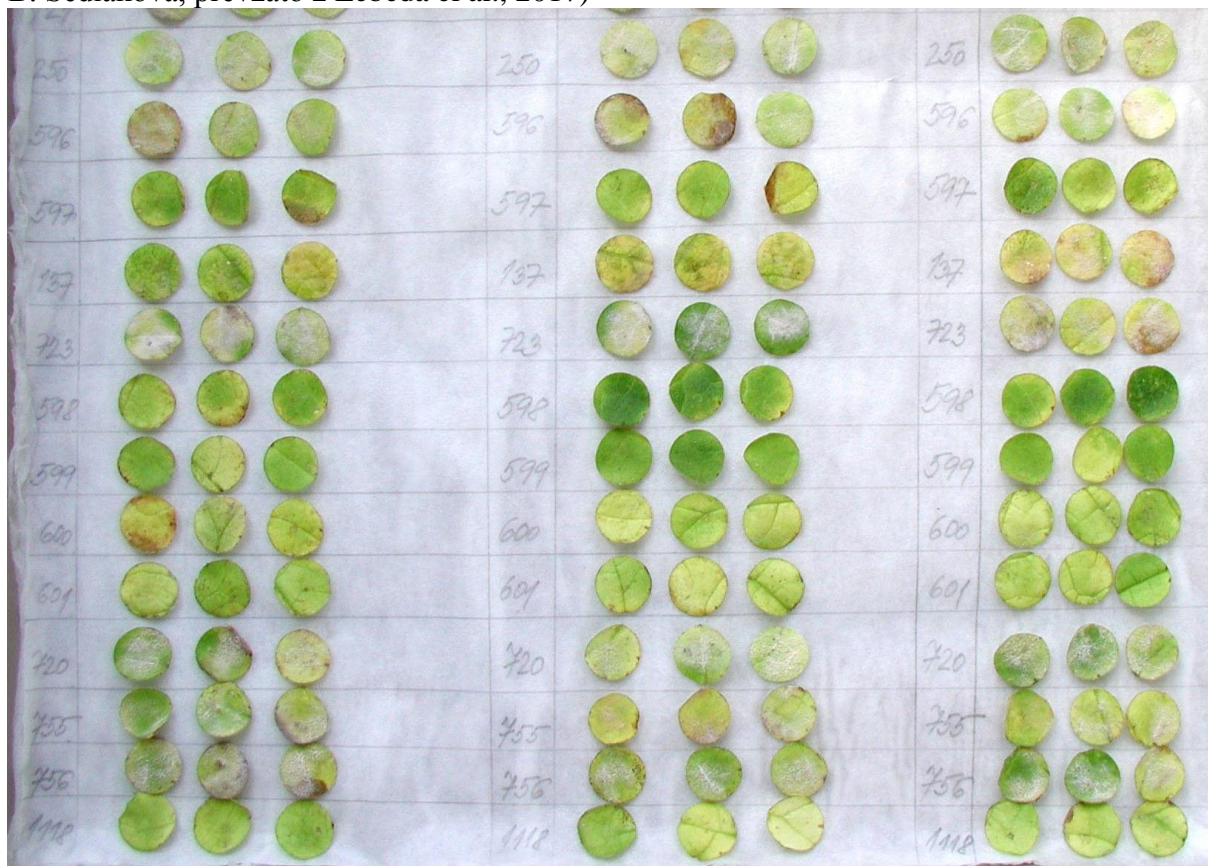
Determinace patotypů a ras

K popisu patotypů a ras testovaných izolátů padlí dýňovitých byla využita metoda listových disků (Bertrand et al., 1992; Lebeda, 1986; Lebeda and Sedláková, 2010). Korkovrtem byly připraveny z listů všech rostlin diferenciačního souboru terčiky o průměru 15 mm, které byly umístěny spodní stranou listu na navlhčený filtrační papír podložený tenkou vrstvou buničité vaty do plastových táčů (360x320x65 mm). Z každého genotypu bylo na jeden test použito devět disků (Obr. 1). Listové disky byly naočkovány (inokulovány) daným izolátem *Px* přiložením děložního lístku pokrytého sporulujícím myceliem. Inkubace probíhala za stejných podmínek jako uchovávání izolátů.

Patotypy byly popisovány pomocí nového diferenciačního souboru uvedeného v tabulce 3 navrženého Lebedou et al. (2008). Sextetový kód pro popis patotypu je dán součtem hodnot pevně přidělených jednotlivým genotypům diferenciačního souboru při náchylné reakci. Při rezistentní reakci měly genotypy nulovou hodnotu, při náchylné reakci nabývaly hodnot 1, 2, 4, 8, 16 a 32 v pevně daném pořadí genotypů.

K determinaci ras testovaných izolátů byl použit diferenciační soubor uveden v tabulce 4 navržený taktéž Lebedou et al. (2008) obsahující 21 genotypů *C. melo* v opět striktně daném pořadí, rozdělený do tří skupin po sedmi genotypech. Jednotlivým genotypům jsou pevně přiděleny hodnoty 1, 2, 4, 8, 16, 32 a 64, ty se při náchylné reakci započítají do výsledného septetového kódu složeného ze tří částí ve formátu: součet hodnot skupiny jedna. součet hodnot skupiny dvě. součet hodnot skupiny tři, například 23.8.116. Takto vytvořený septetový kód je pak unikátní pro každou detekovanou rasu.

Obr. 1. Hodnocení spolurace padlí dýňovitých na listových discích genotypů diferenciačního souboru čeledi *Cucurbitaceae* (pro detekci patotypů) a *Cucumis melo* (pro detekci ras) (foto B. Sedláková, převzato z Lebeda et al., 2017)



Hodnocení intenzity sporulace

Na jednotlivých discích byla v rozmezí 5. a 14. dne od naočkování vizuálně zjišťována intenzita sporulace ve 2 až 4 denních intervalech. K vyhodnocení byla použita metoda kvantitativní, při které se využitím pěti-bodové stupnice intenzity sporulace navržené Lebedou (1984) vyjadřuje procentuální pokrytí listové plochy disků sporulujícím myceliem houby (SN - stupeň napadení, škála 0–4): 0 (bez příznaků), 1 (pokryto méně než 25 % plochy listového disku), 2 (pokryto 25–50 % plochy), 3 (50–75 % plochy), 4 (pokryto více než 75 %), obr. 2. Reakce testovaných genotypů v rozsahu hodnot 0–1 byla klasifikována jako rezistentní (0), reakce 2–4 náchylná (1).

Obr. 2. Detail listových disků *Cucumis melo* s různými stupni napadení (SN 0–4) 14 dnů po inokulaci *Golovinomyces orontii* (Lebeda et al., 2017)



Dále byl u testovaných izolátů popisován tzv. stupeň patogenity (počet virulentních faktorů – VF). Virulence je individuální vlastnost patogenu, která vyjadřuje míru patogenity. Virulenční faktor (VF) ras je dán počtem náchylných reakcí patogenu na diferenciačním souboru genotypů *C. melo*. Maximální počet virulentních faktorů je 21, což je počet genotypů *C. melo* v diferenciačním souboru navrženým Lebedou et al. (2008). Celkem rozlišujeme tři kategorie virulence: nízká virulence (počet VF 1–7), střední (VF 8–14) a vysoká (VF 15–21).

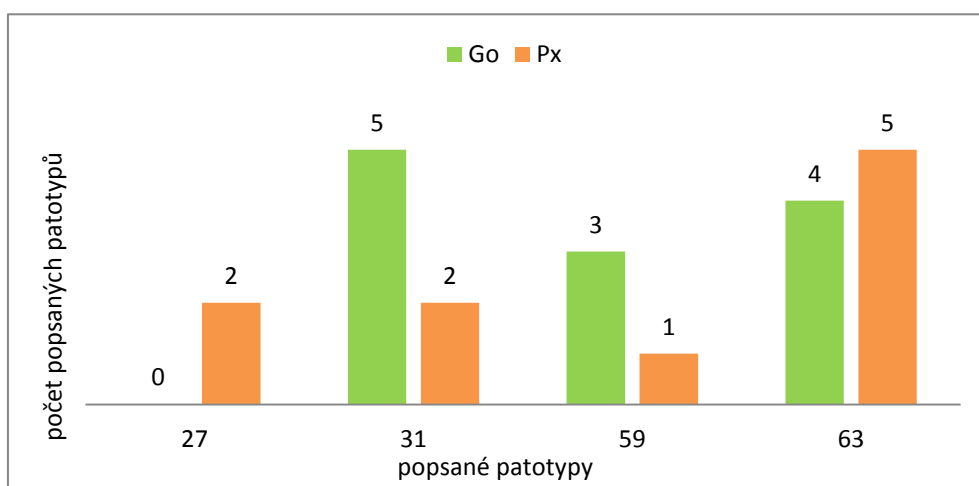
5 VÝSLEDKY

V této kapitole jsou shrnuty výsledky studia patogenní variability původců padlí dýňovitých (*Golovinomyces orontii* a *Podosphaera xanthii*) na území České republiky (ČR) za období let 2013 až 2016.

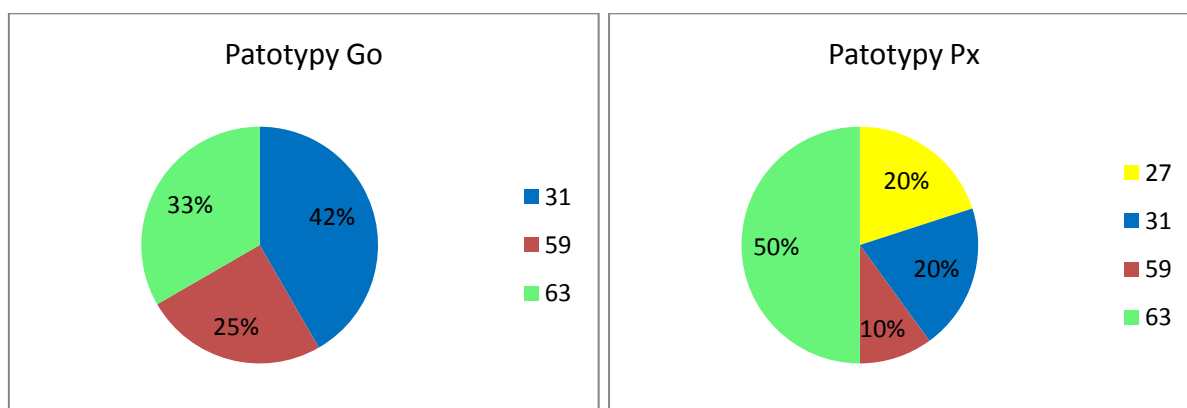
5.1 Patogenní variabilita padlí dýňovitých v roce 2013 v ČR

V roce 2013 byly na území ČR determinovány celkem 4 patotypy na souboru 22 izolátů (12 *Go* a 10 *Px*). Tři patotypy byly popsány u *Go* (31, 59 a 63) a čtyři patotypy byly určeny u *Px* (27, 31, 59 a 63), počty popsáných patotypů popisují grafy 1A–C. Celkem tři patotypy byly popsány u obou původců padlí dýňovitých.

Graf 1A Přehled patotypů popsáných v roce 2013 na *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*)



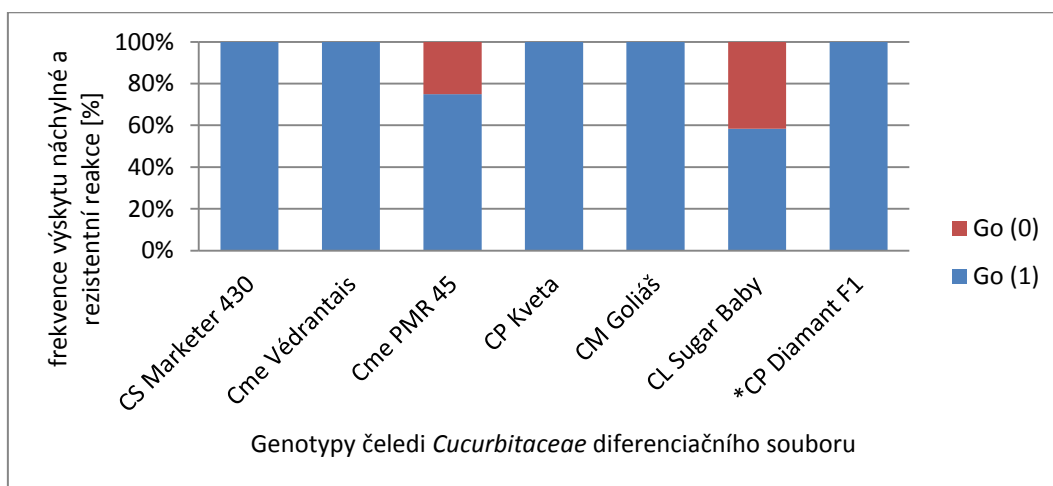
Grafy 1B,C Přehled patotypů popsáných v roce 2013 na testovaných izolátech *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) (vyjádřeno v %)



Celkem otestováno v roce 2013: 12 izolátů *Go* (100 %) a 10 izolátů *Px* (100 %)

Z grafů 1D–E je zřejmé, že v roce 2013 byly v české populaci padlí dýňovitých pozorovány rozdíly v četnosti výskytu náchylné a rezistentní reakce u některých diferenciačních genotypů čeledi *Cucurbitaceae*. Jednalo se o genotypy PMR 45 (*C. melo*) a Sugar Baby (*C. lanatus*). U ostatních diferenciačních genotypů u obou patogenů byla vždy náchylná reakce.

Graf 1D Srovnání frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů čeledi *Cucurbitaceae* diferenciačního souboru pro detekci patotypů na testované izoláty *Golovinomyces orontii* v roce 2013 (vyjádřeno v %)

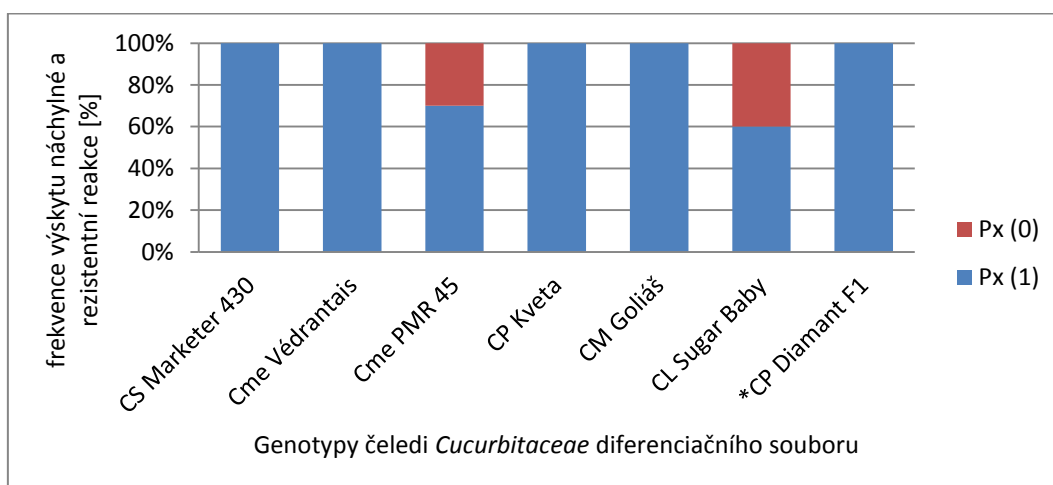


Celkem otestováno v roce 2013: 12 izolátů *Go* (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*CP Diamant F1 – genotyp není součástí dif. souboru pro popis patotypů navrhovaného Lebedou et al. (2008)

Graf 1E Srovnání frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů čeledi *Cucurbitaceae* diferenciačního souboru pro detekci patotypů na testované izoláty *Podosphaera xanthii* v roce 2013 (vyjádřeno v %)



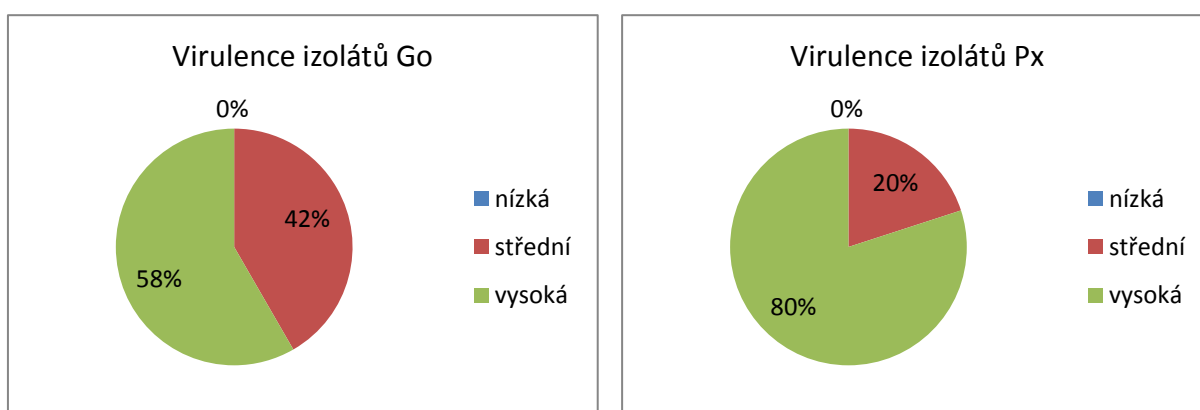
Celkem otestováno v roce 2013: 10 izolátů *Px* (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*CP Diamant F1 – genotyp není součástí dif. souboru pro popis patotypů navrhovaného Lebedou et al. (2008)

V roce 2013 byly mezi oběma druhy pozorovány rozdíly ve virulenci (grafy 1F–G) a také v náchylnosti některých genotypů diferenciačního souboru. Celkem bylo v tomto roce determinováno 19 různých ras. Na souboru 12 izolátů *Go* bylo rozlišeno 12 ras. Převažovaly rasy s vysokou virulencí (7 izolátů) a střední (5 izolátů). U druhu *Px* bylo rozpoznáno 8 ras na 10 izolátech, 2 izoláty s rasou střední virulence, 8 izolátů s vysokou virulencí. Ani u jednoho druhu nebyla popsána rasa s nízkou virulencí. Pouze jediná společná rasa se vyskytla u obou druhů padlí dýňovitých, byla to rasa 127.127.127, tedy rasa s VF 21, maximální virulencí.

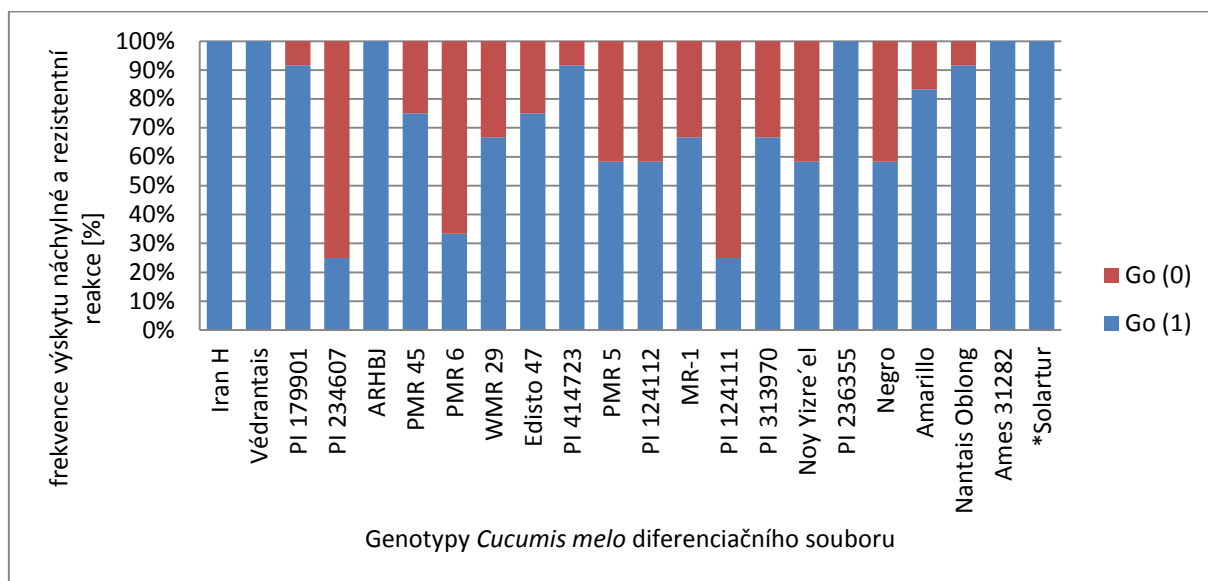
Grafy 1F,G Poměr výskytu virulentních faktorů u izolátů *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) v roce 2013 (vyjádřeno v %)



Celkem otestováno v roce 2013: 12 izolátů *Go* (100%) a 10 izolátů *Px* (100%)
 Max VF 21, virulence nízká (VF 1–7), střední (VF 8–14), vysoká (VF 15–21)

Z grafů 1H–I je patrné, že v roce 2013 byly zaznamenány v české populaci padlí dýňovitých rozdíly v četnosti výskytu náchylné reakce, nejen mezi jednotlivými diferenciačními genotypy, ale také u některých diferenciačních genotypů mezi oběma druhy padlí dýňovitých. Nejvýrazněji se oba druhy lišily v reakci vůči těmto diferenciačním genotypům: PI 234607, PMR 6, PMR 5, PI 124111, Negro a Amarillo, kdy izoláty *Px* vykazovaly ve všech případech vyšší procento náchylné reakce na jednotlivých genotypech.

Graf 1H Frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů *Cucumis melo* diferenciačního souboru v reakci na testované izoláty *Golovinomyces orontii* v roce 2013 (vyjádřeno v %)

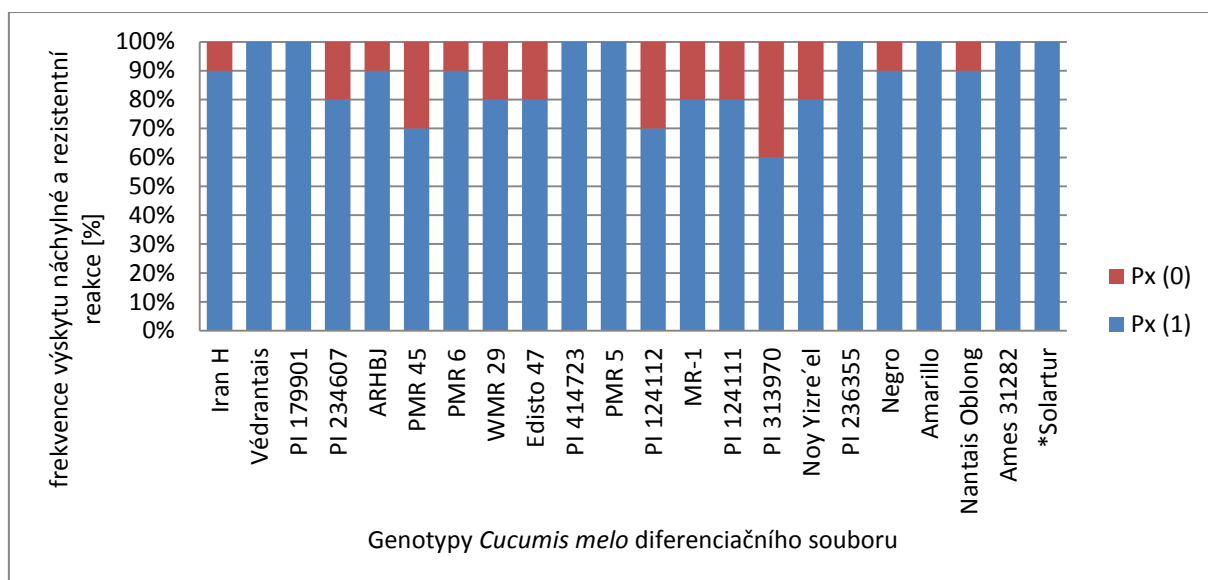


Celkem otestováno *Go* v roce 2013: 12 izolátů (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*Solartur – tento genotyp není součástí diferenciačního souboru pro popis ras navrhaného Lebedou et al. (2008)

Graf 1I Frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů *Cucumis melo* diferenciačního souboru v reakci na testované izoláty *Podosphaera xanthii* v roce 2013 (vyjádřeno v %)



Celkem otestováno *Px* v roce 2013: 10 izolátů (100%)

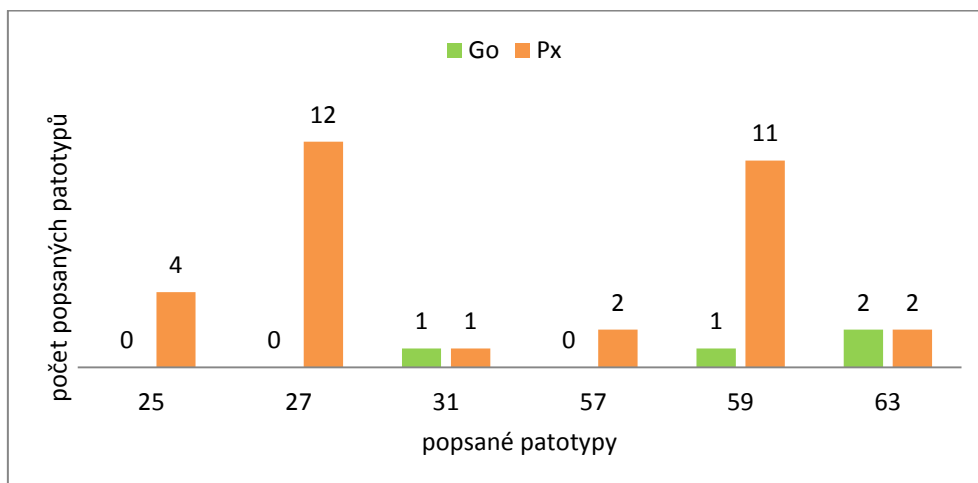
0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*Solartur – tento genotyp není součástí diferenciačního souboru pro popis ras navrhaného Lebedou et al. (2008)

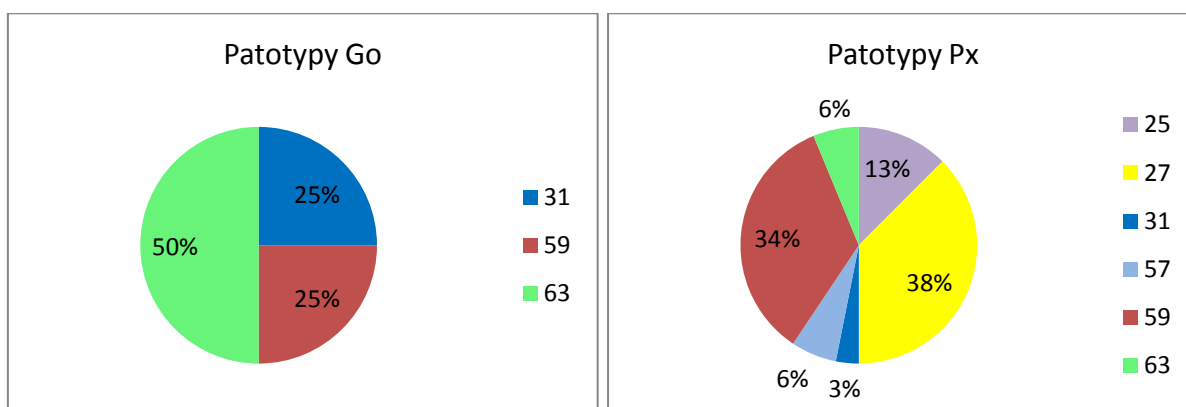
5.2 Patogenní variabilita padlí dýňovitých v roce 2014 v ČR

V roce 2014 bylo popsáno šest patotypů, tři patotypy na celkem 4 izolátech *Go* a všech šest patotypů na 32 izolátech *Px*. U druhu *Go* se dvakrát objevil patotyp 63, což je patotyp s nejvyšší virulencí, dále patotypy 31 a 59. U *Px* byly nejčastěji popsány patotypy 27 a 59, méně často pak patotypy 25, 31, 57 a 63. Výskyt jednotlivých patotypů ukazují grafy 2A–C.

Graf 2A Přehled patotypů popsáných v roce 2014 na *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*)



Grafy 2B,C Přehled patotypů popsáných v roce 2014 na testovaných izolátech *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) (vyjádřeno v %)

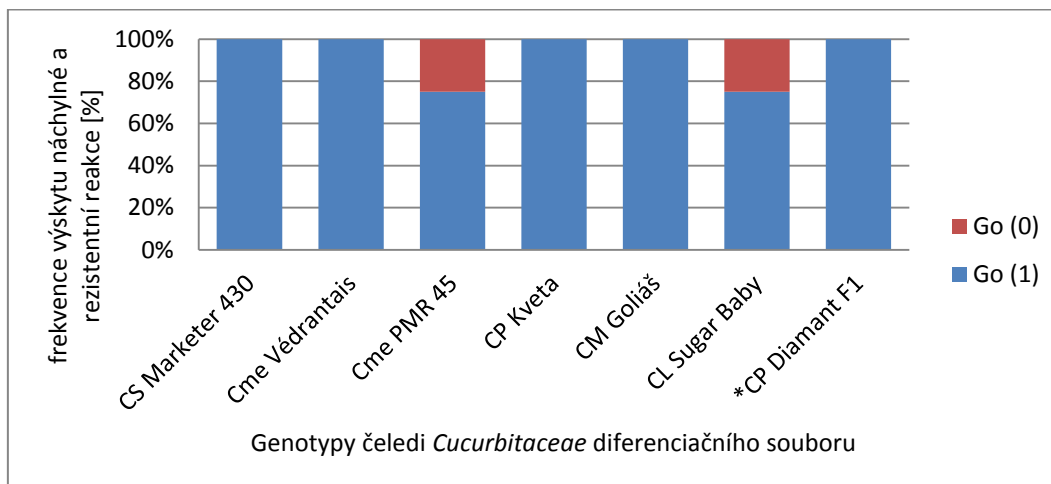


Celkem otestováno v roce 2014: 4 izoláty *Go* (100%) a 32 izolátů *Px* (100%)

Rozdíly v počtu náchylných a rezistentních reakcích u některých genotypů diferenciačního souboru v roce 2014 popisují grafy 2D–E. Tyto rozdíly byly největší u genotypu PMR 45 (*C. melo*), který měl u izolátů *Go* vysokou náchylnost, naopak u izolátů *Px* velmi nízkou, podobně Sugar Baby (*C. lanatus*) vykazoval u *Go* vysokou náchylnost, u *Px*

pouze u necelé poloviny izolátů. Rozdíl byl také v náchylnosti genotypu Védraçais (*C. melo*), který byl náchylný u všech izolátů *Go*, u *Px* však vykazoval i rezistentní reakce.

Graf 2D Srovnání frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů čeledi *Cucurbitaceae* diferenčního souboru pro detekci patotypů na testované izoláty *Golovinomyces orontii* v roce 2014 (vyjádřeno v %)

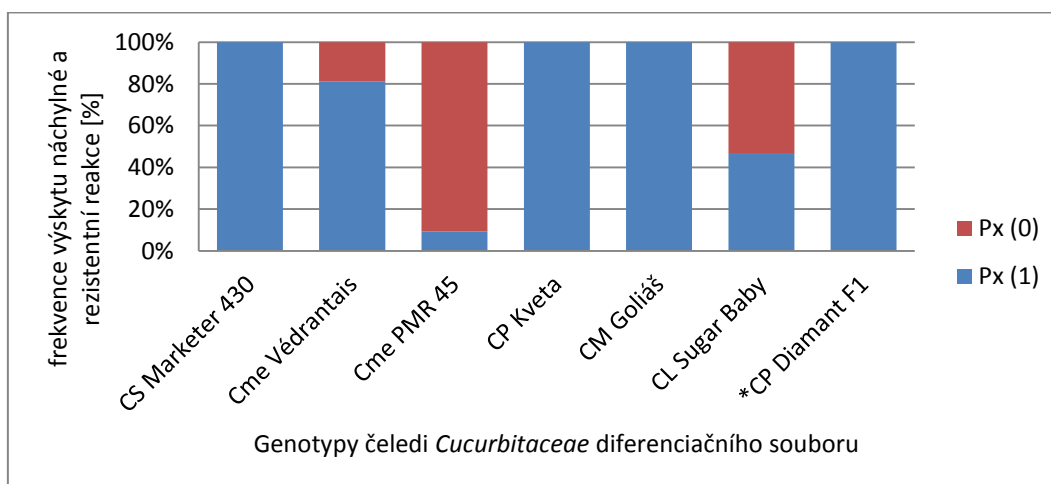


Celkem otestováno v roce 2014: 4 izoláty *Go* (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*CP Diamant F1 – genotyp není součástí dif. souboru pro popis patotypů navrhaného Lebedou et al. (2008)

Graf 2E Srovnání frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů čeledi *Cucurbitaceae* diferenčního souboru pro detekci patotypů na testované izoláty *Podosphaera xanthii* v roce 2014 (vyjádřeno v %)



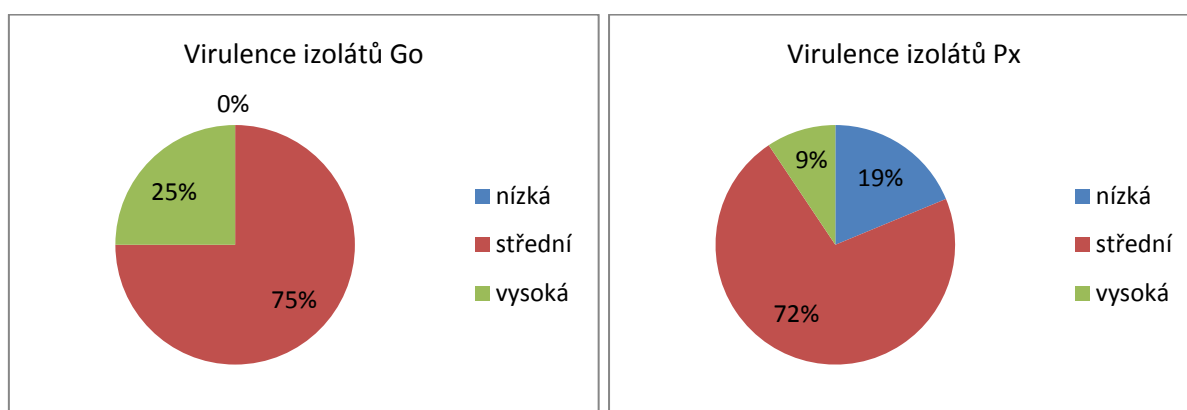
Celkem otestováno v roce 2014: 32 izolátů *Px* (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*CP Diamant F1 – genotyp není součástí dif. souboru pro popis patotypů navrhaného Lebedou et al. (2008)

Celkem bylo v tomto roce popsáno 29 ras padlých dýňovitých. Na čtyřech izolátech druhu *Go* byly popsány čtyři různé rasy. Tři rasy měly střední virulentní faktor, jedna vysoká. Na izolátech *Px* bylo popsáno 25 ras, nejvíce, celkem 4x, se opakovala rasa 23.0.124, což je rasa se středním virulentním faktorem. U popsáných ras byla převaha střední virulence (23x), nízká byla popsána celkem 6x a vysoká 3x, procentuální zastoupení ukazují grafy 2F–G. Žádná rasa nebyla popsána u obou patogenů současně.

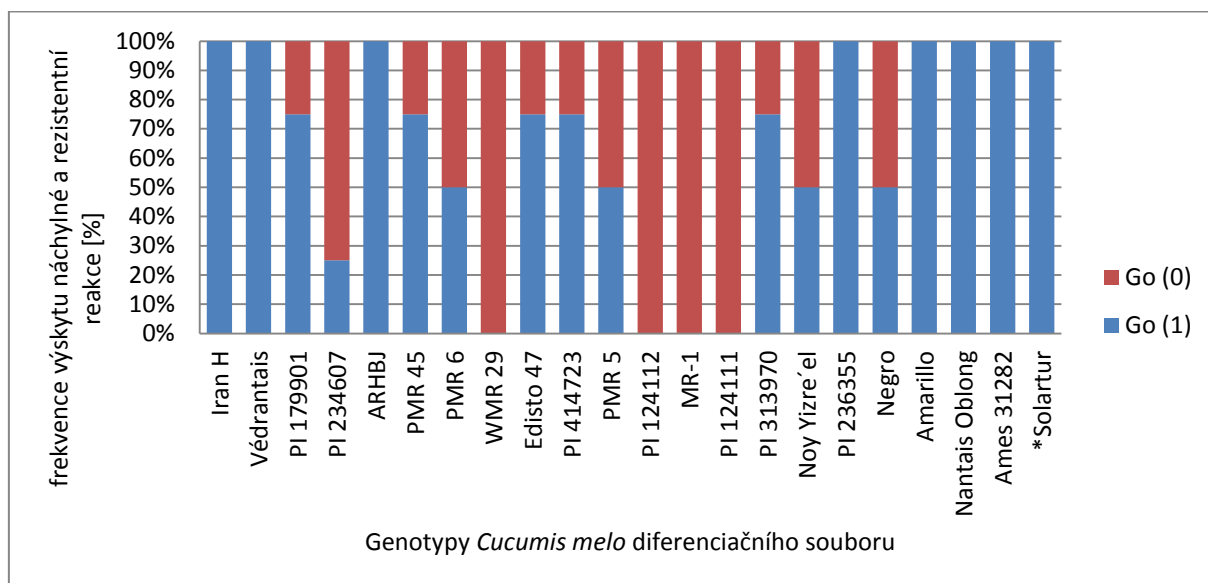
Grafy 2F,G Poměr výskytu virulentních faktorů u izolátů *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) v roce 2014 (vyjádřeno v %)



Celkem otestováno v roce 2014: 4 izoláty *Go* (100%) a 32 izolátů *Px* (100%)
 Max VF 21, virulence nízká (VF 1–7), střední (VF 8–14), vysoká (VF 15–21)

Grafy 2H–I popisují reakce na jednotlivých genotypech. Byly popsány značné rozdíly v reakcích mezi oběma druhy a na jednotlivých genotypech, kde bylo více rezistentních reakcí než v předchozím roce. Genotypy WMR 29, PI 124112, MR-1 a PI 124111 byly rezistentní vůči celému souboru izolátů druhu *Go* a genotypy PI 234607 a PI 124112 vůči celému souboru *Px* izolátů. Naopak vždy náchylné byly genotypy Iran H, Védrantais, ARHBJ, PI 236355, Amarillo, Nantais Oblong, Ames 31282 a Solartur na souboru *Go*, u druhu *Px* genotypy PI 236355, Nantais Oblong, Ames 31282 a Solartur. Velké rozdíly ve frekvenci výskytu náchylné a rezistentní reakce mezi oběma patogeny byly popsány na genotypch PMR 45, PMR 6, Edisto 47, PI 414723, PI 313970 a Noy Yizre'el, u kterých vždy vyšší náchylnost genotypů byla popsána vůči izolátům *Go*, opačná situace nastala u genotypu Negro, který měl vyšší procento náchylné reakce u izolátů *Px*.

Graf 2H Frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů *Cucumis melo* diferenciačního souboru v reakci na testované izoláty *Golovinomyces orontii* v roce 2014 (vyjádřeno v %)

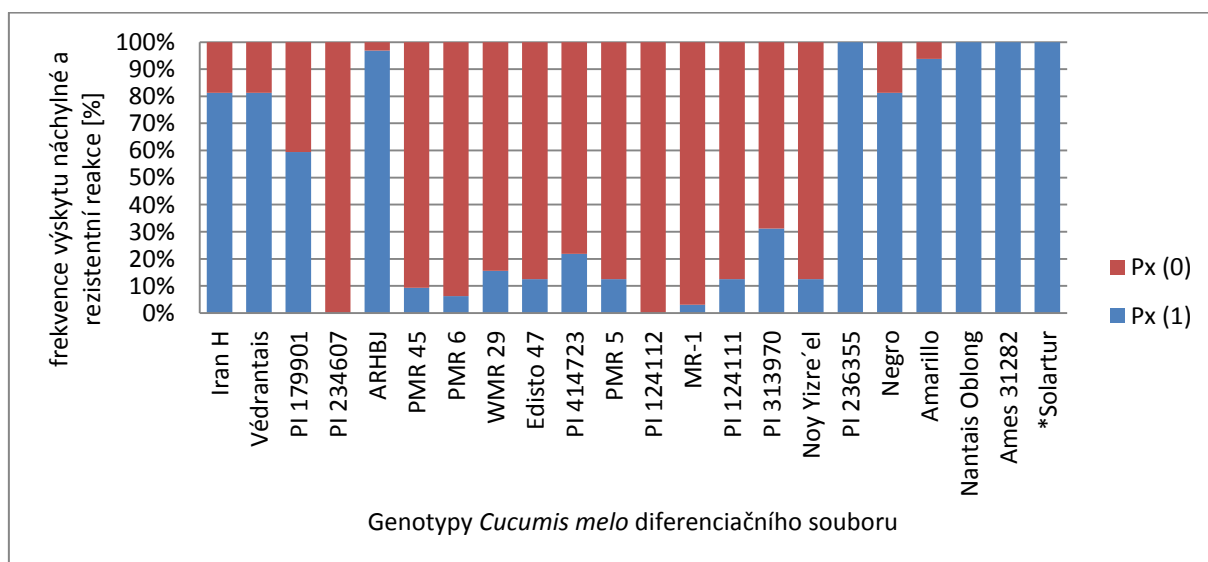


Celkem otestováno *Go* v roce 2014: 4 izoláty (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*Solartur – tento genotyp není součástí diferenciačního souboru pro popis ras navrhovaného Lebedou et al. (2008)

Graf 2I Frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů *Cucumis melo* diferenciačního souboru v reakci na testované izoláty *Podosphaera xanthii* v roce 2014 (vyjádřeno v %)



Celkem otestováno *Px* v roce 2014: 32 izolátů (100%)

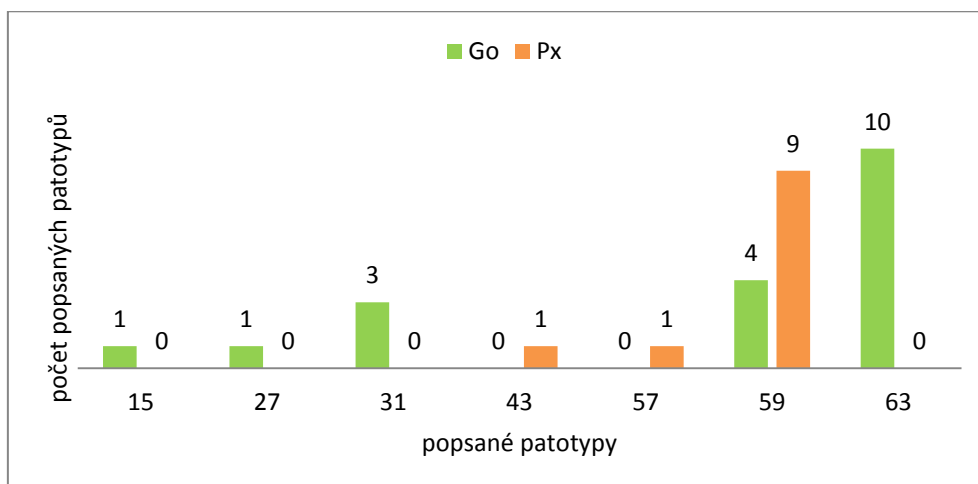
0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*Solartur – tento genotyp není součástí diferenciačního souboru pro popis ras navrhovaného Lebedou et al. (2008)

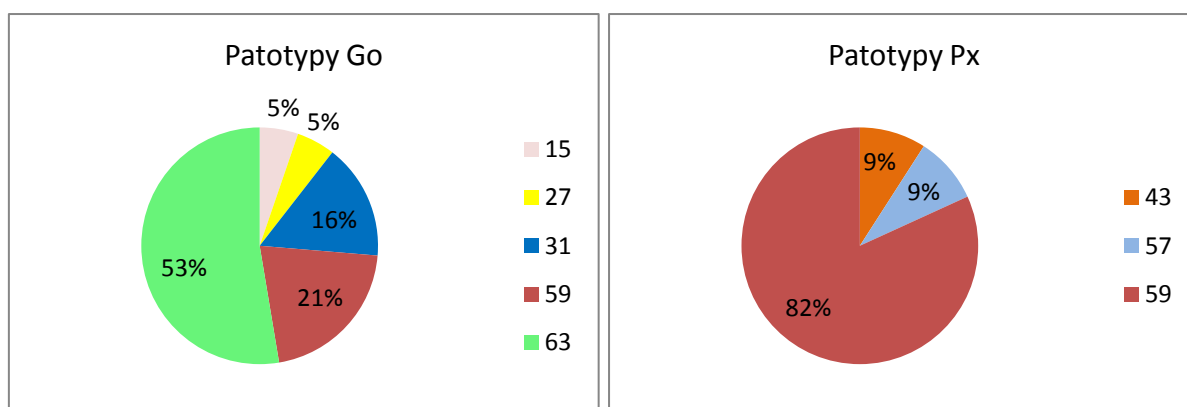
5.3 Patogenní variabilita padlí dýňovitých v roce 2015 v ČR

V roce 2015 bylo celkem popsáno 7 patotypů na 30 izolátech. Pět patotypů bylo popsáno na souboru 19 izolátů *Go*, nejčastější byl patotyp označený kódem 63 (10x), tedy patotyp s nejvyšší virulencí. Na souboru 11 izolátů *Px* byly popsány tři patotypy, nejčastěji, celkem 9x, patotyp s kódem 59, opět patotyp s vysokou virulencí. Tento patotyp, tedy 59, byl v tomto roce popsán u obou patogenů. Popsané patotypy ukazují grafy 3A–C.

Graf 3A Přehled patotypů popsáných v roce 2015 na *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*)



Grafy 3B,C Přehled patotypů popsáných v roce 2015 na testovaných izolátech *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) (vyjádřeno v %)

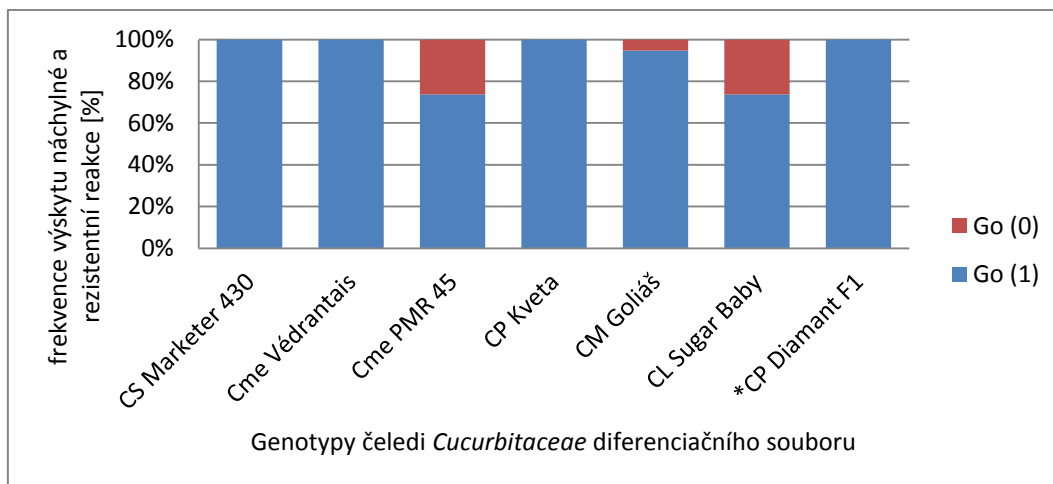


Celkem otestováno v roce 2015: 19 izolátů *Go* (100%) a 11 izolátů *Px* (100%)

Z grafů 3D–E je vidět rozdíl v četnosti výskytu náchylné reakce na genotypech diferenciačního souboru, a to hlavně u genotypu PMR 45 (*C. melo*), který u izolátů *Px*

se ukazoval jako zcela rezistentní, naopak genotyp Sugar baby (*C. lanatus*) byl vždy náchylný u těchto izolátů, kdežto u izolátů *Go* byl v pěti případech rezistentní. Malé rozdíly v četnosti rezistentní reakce byly také popsány na genotypech Védraçais (*C. melo*) a Goliáš (*C. maxima*).

Graf 3D Srovnání frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů čeledi *Cucurbitaceae* diferenciačního souboru pro detekci patotypů na testované izoláty *Golovinomyces orontii* v roce 2015 (vyjádřeno v %)

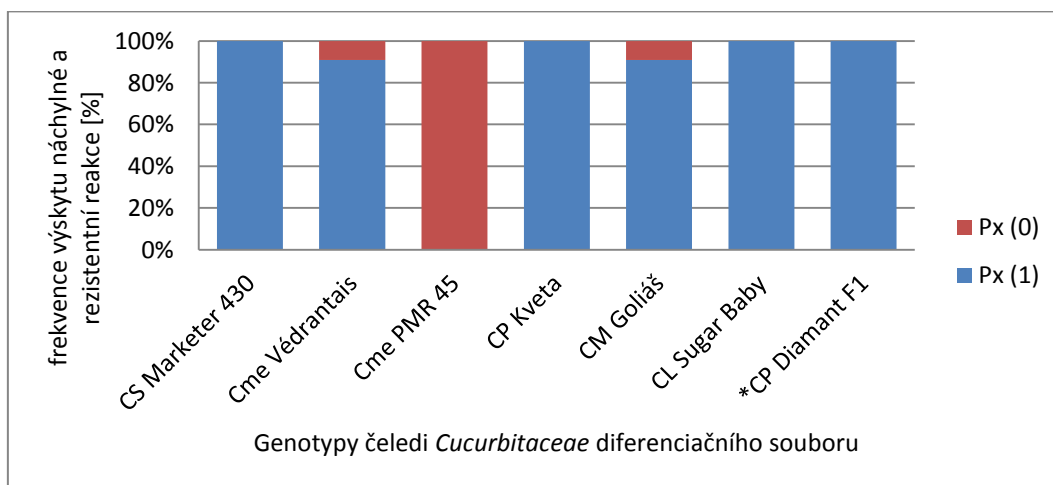


Celkem otestováno v roce 2015: 19 izolátů *Go* (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*CP Diamant F1 – genotyp není součástí dif. souboru pro popis patotypů navrhovaného Lebedou et al. (2008)

Graf 3E Srovnání frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů čeledi *Cucurbitaceae* diferenciačního souboru pro detekci patotypů na testované izoláty *Podosphaera xanthii* v roce 2015 (vyjádřeno v %)



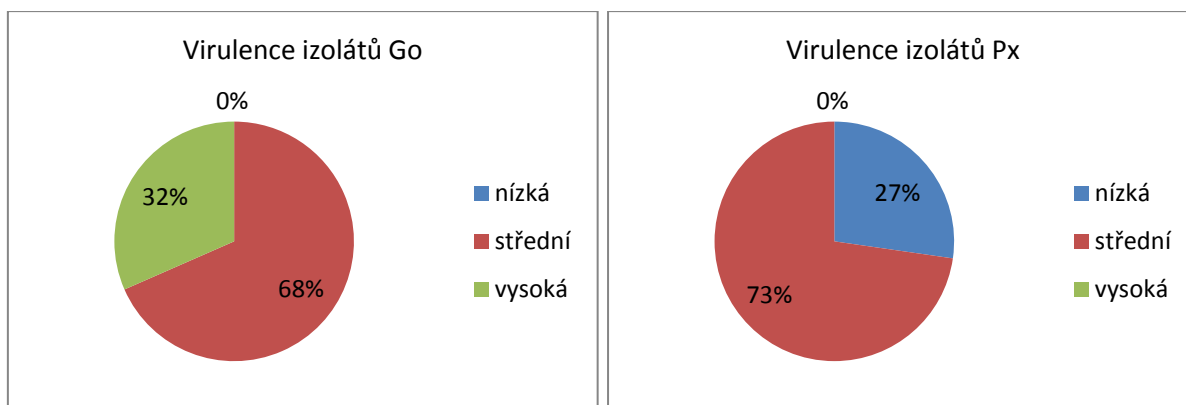
Celkem otestováno v roce 2015: 11 izolátů *Px* (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*CP Diamant F1 – genotyp není součástí dif. souboru pro popis patotypů navrhovaného Lebedou et al. (2008)

Patogenní variabilita na úrovni ras byla v tomto roce velmi variabilní, na celkem 30 izolátech bylo rozlišeno 29 ras. Pouze jedna rasa se opakovala, a to u druhu *Px* rasa 22.0.125. Převažovaly u obou patogenů rasy se střední virulencí (13 izolátů *Go*, 8 *Px*), ale u druhu *Go* bylo zbylých šest izolátů s vysokou virulencí u druhu *Px* tři izoláty s nízkou virulencí.

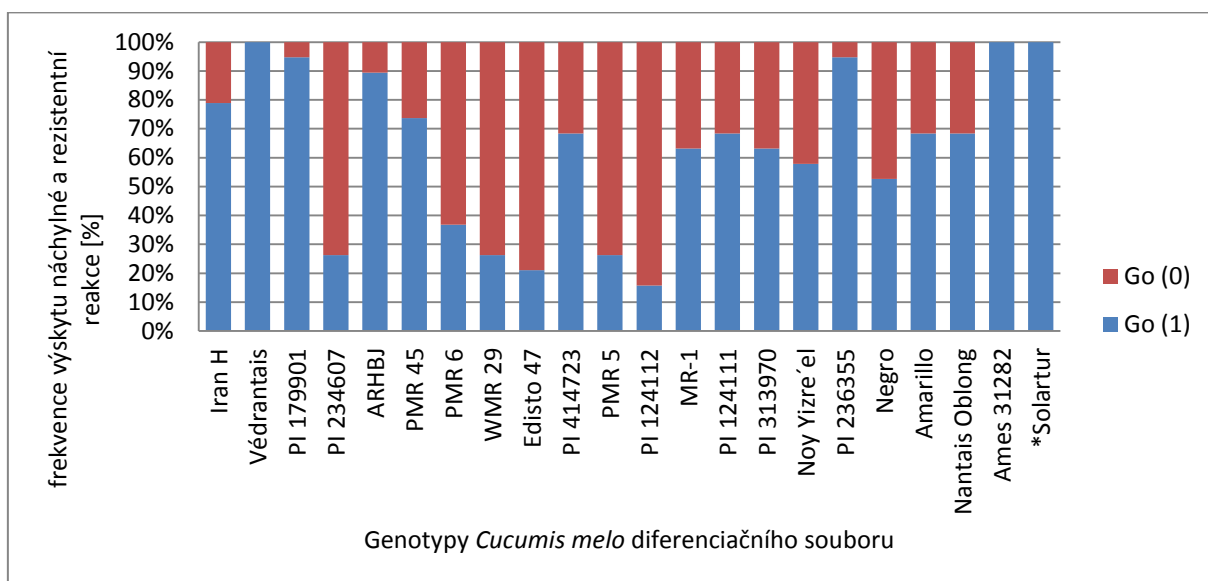
Grafy 3F,G Poměr výskytu virulentních faktorů u izolátů *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) v roce 2015 (vyjádřeno v %)



Celkem otestováno v roce 2015: 19 izolátů *Go* (100%) a 11 izolátů *Px* (100%)
 Max VF 21, virulence nízká (VF 1–7), střední (VF 8–14), vysoká (VF 15–21)

Z grafů 3H–I plyne rozdílnost v četnosti náchylné a rezistentní reakce u genotypů diferenciačního souboru. Největší rozdíly mezi oběma druhy byly u genotypů: PMR 45, PMR 6, PI 414723, PI 124111, Noy Yizre'el, kdy vždy vyšší procento náchylnosti bylo popsáno u izolátů *Go*. Velké rozdíly byly i u genotypů Amarillo a Nantais Oblong, kde však bylo vyšší procento náchylnosti u izolátů *Px*.

Graf 3H Frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů *Cucumis melo* diferenciačního souboru v reakci na testované izoláty *Golovinomyces orontii* v roce 2015 (vyjádřeno v %)

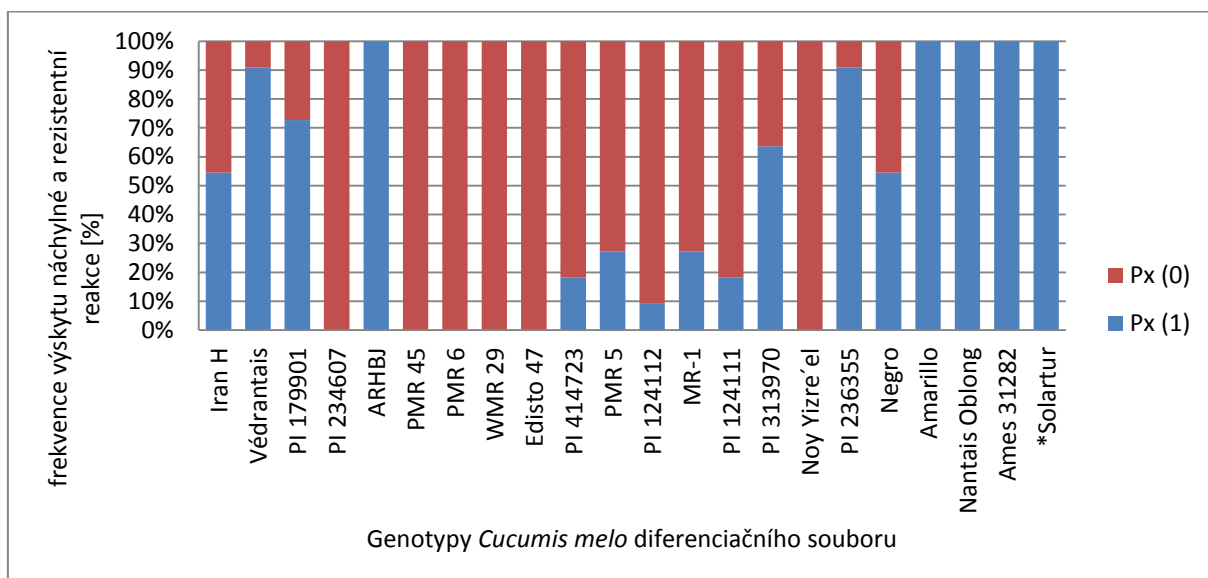


Celkem otestováno *Go* v roce 2015: 19 izolátů (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*Solartur – tento genotyp není součástí diferenciačního souboru pro popis ras navrhovaného Lebedou et al. (2008)

Graf 3I Frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů *Cucumis melo* diferenciačního souboru v reakci na testované izoláty *Podosphaera xanthii* v roce 2015 (vyjádřeno v %)



Celkem otestováno *Px* v roce 2015: 11 izolátů (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

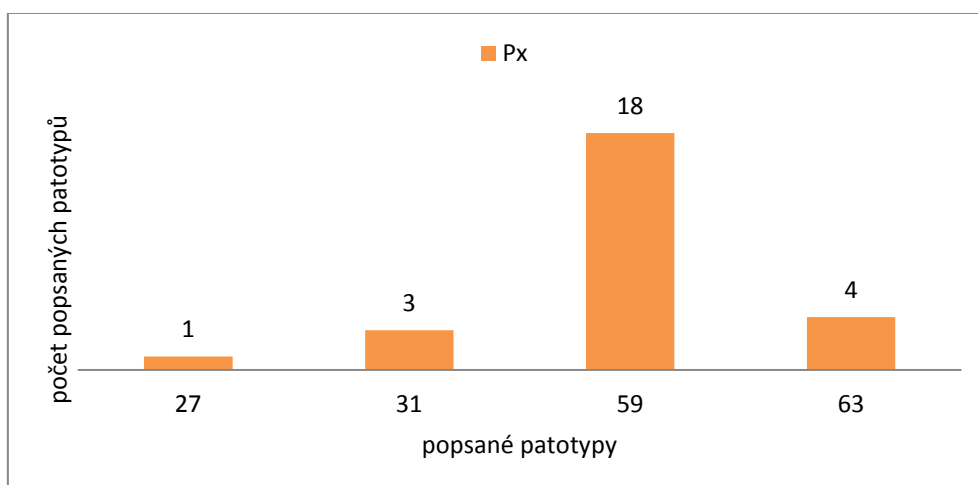
*Solartur – tento genotyp není součástí diferenciačního souboru pro popis ras navrhovaného Lebedou et al. (2008)

5.4 Patogenní variabilita padlí dýňovitých v roce 2016 v ČR

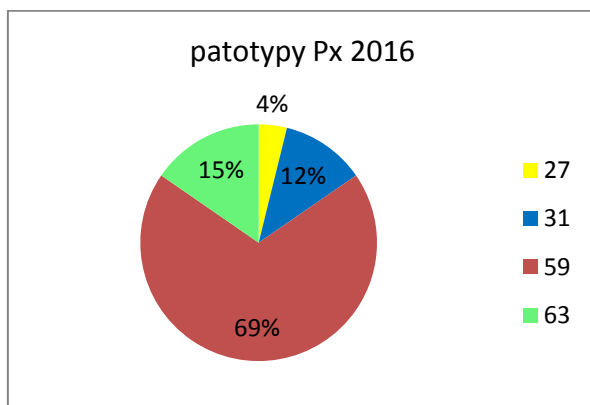
V roce 2016 byly na patogenní variabilitu testovány pouze izoláty *Px*, konkrétně 26 izolátů, jelikož v tomto roce byly ze sbíraných izolátů získány pouze izoláty toho patogena. Druh *Go* se vyskytoval pouze ve směsích nebo v herbarizovaných vzorcích.

Byly popsány čtyři patotypy. Nejvyšší četnost měl patotyp s kódem 59 (18x), dále byly popsány patotypy 27, 31 a 63, jak ukazují grafy 4A–B.

Graf 4A Přehled patotypů popsáných v roce 2016 na *Podospaera xanthii* (*Px*)



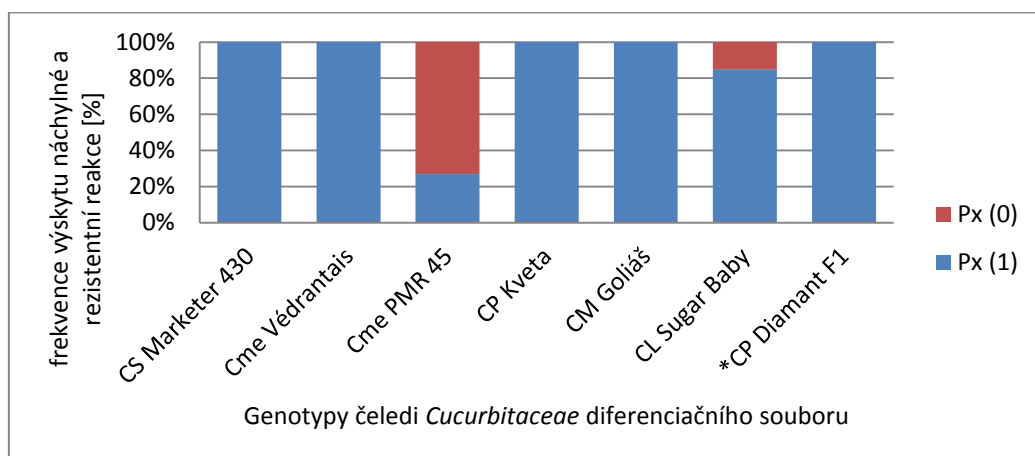
Graf 4B Přehled patotypů popsáných v roce 2016 na testovaných izolátech druhu *Podospaera xanthii* (*Px*) (vyjádřeno v %)



Celkem otestováno v roce 2016: 26 izolátů *Px* (100%)

Z grafu 4C je patrné, že byly popsány rozdíly v náchylnosti jednotlivých genotypů diferenciačního souboru. Největší rezistenci vůči izolátům *Px* vykazoval genotyp PMR 45 (*C. melo*), částečnou rezistenci také genotyp Sugar Baby (*C. lanatus*). Ostatní genotypy byly vždy náchylné k reakci.

Graf 4C Srovnání frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů čeledi *Cucurbitaceae* diferenciačního souboru pro detekci patotypů na testované izoláty *Podosphaera xanthii* v roce 2016 (vyjádřeno v %)



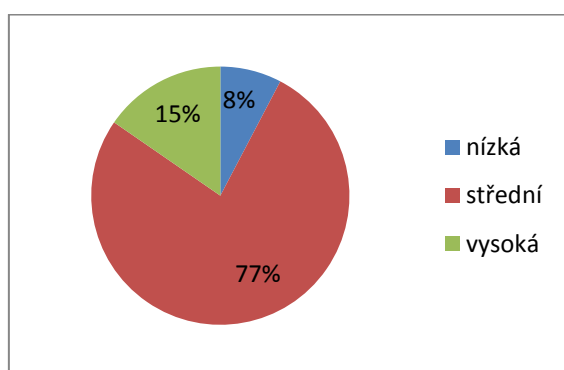
Celkem otestováno v roce 2016: 26 izolátů *Px* (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*CP Diamant F1 – genotyp není součástí dif. souboru pro popis patotypů navrhovaného Lebedou et al. (2008)

V roce 2016 bylo popsáno celkem 25 ras na 26 izolátech *Px*. Dvakrát byla zaznamenána rasa 18.0.124, což je rasa s nízkou virulencí. U ostatních popsanych ras převládala střední virulence (20x), poté vysoká (4x) a nízká byla popsána už u zmíněné rasy. Procentuální zastoupení ukazuje graf 4D.

Graf 4D Poměr výskytu virulentních faktorů u izolátů *Podosphaera xanthii* (*Px*) v roce 2016 (vyjádřeno v %)

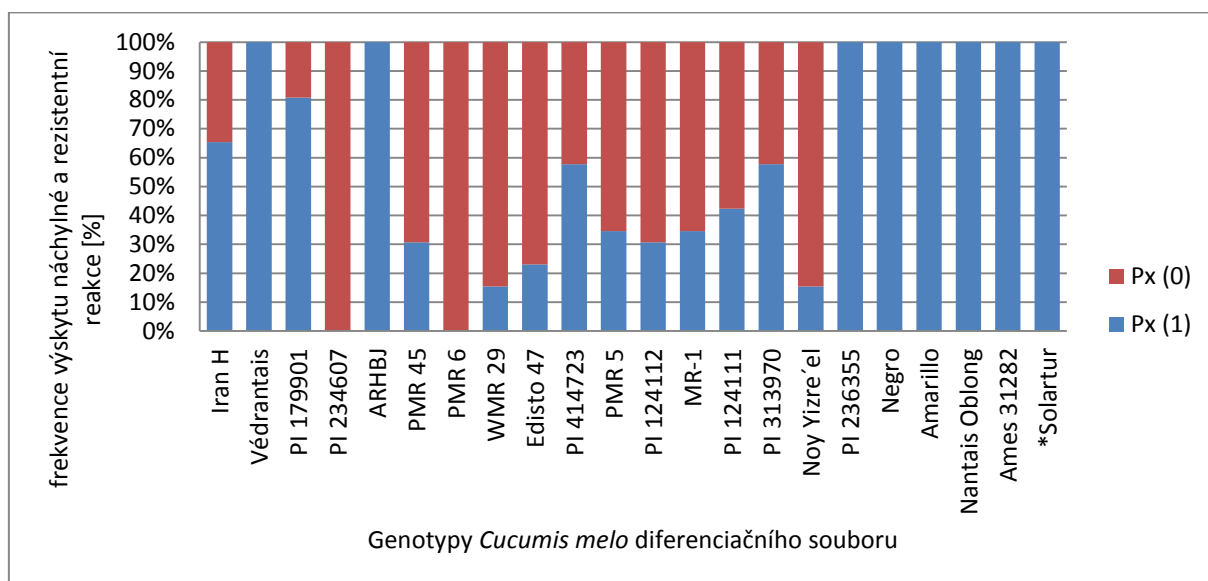


Celkem otestováno v roce 2016: 26 izolátů *Px* (100%)

Max VF 21, virulence nízká (VF 1–7), střední (VF 8–14), vysoká (VF 15–21)

Graf 4E ukazuje velkou variabilitu četnosti náchylných reakcí na diferenciačním souboru *C. melo*. Genotypy PI 234607 a PMR 6 byly ve všech testech rezistentní vůči izolátům *Px*, naopak genotypy Védrantais, ARHBJ, PI 236355, Negro, Amarillo, Nantais Oblong, Ames 31282 a Solartur byly ve všech případech náchylné.

Graf 4E Frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů *Cucumis melo* diferenciačního souboru v reakci na testované izoláty *Podosphaera xanthii* v roce 2016 (vyjádřeno v %)



Celkem otestováno *Px* v roce 2016: 26 izolátů (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*Solartur – tento genotyp není součástí diferenciačního souboru pro popis ras navrhovaného Lebedou et al. (2008)

5.5 Patogenní variabilita padlí dýňovitých v letech 2013 - 2016 v ČR

Celkem byla patogenní variabilita studována u 114 izolátů padlí dýňovitých (35 *Go*, 79 *Px*) pocházejících z ČR z let 2013 až 2016 s využitím nově navrhovaných diferenciačních souborů pro determinaci a denominaci patotypů a ras Lebedou et al. (2008). Bylo rozlišeno osm různých patotypů u obou patogenů. Na celkovém počtu 35 izolátů *Go* bylo popsáno pět patotypů, v případě souboru 79 *Px* izolátů bylo rozlišeno sedm patotypů. Nejčastěji se v populaci *Go* objevoval patotyp označený kódem 63 (16x), u *Px* se jednalo o patotyp 59 (39x). Oba tyto výše zmiňované patotypy patří mezi vysoce virulentní. Pouze 4 patotypy byly popsány současně u obou patogenů, jednalo se o tyto patotypy: 27, 31, 59 a 63. Počty popsanych patotypů v jednotlivých letech u obou patogenů jsou shrnuty v tabulkách 5A–B a graf 5A.

Izoláty *Go* byly testovány pouze v letech 2013–2015 a v celém sledovaném období byly vždy popsány patotypy 31, 59 a 63 v různém procentuálním zastoupení. U izolátů *Px* byl opakovaně v každém roce sledovaného období, 2013–2016, determinován pouze patotyp 59.

Frekvence výskytu náchylné a rezistentní reakce vůči testovanému souboru izolátů padlí dýňovitých ukázala výraznou převahu náchylné reakce u většiny diferenciačních genotypů souboru pro detekci patotypů s výjimkou genotypů PMR 45 (*C. melo*) a Sugar Baby

(*C. lanatus*). Výraznější rozdíl v reakci mezi oběma původci padlí byl patrný pouze u genotypu PMR 45 (*C. melo*), jak ukazují grafy 5B–C.

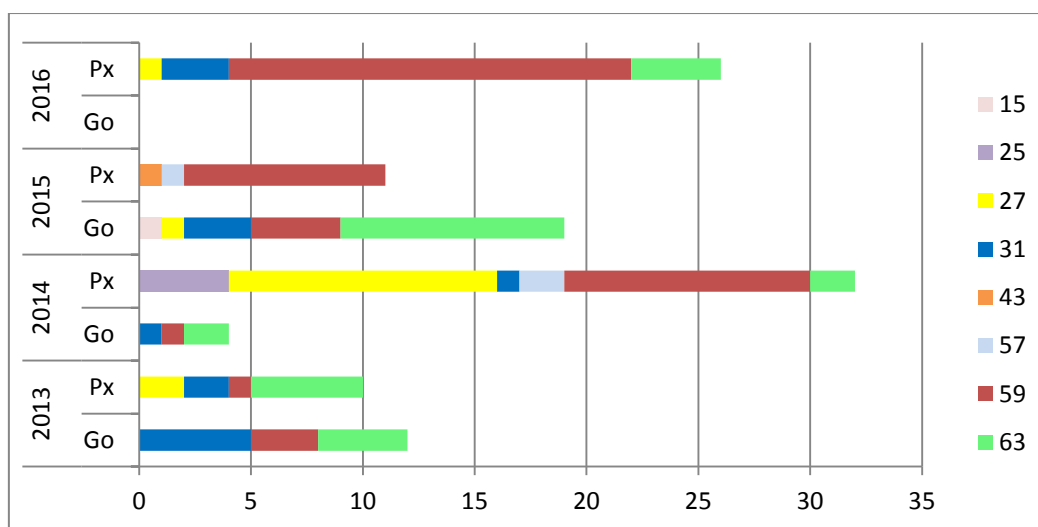
Tabulka 5A-B Přehled patotypů popsanych na izolátech *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) v letech 2013–2016 na území ČR

CS Marketer 430	Cme Védrantais	Cme PMR 45	CP Kveta	CM Goliáš	CL Sugar Baby	Patotypy	Go	Px
1	2	4	8	0	0	15	1	0
1	0	0	8	16	0	25	0	4
1	2	0	8	16	0	27	1	15
1	2	4	8	16	0	31	9	6
1	2	0	8	0	32	43	0	1
1	0	0	8	16	32	57	0	3
1	2	0	8	16	32	59	8	39
1	2	4	8	16	32	63	16	11

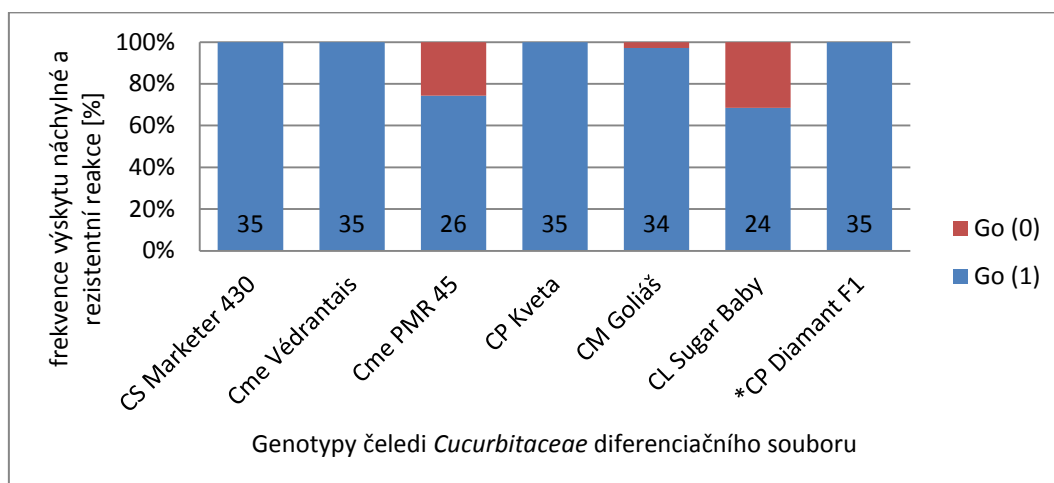
*CS – *Cucumis sativus*, Cme – *C. melo*, CP – *Cucurbita pepo*, CM – *C. maxima*, CL – *Citrullus lanatus*

	2013		2014		2015		2016		celkem	
	Go	Px	Go	Px	Go	Px	Go	Px	Go	Px
15	-	-	-	-	1	-	-	-	1	0
25	-	-	-	4	-	-	-	-	0	4
27	-	2	-	12	1	-	-	1	1	15
31	5	2	1	1	3	-	-	3	9	6
43	-	-	-	-	-	1	-	-	0	1
57	-	-	-	2	-	1	-	-	0	3
59	3	1	1	11	4	9	-	18	8	39
63	4	5	2	2	10	-	-	4	16	11
celkem vzorků	12	10	4	32	19	11	0	26	35	79

Graf 5A Přehled patotypů popsanych na izolátech *Golovinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) v letech 2013–2016 na území ČR



Graf 5B Srovnání frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů čeledi *Cucurbitaceae* diferenciačního souboru pro detekci patotypů na testované izoláty *Golovinomyces orontii* v letech 2013–2015 (vyjádřeno v % i počtem náchylných izolátů)

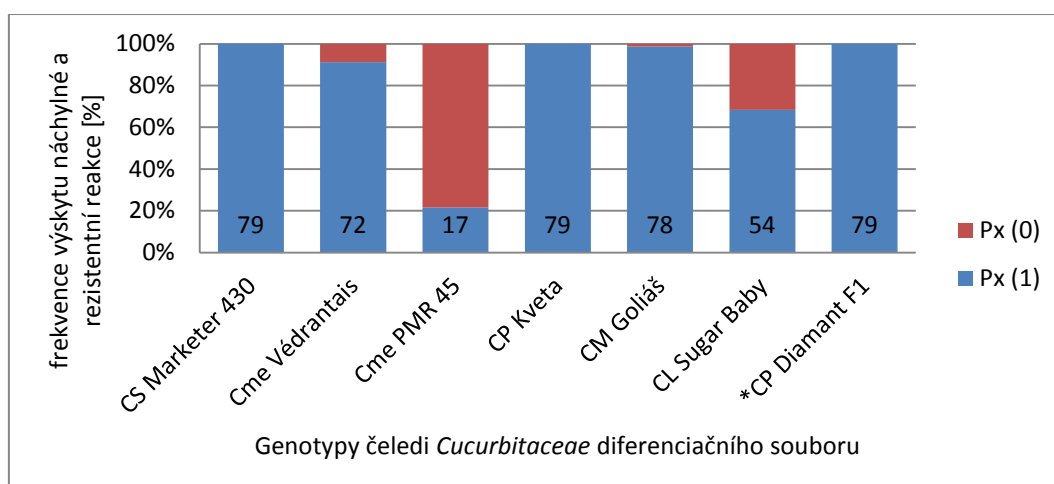


Celkem otestováno v letech 2013 – 2015: 35 izolátů *Go* (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*CP Diamant F1 – genotyp není součástí dif. souboru pro popis patotypů navrhovaného Lebedou et al. (2008)

Grafy 5C Srovnání frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů čeledi *Cucurbitaceae* diferenciačního souboru pro detekci patotypů na testované izoláty *Podosphaera xanthii* v letech 2013–2016 (vyjádřeno v % i počtem náchylných izolátů)



Celkem otestováno v roce 2013 - 2016: 79 izolátů *Px* (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

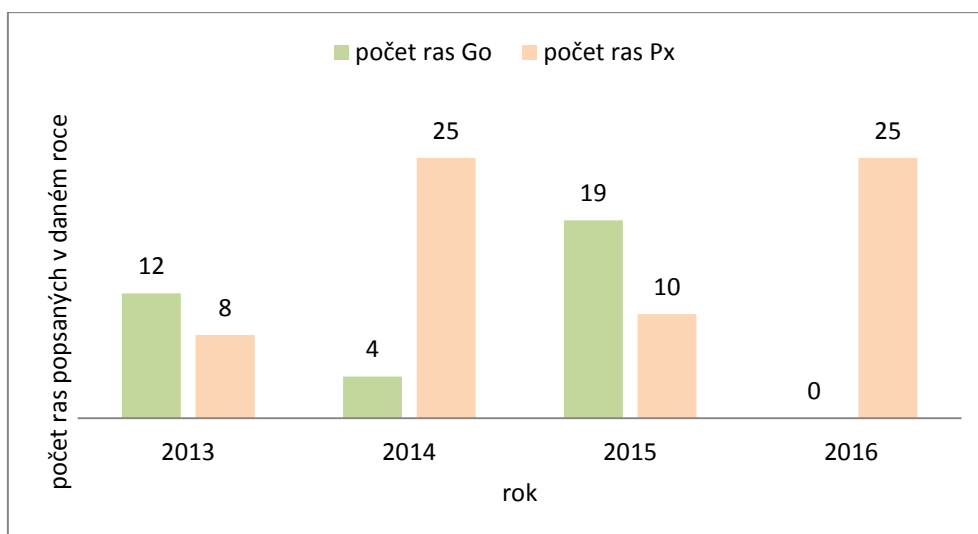
*CP Diamant F1 – genotyp není součástí dif. souboru pro popis patotypů navrhovaného Lebedou et al. (2008)

Výsledky determinace ras padlí dýňovitých na souboru 21 genotypů *C. melo* podle Lebedy et al. (2008) na studovaném souboru izolátů padlí dýňovitých pocházejících z ČR z let 2013–2016 potvrdily vysokou variabilitu. Na celkovém počtu 114 izolátů bylo popsáno 95 ras, z nichž pouze dvě rasy se objevily více než dvakrát u jednoho druhu patogena. Jednalo se o rasy: 18.0.125, která byla popsána 3x u izolátů *Px*, jejíž počet virulentních faktorů (VF)

je 8, tedy jedná se o středně virulentní rasu a rasa 23.0.124, která byla na izolátech *Px* popsána 5x, z toho 4x v roce 2014. Tato rasa má VF 9, tedy opět patří do kategorie ras se střední virulencí. Celkově bylo na 79 izolátech *Px* popsáno 68 ras. U druhu *Go* se žádná rasa nevyskytla opakovaně, za celé sledované období byla u každého izolátu popsána jiná rasa, tedy na souboru 35 izolátů bylo popsáno 35 různých ras. Pouze u tří ras byl zaznamenán výskyt zároveň u obou patogenů. Poprvé se jednalo o rasu 22.0.124, což je rasa s počtem virulentních faktorů (VF) 8, tedy středně virulentní. Na druhu *Px* byla tato rasa v roce 2014 popsána dvakrát, poprvé ve sbíraných vzorcích na poli v obci Strážnice, okres Hodonín, na hostitelském druhu *Cucurbita pepo*, podruhé na zahradě v Olomouc-Lutín, okres Olomouc, na druhu *Cucurbita maxima*. U druhu *Go* se tatáž rasa objevila jedenkrát, a to v roce 2015 ve vzorcích sbíraných na zahradě v obci Želešice, okres Brno-venkov, na druhu *C. pepo*. Druhá opakující se rasa byla tato: 23.100.125 (VF 13) a byla popsána jedenkrát u každého patogena. U druhu *Px* šlo o izolát z roku 2016 získaný ze vzorku z foliovníku, ze zahrady v obci Loštice, okres Šumperk - pocházející z druhu *Cucumis sativus*. Izolát *Go* byl získán ze vzorku z pole v městské části Olomouc-Holice, okres Olomouc, z roku 2015 z hostitelské rostliny *C. pepo*. Třetí společná rasa 127.127.127 (VF 21) je rasa virulentní vůči všem genotypům diferenciačního souboru a vyskytla se pouze v roce 2013, zároveň však byla detekována u obou patogenů v tomto roce. Izoláty *Px* pocházely oba ze vzorků získaných z *Cucumis melo*, první však ze zahrady v obci Nový Jičín-Kojetín, okres Nový Jičín a druhý byl sesbírána na poli v části obce Olomouc-Holice, okres Olomouc. Izolát *Go* pocházel ze zahrady v obci Polkovice, okres Přerov, z hostitelské rostliny *C. pepo*. Podle takto nízkého počtu vzorků, které lze srovnávat podle jejich geografického původu, druhu hostitelké rostliny a detekované stejné rase se však nedají objektivně posoudit možné vztahy mezi izoláty, zdá se však, že vzhledem k vysokému počtu detekovaných ras u obou patogenů, původ izolátů na detekovanou rasu vliv neměl.

Počet popsáných ras v jednotlivých letech sledovaného období popisuje graf 5D.

Graf 5D Počty ras popsaných v jednotlivých letech sledovaného období (2013–2016) na izolátech *Golovinomyces orontii* a *Podosphaera xanthii* na území ČR



Tabulka 5C. Rasy detekované u izolátů *Golovinyomyces orontii* (Go) a *Podosphaera xanthii* (Px) pomocí nově navrhovaného systému podle Lebedy et al. 2008, které se v české populaci padlí dýňovitých opakovaně během let 2013–2016 vyskytly

kód izolátu	HR	Iran H	Védrantais	PI 179901	PI 234607	ARHBJ	PMR 45	PMR 6	WMR 29	Edisto 47	PI 414723	PMR 5	PI 124112	MR-1	PI 124111	PI 313970	Noy Yizré'el	PI 236355	Negro	Amarillo	Nantais Oblong	Ames 31282	rasa	VF
Px_2014_Rk_1	CP	0	2	0	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4	8	16	32	64	18.0.125	8
Px_2014_Ny	CP	0	2	0	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4	8	16	32	64	18.0.125	8
Px_2016_Km_2	CM	0	2	0	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	4	8	16	32	64	18.0.125	8
Px_2014_Ho_3	CP	1	2	4	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	8	16	32	64	23.0.124	9
Px_2014_Bv	CP	1	2	4	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	8	16	32	64	23.0.124	9
Px_2014_Bk	CP	1	2	4	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	8	16	32	64	23.0.124	9
Px_2014_Zn_2	CP	1	2	4	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	8	16	32	64	23.0.124	9
Px_2016_Jc	CM	1	2	4	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	8	16	32	64	23.0.124	9
Go_2015_Bo	CP	0	2	4	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	8	16	32	64	22.0.124	8
Px_2014_Ho_2	CP	0	2	4	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	8	16	32	64	22.0.124	8
Px_2014_Ol_1	CM	0	2	4	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	8	16	32	64	22.0.124	8
Go_2015_Ol_2	CP	1	2	4	0	16	0	0	0	0	4	0	0	32	64	1	0	4	8	16	32	64	23.100.125	13
Px_2016_Su	CS	1	2	4	0	16	0	0	0	0	4	0	0	32	64	1	0	4	8	16	32	64	23.100.125	13
Go_2013_Pr	CP	1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	32	64	127.127.127	21
Px_2013_Ol_1	Cme	1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	32	64	127.127.127	21
Px_2013_Nj_2	Cme	1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	32	64	127.127.127	21

Hostitelská rostlina (HR): CM – *Cucurbita maxima*, CP – *Cucurbita pepo*, CS – *Cucumis sativus*, Cme – *Cucumis melo*
VF – virulentní faktor

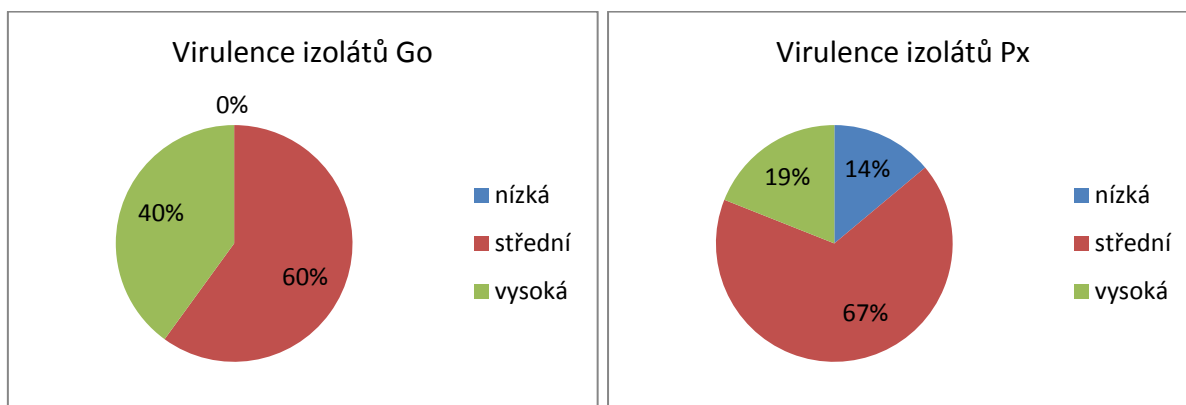
Tabulka 5D. Příklady vybraných ras s různým stupněm virulence popsanych u izolátů *Golovinomyces orontii* (Go) a *Podosphaera xanthii* (Px) v letech 2013–2016 v ČR pocházejících z různých hostitelských rostlin, odlišného geografického původu

kód izolátu	HR	Iran H	Védrantais	PI 179901	PI 234607	ARHBJ	PMR 45	PMR 6	WMR 29	Edisto 47	PI 414723	PMR 5	PI 124112	MR-1	PI 124111	PI 313970	Noy Yizre'el	PI 236355	Negro	Amarillo	Nantais Oblong	Ames 31282	rasa	VF
Px_2014_Pr_2	CP	1	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	8	16	32	64	7.0.124	8
Px_2015_Nj_1	CM	0	0	0	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16	32	64	16.0.112	4
Px_2014_Bo_1	CP	1	0	0	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	16	32	64	17.0.116	6
Px_2015_Ol_1	Cme	1	2	0	0	16	0	0	0	0	0	8	0	0	0	1	0	4	0	16	32	64	19.8.117	9
Px_2014_Uo	CP	1	0	4	0	16	0	0	1	0	4	0	0	0	0	0	0	4	8	16	32	64	21.5.124	10
Px_2016_Bo_1	CP	0	2	4	0	16	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0	0	4	8	16	32	64	22.8.124	9
Px_2016_Ho_3	CP	0	2	4	0	16	0	0	0	0	0	0	16	32	64	1	0	4	8	16	32	64	22.112.125	12
Go_2013_Bk_1	CP	1	2	4	0	16	0	0	0	2	4	8	0	32	0	0	0	4	0	16	32	64	23.46.116	12
Px_2014_Bo_2	CP	1	2	4	0	16	0	0	0	0	0	0	0	0	64	1	0	4	8	16	32	64	23.64.125	11
Go_2015_Ny_2	CP	1	2	4	0	0	32	0	0	0	4	0	0	32	0	1	0	0	0	0	32	64	39.36.97	9
Px_2016_Uo_2	CM	1	2	4	0	16	32	0	1	0	4	0	0	0	0	0	2	4	8	16	32	64	55.5.126	13
Go_2015_Bk	CP	1	2	4	8	16	32	0	0	0	4	8	0	0	0	1	2	4	0	0	0	64	63.12.71	12
Px_2013_Nj_3	CM	0	2	4	0	0	0	64	0	0	4	8	0	32	64	0	0	4	0	16	0	64	70.108.84	10
Px_2013_Nj_1	CL	1	2	4	8	16	0	64	0	2	4	8	0	32	64	1	2	4	8	16	32	64	95.110.127	18
Px_2014_Zn_3	CM	1	2	4	0	16	32	64	1	2	4	8	0	32	0	1	2	4	8	16	32	64	119.47.127	18
Px_2013_Ol_3	CP	1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	0	64	1	2	4	8	16	32	64	127.95.127	20
Px_2013_Nj_2	Cme	1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	32	64	1	2	4	8	16	32	64	127.127.127	21

Hostitelská rostlina (HR): CM – *Cucurbita maxima*, CP – *Cucurbita pepo*, CS – *Cucumis sativus*, Cme – *Cucumis melo*, CL – *Citrullus lanatus*
VF – virulentní faktor

Z hlediska struktury virulence studované české populace padlí dýňovitých v letech 2013–2016 převažovaly rasy středně virulentní (21 izolátů *Go*, 53 *Px*) a rasy vysoce virulentní byly popsány u 14 izolátů *Go* a 15 *Px*, zatím co rasy s nízkou virulencí se u izolátů druhu *Go* nevyskytly vůbec, u druhu *Px* pouze u 11 izolátů (grafy 5E-F)

Grafy 5E,F Poměr výskytu virulentních faktorů u izolátů *Golovinomyces orontii* v letech 2013 - 2015 a *Podospheera xanthii* v letech 2013–2016 (vyjádřeno v %)

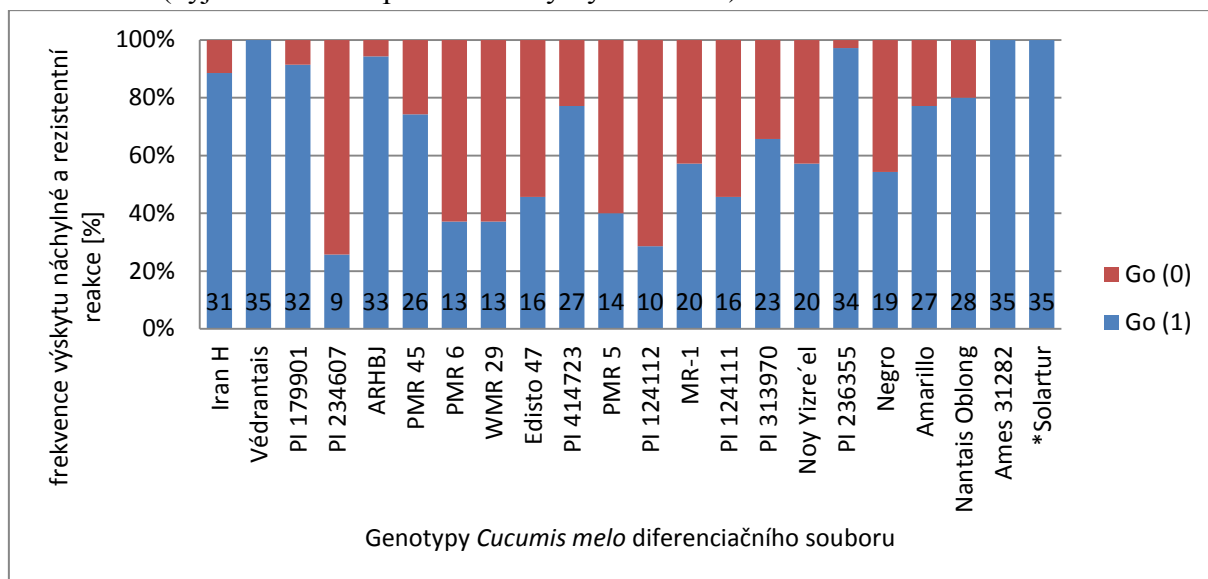


Celkem otestováno: 35 izolátů *Go* (100%) a 79 izolátů *Px* (100%)
 Max VF 21, virulence nízká (VF 1–7), střední (VF 8–14), vysoká (VF 15–21)

Grafy 5G–H popisují frekvenci výskytu náchylné a rezistentní reakce genotypů diferenciačního souboru vůči izolátům padlí dýňovitých. Z grafů jsou patrné rozdíly v četnosti náchylné reakce u genotypů diferenciačního souboru, ale také rozdíly mezi oběma patogeny. Nejvíce se jejich reakce lišily na genotypech PMR 45 a Noy Yizre'el, kde genotypy vykazovaly vyšší náchylnost vůči druhu *Go*.

Za celé sledované období nebyl žádný genotyp zcela rezistentní vůči padlí, ale u obou patogenů měl nejvyšší procento rezistentních reakcí genotyp PI 234607. Naopak vždy náchylnou reakci měly u obou patogenů genotypy Ames 31282 a Solartur, u druhu *Go* navíc i Védrantais. Genotyp Solartur však není součástí nově navrhovaného diferenciačního souboru Lebedou et al. (2008), ale stále se testuje a často se v testech objevuje jako náchylná kontrola.

Graf 5G Frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů *Cucumis melo* diferenciačního souboru v reakci na testované izoláty *Golovinomyces orontii* v letech 2013–2015 (vyjádřeno v % i počtem náchylných izolátů)

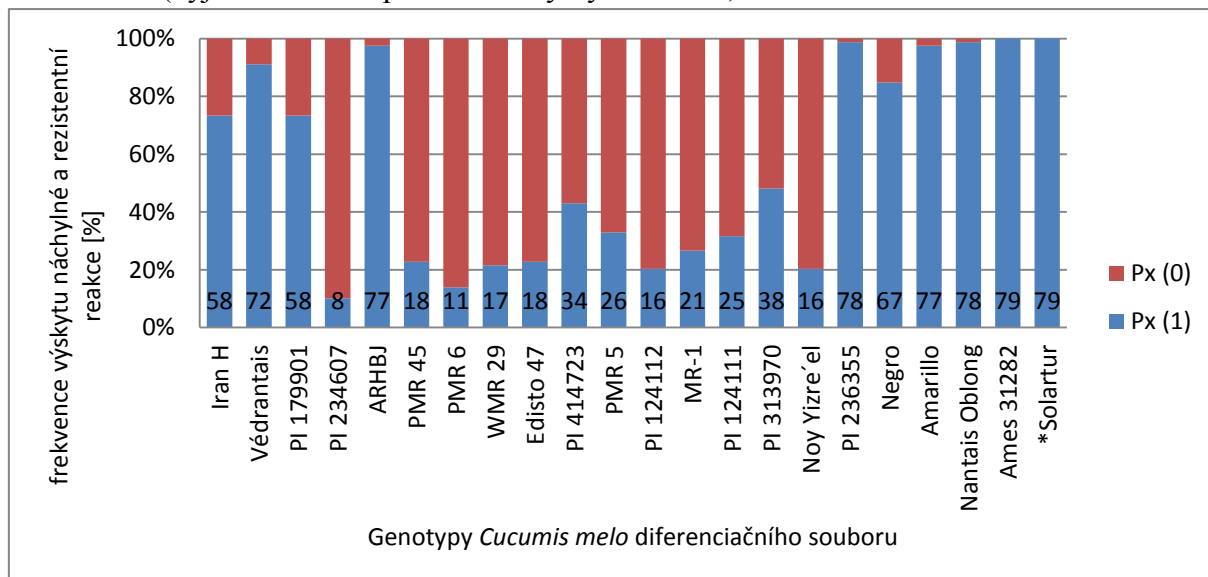


Celkem testováno 35 izolátů (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*Solartur – tento genotyp není součástí diferenciačního souboru pro popis ras

Graf 5H Frekvence výskytu náchylné/rezistentní reakce genotypů *Cucumis melo* diferenciačního souboru v reakci na testované izoláty *Podosphaera xanthii* v letech 2013–2016 (vyjádřeno v % i počtem náchylných izolátů)



Celkem testováno 79 izolátů (100%)

0 – rezistentní reakce, 1 – náchylná reakce

*Solartur – tento genotyp není součástí diferenciačního souboru pro popis ras

6 DIDAKTICKÁ ANALÝZA

Předmět Biologie se dle rámcového vzdělávacího programu (RVP) pro Gymnázia řadí do vzdělávací oblasti Člověk a příroda. Je rozdělen do několika celků, jejichž zařazení během výuky záleží na konkrétní škole a jejich školním vzdělávacím programu (ŠVP). Tématický celek Biologie hub je obvykle řazena na konec 1. ročníků (kvinty u víceletých gymnázií). Tato oblast by měla obsahovat učivo stavba a funkce hub, stavba a funkce lišejníků. Žák by měl umět rozlišit a pojmenovat základní zástupce hub a lišejníků a umět posoudit jejich ekologický, zdravotnický a hospodářský význam.

Žáci se během hodin učí pracovat i s učebnicí a sami získávat informace i z jiných zdrojů než slovního výkladu učitele. Čtenářskou gramotnost žáků je potřeba podporovat i odborným textem, jenž učí žáky třídit informace, které čte, a orientovat se v textu, který pro čtenáře „neodborníka“ může být hodně složitý. Text jinak formulovaný, než jsou žáci běžně zvyklí z učebnic a zápisů, může v některých nadaných studentech vzbudit zájem o rozšiřování učiva a zájem o studium biologie v budoucnu.

Tabulka 1. Zařazení tématu DP do hodiny biologie na gymnáziu

Příprava na vyučovací hodinu pro vyšší gymnázia podle RVP-G	
Vzdělávací oblast	Člověk a příroda
Vzdělávací obor	Biologie
Tématický celek	Biologie hub
Téma hodiny	Říše: Houby - opakování
Výukové cíle	<ul style="list-style-type: none">• Žák se zorientuje v odborném textu, porozumí jeho obsahu.• Žák svými slovy popíše, co se z textu dozvěděl.• Žák vyjmenuje houby způsobující choroby rostlin.• Žák pojmenuje jedlé a jedovaté zástupce hub, rozliší je podle charakteristických znaků na obrázcích.• Žák vyjmenuje alespoň 3 zástupce čeledi <i>Cucurbitaceae</i>.
Klíčové kompetence	<ul style="list-style-type: none">• Kompetence k učení (převádějí informace získané z předchozích hodin do úkolu v pracovním listu)• Kompetence komunikativní (používá s porozuměním odborný jazyk)
Organizační forma výuky	Hodina základního typu Frontální výuka
Metody výuky	Výklad, dialog Práce s odborným textem

7 DISKUSE

V rámci experimentální části této DP byly zpracovány výsledky výzkumu patogenní variability padlí dýňovitých z let 2013–2016 na souboru izolátů pocházejících z ČR.

K popisu patotypů ve sledovaném období byl obdobně jako v předchozích letech používán soubor šesti diferenciacních genotypů vybraných zástupců čeledi *Cucurbitaceae* (Lebeda et al., 2008). Testy ukázaly, že populace padlí dýňovitých v ČR vykazuje vysokou variabilitu na úrovni patotypů, což je v souladu s dřívějšími výsledky studia patogenní variability z let 1997–1998 (Křístková et al., 2004), 2001–2009 (Rušáková, 2016; Sedláková et al., 2016), 2010–2012 (Sedláková et al., 2014) a ukázalo se, že popsané patotypy se opakovaně vyskytovaly ve sledovaných obdobích. Je však potřeba říci, že nový systém popisu patotypů navržený Lebedou et al. (2008) byl aplikován až od roku 2010. Do roku 2009 byly patotypy testovány na podobném souboru, který se lišil pouze genotypem u druhu *C. pepo* (ve starším souboru obsažen genotyp Diamant F1, který byl v souboru podle Lebedy et al. (2008) nahrazen genotypem Kveta). Do roku 2009 se však používal rozdílný způsob popisu výsledného patotypu, který byl kombinací velkých písmen a číselných kódů např. AB1B2CCmD, zatímco v nově navrhovaném souboru Lebedou et al. (2008) byl výsledný patotyp popsán číselným kódem (např. 63). V celém sledovaném období lze však srovnávat frekvenci výskytu náchylné nebo rezistentní reakce diferenciacních genotypů čeledi *Cucurbitaceae* a reakční vzorce testovaných izolátů.

V letech 1997–1998 bylo Křístkovou et al. (2004) popsáno celkem 11 patotypů (reakčních vzorců, angl. reaction patterns), z nichž 5 bylo stejných nebo se také vyskytlo v letech 2013–2016. Na rozdíl od situace v české populaci padlí dýňovitých od roku 2001, byl v letech 1997–1998 diferenciacní genotyp *Cucumis sativus* odrůda Marketer 430 rezistentní vůči několika testovaným izolátům v tomto období.

V letech 2001–2009 bylo popsáno 14 patotypů (reakčních vzorců) (Rušáková 2016, Sedláková et al., 2016), z nichž 8 se vyskytlo také od roku 2013.

Od roku 2010 byla pro testování patotypů použita nová metoda navržená Lebedou et al., 2008 takže výsledky z tohoto období lze porovnat s výsledky zpracovanými v této DP. V letech 2010–2012 bylo popsáno 6 patotypů (25, 27, 31, 47, 59, 63) (Sedláková et al., 2014), z nichž patotyp 47 se v následujícím období již nevyskytoval, všechny ostatní byly znovu zaznamenány v populaci padlí dýňovitých i od roku 2013.

Nejčastěji popsaným patotypem v letech 2013–2015 u druhu *Go* byl patotyp s kódem 63, který podle starého systému odpovídá patotypu AB1B2CCmD, což byl nejčastěji popsaný patotyp i v letech 2001–2009 (Rušáková, 2016), a rovněž i v letech 2010–2012 (Sedláková

et al., 2014). Na druhu *Px* se v letech 2013–2016 nejčastěji objevoval patotyp 59, který byl v předchozích letech označován jako AB1CCmD, a byl také převažujícím patotypem (Rušáková, 2016).

Celkově lze tedy říci, že v letech 2013–2016 převládaly spíše vysoce virulentní patotypy a z pohledu reakcí genotypů diferenciačního souboru čeledi *Cucurbitaceae* pro detekci patotypů se jako nejvíce rezistentní genotypy ukázaly tyto dva: *Cucumis melo* PMR 45, který byl u druhu *Px* náchylný pouze vůči necelým 22 % izolátů a *Citrullus lanatus* Sugar Baby. Tyto výsledky jsou opět v souladu s již dříve publikovanými informacemi (Křístková et al., 2004; Rušáková, 2016; Sedláková et al., 2014, 2016).

Z výsledků studia patogenní variability na úrovni patotypů se z dlouhodobého hlediska ukazuje, že počet popsáných patotypů se v české populaci padlí dýňovitých nezvyšuje, což lze demonstrovat konkrétním příkladem, kdy v letech 2013–2016 bylo popsáno 8 patotypů, které se však v populaci patogena vyskytly i v předchozím období. Dále se také ukazuje, a potvrdily to i výsledky zpracované v této DP z let 2013–2016, že patogenní variabilita na úrovni patotypů dlouhodobě pozorovaná v populaci obou patogenů, neodráží skutečnou variabilitu sledované české populace padlí dýňovitých, na rozdíl od výsledků studia patogenní variability na úrovni ras, které ji naopak podchycují.

Během výzkumu patogenní variability na úrovni ras v letech 2013–2016 bylo testováno 114 izolátů z ČR s využitím diferenciačního souboru 21 genotypů *C. melo* podle Lebedy et al. (2008) a bylo popsáno celkem 95 ras, což dokládá, že variabilita na této úrovni je v české populaci padlí dýňovitých značně vysoká. Pouze 4 rasy byly popsány u více než dvou izolátů, 3 rasy na obou druzích patogena.

Srovnání popsáných ras z let 2013–2016 s dřívějšími výzkumy do roku 2009 (Křístková et al., 2004; Rušáková, 2016; Sedláková et al., 2014, 2016) je velmi obtížné, protože se v průběhu let měnil diferenciační soubor pro popis, a také pojmenování je značně nejednotné, což shrnul ve své práci Lebeda et al. (2011). Stejný autor s kolektivem svých spolupracovníků v roce 2008 představil na konferenci Eucarpia v Avignonu ve Francii nový systém determinace a popisu ras padlí dýňovitých s využitím diferenciačního souboru 21 genotypů *C. melo*, který v následujících letech opakovaně prezentoval na výsledcích z let 2010–2012 na mezinárodních konferencích ve světě a publikoval ve sbornících a odborných článcích (Lebeda et al., 2008, 2011, 2012, 2014, 2016). Výsledky aplikace nové metody na souboru z let 2010–2012 ukázaly vysokou variabilitu ve sledované populaci patogenů, a také potvrdily, že nově navrhovaná metoda tuto variabilitu podchycuje. Na tyto výsledky

byl také aplikován Lebedou et al. (2018) Kosmanův matematický model diverzity navržený Kosmanem (1996), a touto studií se došlo k podobným závěrům.

Jediným způsobem jak tedy porovnat výsledky determinace patogenity na úrovni ras z let 2013–2016 je jejich srovnání pouze s výsledky z let 2010–2012 (Sedláková et al., 2014; Sedláková – osobní sdělení). Z výsledků tohoto srovnání vyplývá, že z celkového počtu 95 ras rozlišených v letech 2013–2016 se pouze 7 z nich vyskytlo v populaci patogena i v předchozích letech. Rasa 23.0.124 detekovaná 5x u druhu Px v letech 2013–2016 se v předchozím období vyskytla pouze jednou (Sedláková – osobní sdělení).

Výsledky studia patogenní variability (rasové) českých populací padlí dýňovitých zároveň potvrdily již publikované výsledky z předchozích let (Křístková et al., 2004; Lebeda a Sedláková, 2006; Lebeda et al., 2007, 2011; Sedláková a Lebeda, 2010; Sedláková et al., 2016), kdy se ukázalo, že české populace padlí dýňovitých jsou vysoce variabilní ve své patogenitě na úrovni ras a výrazně se odlišují od populací tohoto patogenu v jiných evropských státech, ale i ve světě (Bardin et al., 1999; del Pino et al., 2002; Lebeda et al., 2011; McCreight, 2006; McCreight et al., 2012).

Pro lepší názornost srovnání výsledků reakcí diferenciačních genotypů souboru pro detekci ras zpracovaných v této DP s daty z let předchozích byly do této kapitoly zařazeny souhrnné grafy k této problematice (graf 1A–C). Četnost výskytu náchylné a rezistentní reakce genotypů *C. melo* diferenciačního souboru vůči testovaným izolátům obou patogenů z let 2013–2016 zpracované v rámci této DP lze srovnat s výsledky z let 2001–2009 a to pouze v případě těchto 12 genotypů *C. melo* (Iran H, Védraçais, Solartur, PMR 45, PMR 5, WMR 29, Edisto 47, PI 414723, MR-1, PI 124112, PI 313970 a Nantais Oblong), které byly součástí staršího diferenciačního souboru pro popis ras (Bardin et al., 1999). Srovnáním se ukázala odlišnost u těchto 3 genotypů *C. melo* (PMR 45, PI 414723, MR-1), mezi oběma srovnávanými periodami, ale tato skutečnost se týkala pouze druhu *Go* (graf 1A–C).

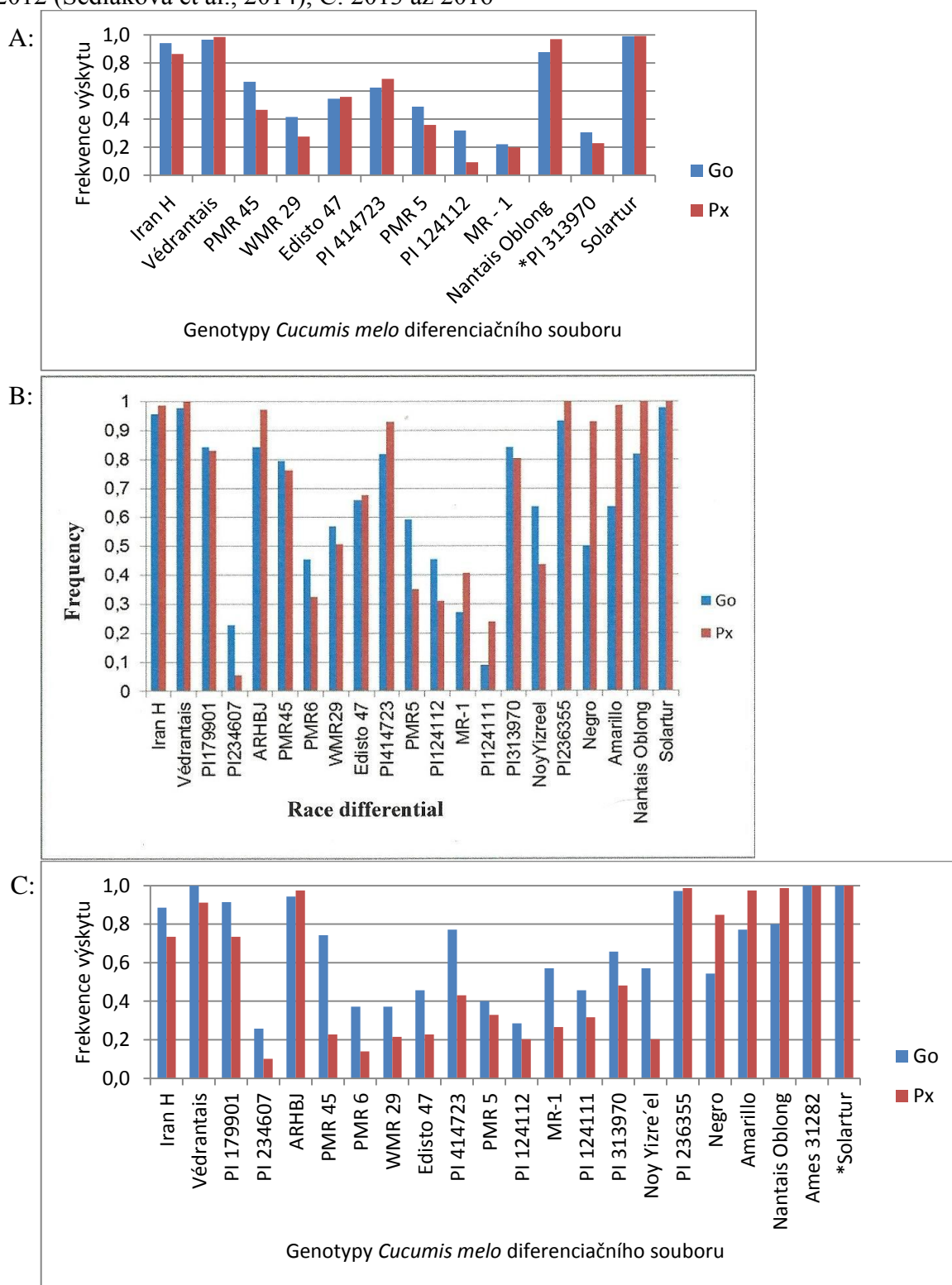
Diferenciační soubor pro popis ras v letech 2010–2012 obsahoval 21 genotypů *C. melo* navržených Lebedou et al. (2008) a od souboru používaného v letech 2013–2016 se lišil jedním genotypem (genotyp Solartur byl nahrazen genotypem AMES 31282). Ve výzkumu zpracovaném v rámci této práce, tedy z let 2013–2016 se frekvence výskytu náchylné a rezistentní reakce značně lišila u některých genotypů u obou patogenů v rámci celého sledovaného období. Největší rozdíl v četnosti náchylné a rezistentní reakce byl zaznamenán u těchto pěti genotypů *C. melo*: PMR 45, PMR 6, PI 414723, MR-1 a Noy Yizre'el, které měly vyšší procento náchylných reakcí vůči izolátům *Go*. Naopak u genotypu Negro byla zaznamenána odlišná situace, kdy byla naopak vyšší četnost náchylných

reakcí vůči *Px* izolátům. Rozdíly ve frekvenci výskytu náchylné a rezistentní reakce byly mezi obdobími 2010–2012 a 2013–2016 zjištěny především na těchto devíti genotypech diferenciačního souboru: Iran H, PMR 45, PMR 6, Edisto 47, PI 414723, MR-1, PI 124111, PI 313970 a Noy Yizre'el.

V letech 2013–2016 se v české populaci padlí dýňovitých opakovaně vyskytly kmeny u obou patogenů, které byly virulentní vůči genotypu *C. melo* MR-1 a avirulentní vůči genotypu Iran H. Genotyp MR-1 je ve světě považován za jeden z nejlepších a nejstabilnějších zdrojů rezistence (Jahn et al., 2004), v české populaci padlí dýňovitých však na něm byly popsány v minulosti rasy virulentní, a to opakovaně (Křístková et al., 2004; Lebeda a Sedláková, 2006; Rušáková, 2016; Sedláková et al., 2014, 2016) a výsledky z let 2013–2016 byl tento fakt potvrzen rovněž. Naopak jako avirulentní je ve světě považován genotyp Iran H (Bardin et al., 1997; Jahn et al., 2002, McCreight, 2006; McCreight et al., 2012), na kterém však byla v letech 2013–2016 popsána rezistence vůči několika izolátům obou patogenů, což opět potvrzuje dřívější výsledky výzkumu patogenní variability české populace padlí dýňovitých (Křístková et al., 2004; Lebeda a Sedláková, 2006; Rušáková, 2016; Sedláková et al., 2014, 2016).

Výsledky studia patogenní variability (patotypové, rasové) české populace padlí dýňovitých z let 2013–2016 zpracované v této DP tak mohly přispět ke studiu této problematiky v ČR, které se dlouhodobě věnuje tým profesora Lebedy z Katedry botaniky na Přírodovědecké fakultě Univerzity Palackého v Olomouci.

Graf 1 A-C Četnost výskytu náchylné reakce na genotypch *Cucumis melo* v diferenciačním souboru k popisu ras padlí dýňovitých na izolátech *Golvinomyces orontii* (*Go*) a *Podosphaera xanthii* (*Px*) v letech A: 2001 až 2009 (data z BP Rušáková, 2016), B: 2010 až 2012 (Sedláková et al., 2014), C: 2013 až 2016



Celkem testováno: A: *Go* 373 izolátů (100%), *Px* 131 izolátů (100%), B: *Go* 44 izolátů (100%), *Px* 71 izolátů (100%), C: *Go* 35 izolátů (100%), *Px* 79 izolátů (100%)

*PI 313970 – tento genotyp přidán od roku 2005,

*Solartur – tento genotyp není součástí dif. souboru pro popis ras navrhovaného Lebedou et al. (2008)

8 ZÁVĚR

Cílem této diplomové práce bylo jednak v teoretické části zpracovat literární rešerši zaměřenou především na patogenní variabilitu padlí dýňovitých, dále pak na charakteristiku čeledi *Cucurbitaceae* včetně zmapování stavu rezistence v rámci významných zástupců této čeledi vůči padlí dýňovitých.

V experimentální části pak zpracování a zhodnocení dat o patogenní variabilitě padlí dýňovitých na úrovni patotypů a ras na území České republiky za období let 2013 až 2016 s využitím nově navrhovaného souboru podle Lebedy et al. (2008). Celkem v tomto období bylo testováno na patogenní variabilitu 114 izolátů (35 izolátů *Golovinomyces orontii* a 79 izolátů *Podosphaera xanthii*) pocházejících z 54 lokalit, 7 krajů ČR. Většinou se jednalo o izoláty získané z infikovaných porostů dýně obecné (*Cucurbita pepo*) – 66 izolátů, druhou nejčastější hostitelskou rostlinou byla pak dýně velkoplodá (*C. maxima*), ze které bylo získáno 27 izolátů.

Patogenní variabilita na úrovni patotypů byla testována na souboru šesti genotypů čeledi *Cucurbitaceae* navržených Lebedou et al. (2008). Celkem bylo popsáno osm patotypů (5 na *Go*, 7 na *Px*), z nichž byly čtyři popsány u obou patogenů současně, a jednalo se o tyto patotypy 27, 31, 59 a 63. V jednotlivých letech se však frekvence výskytu popsáných patotypů lišila, a to i u obou studovaných patogenů. Nejčastěji se vyskytovaly patotypy 59 a 63, které patřily mezi vysoce virulentní patotypy. Frekvence výskytu náchylné a rezistentní reakce genotypů diferenciačního souboru čeledi *Cucurbitaceae* pro detekci patotypů vůči testovanému souboru izolátů padlí dýňovitých ukázala výraznou převahu náchylné reakce u většiny diferenciačních genotypů čeledi *Cucurbitaceae* s výjimkou genotypů PMR 45 (*C. melo*) a Sugar Baby (*C. lanatus*). Výraznější rozdíl v reakci mezi oběma původci padlí byl patrný pouze u genotypu PMR 45 (*C. melo*)

Rasy byly zkoumány na diferenciačním souboru 21 genotypů *C. melo* navrženého také Lebedou et al. (2008). Na tomto souboru bylo rozlišeno celkem 95 ras (35 na *Go*, 68 na *Px*), z nichž pouze tři rasy se vyskytly během celého období u obou patogenů, jednalo se o následující rasy: 22.0.124 (počet virulentních faktorů /VF/ 8) a 23.100.125 (VF 13), obě rasy jsou středně virulentními rasami a rasa 127.127.127 (VF 21), což je vysoce virulentní rasa. Během celého období se opakovaně vyskytly jen dvě rasy: 18.0.125 (VF 8), která byla u *Px* izolátů zaznamenána 3x a 23.0.124 (VF 9), která byla u *Px* izolátů detekována 5x. Obě tyto rasy mají střední virulenci. Celkově během tohoto studovaného období měly v české populaci padlí dýňovitých převahu středně virulentní rasy, následované vysoce virulentními rasami, naopak ras s nízkou virulencí se vyskytovalo jen sporadicky. V letech 2013–2016

se v české populaci padlí dýňovitých opakovaně vyskytly kmeny u obou patogenů, které byly virulentní vůči genotypu *C. melo* MR-1 a avirulentní vůči genotypu Iran H. Výsledky studia frekvence výskytu náchylné a rezistentní reakce genotypů diferenciacního souboru *C. melo* pro detekci ras vůči izolátům padlí dýňovitých ukázaly rozdíly v četnosti náchylné reakce u genotypů diferenciacního souboru, ale také rozdíly mezi oběma patogeny. Nejvíce se jejich reakce lišily na genotypech PMR 45 a Noy Yizre'el, kde genotypy vykazovaly vyšší náchylnost vůči druhu *Go*. Za celé sledované období nebyl žádný genotyp zcela rezistentní vůči padlí, ale u obou patogenů měl nejvyšší procento rezistentních reakcí genotyp PI 234607. Naopak vždy náchylnou reakci měly u obou patogenů genotypy Ames 31282 a Solartur, u druhu *Go* navíc i Védrantais.

9 POUŽITÁ LITERATURA

Ale-Agha, N., Bolay, A., Braun, U., Feige, B., Jage, H., Kummer, V., Lebeda, A., Piatek, M., Shin, H.D., Zimmermanová-Pastířčáková, K. (2004): *Erysiphe catalpae* and *Erysiphe elevata* in Europe. In Lebeda A., Mieslerová B., Huszár J., Sedláková B., (2017): Padlí kulturních a planě rostoucích rostlin. Agriprint. Olomouc. 368 pp.

Bardin, M., Carlier, J., Nicot, P.C. (1999): Genetic differentiation in the French population of *Erysiphe cichoracearum*, a causal agent of powdery mildew of cucurbits. *Plant Pathol* 48: 531-540

Bertrand, F. (1991): Les oïdiums des Cucurbitacées: Maintien en culture pure, Etude de leur variabilité et de la sensibilité chez le melon. In: Lebeda, A., Křístková, E., Sedláková, B., Coffey, M.D., McCreight, J.D. (2011): Gaps and perspectives of pathotype and race determination in *Golovinomyces cichoracearum* and *Podosphaera xanthii*. *Mycoscience* 52: 159-164

Bertrand, F. (2002): AR Hale's Best Jumbo, a new differential melon variety for *Sphaerotheca fuliginea* races in leaf disk test. In: Lebeda, A., Křístková, E., Sedláková, B., McCreight, J.D., Coffey, M.D. (2016): Cucurbit powdery mildews: Methodology for objective determination and denomination of races. In: *European Journal of Plant Pathology* 144. pp. 399-410.

Bertrand, F., Pitrat, M., Glandard, A., Lemaire, J.M. (1992): Diversité et variabilité des champignons responsables de l'oïdium des cucurbitacées. *Phytoma La Défense des Végétaux* 438: 46-49

Braun, U., Cook R.T.A. (2012): *Taxonomic Manual of the Erysiphales (Powdery Mildews)*. CBS Biodiversity series. Uchtech. 707 pp.

Call, A.D., Wehner, T.C. (2010): Gene List 2010 for Cucumber. In: *Cucurbit Genetics Cooperative Report* 33-34. 2010-2011, pp. 69-103. Internetový zdroj: <http://cuke.hort.ncsu.edu/cgc/>

Cohen, R., Burger, Y., Katzir, N. (2004): Monitoring physiological races of *Podosphaera xanthii* (syn. *Sphaerotheca fuliginea*), the causal agent of powdery mildew in cucurbits: factors affecting race identification and the importance for research and commerce. In: Lebeda, A., Sedláková, B., Křístková, E. (2007): Temporal changes in pathogenicity structure of cucurbit powdery mildews populations. *Acta Horticulturae* 731: 381-388.

del Pino, D., Olalla, L., Pérez-García, A., Rivera, M.E., Garcia, S., Moreno, R., de Vicente, A., Torés, J.A. (2002): Occurrence of races and pathotypes of cucurbit powdery mildew in southeastern Spain. In: Lebeda, A., Křístková, E., Sedláková, B., Coffey, M.D., McCreight, J.D. (2011): Gaps and perspectives of pathotype and race determination in *Golovinomyces cichoracearum* and *Podosphaera xanthii*. *Mycoscience* 52: 159-164.

Dogimont, C. (2011): 2011 Gene List for Melon. In: *Cucurbit Genetics Cooperative Report* 33-34. 2010-2011, pp. 104-133. Internetový zdroj: <http://cuke.hort.ncsu.edu/cgc/>

Ferriol, M., Pico, B. (2008): Pumpkin and Winter Squash. In: Paris, H.S. (2016): *Genetic Resources of Pumpkins and Squash, Cucurbita spp.* In: Grumet, R., Katzir, N., Garcia-Mas, J. (eds) *Genetic and Genomics of Cucurbitaceae*. Springer, 2017, pp. 111 – 154

Formisano, G., Paris, HS, Frusciante, L., Ercolano, MR (2010): Comercial *Cucurbita pepo* squash hybrids carrying disease resistance introgressed from *Cucurbita moschata* have high genetic similarity. In: Paris, H.S. (2016): Genetic Resources of Pumpkins and Squash, *Cucurbita* spp. In: Grumet, R., Katzir, N., Garcia-Mas, J. (eds) Genetic and Genomics of the Cucurbitaceae. Springer, 2017, pp. 111 – 154

Fujieda, K., Akiya, R. (1962): Genetic study of powdery mildew resistance and spine color on fruit in cucumber. In: Call, A.D., Wehner, T.C. (2010): Gene List 2010 for Cucumber. In: Cucurbit Genetics Cooperative Report 33-34. 2010-2011, pp. 69-103.

Hejný, S., Slavík, B., (1990): Květena české republiky 2. Academia Praha pp. 439-452

Hosoya, K., Kuzuya, M., Murakami, T., Kato, K., Narisawa, K., Ezura, H. (2000): Impact of resistant melon cultivars on *Sphaerotheca fuliginea*. In: Lebeda, A., Křístková, E., Sedláková, B., McCreight, J.D., Coffey, M.D. (2016): Cucurbit powdery mildews: Methodology for objective determination and denomination of races. In: European Journal of Plant Pathology 144. pp. 399-410.

Jahn, M., Munger H.M., McCreight, J.D. (2002): Breeding cucurbit crops for powdery mildew resistance. In: The Powdery Mildews. A Comprehensive Treatise, (Bélanger, R.R., Bushnell, W.R., Dik, A.J., Carver, T.L.W., eds.). APS Press, St. Paul, MN (USA), pp. 239-248.

Kooistra, E. (1968): Powdery mildew resistance in cucumber. In: Call, A.D., Wehner, T.C. (2010): Gene List 2010 for Cucumber. In: Cucurbit Genetics Cooperative Report 33-34. 2010-2011, pp. 69-103.

Křístková, E. (1999): Biologie a epidemiologie hub řádu *Erysiphales* na rodu *Cucurbita*. Autoreferát disertace k získání vědecké hodnosti doktor. PřF UP. Katedra botaniky. Olomouc. 24 p.

Křístková, E., Lebeda, A. (1999): Powdery mildew on *Cucurbita* spp. in the Czech Republic. Acta Horticulturae 492: 377 - 382

Křístková, E., Lebeda, A., Sedláková, B. (2004): Virulence of Czech cucurbit powdery mildew isolates on *Cucumis melo* genotypes MR-1 and PI 124112. Scientia Horticulturae 99: 257 - 265.

Křístková, E., Lebeda, A., Sedláková, B., (2009): Species spectra, distribution and host range of cucurbit powdery mildews in the Czech Republic, and in some other European and Middle Eastern countries. Phytoparasitica 37. 337-350

Křístková, E., Lebeda, A., Sedláková, B., Duchoslav, M. (2002): Distribution of cucurbit powdery mildew species in the Czech Republic. In: Lebeda, A., Sedláková, B., Křístková, E. (2007): Temporal changes in pathogenicity structure of cucurbit powdery mildews populations. Acta Horticulturae 731: 381-388.

Lebeda, A. (1983): The genera and species spectrum of cucumber powdery mildew in Czechoslovakia. Phytopathol. 108. 71-79

Lebeda, A. (1988): Specifičnost vztahu hostitel-parazit, pp. 11-15. In: Lebeda, A., Bartoš, P., Jendrulek, T. Šlechtění rostlin na rezistenci k chorobám/ Plant Breeding for Disease Resistance. Sborník ČSAZ, č. 120.

- Lebeda, A.** (1989a): Patogenismus. In Lebeda A., Mieslerová B., Huszár J., Sedláková B., (2017): Padlí kulturních a planě rostoucích rostlin. Agriprint. Olomouc. 368 pp.
- Lebeda, A.** (1989b): Specifičnost vzájemných vztahů mezi hostitelem a patogenem. In Lebeda A., Mieslerová B., Huszár J., Sedláková B., (2017): Padlí kulturních a planě rostoucích rostlin. Agriprint. Olomouc. 368 pp.
- Lebeda, A., Křístková, E.** (1996): Variation in *Cucurbita* spp. for field resistance to powdery mildew, pp. 235-240. In: Lebeda A., Mieslerová B., Huszár J., Sedláková B., (2017): Padlí kulturních a planě rostoucích rostlin. Agriprint. Olomouc. 368 pp.
- Lebeda, A., Křístková, E.** (2000): Interactions between morphotypes of *Cucurbita pepo* and obligate biotrophs (*Pseudoperonospora cubensis*, *Erysiphe cichoracearum* and *Sphaerotheca fuliginea*). In: Paris, H.S. (2016): Genetic Resources of Pumpkins and Squash, *Cucurbita* spp. In: Grumet, R., Katzir, N., Garcia-Mas, J. (eds) Genetic and Genomics of the Cucurbitaceae. Springer, 2017, pp. 111 – 154
- Lebeda, A., Křístková, E., Doležal, K.** (1999): Peroxidase isozyme polymorphism in *Cucurbita pepo* cultivars with various morphotypes and different level of field resistance to powdery mildew. In: Lebeda, A., Sedláková, B. (2010): Screening for resistance to cucurbit powdery mildews (*Golovinomyces cichoracearum*, *Podosphaera xanthii*). In: Spencer, M.M., Lebeda, A. (Eds.): Mass Screening Techniques for Selecting Crops Resistant to Disease. International Atomic Energy Agency (IAEA), Vienna, Austria, 2010, Chapter 19, pp. 295-307.
- Lebeda, A., Křístková, E., Sedláková, B., Coffey, M.D., McCreight, J.D.** (2011): Gaps and perspectives of pathotype and race determination in *Golovinomyces cichoracearum* and *Podosphaera xanthii*. Mycoscience 52: 159-164.
- Lebeda, A., Křístková, E., Sedláková, B., McCreight, J.D.** (2016): Initiative for international cooperation of researchers and breeders related to determination and denomination of cucurbit powdery mildew races. In: Kozik EU, Paris HS (eds) Proceedings of Cucurbitaceae 2016, XIth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae. July 24-28, 2016, Warsaw, Poland, pp. 148-152.
- Lebeda, A., Křístková, E., Sedláková, B., McCreight, J.D., Coffey, M.D.** (2008): New concept for determination and denomination of pathotypes and races of cucurbit powdery mildew. In: Pitrat M (ed) Proceedings of Cucurbitaceae 2008. Avignon: INRA, pp. 125-134.
- Lebeda, A., Křístková, E., Sedláková, B., McCreight, J.D., Coffey, M.D.** (2016): Cucurbit powdery mildews: methodology for objective determination and denomination of races. Eur J Plant Pathol 144: 399-410.
- Lebeda, A., Křístková, E., Sedláková, B., McCreight, J.D., Kosman, E.** (2018): Virulence variation of cucurbit powdery mildews in the Czech Republic – population approach. Eur J Plant Pathol. <https://doi.org/10.1007/s10658-018-1476-x>
- Lebeda, A., Mieslerová, B., Huszár, J., Sedláková B.**, (2017): Padlí kulturních a planě rostoucích rostlin. Agriprint. Olomouc. 368 pp.
- Lebeda, A., Sedláková, B.** (2004): Druhové spektrum, patogenní variabilita a rezistence vůči fungicidům u padlí tykvovitých (Species spectrum, pathogenicity variation and resistance to

fungicides in cucurbit powdery mildew). Rostlinolékař 6: pp. 15-19. Internetový zdroj: <http://profipress.cz/archiv/rostlinolekar-62004>

Lebeda, A., Sedláková, B. (2006): Identification and survey of cucurbit powdery mildew races in Czech populations. In: Cucurbitaceae 2006 (Holmes, G., eds.). North Carolina State University, Raleigh, NC, USA, 2006, pp. 444-452.

Lebeda, A., Sedláková, B.(2010): Screening for resistance to cucurbit powdery mildews (*Golovinomyces cichoracearum*, *Podosphaera xanthii*). In: Mass Screening Techniques for Selecting Crops Resistant to Disease (Spencer, M.M., Lebeda, A., eds.). International Atomic Energy Agency (IAEA), Vienna, Austria, 2010, Chapter 19, pp. 295-307.

Lebeda, A., Sedláková, B., Křístková, E. (2007): Temporal changes in pathogenicity structure of cucurbit powdery mildews populations. Acta Horticulturae 731: 381-388.

Lebeda, A., Sedláková, B., Křístková, E., Vajdová, M., McCreight, J.D. (2012): Application of a new approach for characterization and denomination of races of cucurbit powdery mildews a case study of Czech pathogen populations. In: Sari N, Solmaz I, Aras V(eds) Cucurbitaceae 2012. Adana: Cukurova University, pp. 172-180.

Lebeda, A., Widrlechner, MP, Staub, J., Ezura, H., Zalapa, J., Křístková, E. (2007): Cucurbits (Cucurbitaceae; Cucumis spp., Cucurbita spp., Citrullus spp.), In: Singh R (ed) Genetic Resources, Chromosome Engineering, and Crop Improvement Series, Volume 3 Vegetable Crops. CRC Press, Boca Raton, FL, USA, Chapter 8, pp. 271-376.

Lebeda, A., Widrlechner, M. P., Staub, J., Ezura, H., Zalapa, J., Křístková, E. (2007b): Cucurbits (*Cucurbitaceae*; *Cucumis* spp., *Cucurbita* spp., *Citrullus* spp.) In R. J. Singh (Ed.), Genetic resources, chromosome engineering, and crop improvement, vol. 3, vegetable crops (pp. 271–376). Boca Raton: CRC Press, Taylor and Francis Group.

Levi, A., Jarret, R., Kousik, S., Wechter, W.P., Nimmakayala, P., Reddy, U.K. (2016): Genetic Resources of Watermelon. In: Grumet, R., Katzir, N., Garcia-Mas, J. (eds) Genetic and Genomics of the Cucurbitaceae. Springer, 2017, pp. 87–110

Li, B., Zhao, Y., Zhu, Q., Zhang, Z., Fan, C., Amanullah, S., Gao, P., Luan, F. (2017): Mapping of powdery mildew resistance genes in melon (*Cucumis melo* L.) by bulked segregant analysis. Sci. Hort. 220, pp. 160–167.

Limpert, E., Clifford, B., Dreiseitl, A. (1994): Systems of designation of pathotypes of plant pathogens. J Phytopathol 140: 359–362.

Limpert, E., Müller, K. (1994): Designation of pathotypes of plant pathogens. J Phytopathol 140: 346-358.

Longzhou, L., Xiaojun, Y., Run, C., Junsong, P., Huanle, H., Lihua, Y., Yuan, G., Lihuang, Z. (2008): Quantitative trait loci for resistance to powdery mildew in cucumber under seedling spray inoculation and leaf disc infection. In: Lebeda, A., Křístková, E., Sedláková, B., McCreight, J.D., Coffey, M.D. (2016): Cucurbit powdery mildews: Methodology for objective determination and denomination of races. In: European Journal of Plant Pathology 144. pp. 399-410.

McCreight, J.D. (2006): Melon-powdery mildew interactions reveal variation in melon cultigens and *Podosphaera xanthii* races 1 and 2. In: Lebeda, A., Sedláková, B. (2006): Identification and survey of cucurbit powdery mildew races in Czech populations. In:

Cucurbitaceae 2006 (Holmes, G., eds.). North Carolina State University, Raleigh, NC, USA, 2006, pp. 444-452.

McCreight, J.D., Coffey, M.D., Sedláková, B., Lebeda, A. (2012): Cucurbit powdery mildew of melon incited by *Podosphaera xanthii*: Global and western U.S. perspectives. In: Sari N, Solmaz I, Arars V (eds) Cucurbitaceae 2012. Adana: Cukurova University, pp. 181-189.

McGrath, M.T. (1994): Heterothallism in *Sphaerotheca fuliginea*. In: Lebeda, A., Sedláková, B., Křístková, E. (2007): Temporal changes in pathogenicity structure of cucurbit powdery mildews populations. Acta Horticulturae 731: 381-388.

Paris, H.S. (2016): Genetic Resources of Pumpkins and Squash, *Cucurbita* spp. In: Grumet, R., Katzir, N., Garcia-Mas, J. (eds) Genetic and Genomics of the Cucurbitaceae. Springer, 2017, pp. 111 – 154

Paris, H.S., Cohen, R. (2002): Powdery mildew-resistant summer squash hybrids having higher yields than their susceptible, commercial counterparts. In: Paris, H.S. (2016): Genetic Resources of Pumpkins and Squash, *Cucurbita* spp. In: Grumet, R., Katzir, N., Garcia-Mas, J. (eds) Genetic and Genomics of the Cucurbitaceae. Springer, 2017, pp. 111 – 154

Paris, H.S., Padley Jr., L.D. (2014): Gene List for Cucurbita species. In: Cucurbit Genetics Cooperative. Internetový zdroj: <http://cuke.hort.ncsu.edu/cgc/>

Paulech, C. (1995): Flóra Slovenska. In: Lebeda A., Mieslerová B., Huszár J., Sedláková B., (2017): Padlí kulturních a planě rostoucích rostlin. Agriprint. Olomouc. 368 pp.

Pirondi, A., Kitner, M., Lotti, M., Sedláková, B., Lebeda, A., Collina, M. (2016): Genetic structure and phylogeny of Italian and Czech populations of the cucurbit powdery mildew fungus *Golovinomyces orontii* inferred by multilocus sequence typing. Plant Pathology. 65: 959-967.

Pitrat, M. (2016): Melon Genetic Resources: Phenotypic Diversity and Horticultural Taxonomy. In Grumet, R., Katzir, N., Garcia-Mas, J. (eds) Genetic and Genomics of the Cucurbitaceae. Springer, 2017, pp. 25 - 60

Pitrat, M., Risser, G., Bertreand, D., Lecoq, H. (1996): Evaluation of a melon collection for disease resistance. In: Křístková, E., Lebeda, A., Sedláková, B. (2004): Virulence of Czech cucurbit powdery mildew isolates on *Cucumis melo* genotypes MR-1 and PI 124112. Scientia Horticulturae 99: 257 - 265.

Renner, S.S., Schaefer, H. (2016): Phylogeny and Evolution of the Cucurbitaceae. In: Grumet, R., Katzir, N., Garcia-Mas, J. (eds): Genetic and Genomics of the Cucurbitaceae. Springer, 2017, pp. 13 – 24

Robinson, R.W., Providenti, R., Shail, J.W. (1975): Inheritance of susceptibility to powdery mildew in the watermelon. In: Wehner, T.C. (2012): Gene List for Watermelon. In: Cucurbit Genetics Cooperative.

Rušáková, E. (2016): Výzkum patogenní variability v populacích padlí tykvovitých v České republice (2001–2009). Bakalářská práce. Př UP. Katedra botaniky. Olomouc. 119 p.

Sacristán, S., García-Arenal, F. (2008): The Evolution of virulence and pathogenicity in plant pathogen populations. Molecular Plant Pathology 9 (3): 369-384. Review.

Sedláková, B., Lebeda, A., Gryczová, K., Křístková, E. (2014): Virulence structure (pathotypes, races) of cucurbit powdery mildew populations in the Czech Republic in the years 2010 - 2012. In: Havey M, Weng Y, Day B, Grumet R (eds) Cucurbitaceae 2014 Proceedings. Alexandria, VA: ASHS Press, pp. 28-31.

Sedláková, B., Rušáková, E., Křístková, E., Lebeda, A. (2016): Long-lasting (2001-2009) variation in virulence among Czech cucurbit powdery mildew populations screened on eleven *Cucumis melo* differential genotypes. In: Kozik EU, Paris HS (eds) Proceedings of Cucurbitaceae 2016, XIth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae. July 24-28, 2016, Warsaw, Poland, pp. 268-271.

Shanmugasundaram, S., Williams, P.H., Peterson, C.E. (1971b): Inheritance of resistance to powdery mildew in cucumber. In: Call, A.D., Wehner, T.C. (2010): Gene List 2010 for Cucumber. In: Cucurbit Genetics Cooperative Report 33-34. 2010-2011, pp. 69-103.

Schaefer, H., Renner, S. S. (2011): *Cucurbitaceae*. In: Kubitzki, K. (eds) The Families and Genera of Vascular Plants: Volume X: Flowering Plants. Eudicots: Sapindales, Cucurbitales, Myrtaceae. Springer, 2011, pp. 112 – 174.

Sitterly, W.R. (1978): Powdery mildews on cucurbits. In: Lebeda, A., Sedláková, B. (2010): Screening for resistance to cucurbit powdery mildews (*Golovinomyces cichoracearum*, *Podosphaera xanthii*). In: Spencer, M.M., Lebeda, A. (Eds.): Mass Screening Techniques for Selecting Crops Resistant to Disease. International Atomic Energy Agency (IAEA), Vienna, Austria, 2010, Chapter 19, pp. 295-307.

Vakalounakis, D.J., Klironomou, E., Papadakis, A. (1994): Species spectrum, host range and distribution of powdery mildews on Cucurbitaceae in Crete. In: Lebeda, A., Sedláková, B., Křístková, E. (2007): Temporal changes in pathogenicity structure of cucurbit powdery mildews populations. Acta Horticulturae 731: 381-388.

Wehner, T.C. (2012): Gene List for Watermelon. In: Cucurbit Genetics Cooperative. Internetový zdroj: <http://cuke.hort.ncsu.edu/cgc/>

Weng, Y., Wehner, T.C. (2017): Cucumber Gene Catalog 2017. Cucurbit Genetics Cooperative Report 39 & 40 (2016-2017)

Yahiaoui, N., Srichumpa, P., Dudler, R., Keller, B. (2004): Genome analysis at different ploidy levels allows cloning of the powdery mildew resistance gene *Pm3b* from hexaploid wheat. In Lebeda, A., Mieslerová, B., Huszár, J., Sedláková B., (2017): Padlí kulturních a planě rostoucích rostlin. Agriprint. Olomouc. 368 pp.

Zhan, J., Mundt, C.C., Hoffer, M.E., McDonald, B.A. (2002): Local adaptation and effect of host genotype on the rate of pathogen evolution: an experimental test in plant pathosystem. Journal of Evolutionary Biology 15: 634-647.

Zhu, Q., Gao, P., Wan, Y., Cui, H., Fan, C., Liu, S., Luan, F. (2018): Comparative transcriptome profiling of genes and pathways related to resistance against powdery mildew in two contrasting melon genotypes. Sci. Hort. 227, pp. 169–180

Zlochová, K. (1990): Fytopatogénne mikromycéty čeľade *Erysiphaceae* parazitujúce na hostiteľských rastlinách čeľade *Cucurbitaceae* na území Slovenska. In: Lebeda, A., Sedláková, B., Křístková, E. (2007): Temporal changes in pathogenicity structure of cucurbit powdery mildews populations. Acta Horticulturae 731: 381-388.

10 PŘÍLOHY

1. Pracovní list do hodiny biologie – práce s odborným textem
2. Kvantitativní údaje o izolátech *Golovinomyces orontii* a *Podosphaera xanthii* nasbíraných v letech 2013 až 2016 na území ČR
 - Tabulka 1A** Kvantitativní údaje o izolátech *Podosphaera xanthii* z roku 2013
 - Tabulka 1B** Kvantitativní údaje o izolátech *Golovinomyces orontii* z roku 2013
 - Tabulka 2A** Kvantitativní údaje o izolátech *Podosphaera xanthii* z roku 2014
 - Tabulka 2B** Kvantitativní údaje o izolátech *Golovinomyces orontii* z roku 2014
 - Tabulka 3A** Kvantitativní údaje o izolátech *Podosphaera xanthii* z roku 2015
 - Tabulka 3B** Kvantitativní údaje o izolátech *Golovinomyces orontii* z roku 2015
 - Tabulka 4A** Kvantitativní údaje o izolátech *Podosphaera xanthii* z roku 2016
3. Článek prezentovaný na 11. ročníku konference Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics & Breeding, Varšava, Polsko, 2016, publikován ve sborníku Cucurbitaceae 2016

Příloha 1. Práce s odbornou literaturou – porozumění a orientace v textu

Úryvek z knihy: Padlí kulturních a planě rostoucích rostlin (Lebeda a kolektiv, 2017)

Padlí, zástupci řádu Erysiphales, jsou rozsáhlou, taxonomicky a biologicky velmi komplikovanou a rozmanitou skupinou vřekovýtusých hub (Ascomycota). Patří mezi jedny z nejběžněji se vyskytujících hub způsobující choroby rostlin. Tato skupina je poměrně rozsáhlá (kolem 820 druhů), přičemž se jedná o biotrofní parazity krytosemenných rostlin. Jsou poměrně snadno rozeznatelní, vytvářejí charakteristické povrchové bílé mycelium, a to ve formě jednotlivých okrouhlých kolonií (pustulí), které se mohou postupně spojovat a vytvářet rozsáhlé bílé souvislé povlaky, nejčastěji na listech, méně často na plodech a stoncích.

Na okurce seté, ale i mnoha dalších kulturních i planě rostoucích dýňovitých (*Cucurbitaceae*) rostlinách jsou popsány tři různé druhy padlí, které podle současné taxonomie patří do tří různých rodů (*Golovinomyces*, *Podosphaera*, *Leveillula*). Endofytní *L. taurica* je na dýňovitých relativně málo běžným druhem padlí, většinou je vázána na horké a suché oblasti, z hospodářského hlediska není považována za významnou. V temperátních oblastech světa je na zástupcích *Cucurbitaceae*, včetně rodu *Cucumis*, *Cucurbita* a *Citrullus* velmi častý druh *G. orontii*, popřípadě *G. cucurbitacearum*. V teplejších a sušších oblastech, ale i v krytých kulturách naopak převažuje *P. xanthii*. Výskyt těchto druhů není striktně vymezen, v přirozených podmínkách lze oba druhy najít na jedné rostlině, případně i jednom listu ve směsné kultuře. Kvůli klimatickým změnám dochází k výraznému posunu v geografickém rozšíření a ve frekvenci zastoupení obou druhů na hostitelských rostlinách, přičemž *P. xanthii* začíná být stále častěji i v temperátních oblastech, včetně České republiky, což dříve nebylo běžné. Oba dva druhy padlí mohou při časném a silném napadení způsobovat vážné škody.

Úkoly k textu:

1. Do jakého oddělení hub řadíme padlí (český i latinský název)?
2. Popište, jak poznáte, že rostlina byla infikována padlím.
3. Vypište tři rody padlí, které napadají zástupce čeledi dýňovité.
4. Napište 3 rody dýňovitých, které napadá padlí dýňovité.
5. Který druh padlí dýňovitých v posledních letech rozšiřuje oblast svého výskytu v ČR?

Doplňující úkoly:

1. Napište alespoň 2 další zástupce stejného oddělení hub, kam řadíme i padlí.
2. Jaké další houby způsobující onemocnění na rostlinách znáte?
3. Do jakého oddělení hub patří hřib smrkový? Napište další 3 zástupce tohoto oddělení.
4. Napište 2 druhy jedlých hub, 2 druhy jedovatých.
5. Vysvětlete pojem parazit.

Příloha 2. Kvantitativní údaje o izolátech *Golovinomyces orontii* a *Podosphaera xanthii* nasbíraných v letech 2013 až 2016 na území ČR

Tabulka 1A Kvantitativní údaje o izolátech *Podosphaera xanthii* z roku 2013

Kód izolátu	Číslo izolátu	Kraj	Okr.	Lokalita	Místo	HR	Datum sběru
Px_2013_Ol_1	1/13	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	C.melo	23.7.2013
Px_2013_Ol_2	2/13	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	CS	23.7.2013
Px_2013_Ol_3	3/13	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	CP	23.7.2013
Px_2013_Nj_1	6/13	MS	Nový Jičín	Nový Jičín-Kojetín	zahrada	CL	29.7.2013
Px_2013_Nj_2	7/13	MS	Nový Jičín	Nový Jičín-Kojetín	zahrada	C.melo	29.7.2013
Px_2013_Nj_3	9/13	MS	Nový Jičín	Nový Jičín-Kojetín	zahrada	CM	29.7.2013
Px_2013_Ol_5	27/13	OL	Olomouc	Olomouc-Lutín	zahrada	CS	8.8.2013
Px_2013_Ol_6	44/13	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	Lagenaria siceraria	8.8.2013
Px_2013_Ol_7	45/13	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	C.ficifolia	8.8.2013
Px_2013_Nj_4	55/13	MS	Nový Jičín	Nový Jičín-Kojetín	zahrada	C.mosch	29.7.2013

Kraje ČR: OL – Olomoucký, JM – Jihomoravský, MS – Moravskoslezský

Druh hostitelské rostliny (HR): CS – *Cucumis sativus* – okurka obecná, C.melo – *Cucumis melo* – meloun cukrový, CP – *Cucurbita pepo* – tykev obecná, CM – *Cucurbita maxima* – tykev velkoplodá, C.mosch. – *Cucurbita moschata* – tykev muškátová, C. ficifolia – *Cucurbita ficifolia* – tykev fíkolistá

Tabulka 1B Kvantitativní údaje o izolátech *Golovinomyces orontii* z roku 2013

kód izolátu	Číslo izolátu	Kraj	Okr.	Lokalita	místo	HR	datum sběru
Go_2013_Pr	12/13	OL	Přerov	Polkovice	zahrada	CP	6.8.2013
Go_2013_Ho_1	17/13	JM	Hodonín	Veselí nad Moravou	zahrada	CM	6.8.2013
Go_2013_Ho_2	19/13	JM	Hodonín	Strážnice	pole	CP	6.8.2013
Go_2013_Bv	25/13	JM	Břeclav	Velké Bílovice	pole	CP	6.8.2013
Go_2013_Pv_1	29/13	OL	Prostějov	Plumlov	zahrada	CP	8.8.2013
Go_2013_Pv_2	31/13	OL	Prostějov	Rozstání	zahrada	CP	8.8.2013
Go_2013_Bk_1	32/13 2	JM	Blansko	Lipovec	zahrada	CP	8.8.2013
Go_2013_Bk_2	33/13	JM	Blansko	Křtiny	zahrada	CP	8.8.2013
Go_2013_Bo	35/13	JM	Brno-venkov	Ořechov	pole	CM	8.8.2013
Go_2013_Zn_1	39/13	JM	Znojmo	Moravský Krumlov-Polánka	pole	CP	8.8.2013
Go_2013_Ny	53/13	SČ	Nymburk	Lysá nad Labem	zahrada	CP	14.8.2013
Go_2013_Ol	56/13	OL	Olomouc	Olomouc-Svatý Kopeček	zahrada	CM	22.9.2013

Kraje ČR: OL – Olomoucký, JM – Jihomoravský, SČ – Středočeský

Druh hostitelské rostliny (HR): CP – *Cucurbita pepo* – tykev obecná, CM – *Cucurbita maxima* – tykev velkoplodá

Tabulka 2A Kvantitativní údaje o izolátech *Podospaera xanthii* z roku 2014

Kód izolátu	Číslo izolátu	Kraj	Okr.	Lokalita	Místo	HR	Datum sběru
Px_2014_Pr_1	3/14	OL	Přerov	Polkovice	zahrada	CP	12.8.2014
Px_2014_Pr_2	5/14	OL	Přerov	Kojetín	zahrada	CP	12.8.2014
Px_2014_Pr_3	6/14	OL	Přerov	Kojetín	zahrada	CS	12.8.2014
Px_2014_Km	7/14	ZL	Kroměříž	Střížovice	zahrada	CM	12.8.2014
Px_2014_Uh	11/14	ZL	Uherské Hradiště	Ostrožná Nová Ves	zahrada	CP	12.8.2014
Px_2014_Ho_1	15/14	JM	Hodonín	Vnorovy	pole	CP	12.8.2014
Px_2014_Ho_2	16/14	JM	Hodonín	Strážnice	pole	CP	12.8.2014
Px_2014_Ho_3	17/14	JM	Hodonín	Čejč	pole	CP	12.8.2014
Px_2014_Bv	19/14	JM	Břeclav	Velké Bílovice	pole	CP	12.8.2014
Px_2014_Ol_1	22/14	OL	Olomouc	Olomouc-Lutín	zahrada	CM	14.8.2014
Px_2014_Pv	26/14	OL	Prostějov	Plumlov	zahrada	CM	14.8.2014
Px_2014_Bk	29/14	JM	Blansko	Křtiny	zahrada	CP	14.8.2014
Px_2014_Bo_1	32/14	JM	Brno-venkov	Ořechov	zahrada	CP	14.8.2014
Px_2014_Bo_2	33/14	JM	Brno-venkov	Moravské Bránice	zahrada	CP	14.8.2014
Px_2014_Zn_1	35/14	JM	Znojmo	Moravský Krumlov-Polánka	zahrada	CM	14.8.2014
Px_2014_Zn_2	36/14	JM	Znojmo	Dobelice	zahrada	CP	14.8.2014
Px_2014_Zn_3	37/14	JM	Znojmo	Dobelice	zahrada	CM	14.8.2014
Px_2014_Uo	47/14	PA	Ústí nad Orlicí	Choceň	zahrada	CP	19.8.2014
Px_2014_Hk	50/14	HK	Hradec Králové	Ledce	zahrada	CP	19.8.2014
Px_2014_Rk_1	52/14	HK	Rychnov nad Kněžnou	Opočno	zahrada	CP	19.8.2014
Px_2014_Rk_2	53/14	HK	Rychnov nad Kněžnou	Dobruška	zahrada	CM	19.8.2014
Px_2014_Jc_1	54/14	HK	Jičín	Hořice	zahrada	CP	19.8.2014
Px_2014_Jc_2	57/14	HK	Jičín	Jičín-Robousy	zahrada	CP	20.8.2014
Px_2014_Jc_3	58/14	HK	Jičín	Sobotka-Staňkova Lhota	zahrada	CP	20.8.2014
Px_2014_Mb	59/14	SČ	Mladá Boleslav	Dolní Bousov	zahrada	CP	20.8.2014
Px_2014_Ny	63/14	SČ	Nymburk	Lysá nad Labem	zahrada	CP	20.8.2014
Px_2014_Ol_2	66/14	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	Lagenaria siceraria	20.8.2014
Px_2014_Ol_3	67/14	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	C.mosch	20.8.2014
Px_2014_Ol_4	68/14	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	CL	20.8.2014

Px_2014_OI_5	69/14	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	CP	20.8.2014
Px_2014_OI_6	70/14	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	CM	20.8.2014
Px_2014_Nj	74/14	MS	Nový Jičín	Nový Jičín-Kojetín	zahradá	C.mosch	20.8.2014

Kraje ČR: OL – Olomoucký, JM – Jihomoravský, MS – Moravskoslezský, ZL – Zlínský, SČ – Středočeský, HK – Královohradecký, PA – Pardubický

Druh hostitelské rostliny (HR): CS – *Cucumis sativus* – okurka obecná, CP - *Cucurbita pepo* – tykev obecná, CM – *Cucurbita maxima* – tykev velkoplodá, C.mosch. – *Cucurbita moschata* – tykev muškátová

Tabulka 2B Kvantitativní údaje o izolátech *Golovinomyces orontii* z roku 2014

kód izolátu	Číslo izolátu	Kraj	Okr.	Lokalita	místo	HR	datum sběru
Go_2014_Ho	14/14	JM	Hodonín	Veselí nad Moravou	pole	CP	12.8.2014
Go_2014_Pv	20/14 2	OL	Prostějov	Olšany u Prostějova	zahradá	CM	14.8.2014
Go_2014_Mb	61/14	SČ	Mladá Boleslav	Řitovice	zahradá	CP	20.8.2014
Go_2014_Nj	75/14	MS	Nový Jičín	Nový Jičín-Kojetín	zahradá	CP	20.8.2014

Kraje ČR: OL – Olomoucký, JM – Jihomoravský, MS – Moravskoslezský, SČ – Středočeský

Druh hostitelské rostliny (HR): CP - *Cucurbita pepo* – tykev obecná, CM – *Cucurbita maxima* – tykev velkoplodá

Tabulka 3A Kvantitativní údaje o izolátech *Podosphaera xanthii* z roku 2015

kód izolátu	Číslo izolátu	Kraj	Okr.	Lokalita	místo	HR	datum sběru
Px_2015_Bk	4/15	JM	Blansko	Kotvrdovice	zahradá	CM	10.8.2015
Px_2015_Km	16/15	ZL	Kroměříž	Kvasice	zahradá	CP	11.8.2015
Px_2015_Rk	27/15	HK	Rychnov nad Kněžnou	Dobruška	zahradá	CP	12.8.2015
Px_2015_Jc_1	29/15	HK	Jičín	Konecchlumí	zahradá	CP	12.8.2015
Px_2015_Jc_2	30/15	HK	Jičín	Jičín-Robousy	zahradá	CP	12.8.2015
Px_2015_OI_1	34/15	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	C.melo	20.8.2015
Px_2015_OI_2	37/15	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	C.mosch	20.8.2015
Px_2015_Nj_1	40/15	MS	Nový Jičín	Nový Jičín-Kojetín	zahradá	CM	24.8.2015
Px_2015_Pv	42/15	OL	Prostějov	Protivanov	skleník	CS	10.9.2015
Px_2015_Nj_2	43/15 2	MS	Nový Jičín	Nový Jičín-Kojetín	zahradá	CS	25.9.2015
Px_2015_Nj_3	44/15 2	MS	Nový Jičín	Nový Jičín-Kojetín	zahradá	CP	25.9.2015

Kraje ČR: OL – Olomoucký, JM – Jihomoravský, MS – Moravskoslezský, ZL – Zlínský, HK – Královohradecký

Druh hostitelské rostliny (HR): CS – *Cucumis sativus* – okurka obecná, C.melo – *Cucumis melo* – meloun cukrový, CP - *Cucurbita pepo* – tykev obecná, CM – *Cucurbita maxima* – tykev velkoplodá, C.mosch. – *Cucurbita moschata* – tykev muškátová

Tabulka 3B Kvantitativní údaje o izolátech *Golovinomyces orontii* z roku 2015

kód izolátu	Číslo izolátu	Kraj	Okr.	Lokalita	místo	HR	datum sběru
Go_2015_Pv_1	2/15	OL	Prostějov	Plumlov	zahrada	CP	10.8.2015
Go_2015_Bk	3/15	JM	Blansko	Lipovec	zahrada	CP	10.8.2015
Go_2015_Bo	7/15	JM	Brno-venkov	Želešice	pole	CP	10.8.2015
Go_2015_Zn_1	10/15	JM	Znojmo	Hostěradice-Míšovice	zahrada	CP	10.8.2015
Go_2015_Zn_2	12/15	JM	Znojmo	Práče	zahrada	CP	10.8.2015
Go_2015_Km	15/15	ZL	Kroměříž	Střížovice	zahrada	CP	11.8.2015
Go_2015_Zl	17/15	ZL	Zlín	Napajedla	zahrada	CP	11.8.2015
Go_2015_Uh_1	18/15	ZL	Uherské Hradiště	Babice	zahrada	CP	11.8.2015
Go_2015_Uh_2	19/15	ZL	Uherské Hradiště	Ostrožská Nová Ves-Chylice	zahrada	CP	11.8.2015
Go_2015_Ho_1	20/15	JM	Hodonín	Mutěnice	zahrada	CP	11.8.2015
Go_2015_Ho_2	21/15	JM	Hodonín	Čejč	pole	CM	11.8.2015
Go_2015_Bv	22/15	JM	Břeclav	Velké Bílovice	pole	CP	11.8.2015
Go_2015_Sy	23/15	PA	Svitavy	Bohuňovice	zahrada	CP	12.8.2015
Go_2015_Uo	24/15	PA	Ústí nad Orlicí	Choceň	zahrada	CM	12.8.2015
Go_2015_Ny_1	32/15	SČ	Nymburk	Krchleby	zahrada	C.melo	12.8.2015
Go_2015_Ny_2	33/15	SČ	Nymburk	Krchleby	zahrada	CP	12.8.2015
Go_2015_Ol_1	35/15	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	CM	20.8.2015
Go_2015_Ol_2	36/15	OL	Olomouc	Olomouc-Holice	pole	CP	20.8.2015
Go_2015_Pv_2	41/15	OL	Prostějov	Protivanov	zahrada	CP	9.9.2015

Kraje ČR: OL – Olomoucký, JM – Jihomoravský, MS – Moravskoslezský, ZL – Zlínský, PA – Pardubický, SČ - Středočeský

Druh hostitelské rostliny (HR): C.melo – *Cucumis melo* – meloun cukrový, CP - *Cucurbita pepo* – tykev obecná, CM – *Cucurbita maxima* – tykev velkoplodá

Tabulka 4A Kvantitativní údaje o izolátech *Podospaera xanthii* z roku 2016

Kód izolátu	Číslo izolátu	Kraj	Okr.	Lokalita	Místo	HR	Datum sběru
Px_2016_Ol	3/16	OL	Olomouc	Olomouc - Holice	pole	CM	8.8.2016
Px_2016_Pv_1	6/16	OL	Prostějov	Olšany u Prostějova	zahrada	CP	9.8.2016
Px_2016_Pv_2	7/16	OL	Prostějov	Plumlov	zahrada kolonie	CP	9.8.2016
Px_2016_Bk	8/16	JM	Blansko	Kotvrdovice	zahrada	CP	9.8.2016
Px_2016_Bo_1	10/16	JM	Brno-venkov	Ořechov	pole	CP	9.8.2016
Px_2016_Bo_2	11/16	JM	Brno-venkov	Moravské Bránice	zahrada	CP	9.8.2016
Px_2016_Bo_3	12/16	JM	Brno-venkov	Ivančice	zahrada	CP	9.8.2016
Px_2016_Zn_1	13/16	JM	Znojmo	Rybníky	pole	CM	9.8.2016
Px_2016_Zn_2	15/16	JM	Znojmo	Dobelice	pole	CM	9.8.2016
Px_2016_Zn_3	18/16	JM	Znojmo	Prosiměřice	zahrada	CP	9.8.2016
Px_2016_Ho_1	22/16	JM	Hodonín	Čejkovice	zahrada	CM	10.8.2016
Px_2016_Ho_2	23/16	JM	Hodonín	Mutěnice	pole	CP	10.8.2016
Px_2016_Ho_3	25/16	JM	Hodonín	Ratíškovice	pole	CP	10.8.2016
Px_2016_Ho_4	27/16	JM	Hodonín	Vnorovy	pole	CP	10.8.2016
Px_2016_Km_1	29/16	ZL	Kroměříž	Kvasice	zahrada	CP	10.8.2016
Px_2016_Km_2	30/16	ZL	Kroměříž	Postoupky	zahrada	CM	10.8.2016
Px_2016_Pr	33/16	OL	Přerov	Tovačov - Annín	zahrada kolonie	CM	10.8.2016
Px_2016_Uo_1	36/16	PA	Ústí nad Orlicí	Zálší	zahrada	CM	11.8.2016
Px_2016_Uo_2	37/16	PA	Ústí nad Orlicí	Choceň	zahrada	CM	11.8.2016
Px_2016_Jc	41/16	HK	Jičín	Konecchlumí	zahrada	CM	11.8.2016
Px_2016_Ny	44/16	SČ	Nymburk	Lysá nad Labem	zahrada	CP	11.8.2016
Px_2016_Nj_1	47/16	MS	Nový Jičín	Nový Jičín - Kojetín	zahrada	CP	13.8.2016
Px_2016_Su	49/16	OL	Šumperk	Loštice	zahrada	CS	12.9.2016
Px_2016_Nj_2	51/16	MS	Nový Jičín	Starý Jičín - Jičina	zahrada	CS	18.9.2016
Px_2016_Nj_3	52/16	MS	Nový Jičín	Starý Jičín - Jičina	zahrada	CM	18.9.2016
Px_2016_Nj_4	53/16	MS	Nový Jičín	Starý Jičín - Jičina	zahrada	C.mosch	18.9.2016

Kraje ČR: OL – Olomoucký, JM – Jihomoravský, MS – Moravskoslezský, ZL – Zlínský, SČ – Středočeský, HK – Královehradecký, PA – Pardubický

Druh hostitelské rostliny (HR): CS – *Cucumis sativus* – okurka obecná, CP - *Cucurbita pepo* – tykev obecná, CM – *Cucurbita maxima* – tykev velkoplodá, C.mosch. – *Cucurbita moschata* – tykev muškátová

Long-Lasting (2001 to 2009) Variation in Virulence Among Czech Cucurbit Powdery Mildew Populations Screened on Eleven *Cucumis melo* Differential Genotypes

BOŽENA SEDLÁKOVÁ, EVA RUŠÁKOVÁ, EVA KŘÍSTKOVÁ, AND ALEŠ LEBEDA

Palacký University in Olomouc, Faculty of Science, Department of Botany, Šlechtitelů 27,
783 71, Olomouc-Holice, Czech Republic.

e-mail: ales.lebeda@upol.cz

ABSTRACT. The virulence structure of the cucurbit powdery mildews (CPM), *Golovinomyces orontii* s.l. (*Go*) and *Podosphaera xanthii* (*Px*), was studied on a set of 504 isolates (373 *Go* and 131 *Px*). CPM isolates originated from different Cucurbitaceae host species, sampled in various geographical areas of the Czech Republic in the years 2001 to 2009. They were screened on a set of 11 *Cucumis melo* differential genotypes (Iran H, Védrantais, PMR45, WMR29, Edisto 47, PI 414723, PMR5, PI 124112, MR-1, Nantais Oblong, Solartur). Since the year 2005, *C. melo* genotype PI 313970 has been also tested. Seven differentials and also PI 313970 exhibited a broad resistance variation to both CPM species when compared with the other four differentials (Iran H, Védrantais, Nantais Oblong, Solartur) which were highly susceptible. Altogether, 114 different reaction patterns in Czech CPM populations were observed using a differential set of 11 *C. melo* genotypes (old standard set; see Lebeda et al. 2011). There were also noted differential responses to PI 313970 among screened CPM isolates. Isolates virulent to line MR-1 but avirulent to Iran H were found in both CPM species. Differences in virulence variation were found between and within both CPM pathogens, as well as among the studied years and areas. There were substantial differences in the frequencies of low, medium, and highly virulent CPM strains. Medium and highly virulent strains prevailed mostly in Czech CPM populations, with the exception of 2006 when strains with low virulence occurred in more than 50% of the cases in both CPM species.

KEYWORDS: Host-pathogen interaction, cucurbit powdery mildew, *Cucumis melo*, *Golovinomyces orontii*, *Podosphaera xanthii*, virulence variability

Introduction

Cucurbit powdery mildew (CPM) is one of the most intensively worldwide studied powdery mildews because of its economic impact (Jahn et al. 2002, Cohen et al. 2004, Pérez-García et al. 2009). Recently, two genera (*Golovinomyces*, *Podosphaera*) and three species (*Golovinomyces orontii*, *G. cucurbitacearum*, *Podosphaera xanthii*) are reported as causal agents on cucurbits across Central Europe (Braun and Cook 2012). *Golovinomyces* is probably a complex of two species (*G. orontii*, *G. cucurbitacearum*) that are very closely related and differ in some morphological features of anamorph stages (Braun and Cook 2012). In this manuscript we use the names *Golovinomyces orontii* s.l. (*Go*) and *Podosphaera xanthii* (*Px*) for the cucurbit powdery mildew (CPM) causal agents occurring in the Czech Republic (CR). These two species differ in many features, mainly by their host range, ecological requirements, geographical distribution (Křístková et al. 2009), pathogenicity and virulence (Lebeda et al. 2011), and by

their variability in response to fungicides (Sedláková and Lebeda 2008, Lebeda et al. 2010, Sedláková et al. 2012).

Pathogenic specialization in CPM is well known. There is often a very clear expression of compatibility or incompatibility in host plant-powdery mildew interactions that allows for the classification of pathotypes and races based on the patterns of compatible and incompatible reactions on the differential host species or genotypes (Lebeda et al. 2008). Altogether, seven pathotypes (4 *Go*, 3 *Px*) were described internationally (Lebeda et al. 2011). Races of *Gc* and *Px* have, to date, been reported only on melon; two races of *Go* and about 31 races of *Px* have been identified on melons (Lebeda et al. 2011, McCreight et al. 2012). Recent results suggest that even more races exist (McCreight 2006, Lebeda et al. 2011, McCreight et al. 2012).

Preliminary studies of Czech CPM population virulence structure showed that Czech CPM populations are highly variable in their pathogenicity, and are unique and markedly different compared to those of some western and southern European countries and other parts of the world (Lebeda and Sedláková 2004, 2006, Lebeda et al. 2004). Various independent systems of CPM pathotype and race determinations and denominations have been used. Lebeda et al. (2008, 2011, 2016) critically reviewed the current state, gaps, and perspectives in our understanding of pathogenicity

E.U. Kozik and H.S. Paris (Eds.): Proceedings of Cucurbitaceae 2016, the XIth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae, July 24-28, 2016, Warsaw, Poland.

variation in these two CPM pathogens at the pathotype and race levels. They proposed two sets of differential cucurbit genotypes for the identification of CPM pathotypes and races, and an objective, efficient, uniform, and comprehensive coded system for meaningful, concise designation of CPM pathotypes (sextet code) and races (septet code). The preliminary study of a set of 18 CPM isolates using a new proposed race-differential set according to Lebeda et al. (2008) was presented by Lebeda et al. (2012) at Cucurbitaceae 2012 (Adana, Turkey). Also, an extensive study of 115 CPM isolates from different host species of Cucurbitaceae, at various locations in the Czech Republic, and over the years 2010 to 2012, was surveyed by Sedláková et al. (2014) at the subsequent meeting, Cucurbitaceae 2014 (Bay Harbor, Michigan, U.S.A.).

Here we are presenting a case study of virulence variation in Czech CPM populations from 2001 to 2009 using a large set of 504 Czech CPM isolates screened on 11 *Cucumis melo* L. differential genotypes and genotype PI 313970 from 2005.

Materials & Methods

Plant material

Seeds of differential genotypes of sets for race determination (11 differentials of *C. melo* and since the year 2005, also *C. melo* genotype PI 313970) were sown in perlite and grown in a growth chamber. Seedlings were transplanted at the cotyledon stage and grown in a CPM-free greenhouse (for details see Lebeda and Sedláková 2010).

Pathogen isolation, multiplication, and maintenance

CPM samples were microscopically examined before isolation; those determined to be a mixture of *Px* and *Go* were excluded. Conidia of pure cultures were transferred by tapping onto primary leaves of highly susceptible cucumber, *C. sativus* L. 'Stela F₁'. 504 Czech CPM isolates (373 *Go*, 131 *Px*) originated from different host species, sampled in various geographical

areas of the Czech Republic in the years 2001 to 2009 were used for the study. Isolates were cultured on leaf discs in plastic boxes (one isolate per box; 24/18°C day/night; 12 h-day). Multiplication and maintenance of isolates were done as previously described (Lebeda and Sedláková 2010).

Determination of pathogenic variability

All CPM isolates described above were screened for pathogenic variability by a leaf-disc method (Bertrand et al. 1992, Lebeda and Sedláková 2010). There was used a set of 11 differential genotypes of *C. melo* proposed by Krístková and Lebeda (1999) for survey of pathogenicity variation in Czech CPM populations. Since the year 2005, *C. melo* genotype PI 313970 has been also tested. The differential set was comprised of nine of *C. melo* race-differentials (Iran H, Védrentais, PMR 45, WMR 29, Edisto 47, PI 414723, PMR 5, PI 124112, MR-1) proposed by Pitrat et al. (1998) and one *C. melo* genotype Nantais Oblong suggested by Bardin et al. (1999). *C. melo* differential Solartur was added by Krístková and Lebeda (1999). Each genotype was represented by 3 leaf discs (15 mm in diameter) in 3 replicates (one replicate per plant). Discs from true leaves (2 or 3-leaf stage) of cucumber plants were used for screening. Discs were inoculated by tapping a primary leaf of cucumber 'Stela F₁' covered with 3 or 4-day-old sporulating mycelium and incubated under the conditions described above. Evaluations were conducted 6 to 14 days after inoculation by using a 0 to 4 scale (Lebeda 1984). Data were used to calculate a degree of infection (DI) value for each genotype that was classified as resistant /R/ (0 ≤ DI ≤ 1), or susceptible /S/ (1 < DI ≤ 4).

Results & Discussion

Differences in response to the majority of the 11 *C. melo* differentials and genotype PI 313970 were found within individual CPM species, between both CPM pathogens, as well as

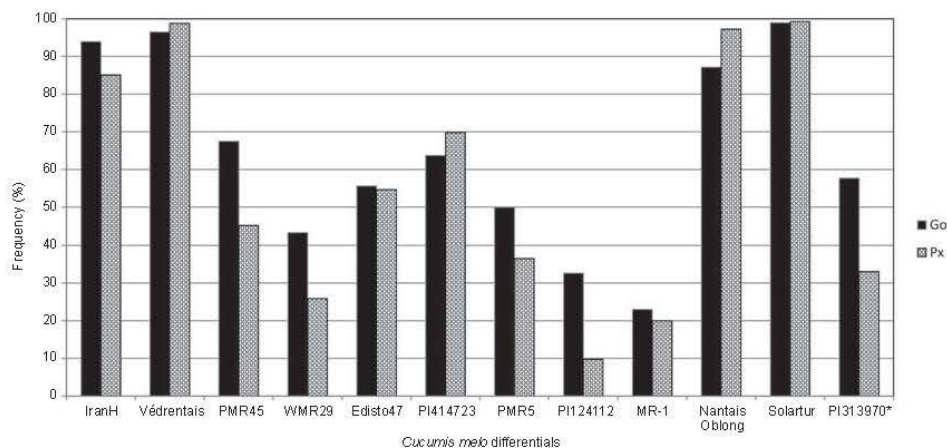


Figure 1. Frequency of occurrence of susceptible reactions of *Cucumis melo* differentials in reaction to the set of Czech CPM isolates (*G. orontii*, *P. xanthii*) originated from 2001 to 2009.

Go – *Golovinomyces orontii*, Px – *Podosphaera xanthii*.

*Response of Czech CPM populations to *C. melo* genotype PI 313970 has been screened since 2005.

among the studied years (Figure 1). Eight differentials (PMR 45, WMR 29, Edisto 47, PI 414723, PMR 5, PI 124112, MR-1, and PI 313970) exhibited a broad resistance variation to both CPM species, mainly among individual years (detailed data from individual years are not presented here). On the contrary, four differentials (Iran H, Védrañtais, Nantains Oblong, Solartur) were highly susceptible, with frequency of susceptible reactions more than 66% in every year of study. Solartur was the most susceptible differential of all, with more than 93% compatible reactions with screened CPM populations over the nine year-period of study. For differential PI 124112, compatible interactions were the least frequent (10%). On differential MR-1, there was observed a similar reaction pattern of screened isolates of both CPM species, with a lower increase in frequency of susceptible reactions, 20 to 23%. Differences in reaction between both CPM species were observed with these five differentials: PMR 45, WMR 29, PMR 5, PI 124112, and PI 313970, and they ranged from 13% to 24%. In contrast, for the other six differentials, differences did not exceed 10%.

Altogether, 114 different reaction patterns in Czech CPM populations were observed using a set of 11 *C. melo* differentials (calculated without genotype PI 313970). Thirty-six reaction patterns were common for both pathogens whereas 57 of them were observed only in *Go* and 21 only in *Px*. Since 2005, when Czech CPM populations were screened also for reaction on PI 313970, there were noted different responses to this genotype. There were also observed differences in the frequency of occurrence of individual reaction patterns within individual CPM species as well as among the studied years (detailed data are not presented here). For both pathogens, we repeatedly observed a variety of reaction patterns (at least twice per studied period) during the nine-years period of study (36% of all reactions detected for individual pathogens). Isolates virulent to line MR-1 but avirulent to Iran H were found in both CPM species. Fifty-five of the isolates (51 *Go*, 4 *Px*) expressed profuse sporulation on all 11 *C. melo* differentials as well as on genotype PI 313970. Differences in virulence variation (number of virulent factors, VF) were found between and within both CPM pathogens, as well as among the studied years and areas. Substantial differences were observed in frequencies of low (number of VF: 1 to 4), medium (VF: 5 to 7) and highly virulent (VF: 9 to 11) CPM strains during the nine-years period of study. Medium and highly virulent strains prevailed mostly in Czech CPM populations, with the exception of 2006 when strains with low virulence occurred in more than 50% frequency. In contrary, in 2006 the highly virulent strains were found in less than 7% in populations of both CPM species.

The results presented here have verified our preliminary studies (Lebeda and Sedláková 2004, 2006, Lebeda et al. 2004) on a large set of 504 CPM isolates and also corresponded with early published results from CR by Křístková et al. (2004). A broad resistance variation of Czech CPM populations observed on genotype PI 313970 confirmed results published by Sedlářová et al. (2009) who studied histological aspects of *C. melo* PI 313970 resistance to *Px* and *Go*. The results presented here are interesting from these points of view: (1) they reveal substantial virulence variation in both CPM species and the occurrence of a huge number of races, (2) they demonstrate the existence of new (and until now unknown) virulence/avirulence patterns and susceptibility/resistance factors in pathogen populations as well as in differential host genotypes, (3) they show

that Czech CPM populations are very heterogeneous and flexible in time and space in their virulence; also, they differ significantly from CPM populations in other countries, (4) they demonstrate that both CPM species have high evolutionary potential and according to the terminology of McDonald and Linde (2002) could be considered as “risky” pathogens, and (5) they substantially contribute to the development and verification of a new, unified system of determination and denomination of CPM races (Lebeda et al. 2016).

Acknowledgments

This research was supported by the following grants: QH71229, MSM6198959215, IGA-2016-001.

Literature Cited

- Bardin M, Carlier J, Nicot PC (1999) Genetic differentiation in the French population of *Erysiphe cichoracearum*, a causal agent of powdery mildew of cucurbits. *Plant Pathol* 48: 531–540.
- Bertrand F, Pitrat M, Glandard A, Lemaire JM (1992) Diversité et variabilité des champignons responsables de l'oidium des cucurbitacées. *Phytoma Défence Végétaux* 438: 46–49.
- Braun U, Cook RTA (2012) Taxonomic manual of the Erysiphales (powdery mildews). Utrecht: CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, pp 707.
- Cohen R, Burger Y, Katzir N (2004) Monitoring physiological races of *Podosphaera xanthii* (syn. *Sphaerotheca fuliginea*), the causal agent of powdery mildew in cucurbits: Factors affecting race identification and the importance for research and commerce. *Phytoparasitica* 32: 174–183.
- Jahn M, Munger HM, McCreight JD (2002) Breeding cucurbit crops for powdery mildew resistance. In Bélanger RR, Bushnell WRA, Dik J, Carver TLW (eds) *The powdery mildews: a comprehensive treatise*. St. Paul: APS Press, pp 239–248.
- Křístková E, Lebeda A (1999) Powdery mildew of cucurbits in the Czech Republic-species, pathotype and race spectra. In: *The first international powdery mildew conference, programme and abstracts*. Avignon, pp 14–15.
- Křístková E, Lebeda A, Sedláková B (2004) Virulence of Czech cucurbit powdery mildew isolates on *Cucumis melo* genotypes MR-1 and PI 124112. *Sci Hort* 99: 257–265.
- Křístková E, Lebeda A, Sedláková B (2009) Species spectra, distribution and host range of cucurbit powdery mildews in the Czech Republic, and in some other European and Middle Eastern countries. *Phytoparasitica* 37: 337–350.
- Lebeda A (1984) Screening of wild *Cucumis* species for resistance to cucumber powdery mildew (*Erysiphe cichoracearum* and *Sphaerotheca fuliginea*). *Sci Hort* 24: 241–249.
- Lebeda A, Sedláková B (2004) Disease impact and pathogenicity variation in Czech populations of cucurbit powdery mildews. In: Lebeda A, Paris HS (eds) *Proceedings of Cucurbitaceae 2004*. Olomouc, Palacký University, pp 281–287.
- Lebeda A, Sedláková B (2006) Identification and survey of cucurbit powdery mildew races in Czech populations. In: Holmes GJ (ed) *Cucurbitaceae 2006*. Asheville, NC, U.S.A. ASHS Press, pp 444–452.
- Lebeda A, Sedláková B (2010) Screening for resistance to cucurbit powdery mildew (*Golovinomyces cichoracearum*, *Podosphaera xanthii*). In: *Mass screening techniques for selecting crops resistant to diseases*. Vienna: IAEA, pp 295–307.

- Lebeda A, Sedláková B, Křístková E (2004) Distribution, harmfulness and pathogenic variability of cucurbit powdery mildew in the Czech Republic. *Acta Fytotech Zootech* 7: 174–176.
- Lebeda A, Křístková E, Sedláková B, McCreight JD, Coffey MD (2008) New concept for determination and denomination of pathotypes and races of cucurbit powdery mildew. In: Pitrat M (ed) *Cucurbitaceae* 2008. Avignon: INRA, pp 125–134.
- Lebeda A, McGrath MT, Sedláková B (2010) Fungicide resistance in cucurbit powdery mildew fungi. In: Carisse O (ed) *Fungicides*. Vienna: InTech Publishers, pp 221–246.
- Lebeda A, Křístková E, Sedláková B, Coffey MD, McCreight JD (2011) Gaps and perspectives of pathotype and race determination in *Golovinomyces cichoracearum* and *Podosphaera xanthii*. *Mycoscience* 52: 159–164.
- Lebeda A, Sedláková B, Křístková E, Vajdová M, McCreight JD (2012) Application of a new approach for characterization and denomination of races of cucurbit powdery mildews – a case study of Czech pathogen populations. In: Sari N, Solmaz I, Aras V (eds) *Cucurbitaceae* 2012. Adana: Cukurova University, pp 172–180.
- Lebeda A, Křístková E, Sedláková B, McCreight JD, Coffey MD (2016) Cucurbit powdery mildews: Methodology for objective determination and denomination of races. *Europ J Plant Pathol* 144: 399–410.
- McCreight JD (2006) Melon-powdery mildew interactions reveal variation in melon cultigens and *Podosphaera xanthii* races 1 and 2. *J Am Soc Hort Sci* 131: 59–65.
- McCreight JD, Coffey MD, Sedlakova B, Lebeda A (2012) Cucurbit powdery mildew of melon incited by *Podosphaera xanthii*: global and western U.S. perspectives. In: Sari N, Solmaz I, Aras V (eds) *Cucurbitaceae* 2012. Adana, Cukurova University, pp 181–189.
- McDonald BA, Linde C (2002) Pathogen population genetics, evolutionary potential, and durable resistance. *Annu Rev Phytopathol* 40: 349–379.
- Pitrat M, Dogimont C, Bardin M (1998) Resistance to fungal diseases of foliage in melon. In: McCreight JD (ed) *Cucurbitaceae '98: Evaluation and enhancement of cucurbit germplasm*. Aeilomar Conterzen Center Pacific Grove, CA, U.S.A. Press, pp 167–173.
- Pérez-García A, Romero D, Fernández-Ortuño D, López-Ruiz F, De Vincente A, Toréz JA (2009) The powdery mildew fungus *Podosphaera fusca* (synonym *Podosphaera xanthii*), a constant threat to cucurbits. *Mol Plant Pathol* 10: 153–160.
- Sedláková B, Lebeda A (2008) Fungicide resistance in Czech populations of cucurbit powdery mildews. *Phytoparasitica* 36: 272–289.
- Sedláková B, Lebeda A, Jeřábková H, Paulík R, Vajdová M (2012) Resistance to fenarimol, dinocap, benomyl, thiophanate-methyl and azoxystrobin in cucurbit powdery mildew populations in the Czech Republic [Rezistence k fenarimolu, dinocapu, benomyly, thiophanate-methylu a azoxystrobinu v populacích padlí tykvoovitých v České republice]. *Acta Fytotech Zootech* 15 (Special Number): 46–49.
- Sedláková B, Lebeda A, Gryczová K, Křístková E (2014) Virulence structure (pathotypes, races) of cucurbit powdery mildew populations in the Czech Republic in the years 2010–2012. In: Havey M, Weng Y, Day B, Grumet R (eds) *Cucurbitaceae 2014 Proceedings*, Michigan U.S.A., ASHS Press, pp 28–31.
- Sedlářová M, Lebeda A, Mikšíková P, Duchoslav M, Sedláková B, McCreight JD (2009) Histological aspects of *Cucumis melo* PI 313970 resistance to *Podosphaera xanthii* and *Golovinomyces cichoracearum*. *J Plant Dis Prot* 116: 169–176.