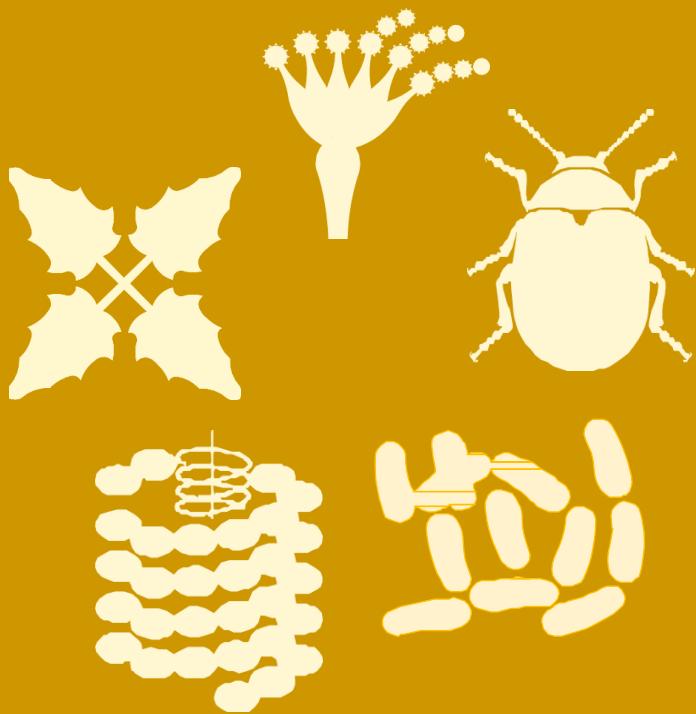


XXII. ČESKÁ A SLOVENSKÁ KONFERENCE O OCHRANĚ ROSTLIN

8.–9. ZÁŘÍ 2022

Sborník abstraktů



Editori:

Natálie Březinová Belcredi

Eva Hrudová

Markéta Michutová

Ivana Šafránková

- MENDELU
- Agronomická
- fakulta

XXII. Česká a slovenská konference o ochraně rostlin

XXII. Czech and Slovak plant protection conference

Mendelova univerzita v Brně

8.–9. září 2022

Sborník abstraktů

Editori: Natálie Březinová Belcredi, Eva Hrudová, Markéta Michutová, Ivana Šafránková

©2022

Možné citace sborníku a jednotlivých abstraktů:

BŘEZINOVÁ BELCREDI N., HRUDOVÁ E., MICHUTOVÁ M., ŠAFRÁNKOVÁ I., 2022: *XXII. Česká a slovenská konference o ochraně rostlin. Sborník abstraktů*. Brno: Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, 8.–9. 9. 2022, 96 s.

MICHUTOVÁ M., ŠAFRÁNKOVÁ I., 2022: Padlí na okrasných rostlinách čeledi hluchavkovité (*Lamiaceae*) v zahradách a parcích jižní a střední Moravy. In: BŘEZINOVÁ BELCREDI N. ET AL. (Eds.): *XXII. Česká a slovenská konference o ochraně rostlin. Sborník abstraktů*. Brno: Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, 8.–9. 9. 2022, 46 s.

Editori: Natálie Březinová Belcredi, Eva Hrudová, Markéta Michutová, Ivana Šafránková

Za věcný obsah příspěvků odpovídá autor.

© Natálie Březinová Belcredi, Eva Hrudová, Markéta Michutová, Ivana Šafránková za kolektiv,
Brno 2022

Mendelova Univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno

ISBN 978-80-7509-848-1



Open Access. This work is licensed under a Creative Commons [Attribution-NonCommercial-NoDerivatives 4.0 \(CC BY-NC-ND 4.0\) International License](#)

Pořadatel a místo konání: Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství
Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně
Zemědělská 1, 613 00 Brno

Datum konání: 8.–9. září 2022

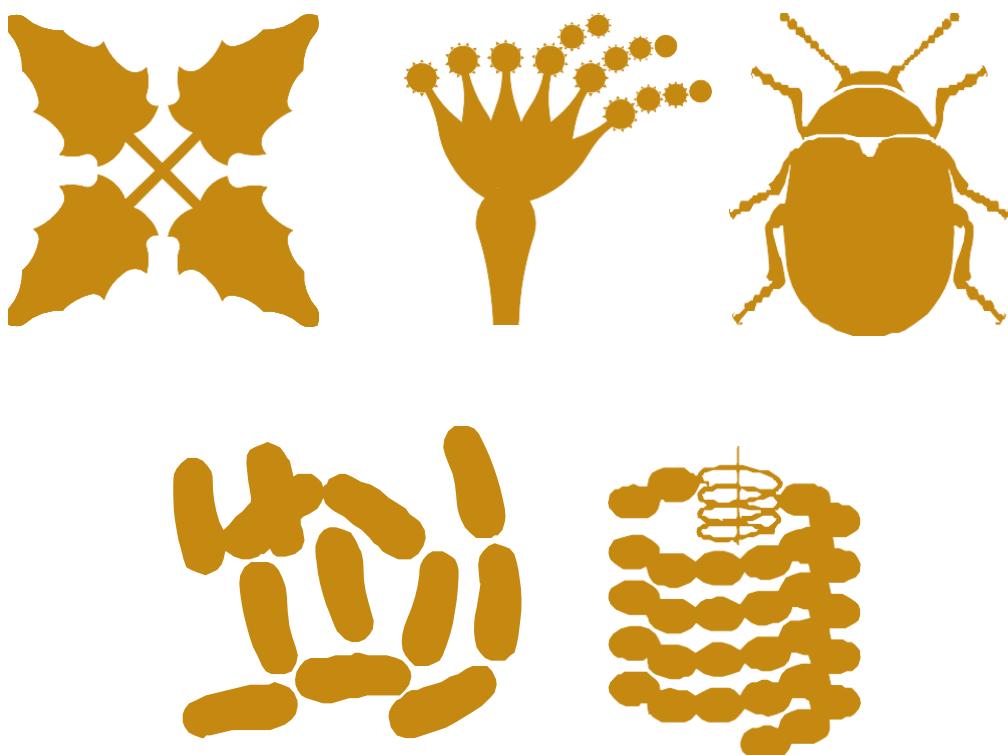
Vědecký výbor: Aleš Lebeda, PřF UP Olomouc
Ludovít Cagáň, FAPZ SPU Nitra
Kamil Hudec, FAPZ SPU Nitra
František Kocourek, VÚRV
Pavel Ryšánek, FAPPZ ČZU v Praze
Josef Soukup, FAPPZ ČZU v Praze
Josef Špak, ÚMBR BC AV ČR České Budějovice
Eva Hrudová, AF MENDELU
Jan Nedělník, VÚP Troubsko – ČAZV
Barbora Jílková, AF MENDELU
Petr Komínek, VÚRV a předseda ČFS
Iveta Pánková, VÚRV
Vladimír Řehák, ČSR

Organizátoři: Natálie Březinová Belcredi
Lenka Dufková
Eva Hrudová
Barbora Jílková
Helena Pluháčková
Žaneta Pražanová
Markéta Michutová
Ivana Šafránková
Hana Šefrová
Jana Víchová

Obsah

Úvodní přednášky	6
Virologie a bakteriologie	12
Mykologie	32
Živočišní škůdci	52
Herbologie	73
Adresář autorů abstraktů a účastníků konference	82
Rejstřík autorů abstraktů	92

Úvodní přednášky



Cross-species statistics to infer host-parasite interactions using genome-wide polymorphism data

Sona John¹, Hanna Märkle^{1,2}, Lukas Metzger¹, Aurélien Tellier¹

¹*Professorship for Population Genetics, School of Life Sciences, Technical University of Munich, Germany; aurelien.tellier@tum.de*

²*Department of Biology, New York University, New York, USA*

Coevolution is driven by genotype \times genotype ($G \times G$) interactions between hosts and their symbionts. While identifying the genes underpinning these interactions can be undertaken using host-parasite genome co-GWAs, deciphering the sign and magnitude of these interactions is so far only possible using experiment approaches. To tackle this limitation, we develop a new theoretical framework and set of statistical indices based on genome data of infected and non-infected hosts sampled from a wild population, along with the pathogen strains extracted from each infected host. We compare the value of each index with neutral expectations in order to 1) assess how many $G \times G$ interactions are biologically relevant, and 2) infer the sign and direction of the underlying model of interaction between host and parasite alleles. As a proof of principle, we apply our method to a set of previously published data of 451 human European individuals and the matching infecting parasites strains of the HCV virus, as well as 503 genomes of uninfected European individuals. We demonstrate that less than 50 host SNP \times parasite amino acid associations are relevant $G \times G$ interactions, and those, even at the MHC genes, do not follow a matching-allele but gene-for-gene or parasite infectivity models of interactions. In the light of the recent history of HCV infections in Europe, we show that 1) hosts do not possess any resistant allele, and 2) the parasite evolves to match the host allele frequencies with only 5 to 17 parasite amino acids being key for infection and exhibit significant $G \times G$ interactions. Our method paves the way to study plant-pathogen coevolution using full genomes of infected and non-infected hosts and their pathogens in wild populations

Towards a uniform logically consistent analysis of population structure and variation of plant pathogens

Evsey Kosman

Institute for Cereal Crops Research, The George S. Wise Faculty of Life Sciences, Tel Aviv University, Israel; kosman@post.tau.ac.il

Valid comprehensive inferences in study of variation of a given system can be reached only if selected approaches to data analysis are able to utilize correctly and consistently all available information. A chain of successive steps for exhaustive descriptive analysis of different facets of variation of hierarchically organized population is considered. All methods and metrics are based on proper assessments of dissimilarities between individuals for different types of data (virulence, molecular, functional data etc.) and distances between populations. Discussion of logical inconsistency, irrelevance and drawbacks of commonly used frameworks of data analysis encompasses examples and alternative solutions.

This research addresses the following main issues.

1. Attributes of population variation and structure.
 - 1.1. Different facets of variability.
 - 1.2. Structure of biological systems.
 - 1.3. Initial hierarchical level - variation within a population.
 - 1.3.1. Dispersion within a population.
 - 1.3.2. Diversity within a population.
 - 1.3.3. Dispersion-based variation within a population.
 - 1.3.4. Singularity/Redundancy of individual types.
 - 1.4. Initial hierarchical level - variation among populations.
 - 1.4.1. Differentiation among populations.
 - 1.4.2. Distance between populations.
 - 1.5. Next hierarchical level - variation within a total population (TP).
 - 1.5.1. Dispersion of populations (within TP).
 - 1.5.2. Dispersion-based variation of populations (within TP).
 - 1.5.3. Singularity/Redundancy of populations (within TP).
 - 1.6. Next hierarchical level - variation among subsets of populations (within TP).
 - 1.6.1. Differentiation among subsets of populations (within TP).
 - 1.6.2. Distance between subsets of populations (within TP).
 - 1.7. Clustering and hierarchical variability.
2. Virulence markers – virulence structure and variability.
 - 2.1. Variation of plant-pathogen interaction with infection type data.
 - 2.2. Linkage disequilibrium and employment of proper methods and metrics.
 - 2.3. Effective number of different populations and virulence polymorphism.
3. Molecular markers – genetic structure and variability with SNPs and SSRs.
4. Functional traits – trait-based structure and variability.

In footsteps of G. J. Mendel and N. I. Vavilov – exploitation and utilization of plant genetic resources in plant resistance breeding against pathogens and pests. Case study: lettuce (*Lactuca* spp.)

Aleš Lebeda¹, Eva Kříšťková¹, Miloslav Kitner¹, David A.C. Pink²

¹Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc, Olomouc-Holice, Czech Republic; ales.lebeda@upol.cz

²Harper Adams University, Newport, Shropshire, United Kingdom

Exploitation and utilization of plant genetic resources in plant resistance breeding against pathogens and pests is based on fundamental principles elaborated by G. J. Mendel (genetics) and N. I. Vavilov (collecting and exploration of crop wild relatives /CWR/ germplasm). In this contribution we summarize some historical consequences of G. J. Mendel and N. I. Vavilov life and scientific contributions, general aspects and specific challenges related to the plant diversity (protection, collecting and storing, exchange, legislation aspects), and the role of plant genetic resources of CWR in crop improvement. Case study is aimed at lettuce *Lactuca sativa* L. and its CWR, and their role in lettuce resistance breeding. Approaches developed and applied by the team in Department of Botany (Palacký University in Olomouc, CR) include monitoring, field trips, and collecting; regeneration (multiplication) and long-term seed storing; morphological assessment (evaluation) of plants during their regeneration; DNA profiling; screening for important traits (e.g. downy mildew, powdery mildew); interspecific hybridization; integration and publication of data – scientific papers, books, lectures, training courses; international cooperation – exploitation of useful traits of wild *Lactuca* spp. germplasm in lettuce breeding. Available literature data on sources of resistance within wild *Lactuca* spp. are presented. Approaches to exploitation of wild *Lactuca* spp. in lettuce resistance breeding are summarized together to examples of lettuce cultivars issued from interspecific hybridization. Future prospects and challenges: a) research of resistance of wild *Lactuca* germplasm is still in the beginning in the relation to many important diseases and pests of cultivated lettuce; b) genetics of interactions is mostly not known; c) mechanisms of resistance are very poorly known; d) multiple disease and pest resistance was not studied in detail yet; e) pyramiding of race-specific resistance genes should be considered; f) exploitation of non-host resistance need more theoretical research as well as practical exploitation in lettuce breeding; g) strategy of durable resistance must be elaborated; h) new technologies (genetic mapping and re-sequencing) offer new ways to screen germplasm collections.

Population genetics of *Zymoseptoria tritici* causing septoria tritici blotch on wheat

Bruce McDonald

ETH Zurich, Institute of Integrative Biology, Zurich, Switzerland;
bruce.mcdonald@usys.ethz.ch

Population genetics provides powerful insights into the biology, history and evolutionary ecology of plant pathogens that can be utilized to develop and improve disease management strategies. Septoria tritici blotch (STB) is distributed worldwide and is currently the most damaging disease on wheat in western Europe. As a result of intensive population genetic studies conducted over the last 30 years, we have learned much about the biology and evolutionary ecology of *Zymoseptoria tritici*. *Z. tritici* first emerged as a pathogen of wheat via host tracking in the Fertile Crescent around 10,000 years ago during the domestication of wheat. After its emergence, the pathogen followed wheat cultivation as it spread across Eurasia and Africa, probably moving on infected seed and straw, and eventually arrived in the New World (the Americas and Australia) as it was colonized by Europeans who planted wheat. *Z. tritici* has a mixed reproduction system characterized by splash-dispersed conidia and air-dispersed ascospores, with 2–3 cycles of sexual reproduction and 3–6 cycles of asexual reproduction occurring during a typical growing season. Wind-dispersed ascospores provide high levels of gene flow that unite large geographical regions into single pathogen populations. This high regional gene flow diminishes the effectiveness of crop rotations and requires the implementation of region-wide management strategies to minimize STB losses. A moderately infected wheat field contains a high level of genetic diversity, with a single hectare containing ~8 million unique genotypes that produce ~5 trillion spores that include ~70 million mutated pycnidiospores encoding new traits such as fungicide resistance or virulence or adaptation to warmer temperatures within each hectare. Most of the high levels of phenotypic diversity observed in field populations comes from the standing genetic diversity already existing in those fields, indicating that each infected field has the potential to generate unique mutations encoding resistance to deployed fungicides and virulence against deployed STB resistance genes. Durable chlamydospores are likely to make a long-lasting contribution to genetic diversity in wheat fields globally. Qst/Fst comparisons of global field populations led to identification of locally adapted quantitative traits, such as thermal tolerance and fungicide resistance, and illustrated that populations can become locally adapted despite high levels of gene flow. Field experiments using mark-release-recapture experimental designs showed that host specialization can emerge during a single growing season and also showed that variety mixtures can stabilize pathogen populations. Experimental crosses coupled with population genomics and new phenotyping technologies enabled the use of QTL mapping to determine the genetic architecture of several quantitative traits, leading to identification and cloning of several novel genes affecting those traits, including the first pathogen gene shown to encode quantitative virulence. These crosses also provided the first evidence for pleiotropy and trade-offs among quantitative traits. Population genomics analyses of global populations coupled with high-throughput automated phenotyping enabled GWAS analyses that identified new candidate genes for several quantitative traits. These analyses also illustrated that trade-offs occur for many traits, including virulence and fungicide sensitivity. These trade-offs can be exploited to develop more sustainable management of STB based on the principles of dynamic diversity.

Gregor Mendel-life, discoveries, and their reflections in plant sciences

Petr Smýkal

Department of Botany, Faculty of Sciences, Palacký University in Olomouc;
petr.smykal@upol.cz

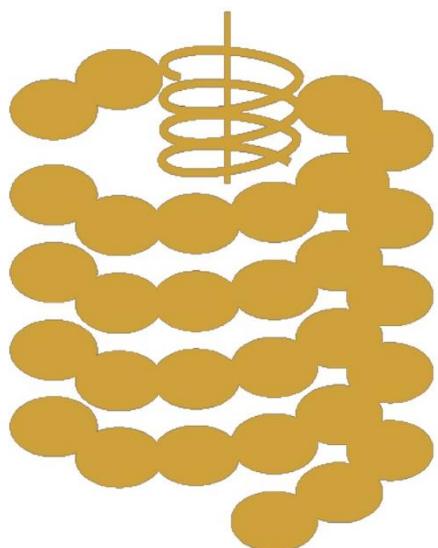
This year we have been celebrating the 200th anniversary of Gregor Mendel's birth. Johann Mendel was born on July 20, 1822, to Anton and Rosine Mendel, on his family's farm, in what was then Heinzendorf (Hyncice), in Silesia, at that time Habsburg monarchy. He was soon recognized as a smart student and received his education at a local school, secondary school in Troppau (Opava), the Piarist colleague at Lipník nad Bečvou and finally at the Philosophical Institute in Olomouc University (1840–43). This later stay was arguably one of the most influential in his life, as he met several important teachers there, who introduced him to mathematics, physics and biology including hereditary issues studied on sheep. Moreover, he was recommended to the Augustinian order at the St. Thomas Monastery in Brno, which he joined in 1843 and was given the name Gregor. At that time, the monastery was a cultural center for the region, and Mendel was immediately exposed to the research and teaching of its members, and also gained access to the monastery's extensive library and experimental facilities. He was sent to Vienna university, to formalize his teaching position. Although he failed to make final exams, this stay has formed his knowledge in various disciplines.

He is world known for his experiments on pea, which he wisely chose as model to study the transmission of hereditary traits in plant hybrids. He cross-fertilized pea plants that had clearly opposite characteristics and, after analyzing his results, reached two of his most important conclusions: the Law of Segregation, which established that there are dominant and recessive traits passed on randomly from parents to offspring, and the Law of Independent Assortment, which established that traits were passed on independently of other traits from parent to offspring. He also proposed that this heredity followed basic statistical laws. His discoveries have paved the beginning of today's genetics.

In the presentation, I will discuss Mendel's research activities besides the famous pea experiment, and his motivation in the context of a view of hereditary transmission at that time. We have now quite clear evidence that his experiments on *Hieracium*, commonly viewed and interpreted as a failure, were in fact conducted in order not to recapitulate pea experiments but to understand the principles of speciation.

Moreover, I will show examples of Mendel's interest in practical aspects of life, including agriculture, contrasting to many scholars of that time. His work is arguably one of the most formative for today's biology and provided the elementary step for scientific breeding.

Virologie a bakteriologie



Experimentálna agroinfekcia rôznych druhov rastlín infekčným klonom vírusu šarky slivky

Experimental agroinfection of different plant species with infectious clone of plum pox virus

Adam Achs, Miroslav Glasa & Zdeno Šubr

Biomedicínske centrum SAV, Virologický ústav, Bratislava; adam.achs@savba.sk

Prirodzený hostiteľský okruh vírusu šarky slivky (PPV) zahrňa kôstkoviny rodu *Prunus*, jeho replikácia však bola popísaná aj v niektorých druhoch bylín. Testovali sme citlivosť deviatich bežne rozšírených rastlinných druhov voči experimentálnej agroinfekcii infekčným cDNA klonom PPV. Vnímavosť niektorých z nich k PPV už bola v minulosti zistená (mak siaty, d'atelina lúčna, hviezdnik ročný, púpava lekárska), u zvyšných testovaných druhov doposiaľ nebola popísaná (špenát siaty, štiav kyslý, d'atelina purpurová, lopúch väčší, šalát siaty). Ako kontrolné hostiteľské druhy PPV boli infikované semenáče slivky domácej a rastlinky *N. benthamiana*.

V našich experimentoch bola infekcia väčšiny testovaných druhov neúspešná. Okrem *N. benthamiana* bola infekcia PPV navodená v slivke domácej (lokálna infekcia), maku siatom (systémová infekcia) a špenáte siatom (lokálna infekcia). Naša práca prvýkrát demonstrovala možnosť agroinfekcie ovocných drevín rodu *Prunus*. Infekcia maku siateho PPV bola v minulosti popísaná len na základě biologických experimentov. Naše výsledky dokázali PPV v rastlinách maku Western blotom a RT-PCR. Lokalizovaná infekcia PPV bola tiež pozorovaná v prípade špenátu siateho, ktorý tak môže predstavovať nového experimentálneho hostiteľa PPV.

Natural host range of plum pox virus (PPV) includes stone fruit trees (*Prunus* sp.). However, replication of PPV has been also observed in several herbaceous species. Here, we tested the susceptibility of nine commonly spread plant species to experimental agroinfection with infectious cDNA clone of PPV. Some of them have already been demonstrated to be susceptible to PPV infection (opium poppy, common dandelion, red clover, annual fleabane), while no information about the susceptibility of other tested species was available (spinach, common sorrel, crimson clover, greater burdock, lettuce). Plum seedlings and *N. benthamiana* plants were included in the test as known PPV hosts.

Infection of most tested species was unsuccessful. Besides *N. benthamiana*, PPV infection was observed in plum (local infection), opium poppy (systemic infection) and spinach (local infection). Thus, we provided the first report of successful agroinfection in stone fruit trees of the genus *Prunus*. In past experiments, the evidence of PPV infection in opium poppy relied only on biological experiments. Our results for the first time confirmed the presence of PPV in opium poppy both by Western blotting and RT-PCR. Lastly, a localized PPV infection has been observed in inoculated spinach leaves following agroinfection. Our findings hence suggest a new potential experimental host of PPV.

The research was supported by the grant 2/0003/22 from the Scientific Grant Agency of Ministry of Education and Slovak Academy of Sciences (VEGA).

Rastlinný vírus s chimérickým genómom – biologicky bezpečný a stabilný RNA templát ako nástroj pri diagnostike vírusových patogénov človeka

Plant virus with a chimeric genome – biologically safe and stable RNA template as a tool at diagnosis of human viral pathogens

Adam Achs & Zdeno Šubr

Biomedicínske centrum SAV, Virologický ústav, Bratislava; zdeno.subr@savba.sk

Genóm rastlinného vírusu možno využiť ako nosič cudzorodej sekvencie na štandardizáciu molekulárnych detekčných metód pre rôzne patogény. V prípade RNA vírusov tento prístup poskytuje pre človeka neinfekčný, enkapsidáciou stabilizovaný templát RNA. Vírusový vektor umožňuje systémovú infekciu rastlín a vysokú akumuláciu produktu, výhodou je aj pomerne jednoduchá purifikácia viriónov.

Do infekčného cDNA klonu vírusu šarky slivky (PPV) sme vložili 453 nt fragment génu pre hemaglutinín vírusu chripky A, 447 nt fragment génu kódujúceho proteín Spike SARS CoV-2 a 573 nt fragment génu nukleoproteínu SARS CoV-2. Všetky konštrukty sme klonovali v *E. coli*, elektroporáciou prenesli do *Agrobacterium tumefaciens* a suspenziou agrobaktérií infiltrovali listy *Nicotiana benthamiana*. Vo všetkých prípadoch sa chimérický vírus v rastlinách replikoval a systémovo šíril. Typické príznaky ochorenia sme pozorovali cca od siedmeho dňa po infekcii, imunochemická analýza dokázala vysokú koncentráciu PPV v rastlinných pletivách a sekvenácia potvrdila prítomnosť vložených úsekov v jeho génome. Dva týždne po infekcii sme z rastlín purifikovali virióny nesúce modifikovanú RNA, ktoré sme následne použili na RT-PCR so špecifickými primermi. Purifikované preparaty možno využiť jednak ako pozitívne kontroly pri molekulárnej diagnostike, jednak pre cielené experimenty pri optimalizácii detekcie patogénov v environmentálnych vzorkách.

The genome of a plant virus may be used as a foreign sequence carrier to prepare for humans noninfectious and nontoxic material for standardization of molecular methods to detect various pathogens. Such approach is favourable especially for RNA viruses, as it produces the same type of detected molecule (RNA) with comparable stability in the environment as the target pathogen (due to its encapsidation). Another advantage of viral vectors is systemic infection of plant tissues and massive accumulation of the product *in planta*, as well as relatively simple virion purification.

We inserted various exogenous sequences into the infectious cDNA clone of plum pox virus (PPV), viz. a 453 nt fragment of influenza A virus hemagglutinin-coding gene, a 447 nt fragment of SARS CoV-2 Spike protein gene and a 573 nt fragment of SARS CoV-2 nucleoprotein gene. The constructs were cloned in *E. coli* and electroporated to *Agrobacterium tumefaciens* which suspension was infiltrated into leaves of *Nicotiana benthamiana* plants. In all cases the chimeric virus replicated and systemically infected the plants. Typical symptoms were observed approximately from the seventh day post infection, immunochemical analysis proved high concentration of PPV in plants and sequence analysis confirmed the presence of inserted fragments in its genome. Two weeks post infection the virions bearing modified RNA were purified from the plants and used for specific RT-PCR. Purified preparates may be applied as positive controls at molecular diagnostics, as well as at experiments directed on optimizing the pathogen detection in environmental samples.

The research was supported by the grant 2/0003/22 from the Scientific Grant Agency of Ministry of Education and Slovak Academy of Sciences (VEGA).

Current status of viruses infecting pumpkins fields and their occurrence in weeds in the Czech Republic

Karima Ben Mansour¹, Jan Kazda¹, Lenka Grimová¹, Marcela Komínková², Petr Komínek², Miloslav Zouhar¹ & Pavel Ryšánek¹

¹Department of Plant Protection, Czech University of Life Sciences, Prague, Czech Republic;

²Crop Research Institute, Prague, Czech Republic; Karina79@hotmail.fr

A survey for major viruses infecting pumpkins and potential reservoirs was performed in the warmest region of the Czech Republic. Samples from 349 pumpkins and 247 weed host species belonging to 14 different families were collected and tested serologically for the presence of five major viruses. The preliminary results showed that CMV was the most prevalent for pumpkin samples, with the highest incidence rate of 79.6%, followed by WMV and ZYMV, which had almost the same incidence rate of 65%. SqMV was the least present, with 7.2% of samples tested positive for it. 13.4% of samples tested positive for CABYV. The predominant type of infection is a double infection, with 36.9%. The preliminary screening of five viruses in the different weed host species showed that more than 1/3 of these samples tested positive. A single infection occurred in wild plants more often than multiple infections. Some weed host species that were not positively tested during previous surveys currently seem to host viruses. The presence of new natural hosts in the Czech Republic and the change in viral species frequency compared to previous surveys (Svoboda, 2011) would provide important support for the national virus management program.

Reference: Svoboda J, 2011. Pathogenic viruses on cucurbitaceous vegetables and their spread in the Czech Republic. *Acta Horticulturae*, 917: 309–315.

Molecular characterization of German Grapevine pinot gris virus isolates indicates genetic variability

Karima Ben Mansour^{1,2}, Noemi Messmer³, Rene Fuchs³, Thierry Wetzel², Pavel Ryšánek¹ & Patrick Winterhagen²

¹*Department of Plant Protection, Czech University of Life Sciences, Prague, Czech Republic*

²*Department of Nematology and Virology, DLR Rheinpfalz, Institute of Plant Protection, Neustadt/Weinstr, Germany*

³*State Institute of Viticulture and Enology, Freiburg, Germany*

Grapevine pinot gris virus (GPGV) is a member of the Trichovirus genus, with a positive single-stranded RNA genome. Previously, the virus was isolated from symptomatic grapevines in northern Italy (Giampetrucci et al, 2012). Following that, the virus was reported from many grapevine growing regions in various countries around the world. Only one GPGV full-length sequence

from Germany is available at the NCBI GenBank (Reynard et al, 2016) and a gap of information about the German virus population is filled with this work. GPGV isolates were obtained from symptomatic and randomly sampled asymptomatic grapevines and used for molecular analysis. The current findings concentrate on the MP/CP coding region of 62 German isolates in order to align them with available sequences from NCBI Genbank for phylogenetic characterization. The MP/CP coding region of the German GPGV isolates revealed that their pairwise identity ranged from 93.2 to 99.8% and that they clustered with isolates from different geographical regions. Six German isolates (Mon-S-305, Mon-S-304 and HS1, HS2, HS4, HS5) are divided into two sub-clades. Premature stop codons at positions 6685 and 6688 were found in approximately one-third of the German isolates studied. These isolates cluster with the previously described symptomatic isolates from Italy. The results of the SLAC method, which was implemented within the datammonkey web application, show that the MP/CP coding region was under a predominant negative influence, indicating a purifying selection that functions to remove deleterious mutations.

References: Giampetrucci A. et al., 2012. *Virus Research*, 163: 262–268.

Reynard J.S. et al., 2016. *Disease Notes*, 100: 2545.

Biologická kontrola bakterií rodu *Xanthomonas* u rajčat pomocí lytických bakteriofágů

Biological control of *Xanthomonas* spp. in tomato by lytic bacteriophages

Sára Brázdová¹, Karel Petrzik¹ & Mária Kocanová²

¹Biologické Centrum AV ČR, v. v. i., České Budějovice; sara.brazdova11@gmail.com

²Zahradnická fakulta, Lednice, Mendelova univerzita v Brně,

Rajče jedlé (*Solanum lycopersicum* L.) je velmi oblíbenou potravinou a důležitým zdrojem minerálních látek a vitamínů. Rostliny však infikuje řada patogenů, vedle devastujících původců plísni a hub (*Phytophthora infestans*, *Alternaria solani*) a viróz (např. TSWV, ToMV) stejně tak i významné bakteriózy, např. bakteriální vadnutí rajčete způsobené *Clavibacter michiganensis* ssp. *michiganensis* a bakteriální skvrnitost rajčat způsobená bakteriemi rodu *Xanthomonas*, resp. kmeny *X. euvesicatoria* (Xe), *X. vesicatoria* (Xv) a *X. gardneri* (Xg). Kontrola bakteriálních onemocnění byla tradičně založena na používání antibiotik a přípravků na bázi mědi. V dnešní době je používání antibiotik pro ochranu rostlin nemožné, navíc existují kmeny *Xanthomonas* k antibiotikům rezistentní. Proto se musíme zaměřit na alternativní možnosti ochrany rostlin.

Bakteriofágy jsou považovány za přirozené predátory bakterií, kteří se navíc v přírodě běžně vyskytují. Jsou velmi specifickí ke svým hostitelům, se kterými se společně vyvíjeli. Pro biologickou ochranu jsou nevhodnější lytické fágy s širokým spektrem hostitelů.

Proti bakteriím rodu *Xanthomonas* bylo objeveno více než 100 různých fágů a dnes jsou již komerčně dostupné i fágové přípravky proti těmto bakteriím. Nový lytickej bakteriophage M29, infikující bakterii *X. campestris* pv. *campestris* (Xcc) jsme původně izolovali z listů zelí. Morfologicky patří tento fág mezi fágy s kontraktilem bičíkem. Velikost jeho genomu je 42 891 pb, obsah G+C je 59,6 %, na genomu je v obou směrech asi 70 pravděpodobných genů. Hlavní výhodou fága M29 je relativně rychlá lyze původní hostitelské bakterie Xcc, a navíc i schopnost infikovat bakterii Xe škodící na rajčeti, tudíž možnost jeho využití k ochraně rajčat.

Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) is a very popular food and an important source of minerals and vitamins. However, plants are attacked by various pathogens, besides devastating fungi (*Phytophthora infestans*, *Alternaria solani*) and viruses (e.g., TSWV, ToMV), such as the important bacterial wilt of tomato caused by the bacterium *Clavibacter michiganensis* ssp. *michiganensis* and bacterial spot of tomato caused by the bacteria of the genus *Xanthomonas* and strains of *X. euvesicatoria* (Xe), *X. vesicatoria* (Xv) and *X. gardneri* (Xg), respectively. The control of bacterial diseases has traditionally been based on the use of antibiotics and copper-based products. Today, the use of antibiotics in crop protection is impossible and there are antibiotic-resistant strains of *Xanthomonas*. Therefore, we must look for alternative ways of plant protection. Bacteriophages are considered natural predators of bacteria, which also widely distributed in nature. They are very specific to their hosts with which they have co-evolved. Lytic phages with a broad host range are best suited for biological control.

More than 100 different phages have been discovered against bacteria of the genus *Xanthomonas*, and phage preparations against these bacteria are now commercially available. The novel lytic bacteriophage M29, which infects the bacterium *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc) was originally isolated from cabbage leaves. Morphologically, this phage belongs to the phages with a contractile tail. The genome has a length of 42 891 bp, the G+C content is 59.6%, and there are probably 70 genes on both sides on the genome. The main advantage of phage M29 is the relatively rapid lysis of the original bacterium Xcc and, in addition, the ability to infect the tomato pathogenic bacterium Xe, and thus the possibility of using it to protect tomatoes.

Průzkum výskytu virů maliníku a ozdravování *in vitro* kultur maliníku v České republice a v Norsku

Survey of raspberry viruses and recovery of *in vitro* raspberry cultures in the Czech Republic and Norway

Jana Fránová¹, Igor Koloniuk¹, Ondřej Lenz¹, Jaroslava Přibylová¹, Tatiana Sarkisova¹, Josef Špak¹, Jiunn Luh Tan^{1,2}, Konstantin Vinokurov¹, Rostislav Zemek¹, Dag-Ragnar Blystad³, Zhibo Hamborg³, Carl Spetz³, Nina Trandem³, Radek Čmejla⁴, Martina Rejlová⁴, Jiří Sedlák⁴, Lucie Valentová⁴, Alois Bilavčík⁵, Miloš Faltus⁵, Stacy Denise Hammond⁵, Jiří Zámečník⁵, Jan Holub⁶ & Jan Skalík⁶

¹Biology Centre CAS, České Budějovice, Czech Republic; jana@umbr.cas.cz

²Faculty of Science, University of South Bohemia, České Budějovice, Czech Republic

³Norwegian Institute of Bioeconomy Research, Ås, Norway

⁴Research and Breeding Institute of Pomology Holovousy Ltd., Hořice, Czech Republic

⁵Crop Research Institute, Prague, Czech Republic

⁶Jan Holub Ltd., Hvozdečko, Czech Republic

V roce 2021 započal mezinárodní projekt „Zdravé ovoce v měnících se klimatických podmínkách: vývoj nových biotechnologických postupů diagnostiky virů, studium vektorů, ozdravování a bezpečného uchovávání jahodníku a maliníku“. Cílem projektu je pěstování vysoko kvalitních matečných rostlin testovaných na viry, zlepšit diagnostiku virů, provést studii hmyzích vektorů, a lépe ochránit cenné rostliny v genofondech a prozkoumat jejich zdravotní stav.

In 2021, an international project on raspberry and strawberry viruses was launched. Twenty-nine and fifteen raspberry plants from the Czech Republic and Norway, respectively, were tested by NGS during 2021. The following known raspberry viruses were detected in the plants: black raspberry necrosis (BRNV), raspberry bushy dwarf (RBDV), raspberry leaf blotch virus, raspberry leaf mottle virus and raspberry vein chlorosis virus. A DNA virus, rubus yellow net virus, was detected in several samples. Further research is needed to establish whether this is a virus infection or a plant genome associated DNA sequence. Six viruses were detected in raspberry for the first time. Additionally, two novel viruses were identified, tentatively named raspberry enamovirus and raspberry rubodvirus. More than 400 raspberries samples and 200 insect samples have been collected and successively tested for the presence of viruses by RT-PCR. RBDV and BRNV had the highest prevalence in the raspberry samples. The most common aphids infesting raspberries in both countries are *Aphis idaei* and *Amphorophora sp*. Promising genotypes and new cultivars were introduced *in vitro* using chlorine-based sterilisation procedures. The optimal medium for subculturing and precultivation of plants for cryopreservation was the MS type medium. Of the 7 *in vitro* genotypes screened, the 'Tulameen' cultivar was infected with BRNV. The cryopreservation procedure as a "cryoknife" for virus eradication and for safe backup of selected raspberry genotypes was tested. The plant vitrification solution PVS3 was used as a vitrification mean. The first results indicate successful eradication of BRNV virus from 'Tulameen'. The evaluation of the newly introduced accession will be the subject of research in the next period of the project.

This work was supported by EEA Grant and Technology agency of the Czech Republic, KAPPA project TO01000295.

Charakterizace nového cytorhabdoviru jahodníku, jeho rozšíření, příprava protilátek a hospodářská škodlivost

Characterization of a new strawberry cytorhabdovirus, its distribution, antibody preparation and effect on fruit yield

Jana Fránová¹, Jaroslava Přibylová¹, Radek Čmejla², Martina Rejlová², Lucie Valentová²
& Igor Koloniuk¹

¹Biology Centre CAS, České Budějovice, Czech Republic; jana@umbr.cas.cz

²Research and Breeding Institute of Pomology Holovousy Ltd., Hořice, Czech Republic

V r. 2017 jsme nalezli na jahodníku nový virus, který byl nazván strawberry virus 1 (StrV-1). Pomocí sekvenování nové generace na platformě Illumina i Ion Proton a následným Sangerovým sekvenováním byly získány kompletní sekvence tří genotypů StrV-1 (A, B, C). StrV-1 má devět protein-kódujících sekvencí a vyznačuje se unikátní genomovou organizací (dva malé geny P6 a P7 se nacházejí mezi geny pro glykoprotein (G) a polymerázu (L)). Velikost genomu StrV-1 se pohybuje kolem 14 000 nt. Fylogenetické analýzy ukázaly nejbližší příbuznost s tomato yellow mottle-associated virus. Nález baciliformních částic a jejich lokalizace v cytoplazmě potvrdila klasifikaci viru v rámci rodu *Cytorhabdovirus*. Pomocí navržených primerů 2f/7r byl StrV-1 detekován v 49 rostlinách jahodníku ze 159 testovaných metodou RT-PCR. Pomocí mšic *Aphis ruborum* a *A. forbesi* byl virus přenesen na *Nicotiana occidentalis* 37B

a *N. benthamiana*. Naroubované rostliny indikátorových klonů *F. vesca* reagovaly na přítomnost StrV-1 vytvořením světle zelených sektorů a nepravidelným prosvětlováním žilek mladých listů. Rekombinantním proteinem N viru StrV-1 byl imunizován králík. Ze séra byly izolovány imunoglobuliny IgG, konjugovány s alkalickou fosfatázou a použity pro DAS-ELISA. Umělou inokulací odrůd Darsellect a Karmen byla pomocí polního pokusu zjištěována hospodářská škodlivost StrV-1. Virus nezpůsoboval žádné příznaky, ale výnosy na jahodách klesly až o 32 % u odrůdy Karmen.

In 2017, we found a new virus on strawberry, named strawberry virus 1 (StrV-1). Using next-generation sequencing followed by Sanger sequencing, the complete sequences of three StrV-1 genotypes (A, B, C) were obtained. StrV-1 has nine protein-coding sequences and is characterized by a unique genomic organization. The genome size of StrV-1 is around 14,000 nt. Phylogenetic analyses clustered StrV-1 into one clade with tomato yellow mottle-associated virus. The finding of bacilliform particles and their localization in the cytoplasm confirmed the classification of the virus within the genus *Cytorhabdovirus*. Using the designed 2f/7r primers, StrV-1 was detected in 49 out of 159 tested strawberry plants using RT-PCR. The virus was transferred to *Nicotiana occidentalis* 37B and *N. benthamiana* by *Aphis ruborum* and *A. forbesi*. Graft-inoculated *F. vesca* indicator clones revealed light green sectors and irregular vein clearing on young leaves. The recombinant StrV-1 N protein was produced for a rabbit immunization. A fraction of IgG immunoglobulins was isolated from serum, conjugated with alkaline phosphatase, and used for DAS-ELISA. Artificial inoculation of Darsellect and Karmen cultivars in a field experiment showed that StrV-1 could cause yield losses up to 32% in infected strawberries (Karmen) that generally exhibited no symptoms.

This research was funded by the Ministry of Agriculture CR, NAZV, projects QK1920245 and QJ1610365.

Molekulárna charakterizácia vírusu zemiaka Y (PVY) a vírusu mozaiky uhorky (CMV) na Slovensku pomocou masívneho paralelného sekvenovania

Molecular characterization of Potato virus Y (PVY) and Cucumber mosaic virus (CMV) in Slovakia using high-throughput sequencing

Miroslav Glasa, Lukáš Predajňa, Adam Achs, Peter Alaxin & Zdeno Šubr

Biomedical Research Center of the Slovak Academy of Sciences, Institute of Virology, Bratislava; miroslav.glasa@savba.sk

Masívne paralelné sekvenovanie (sekvenovanie novej generácie) otvorilo nové príležitosti na neskreslenú diagnostiku rastlinného vírómu bez predchádzajúcich informácií o vlastnostiach genómu príslušných patogénov. Vírus Y zemiaka (PVY) a vírus mozaiky uhoríky (CMV) patria k široko rozšíreným vírusovým patogénom, ktoré infikujú celý rad poľnohospodárskych plodín. Hoci molekulárne vlastnosti a genetická diverzita týchto vírusov boli detailne študované, použitie HTS nám umožnilo získať viacero originálnych výsledkov, vrátane kompletného porovnania genómu a kmeňovej klasifikácie slovenských izolátov PVY a CMV a identifikácie divergentných izolátov s jedinečným rekombinačným vzorom. V prípade CMV sme potvrdili nových hostiteľov z čeľade *Papaveraceae*, čím sa rozšírili údaje o rozsahu prirodzených hostiteľov tohto vírusu. V niektorých prípadoch bola spolu s CMV identifikovaná aj prítomnosť satelitnej RNA. V súčasnosti sa často deteguje zmiešaná infekcia rastliny viacerými vírusmi patriacimi do rôznych taxónov. Je zaujímavé, že v niektorých vzorkách rajčiakov bola identifikovaná zmes rôznych variantov PVY. Manuálne zostavenie HTS dlhých párových čítaní mapovaných pri veľmi vysokej prísnosti oproti manuálne zostaveným konštruktom umožnilo rekonštrukciu takmer úplných genómových sekvencií PVY a identifikáciu kmeňov PVY zapojených do týchto zmiešaných infekcií. Naše výsledky ďalej zdôrazňujú potenciál HTS v štúdiách rastlinnej virologie a poukazujú na kontinuálnu potrebu analýz variability genómu, a to aj v prípade všeobecných a dobre známych vírusových patogénov.

High-throughput sequence analysis has opened novel opportunities for the unbiased diagnosis of the plant virome without prior information about genome properties of involved pathogens. Both potato virus Y (PVY) and cucumber mosaic virus (CMV) belong to ubiquitous and widely distributed viral pathogens infecting a range of agricultural crops. Although the molecular properties and genetic diversity of these viruses were largely studied, the use of HTS has enabled us to obtain several original results, including the complete genome comparison and strain classification of Slovak PVY and CMV isolates and identification of divergent isolates with unique recombination pattern. In case of CMV, new hosts from the *Papaveraceae* family have been confirmed, extending the data on the natural host range of this virus. In some cases, the presence of satellite RNA was identified along with CMV. Mixed infection of plants with several viruses belonging to different taxa is now frequently detected. Interestingly, a mix of different PVY variants was identified in some tomato samples. Manual reassembly of HTS long paired reads mapped at very high stringency against manually assembled scaffolds allowed the reconstruction of near-complete PVY genomic sequences and the identification of the PVY strains involved in these mixed infections. Our results further pinpoint the potential of HTS in plant virology studies and show the necessity of the continuous genome variability analyses, even in case of generalist and well-known virus pathogens.

This work was supported by the project APVV-18-0005.

Bacterial extracellular vesicles roles in plant-microbe interactions

Martin Janda^{1,2,3}, Christina Ludwig⁴, Katarzyna Rybak¹, Laura Krassini¹, Andreas Klingl¹
& Silke Robatzek¹

¹LMU Munich Biocenter, Ludwig-Maximilian-University of Munich, Martinsried, Germany

²University of Chemistry and Technology Prague, Department of Biochemistry and Microbiology, Prague 6 – Dejvice, Czech Republic

³Faculty of Science, University of South Bohemia in České Budějovice, České Budějovice, Czech Republic

⁴Bavarian Center for Biomolecular Mass Spectrometry (BayBioMS), Technical University of Munich, Freising, Germany

Vesiculation is a process employed by Gram-negative bacteria to release extracellular vesicles (EVs) into the environment. EVs are cytosol-containing membrane spheres providing a chassis for the removal and delivery of cargoes in a highly dynamic and cue-responsive manner. EVs from pathogenic bacteria play functions in host immune-modulation, elimination of host defences and acquisition of nutrients from the host. In our work, we observed EV production of the bacterial speck disease causal agent, *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000 (*Pto* DC3000), as outer membrane vesicle (OMV) release. Using mass spectrometry we identified 369 proteins enriched in *Pto* DC3000 EVs. The predicted localization profile of EV proteins supports the production of EVs also in the form of outer-inner-membrane vesicles (OIMVs). *Pto* DC3000 EVs contained known immunomodulatory proteins and could induce plant immune responses, mediated by bacterial flagellin. However, bioinformatic analysis of the EV-enriched proteins suggests a role for EVs in antibiotic defence and iron acquisition. In summary, our data provide new insights into the strategies this plant pathogen uses to establish plant infection. On the poster we will highlight also EVs possible use in biotechnology and agriculture.

Účinnost vybraných komponent silic obsažených v rostlinách z čeledi *Lamiaceae* k patogenu *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum*

Efficacy of selected components of essential oils contained in plant from the family *Lamiaceae* to the pathogen *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum*

Barbora Jílková¹, Jana Víchová¹ & Martin Kmoch²

¹Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Brno; barbora.jilkova@mendelu.cz

²Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o., Havlíčkův Brod

V laboratorních podmínkách byla hodnocena účinnost vybraných komponent silic, které jsou obsaženy v určitých druzích rostlin z čeledi *Lamiaceae*, k pektinolytické bakterii *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum* (*Pcc*). *Pcc* je významným patogenem bramboru, na němž způsobuje bakteriální černání stonku a měkkou hnilibu hlíz.

Pro testování byla zvolena disková difuzní metoda (DDM) s odečtem inhibičních zón a následně byla zjištována minimální inhibiční koncentrace (MIC) a minimální baktericidní koncentrace (MBC) v tekutém médiu. Do testů byly zařazeny čtyři komponenty silic thymol přírodní a syntetický, carvacrol a (R)-(+)-limonen a jako kontrola byl použit komponent cinnamaldehyd.

Komponenty silic vykazovaly rozdílnou účinnost k *Pcc*. Nejvyšší inhibiční účinky byly zjištěny u thymolu syntetického, kdy inhibiční zóny (IZ) byly měřitelné do koncentrace 25 µl/ml, MIC bylo dosaženo při koncentraci 2,5 µl/ml a MBC při koncentraci 3 µl/ml. Nicméně při srovnání s kontrolním komponentem cinnamaldehydem, který dosahoval hodnot – IZ do 10 µl/ml, MIC méně než 0,5 µl/ml a MBC 1,5 µl/ml, je účinnost thymolu syntetického k testované bakterii výrazně nižší. Nejméně efektivní byl k *Pcc* komponent (R)-(+)-limonen, u něhož byly IZ měřitelné do 50 µl/ml, MIC byla zjištěna při koncentraci 10 µl/ml a MBC při koncentraci 25 µl/ml.

The disk diffusion method (DDM), minimum inhibitory concentration (MIC) and minimum bactericidal concentration (MBC) were tested in laboratory conditions to determine the effectiveness of four essential oil components (natural and synthetic thymol, carvacrol and (R)-(+)-limonene) to *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum* (*Pcc*).

The components of the essential oils showed different efficacy to *Pcc*. The highest inhibitory effects were found with synthetic thymol, when inhibition zones were measurable up to a concentration of 25 µl/ml, MIC was reached at a concentration of 2.5 µl/ml and MBC at a concentration of 3 µl/ml. The component (R)-(+)-limonene was the least effective to *Pcc*. The inhibition zones were measurable up to 50 µl/ml, MIC was found at a concentration of 10 µl/ml and MBC at a concentration of 25 µl/ml.

The research was supported by the Ministry of Agriculture CR, NAZV, project no. QK21010083.

Vliv vybraných bakteriofágů rodu *Limestonevirus* na bakterii *Dickeya solani* způsobující měkkou hnilibu hlíz bramboru

The effect of selected bacteriophages of the genus *Limestonevirus* on the bacterium *Dickeya solani* causing potato soft rot

Martin Kmoch¹, Karel Petrzik², Helena Nevolová¹, Sára Brázdrová², Vladislav Klička³, Josef Vacek¹ & Rudolf Ševčík⁴

¹*Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o.*, kmoch@vubhb.cz

²*Biologické centrum AV ČR, v. v. i.*, České Budějovice

³*Veselí Velhartice, a. s.*, Velhartice

⁴*Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Praha*

Pektinolytické bakterie z čeledi *Enterobacteriaceae* jsou patogeny bramboru, které mohou vyvolat významné hospodářské ztráty. Cílem experimentů bylo zjištění účinnosti vybraných lytických bakteriofágů (fágů), které byly izolovány z půdy v České republice v letech 2019–2021, na bakterii *Dickeya solani* van der Wolf *et al.* 2014. Fágy φDs3CZ a φDs20CZ byly aplikovány ve formě roztoku na plátky hlíz a celé uměle poraněné hlízy bramboru před a po inokulaci bakterií *D. solani*. Na fágy ošetřené variantě bylo zaznamenáno statisticky vysoko průkazné snížení rozsahu infekce *D. solani* oproti neošetřené kontrole u obou metod testování. Přestože aplikace roztoku fágů nedokázala úplně eliminovat infekci, vedla k výraznému snížení rozvoje symptomů měkké hniliby hlíz. Účinnost fágů závisela na pořadí aplikace. Fágy aplikované do poraněných hlíz bramboru až po inokulaci bakterií vedly k výrazně nižšímu snížení vývoje symptomů choroby oproti aplikaci fágů před inokulací bakterií. Výsledky testů na hlízách byly potvrzeny ve skleníkových podmínkách, kdy byly fágy využity pro ošetření hlíz před výsadbou. Fágy φDs3CZ a φDs20CZ mají potenciál pro ekologickou ochranu bramboru proti bakterii *Dickeya solani*.

Pectinolytic bacteria of the family *Enterobacteriaceae* are pathogens of potato that could result in significant economic losses. The aim of the experiments was to determine the efficacy of selected lytic bacteriophages (phages), isolated from the soil in the Czech Republic in 2019–2021, on the bacterium *Dickeya solani* van der Wolf *et al.* 2014. The phages φDs3CZ and φDs20CZ were applied in the form of a solution to tuber slices and whole artificially wounded tubers prior to and after inoculation with *D. solani*. For the phage-treated variant a statistical highly significant reduction in *D. solani* infection extent was recorded compared to non-treated control for both testing methods. Although the application of the phage solution could not completely eliminate the infection, it resulted to a significant reduction in development of soft rot symptoms. The efficacy of the phages depended on the application sequence. The phages applied into wounded tubers after inoculation with the bacterium resulted in a significantly less reduction in development of disease symptoms compared to phage application prior to inoculation. The results of assays on tubers were confirmed under greenhouse conditions, when the phages were used for pre-planting tuber treatment. The phages φDs3CZ and φDs20CZ have the potential for ecological potato protection against *Dickeya solani*.

This research was funded by the Ministry of Agriculture of the Czech Republic (project number QK1910028 “Biological control of selected pathogenic bacteria in potatoes”).

Výskyt kmenů viru mozaiky vodního melounu v ČR

The occurrence of watermelon mosaic virus strains in the Czech Republic

Petr Komínek¹, Karima Ben Mansour², Marcela Komínková¹, Jan Kazda², Jana Brožová¹
& Pavel Ryšánek²

¹Výzkumný ústav rostlinné výroby, Praha, kominek@vurv.cz

²Katedra ochrany rostlin, Česká zemědělská univerzita v Praze

Virus mozaiky vodního melounu (*Watermelon mosaic virus* – WMV) je virus rodu potyvirus napadající tykvovité rostliny. Jeho výskyt je v ČR sledován od roku 2003. Poměr pozitivních detekcí tohoto viru v příznakových tykvovitých rostlinách má vzrůstající tendenci a od roku 2010 se četností vyrovnaná viru žluté mozaiky cukety (*Zucchini yellow mosaic virus* – ZYMV). Oba tyto viry tak představují nebezpečí pro pěstitele tykvovité zeleniny, protože kromě listů rostlin poškozují i plody, které jsou potom neprodejné.

Izolát WMV ze středních Čech byl v říjnu 2019 identifikován pomocí ELISA a následně sekvenován pomocí HTS (high throughput sequencing). Izolát je dostupný ve sbírce fytopatogenních virů VÚRV pod číslem VURV-V 28.6. Jeho úplná sekvence délky 10 027 nukleotidů je dostupná v GenBank pod kódem MW188031. Fylogenetická analýza zařadila tento izolát do kmene WMV G3, což je novější, silně patogenní kmen WMV. Sekvenace dalších izolátů WMV ze středních Čech potvrdila plošný výskyt tohoto kmene. Izoláty WMV ze střední Moravy, získané v letech 2003 a 2019, patří ke kmeni G1.

Watermelon mosaic virus (WMV) is a virus from the genus potyvirus, infecting cucurbitaceous plants. Its occurrence in the Czech Republic is monitored since 2003, and it has an increasing tendency. Since 2010, its frequency in symptomatic cucurbits equals zucchini yellow mosaic virus (ZYMV). Both viruses are then considered as economically important because they damage leaves and even fruits of infected plants, causing them unmarketable.

WMV isolate from Central Bohemia was identified by ELISA in October 2019 and deposited in the publicly available collection of phytopathogenic viruses in the Crop Research Institute, Prague under acc. no. VURV-V 28.6. A full-length sequence (10 027 nt) of the WMV isolate was obtained using high throughput sequencing. It is available in GenBank under acc. no. MW188031. Phylogenetic analysis revealed that it belongs into an emerging, severe pathogenic strain G3. Sequencing of further WMV isolates from Central Bohemia confirmed a large occurrence of G3 strain. WMV isolates from Central Moravia, obtained in years 2003 and 2019, belong to a strain G1.

This work was supported by the Ministry of Agriculture of the Czech Republic, institutional support MZE-RO0418.

Rubus yellow net virus (Badnavirus, Caulimoviridae): jeho variabilita a možná integrace do genomu hostitele

Rubus yellow net virus (Badnavirus, Caulimoviridae): its variability and possible integration into the host genome

Ondřej Lenz¹, Jana Fránová¹, Igor Koloniuk¹, Dag-Ragnar Blystad², Zhibo Hamborg², Radek Čmejla³, Lucie Valentová³, Jan Holub⁴ & Jan Skalík⁴

¹Biology Centre CAS, České Budějovice, Czech Republic; lenz@umbr.cas.cz

²Norwegian Institute of Bioeconomy Research, Ås, Norway

³Research and Breeding Institute of Pomology Holovousy Ltd., Hořice, Czech Republic

⁴Jan Holub Ltd., Hvozdečko, Czech Republic

Přes 200 vzorků maliníku z ČR i Norska bylo testováno na přítomnost *Rubus yellow net virus* (RYNV) pomocí PCR/RT-PCR. Sangerovo sekvenování takto získaných fragmentů a jejich následné porovnání ukázalo vysokou nukleotidovou variabilitu a rozdelení do minimálně 3 fylogenetických skupin, podobně jako další sekvence RYNV uložené v GenBank. Sekvenování nové generace (NGS) vybraných pozitivních vzorků naznačilo možnou integraci do genomu maliníků, protože některé sestavené genomy RYNV měly na svých 5'- a 3'-koncích přesahy s velkou podobností k rostlinnému genomu. Správnost sestavení těchto přesahujících sekvencí byla potvrzena Sangerovým sekvenováním a některé z těchto sekvencí jsou podobné (rostlinná + RYNV část) nedávno zveřejněným sekvencím označeným jako RYNV integrované do genomu rostlin.

Over 200 raspberry plants were collected on different locations of both the Czech Republic and Norway, RNA and/or DNA were isolated and screened by RT-PCR and/or PCR, respectively, for the presence of *Rubus yellow net virus* (RYNV). Sanger sequencing of amplified genome fragments revealed relatively high nucleotide variability in between different isolates which corresponded to the variability of the RYNV sequences from GenBank, however. The isolates obtained in this study clustered to the three phylogenetic groups like the isolates from GenBank.

Next generation sequencing of selected samples confirmed the variability on the whole genome. Furthermore, it suggested possible integration of some RYNV sequences into plant genome as there were overhangs on both 5'- and 3'-ends of assembled RYNV genomes which matched plant genome sequences. The real existence of such a plant-RYNV-mixed sequences was ensured by specific PCR using newly designed primer pairs where one primer targeted plant genome and the opposite one annealed on RYNV sequence. Sanger sequencing of resulting specific amplicons confirmed they consisted of plant-genome matching part connected to RYNV-sequence, and some of them were similar to analogous part (plant-genome + RYNV) described and published as integrated RYNV recently.

This work was supported by EEA Grant and Technology agency of the Czech Republic, KAPPA project TO01000295.

Biologická a molekulárna charakterizácia dvoch izolátov vírusu žltej mozaiky fazule zo Slovenska

Biological and molecular characterisation of two *Bean yellow mosaic virus* isolates from Slovakia

Michaela Mrkvová, Jana Kemenczeiová & Daniel Mihálik

Faculty of Natural Sciences, University of Ss. Cyril and Methodius, Trnava, Slovakia;
michaela.mrkvova@ucm.sk

Vírus žltej mozaiky fazule, (*Bean yellow mosaic virus*, BYMV) z rodu Potyvirus patrí k patogénom široko rozšíreným po celom svete. Okrem fazule obyčajnej môže BYMV spôsobiť ekonomicke škody aj pri iných náhylných strukovinách a nestrukvinových plodinách. V tejto práci sme charakterizovali dva izoláty BYMV získané z hrachu (*Pisum sativum L.*) a ďateliny (*Trifolium pratense L.*) na západnom Slovensku. Porovnanie kompletívnych sekvenčí génu pre obalový proteín (CP, 819 nukleotidov) ukázalo 98,0 % identitu medzi dvoma izolátm, pričom zhoda odvodených aminokyselinových CP sekvenčí dosiahla 99,3 %, čo viedlo k dvom aminokyselinovým zmenám v proteíne. Oba izoláty, označené DAT a PS2, boli úspešne mechanicky prenesené z pôvodných hostiteľov na tabak (*Nicotiana bethamiana*), čo bolo potvrdené v DAS-ELISA použitím komerčných protilátok. Napriek ich blízkemu molekulárnemu vzťahu, analyzované izoláty BYMV vykazovali odlišnú symptomatológiu na tabaku (mierne mozaiky vs. intenzívne mozaiky a deformácie listov). Izoláty sa ďalej prenesli na komerčne pestované rastliny hrachu (odrody Alderman, Herkules, Ambrosia) s cieľom porovnať ich schopnosť systematicky infikovať rastliny a odhaliť potenciálne rozdiely v akumulácii vírusu v odlišných rastlinných orgánoch pomocou Western blot analýz.

A potyvirus, *Bean yellow mosaic virus* (BYMV) is widely distributed throughout the world. Besides French bean, BYMV can cause economic damage in other susceptible leguminous and non-leguminous plants. In this work, two BYMV isolates originated from pea (*Pisum sativum L.*) and red clover (*Trifolium pratense L.*) in western Slovakia were characterised. The comparison of complete sequences of the coat protein gene (CP, 819 nucleotides) showed 98.0% identity between two BYMV isolates, while amino acid sequence identities of deduced CPs reached 99.3%, resulting in two aminoacid changes. Both isolates, labelled DAT and PS2, were successfully mechanically transmitted from the original hosts to tobacco (*Nicotiana bethamiana*) as confirmed by DAS-ELISA using commercial antibodies. Despite their close molecular relationship, two BYMV isolates displayed different symptomatology on tobacco (mild mosaics, vs. intensive mosaics and leaf deformations, respectively). The isolates were further transmitted to commercially cultivated pea plants (cv. Alderman, Herkules, Ambrosia) with the aim to compare their ability to systematically infect the plants and highlight potential differences in virus accumulation in distinct plant organs using western blot analyses.

This research was supported by grant APVV-20-0015 from the Slovak Research and Development Agency.

***Dickeya solani* a její lytické fágy z Česka**

***Dickeya solani* and its czech lytic phages**

Karel Petrzik¹, Sára Brázdová¹, Martin Kmoch², Josef Vacek², Rudolf Ševčík³ & Vladislav Klička⁴

¹Biologické Centrum AV ČR, v.v.i., České Budějovice; petrzik@umbr.cas.cz

²Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o.

³Vysoká škola chemicko-technologická, Praha 6

⁴VESA Velhartice a.s.

Dickeya solani je relativně nový rozmáhající se bakteriální patogen brambor, kde způsobuje měkkou hniličku hlíz a černání stonků označovanou jako onemocnění černá noha. V Česku byla bakterie zaznamenána poprvé v roce 2012 a od té doby se sporadicky vyskytuje v oblastech pěstování brambor. Přirozenými antagonisty bakterie jsou bakteriální viry, jichž bylo u *D. solani* popsáno v 5 rodech už 17 druhů. V letech 2019–2021 jsme v produkčních oblastech na Vysočině, Polabí a Pošumaví provedli odběry půdy, vody a rostlinného materiálu a nalezli jsme 7 nových lytických virů. Viry Ds3, Ds5, Ds9, Ds16, Ds20, Ds23 a Ds25 jsou morfologicky viry s nekontraktilem bičíkem a všechny byly klasifikovány do rodu *Limestonevirus*, čeledi *Ackermannviridae*. Viry z jiných taxonomických skupin jsme nenašly. Je pozoruhodné, že další limestoneviry z Ruska, Dánska, Polska, Anglie i Belgie jsou sekvenčně velmi podobné a dohromady těchto 15 izolátů představují jen asi čtyři odlišné druhy. To podporuje hypotézu o relativní novosti bakterie a o koevoluci viru. Na genomu nalezených virů o délce 149 364–155 285 pb bylo identifikováno 196–206 pravděpodobných genů. Rozdíly ve velikosti genomů jsou dány především přítomností/absencí až 21 naváděcích (homing) endonukleáz, které zaujmají až 10 % genomu, a přispívají rovněž k sekvenční variabilitě genomu virů. Virové částice tvoří minimálně 15 strukturálních proteinů identifikovaných *in silico*. Lytickou funkci má nalezený endolysin. Viry začínají lysis hostitelské bakterie už po 60 minutách, jejich fágový výnos je kolem 200 PFU/buňku.

Dickeya solani is a relatively new, spreading bacterial pathogen of potato that causes soft rot of tubers and blackening of stems, known as blackleg disease. The bacterium was first recorded in the Czech Republic in 2012 and has since occurred sporadically in potato growing areas. The natural antagonist of the bacterium is bacterial viruses, which have been described in *D. solani* in 5 genera with 17 species. In 2019–2021 we collected soil, water and symptomatic plants and found 7 new lytic viruses in this material. The Ds3, Ds5, Ds9, Ds16, Ds20, Ds23, and Ds25 viruses are morphologically noncontractile tail viruses and were all classified in the genus *Limestonevirus* of the family *Ackermannviridae*. In their genome, 149 364–155 285 bp in length, 196–206 probable genes have been identified. The differences in genome size are mainly due to the presence or absence of up to 21 homing endonucleases, which account for up to 10% of the genome length and also contribute to the sequence variability of the viral genome. The viral particles consist of at least 15 structural proteins identified *in silico*. The endolysin found has a lytic function. The viruses begin lysing host bacteria after only 60 minutes, and the phage yield is approximately 200 PFU/cell.

The research was supported by the Ministry of Agriculture CR, NAZV, project no. QK1910028.

Směsná infekce cyto- a nukleorhabdoviru v černém rybízu a výskyt obou virů ve dvou druzích mšic v přírodních podmínkách

Mixed cyto- and nucleorhabdoviral infection of black currant and prevalence of both viruses in individuals of two blackcurrant-associated aphid under natural conditions

Jaroslava Přibylová¹, Josef Špak¹, Igor Koloniuk¹, Tatiana Sarkisova¹, Jana Fránová¹, Karel Petrzik¹, Jan Holub² & Jan Skalík²

¹Biologické Centrum Akademie věd ČR, Ústav molekulární biologie rostlin, České Budějovice;
pribyl@umbr.cas.cz

²Jan Holub s.r.o., Bouzov

Při skríninku virových patogenů rybízu metodou sekvenování nové generace byly identifikovány ve 3 rostlinách šlechtitelské linie KB1, poskytnuté firmou Holub s.r.o., sekvence nového viru, který byl předběžně nazván blackcurrant cytorhabdovirus 1 (BCCRhV1). Byla přečtena kompletní sekvence viru. Organizace genomu byla charakteristická pro cytorhabdoviry (čeled' *Rhabdoviridae*).

BLASTP analýza ukázala, že předpokládaný L protein má nejvyšší identitu (75 %) se strawberry virus 2. Rostliny KB 1 byly koinfikovány jiným rhabdovirem blackcurrant nucleorhabdovirus 1 z rodu *Nucleorhabdovirus* též čeledi. Ačkoli jsme pomocí analýz založených na RT-qPCR prokázali vyšší koncentraci BCCRhV1, rozdíly nebyly statisticky významné. Pokusy s přenosem viru BCCRhV1 pomocí *C. galeopsidis* nevedly k přenosu viru. U všech těchto tří rostlin černého rybízu byly elektronmikroskopickým vyšetřením v ultratenkých řezech květních stonků nalezeny částice podobné rhabdoviru. Částice se vyskytovaly v agregátech jak v jádrech, tak v cytoplazmě parenchymatických buněk cévních svazků a měřily v průměru 67×275 nm a 53×219 nm.

Další výzkum by se měl zaměřit na určení přirozeného přenašeče BCCRhV1 a biologického významu viru z hlediska výskytu a dopadu na výnos.

During high-throughput screening of blackcurrant for viral pathogens, sequence signatures of a novel virus were identified in three plants of the KB 1 breeding line provided by the Holub Ltd. The complete genome sequence of the virus, provisionally named blackcurrant cytorhabdovirus 1 (BCCRhV1), was determined. The genomic organization was characteristic to that of cytorhabdoviruses (the *Rhabdoviridae* family). The BLASTP analysis showed that the putative L protein shared the highest identity (75%) with strawberry virus 2. Notably, the KB 1 plants were co-infected with another rhabdovirus, blackcurrant nucleorhabdovirus 1, from the *Nucleorhabdovirus* genus of the same family.

Although we documented higher concentration of BCCRhV1 using the RT-qPCT-based analyses within individual KB 1 plants, the differences were not statistically significant. The BCCRhV1 transmission trials with *Cryptomyzus galeopsidis* aphids were not successful. In all KB 1 blackcurrant plants, rhabdovirus-like particles of on average 67×275 nm and 53×219 nm sizes were found in ultrathin sections of flower stalks by electron microscopical examinations.

Further research should focus on determination of natural BCCRhV1 vector and the virus biological significance in terms of occurrence and yield impact.

This research was supported by a program ‘Strategie AV 21’ of the Czech Academy of Sciences and institutional support RVO60077344.

Výskyt žloutenkových virů na cukrové řepě v České republice

Occurrence of viruses causing sugar beet yellows in the Czech Republic

Pavel Ryšánek¹, Marie Maňasová¹, Lenka Grimová¹, Jiban Kumar², Jaromír Chochola³, Klára Pavlů³ & Miloslav Zouhar¹

¹Katedra ochrany rostlin, Česká zemědělská univerzita v Praze, rysanek@af.czu.cz

²Výzkumný ústav rostlinné výroby, Praha Ruzyně

³Řepařský institut, Semčice

V posledních letech narůstá výskyt virových žloutenek cukrové řepy v západní Evropě a také v ČR. Tyto choroby zde byly značně rozšířeny až do konce osmdesátých let minulého století, ale na začátku devadesátých let téměř zcela zmizely. Při výzkumu jsme se zaměřili na detekci jednotlivých virů, které se na žloutenkách podílejí, a snažili jsme se nalézt i jejich zdroje, ze kterých se na jaře mohou na cukrovou řepu šířit. Pro testování jsme používali ELISA a RT PCR. V roce 2020 jsme v napadených rostlinách nacházeli pouze virus žloutenky řepy. V roce 2021 již převažovaly nálezy dvou polerovirů, viru mírného žloutnutí řepy a viru chlorózy řepy. Jde o první důkaz přítomnosti viru chlorózy řepy u nás. Na jaře roku 2022 jsme testovali řadu přezimujících plevelů, které by mohly být zdrojem infekce pro cukrovou řepu. Nejběžněji se na okrajích polí vyskytuje knotovka, kopřiva, šťovíky, pcháč, lopuch a bolehlav. Na loňských řepných polích se však leckdy vyskytuje i značné množství regenerujících skrojků a oklepů cukrové řepy, které mohou být zdrojem infekce pro okolí. Testování rostlin metodou ELISA je komplikováno rozšířením viru žloutenky vodnice, který touto metodou nemůže být od výše uvedených virů odlišen, ale cukrovou řepu by neměl napadat. Proto je potřeba výsledky potvrzovat metodou RT PCR.

During last several years occurrence of sugar beet virus yellows is increasing in Western Europe as well as in the Czech Republic. These diseases were widespread until the end of eighties of last century. However, they almost totally disappeared at the beginning of nineties. We concentrated on the determination of viruses causing sugar beet yellows and we also tried to find their sources from which they can spread to sugar beet during Spring. We used both ELISA and RT PCR. During limited survey in 2020 we found beet yellows virus only. However, in 2021 findings of two poleroviruses, namely beet mild yellowing virus and beet chlorosis virus, prevailed. It is the first proof of the beet chlorosis virus in this country. During Spring 2022 we tested a lot of overwintering weeds which could be the source of infection for sugar beet. The most common weeds growing on the field borders are white wick, nettle, sorrels, thistle, burdock, and hemlock. On previous year's fields we also found surprising number of regenerating parts of sugar beet roots, which can serve as a source of viruses as well. Testing of plants by ELISA is complicated by the widespread presence of the turnip yellows virus, that can not be distinguished by this method from above mentioned poleroviruses, but it should not be able to infect sugar beet. That is why the results have to be confirmed by RT PCR.

The research was supported by the grant from the Technological agency of Czech Republic No. FW04020104

Charakteristika viromu bezu: detekce nových virových druhů pomocí HTS

Characterisation of elderberry virome: new viral species detected by HTS approach

Dana Šafářová, Kateřina Neumanová, Karolína Vavrušková, Hana Novotná & Milan Navrátil

Katedra buněčné biologie a genetiky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci; dana.safarova@upol.cz

Bez černý (*Sambucus nigra* L.) je opadavá dřevina jejíž květy a plody se využívají v tradičním lékařství, v potravinářském průmyslu, a jsou také oblíbenou surovinou při produkci domácích sirupů, rosolů anebo likérů. Bez je vnímatelný k celé řadě virů, většinou s širokým hostitelským okruhem, jako jsou CMV z čeledi *Bromoviridae*, AMV, CLRV, CRLV, TBRV z čeledi *Secoviridae*, anebo ToMV z čeledi *Virgaviridae*. Moderní techniky 'high-throughput' sekvenování umožňují komplexní analýzu viromu rostlin a byly úspěšně použity k detekci a popisu nových virových patogenů, tak i k metagenomickým analýzám a popisu variability jejich populací. S cílem charakterizovat virom bezu v České republice byl v letech 2016–2022 proveden průzkum. Byla izolována dsRNA a celková rostlinná RNA z listů bezu, která byla následně sekvenována s použitím platformy Illumina, HTS ready (o délce 100 a 161nt) byly následně sestaveny do contigů za pomocí specializovaného software CLC GW and Geneious. Srovnání GenBank virovou databází BLASTX a BLASTN umožnilo identifikaci nových druhů: ss(+)RNA viry reprezentovaných referenčními izoláty: sambucus virus S - *Bromovirus SVS*, sambucus aureusvirus 1 - *Elderberry aureusvirus 1*, a ss(-)RNA rhabdoviry rodů *Cytorhabdovirus* a *Betanucleorhabdovirus*. Analýza potvrdila i výskyt nově popsaných nezařazených virů r. *Carlavirus*, Elderberry carlavirus A a Elderberry carlavirus B, a jejich běžný výskyt společně s CLRV v analyzovaných keřích a stromech.

European elderberry is a deciduous tree whose flowers and fruits are used in traditional medicine, in the food industry, and are also popular in the homemade production of syrups, jellies, and liqueurs. Elderberry is sensitive to viruses with a broad host range, such as CMV of the family *Bromoviridae*, AMV, CLRV, CRLV, and TBRV of f. *Secoviridae*, or ToMV of f. *Virgaviridae*. Modern techniques of high-throughput sequencing allow complex analysis of plant virome and were successfully used for detection and description of the new viruses or metagenomics studies and description of the variability of viral populations. To characterize the virome of elderberries in the Czech Republic, the survey was done during 2016–2022. The dsRNA and total plant RNA were isolated from elderberry leaves, and RNAs were sequenced using the Illumina platform. The HTS reads (100 and 161 nt-long) were assembled into contigs using specialized software CLC GW or Geneious. BLASTX and BLASTN analysis against GenBank viral database allowed identification of novel virus species: ss(+)RNA viruses represented by sambucus virus S isolate of the species *Bromovirus SVS*, sambucus aureusvirus 1 of *Elderberry aureusvirus 1*; and ss(-)RNA viruses represented by novel rhabdoviruses of genera *Cytorhabdovirus* and *Betanucleorhabdovirus*. The analysis allowed detection of unassigned carlaviruses Elderberry carlavirus A and Elderberry carlavirus B and confirmed their common occurrence together with CLRV in analysed shrubs and trees.

This work was supported by the MEYS CZ project COST LD15048 and by STSM of COST Action FA1407 – DIVAS.

Testování podnoží a odrůd jabloní metodou sekvenování nové generace

Testing apple rootstocks and varieties for viruses by next generation sequencing

Josef Špak¹, Jaroslava Přibylová¹, Igor Koloniuk¹, Ondřej Lenz¹, Jiří Sedlák² & Matěj Semerák²

¹Biologické Centrum Akademie věd ČR, Ústav molekulární biologie rostlin, České Budějovice;
spak@umbr.cas.cz

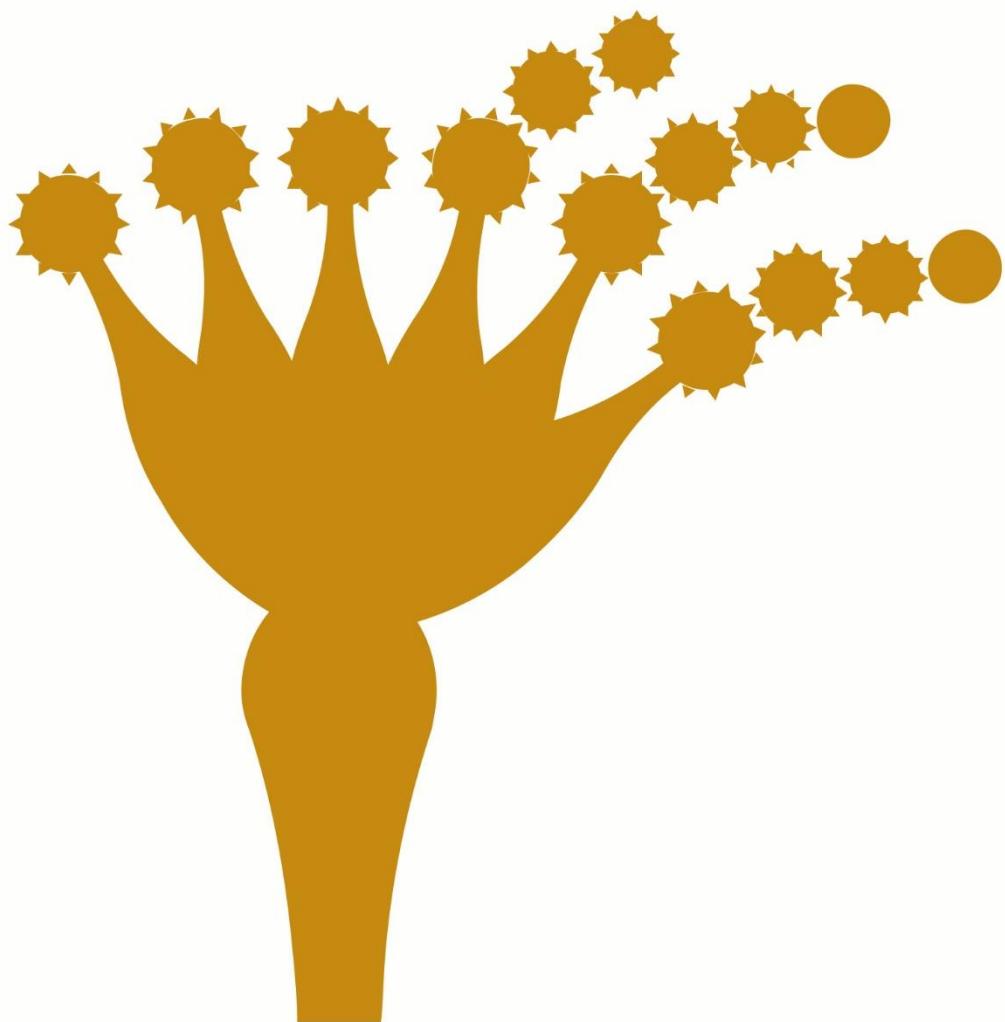
²Výzkumný a šlechtitelský ústav ovocnářský, Holovousy, Hořice

V roce 2019 byl zahájen projekt testování certifikovaných podnoží na přítomnost virům podobných agens (viry, viroidy) metodou sekvenování nové generace (NGS). Cílem je získat pomocí NGS rozmnožovací materiál jabloní prostý virům podobných agens s kvalitativně novými poznatky o zdravotním stavu. Metodou sekvenování nové generace (NGS) bylo testováno 28 podnoží M9 certifikovaných jako Elite a Basis a Standard zakoupených od českého, resp. dvou zahraničních producentů a po 2 rostlinách odrůd 'Golden Delicious', 'Champion', 'Jonagored Supra', 'Red Boskoop', 'Selena' a 'Idared' z technickém izolátu ve Výzkumném a šlechtitelském ústavu ovocnářském Holovousy s.r.o. Knihovny NGS byly připraveny z obohacené dvouvláknové RNA a zpracovány pomocí NovaSeq 6000. Všechny podnože Elite byly prosté jakýchkoli virů nebo viroidům podobných sekvencí. Stejně tak tři z osmi podnoží Basis a rostliny 'Golden Delicious', 'Jonagored Supra' a 'Boskoop red' byly shledány prostými jakýchkoli virů nebo viroidům podobných sekvencí. U zbývajících Basis podnoží a odrůd jabloní jsme pomocí NGS nalezli a pomocí RT-PCR a sekvenování potvrdili Apple hammerhead viroid-like RNA (AHVd), Citrus concave gum-associated virus (CCGaV), Solanum nigrum ilarvirus 1 (SnIV-1), zatímco v podnožích Standard byl přítomen pouze AHVd and SnIV-1. V některých podnožích Basic a Standard jsme rovněž zjistili sekvence tří pravděpodobně nových virů, které jsou předmětem dalších studií. AHVd, CCGaV a SnIV-1, byly zjištěny také v komerčních sadech, staré jabloňové aleji a ve stromech v domácích zahradách, což naznačuje jejich přítomnost v České republice pravděpodobně již po několik desetiletí.

A project on Next Generation Sequencing (NGS) testing of certified rootstocks for virus-like agents (virus, viroid) started in 2019. The aim is to acquire virus-like agent free apple propagation material with qualitatively new knowledge about health status using NGS. Twenty-eight M9 rootstock plants certified as Elite, Basis and Standard material purchased from a Czech and two international producers, respectively, and 2 plants each of cultivar 'Golden Delicious', 'Champion', 'Jonagored Supra', 'Red Boskoop', 'Selena' and 'Idared' from technical isolation in insect proof screen-house at the Research and Breeding Institute of Pomology Holovousy Ltd., were tested by NGS. The NGS libraries were prepared from enriched double-stranded RNA and processed with NovaSeq 6000. All Elite rootstocks were free of any virus or viroid-like sequence. Similarly, three of eight Basis quality rootstocks, and plants of 'Golden Delicious', 'Jonagored Supra' and 'Boskoop red' were found free of any virus or viroid-like sequence. In the remaining Basis rootstocks and in apple cultivars we found by NGS and confirmed by RT-PCR and sequencing Apple hammerhead viroid-like RNA (AHVd), Citrus concave gum-associated virus (CCGaV), Solanum nigrum ilarvirus 1 (SnIV-1), while the Standard contained only AHVd and SnIV-1. In some Basic and Standard rootstocks, we found sequences of three tentative novel viruses, which are subjects of further studies. AHVd, CCGaV and SnIV-1 were detected also in commercial orchards, an old apple alley and home garden trees, suggesting their presence in the Czech Republic probably for decades.

The research was supported by the Ministry of Agriculture CR, NAZV, project no. QK1910065.

Mykologie



Variabilita vybranej populácie múčnatky trávovej na pšenici v rokoch 2017–2021

The variability of west slovak wheat powdery mildew population in 2017–2021

Katarína Bojnanská & Miroslava Hrdlicová

Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum, Výskumný ústav rastlinnej výroby, Piešťany; katarina.bojnanska@nppc.sk

Múčnatka trávová (*Blumeria graminis* f.sp. *tritici*) patrí medzi najvýznamnejšie choroby pšenice. Patogén, ktorý ju spôsobuje, je schopný rýchlo vyvíjať nové virulentné patotypy a pretože je vetrom prenosný, migrácia génov virulencie je taktiež rýchla. Odolnosť rastlinky je jedným z najdôležitejších spôsobov ako udržať patogéna pod kontrolou. Súčasné metódy ochrany pred múčnatkou využívajú najmä rezistentné kultivary so špecifickými génmi rezistencie označovanými *Pm*. V súčasnosti je známych viac ako 90 špecifických génov rezistencie lokalizovaných na 62 lokusoch, *Pm1*–*Pm67*.

Wheat powdery mildew (*Blumeria graminis* f.sp. *tritici*) is one of the main diseases of wheat. The pathogen, which causes it, can rapidly evolve new virulent pathotypes, and because it is airborne, the migration of virulence genes is also rapid. The plant resistance is one of the most important means of control over the pathogen. The current protection methods against powdery mildew use mainly resistant cultivars carrying the specific genes of resistance marked as *Pm*. Currently, there are more than 90 specific resistance genes located at 62 loci *Pm1*–*Pm67*.

In the period from 2017 to 2021, we monitored the virulence against 21 separate *Pm* genes or their combinations. The analysed monosporic isolates of wheat powdery mildew were collected on the west Slovakia. The virulence against single genes: *Pm3a*; *Pm3c*; *Pm3f*; *Pm3g*; *Pm4a*; *Pm4b*; *pm5a*; *pm5b*; *Pm6*; *Pm8* was above 50% during the observed period, which means that the given genes are ineffective against powdery mildew. The virulence of some genes varied at the level of efficiency and inefficiency. The virulence of the *Pm2*; *Pm3a* and *Pm3b* increased gradually during the monitored period and partially efficient genes became inefficient. On the contrary, the virulence of the *Pm1*; *Pm3d*; *Pm17*; *Mld+Pm2*; *Pm1+9* and *Pm1+2+9* genes descended below 50% and turned into effectiveness. The *Pm24* and *Pm28* genes have evinced the high effectiveness of the defensive effect and their virulence was below 16%. The *Pm24* gene even proved to be completely effective, no virulence was observed against it and all isolates were avirulent. However, the virulence of the most used genes in common European wheat (*Pm4b*, *Pm6*, *pm5*; *Pm8*) had been high on a long-term basis and virulence values ranged from 67% to 100%. Despite the modifications of virulence values, no statistically significant effect among years have been found at the 95% confidence level in the monitored period.

The *Pm24* and *Pm28* genes were the most effective from all of the monitored powdery mildew specific resistance genes. The virulence of the *Pm17*, *Mld +Pm2*, *Pm1 + 9* and *Pm + 2 + 9* genes combinations did not exceed 50% during the monitored period and the abnormalities of these combinations varied at a similar level, confirming that combinations of specific genes can provide long-term protection against the pathogen. The use of cultivars with specific genes of resistance is effective, economic, and ecologically safe approach to the elimination of fungicides usage and decrease in production losses caused by diseases.

This research was funded by the Slovak Research and Development Agency: grant APVV-20-0246.

Výskyt popolavej hniloby slnečnice v podmienkach Slovenska

Occurrence of Charcoal rot of sunflower in Slovakia

Peter Bokor & Ľudovít Cagáň

Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, Fakulta agrobiológie a potravinových zdrojov,
Ústav agronomických vied; peter.bokor@uniag.sk

Výskyt popolavej hniloby slnečnice, ktorú spôsobuje huba *Macrophomina phaseolina*, bol hodnotený v rokoch 2004–2017 na viacerých lokalitách v rôznych podmienkach Slovenska. Bolo zistené, že priemerný počet napadnutých rastlín slnečnice patogénom *M. phaseolina* bol štatisticky preukazne ovplyvnený pestovateľským rokom a miestom pestovania slnečnice. Vysoký výskyt popolavej hniloby slnečnice bol zaznamenaný v oblasti juhozápadného Slovenska, hlavne v okresoch Nitrianskeho a Trnavského kraja. Najvyšší výskyt rastlín infikovaných patogénom *M. phaseolina* bol pozorovaný v okresoch Hlohovec (34,67 %) a Dunajská Streda (20,02 %) v Trnavskom kraji a v okresoch Levice (22,05 %) a Nové Zámky (19,12 %) v Nitrianskom kraji. Najmenej rastlín so symptómi popolavej hniloby bolo v Sobraneckom okrese, len 0,75 %, v oblasti východného Slovenska.

Vyšší priemerný počet rastlín so symptómi popolavej hniloby v porastoch slnečnice v podmienkach Slovenska bol zaznamenaný v rokoch s vysokými teplotami v letných mesiacoch. Výskyt popolavej hniloby v podmienkach Slovenska negatívne ovplyvňujú vyššie zrážky počas letných mesiacov júna a júla.

Intenzita výskytu popolavej hniloby v porastoch slnečnice býva vyššia na ľahších pôdach a čím je vyšší obsah piesku v pôde, tým sa v pôde nachádza viac mikrosklerócií. Vyšší výskyt mikrosklerócií patogéna *M. phaseolina* možno očakávať v neštruktúrnej pôde a na takýchto pôdach hrozí vyššie riziko objavenia sa popolavej hniloby slnečnice.

The occurrence of Charcoal rot of sunflower, which is caused by the fungus *Macrophomina phaseolina*, has been evaluated in the years 2004–2017 at several locations in different conditions in Slovakia. It was found that the average number of infected sunflower plants by *M. phaseolina* was statistically significantly influenced by the growing year and the place where the sunflower was grown.

The highest occurrence of Charcoal rot of sunflower was recorded in southwestern Slovakia, especially in the districts of Nitra and Trnava regions. The highest incidence of plants infected by the *M. phaseolina* pathogen was recorded in the districts of Hlohovec (34.67%) and Dunajská Streda (20.02%) in the Trnava region and in the districts of Levice (22.05%) and Nové Zámky (19.12%) in the Nitra region. The fewest plants with symptoms of this disease were found in the eastern part of Slovakia, in the district of Sobrance (only 0.75%).

A higher average number of plants with Charcoal rot symptoms in sunflower was recorded in years with high temperatures during the summer months in Slovak conditions. The occurrence of Charcoal rot in Slovak conditions is negatively affected by higher precipitation during the summer months of June and July.

The density of Charcoal rot in sunflower crops is higher on lighter soils. The amount of *M. phaseolina* microsclerotia is related to the granular composition of the soil. The higher the sand content in the soil, the more microsclerotia are found in the soil. Higher incidence of *M. phaseolina* microsclerotia can be expected in non-structural soils, which increase the risk of Charcoal rot emergence on such soils.

Vliv hnojiva CHEVRI Cu-Combi na napadení vinné révy *Plasmopara viticola*

Effect of CHEVRI Cu-Combi fertilizer on *Plasmopara viticola* infestation of grapevines

Pavla Bryxová, Martin Bárnét & Jaroslav Mráz

AGRA GROUP a.s.; martin.barnet@agra.cz

Plasmopara viticola (Berk. et Curt. ex de Bary) Berl. et De Toni 1888 třída oomycety, je původce plísňrévy, který byl popsán v Severní Americe. Do Evropy byl zavlečen pravděpodobně s americkými řízkami, které se používaly k opětovné výsadbě francouzských vinic zničených révokazem koncem 19. století, kdy způsobil rozsáhlé škody v pěstování révy vinné (*Vitis vinifera L.*). Jedná se o jednoho z nejvýznamnějších patogenů révy s nutností regulace opakovanými aplikacemi fungicidů. Objevilo se několik alternativ k chemické ochraně vinné révy, mezi které patří použití bioaktivních látek nebo výsadba rezistentních kultivarů.

Až do poloviny minulého století se výzkum soustředil především na optimalizaci aplikace měďnatých fungicidů a vývoj nových molekul a přípravků pro kontrolu napadení. V současné chvíli jsou na trhu s měďnatými přípravky dostupné především formy oxychloridu mědi, síranu měďnatého, hydroxidu měďnatého a oxidu mědi. Společnost AGRA GROUP a.s. na pracovišti Mendelovy univerzity testovala působení hnojiva CHEVRI Cu-Combi, obsahující novou formu mědi – Chevreulova sůl, na napadení patogenem *Plasmopara viticola* a výživný stav révy vinné.

Tato studie se zaměřuje na kompletní informace o působení hnojiva na zdravotní stav révy vinné včetně stanovení obsahu mědi v listech, bobulích a moště.

Plasmopara viticola (Berk. et Curt. ex de Bary) Berl. et De Toni 1888 class Oomyceta, is the causative agent of grape downy mildew that has been described in North America. It was probably introduced to Europe with American cuttings, which were used to replant French vineyards destroyed by blight at the end of the 19th century, when it caused extensive damage of vine planting (*Vitis vinifera L.*). *Plasmopara viticola* belongs between one of the most important pathogens of vines, with the necessity of regulation by repeated applications of fungicides. Several alternatives to chemical vine protection were emerged, including the use of bioactive substances or planting of resistant cultivars.

Until the middle of the last century, research was mainly focused on optimizing the application of copper fungicides and developing new molecules and preparations to control infestation. At the present time, copper oxychloride, copper sulfate, copper hydroxide and copper oxide forms are available on the market with copper preparations. The company AGRA GROUP a.s. tested the effect of CHEVRI Cu-Combi fertilizer at the Mendel University workplace. The new preparation contains a new form of copper – Chevreul salt and its effect on attack by the pathogen *Plasmopara viticola* and the nutritional status of grapevines.

This study focuses on complete information on the effect of fertilizer on grapevine health, including the determination of copper content in leaves, berries, and juice.

Vývoj populací *Leptosphaeria maculans* v ČR a jeho význam pro závažnost fómového černání stonků řepky v budoucích letech

Evolution of *Leptosphaeria maculans* populations in the Czech Republic and its significance for the severity of blackleg disease in future years

Lenka Burketová¹, Barbora Jindřichová¹, Daniel Stehlík^{1,3}, Jana Mazáková¹, Olufadekemi Fajemisin², Eva Plachká⁴ & Pavel Rysánek²

¹Ústav experimentální botaniky AV ČR, v.v.i., Praha; burketova@ueb.cas.cz

²Česká zemědělská univerzita v Praze, Praha

³Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Praha,

⁴OSEVA vývoj a výzkum, s.r.o., Opava

Fómové černání stonků řepky představuje celosvětově jednu z nejzávažnějších chorob řepky olejky. Původcem je hemibiotrofní askomyceta *Leptosphaeria maculans*. Hlavním problémem při šlechtění řepky na odolnost je extrémní genetická plasticita *L. maculans*, která je schopna překovat geny rezistence řepky během několika. Je proto důležité nezvyšovat selekční tlak na populace *L. maculans* pěstováním odrůd se stejnými geny specifické rezistence. Je rovněž důležité mít přehled o vývoji genů avirulence v populacích *L. maculans*, aby bylo možné predikovat budoucí vývoj rezistence/susceptibility odrůd řepky. Provedli jsme proto v letech 2017–2020 studii s cílem získat přehled o zastoupení ras *L. maculans* na území České republiky. Sesbíráno bylo 485 izolátů z lapacích i komerčních odrůd na 17 lokalitách, izoláty byly testovány na souboru diferenciálních odrůd v laboratorních podmínkách. Nalezeno bylo celkem 17 ras, které se lišily přítomností alel *AvrLm* genů: dominantním genem byl *AvrLm7*, který byl nalezen u 83.92 % izolátů. Závěrem lze shrnout, že gen *Rlm7* v současné době zajišťuje rezistenci odrůd řepky, ale na druhou stranu, přílišné využívání odrůd s tímto genem rezistence zvyšuje riziko prolomení rezistence založené na tomto genu.

Blackleg is one of the most serious diseases of oilseed rape worldwide. It is caused by the hemibiotrophic ascomycete *Leptosphaeria maculans*. A major problem in breeding for oilseed rape resistance is the extreme genetic plasticity of *L. maculans*, which is able to overcome oilseed rape resistance genes within a couple of years. Therefore, it is important not to increase selection pressure on *L. maculans* populations by growing varieties with the same specific resistance genes. It is also important to have a knowledge of the evolution of avirulence genes in *L. maculans* populations in order to predict the future evolution of resistance/susceptibility of oilseed rape cultivars. We therefore conducted a study in 2017–2020 to get an overview of the frequencies of *L. maculans* races on the territory of the Czech Republic. At 17 locations, 485 isolates were collected from trapping and commercial varieties, single spore isolates were prepared and tested under laboratory conditions on differential setof cultivars. A total of 17 races were found that differed in the presence of *AvrLm* alleles: the dominant gene was *AvrLm7*, which was found in 83.92% of the isolates. In conclusion, the *Rlm7* gene currently ensures resistance of oilseed rape varieties. On the other hand, the overuse of varieties with this resistance gene increases the risk of breaking the resistance based on this gene.

Sněti na obilninách

Smut fungi on cereals

Veronika Dumalasová

Výzkumný ústav rostlinné výroby, Praha-Ruzyně; dumalasova@vurv.cz

V letech 2007–2021 jsme v polních pokusech s umělou infekcí v Praze-Ruzyni sledovali napadení obilnin snětmi s cílem zjistit odrůdové reakce ovsy ke sněti ovesné a odrůdové reakce pšenice ozimé k snětům mazlavým. K inokulaci pluchatých ovsů byla použita vodní suspenze spor v částečném vakuu, zatímco u nahých ovsů byly k inokulaci využity suché spory. U mazlavé sněti pšeničné bylo osivo před výsevem inokulováno sporami sněti, u sněti zakrslé byly spory po výsevu naneseny na povrch půdy. Náhylou reakci s více než 10 % klasů napadenými mazlavou snětí pšeničnou nebo sněti zakrslou jsme zaznamenali u 95 % odrůd ozimé pšenice z celkového počtu 115 testovaných. U ovsy prokázalo v testech vysokou úroveň napadení prašnou sněti ovesnou 84 % z 31 testovaných odrůd. Většina testovaných odrůd obilnin byla náhylá ke snětům. Sněti tak představují významné riziko pro pěstování obilnin všude tam, kde není běžně využíváno moření osiva chemickými přípravky, obzvláště pak v ekologickém zemědělství.

Smut fungi threaten farming systems whenever the routine use of chemical seed treatment is not possible. Organic wheat production therefore requires alternative means of control. Breeding for resistance offers an efficient and sustainable plant protection strategy particularly for organic production systems.

The objectives of this study were: 1. to identify variety reaction to common bunt and dwarf bunt in winter wheat; 2. to identify variety reaction to loose smut of oat.

A water suspension of spores in partial vacuum was used to inoculate hulled oats, while dry spores were used to inoculate naked oats. In the case of common bunt, the seed was inoculated by spores before sowing, in the case of dwarf bunt, the spores were applied to the soil surface after sowing. We recorded a susceptible reaction with more than 10% of ears infested with common bunt or dwarf bunt in 95% of winter wheat varieties out of the total number of 115 tested. In oats, 84 % of the 31 varieties tested showed a high level of infestation in the tests. Most of the cereal varieties tested were susceptible to smut fungi. Thus, smut fungi pose a significant risk to cereal cultivation, especially in organic farming.

The research was supported by the Ministry of Agriculture CR, NAZV, project no NAZV QK1910041.

Ošetrenie semien superabsorpčným polymérom a jeho vplyv na napadnutie juvenilných rastlín kukurice v pôde kontaminovanej *Fusarium culmorum*

Seed treatment with superabsorbent polymer and its effect on the infestation of juvenile maize plants in soil contaminated with *Fusarium culmorum*

Jozef Gubiš, Marcela Gubišová, Martina Hudcovicová, Lenka Klčová & Katarína Ondrejčková

Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum – Výskumný ústav rastlinnej výroby, Piešťany; jozef.gubis@nppc.sk

Jedným z prístupov, ako znížiť negatívny vplyv sucha na rastliny je využívanie superabsorpčných polymérov (SAP), ktoré môžu byť aplikované priamo na morené alebo nemorené osivo. Cieľom nášho experimentu bolo vyhodnotiť zmeny v účinnosti fungicídov moridla po obalení semien SAP pri potlačovaní napadnutia kukurice hubovým patogénom *Fusarium culmorum*. Semená ošetrené moridlom (fungicídom), SAP alebo ich kombináciou boli pestované v pôde umelo infikovanej *F. culmorum*. Neboli pozorované významné rozdiely v klíčení semien alebo raste rastlín medzi semenami ošetrenými samotným moridlom a semenami s kombinovaným ošetrením. Okrem toho rastliny zo semen ošetrených samotným SAP rástli signifikantne lepšie v porovnaní s neošetrenými semenami. RealTime PCR potvrdila signifikantne nižšie množstvo patogénnej DNA v rastlinných pletivách pri všetkých ošetreniach semen v porovnaní s neošetrenými, pričom rozdiel medzi variantom s moridlom samotným a kombinovaným ošetrením neboli štatisticky významný.

Drought is a major abiotic stress that threatens the efficiency of agricultural production. One approach to reducing the impact of drought on plants is to use superabsorbent polymers (SAPs). Their application as a seed coating makes water available directly to the seeds during their germination and early growth phase. The aim of our experiment was to evaluate changes in the effectiveness of fungicides in seed dressing after seed coating with SAP in suppressing infestation of maize with *Fusarium culmorum*. Seeds treated with fungicide dressing (prothioconazole + metalaxyl-M), SAP coating, or their combination were grown in soil artificially infected with *F. culmorum*. No significant differences in seed germination or plant growth were observed between seeds dressed in fungicide alone and seeds treated with SAP and fungicide. Moreover, plants from the seeds coated with SAP alone grew significantly better compared to untreated seeds. Germination of untreated seeds in infected soil was reduced to 68.7% (average of 3 infection levels) compared to seeds in the soil without infection, 86.8% for seeds treated with SAP alone, and 96.3% for seeds dressed in fungicides or seeds with combined treatment. The height of plants reached 32.5% for untreated seeds, 51.4% for SAP treatment, 63.4% for fungicide dressing, or 59.4% for combined treatment compared to plants in the control soil. Real-time PCR confirmed a significantly lower amount of pathogen DNA in plant tissue in all treatments compared to untreated seeds and no difference between the variant with fungicides only or the combined treatment.

Podákovanie: Táto práca bola podporená Európskym fondom regionálneho rozvoja v rámci programu Interreg V-A SK-CZ, projekt „Využitie superabsorpčných polymérov (SAP) ako inovačného nástroja na zmiernenie dopadov klimatickej zmeny v poľnohospodárstve“, ITMS: 304011Y185.

Geny rezistence ke rzi pšeničné (*Puccinia triticina* Eriks) u odrůd pšenice registrovaných v ČR

Resistance genes to leaf rust (*Puccinia triticina* Eriks) in wheat cultivars registered in the Czech Republic

Alena Hanzalová¹ & Ondřej Zelba^{1, 2}

¹Výzkumný ústav rostlinné výroby, Praha-Ruzyně; hanzalova@vurv.cz

²Fakulta tropického zemědělství, Česká zemědělská univerzita v Praze

Znalost genů rezistence (*Lr*) je významná zejména v kombinaci s údaji o virulenci v populaci rzi. Bylo vybráno 56 odrůd pšenice, všechny tyto odrůdy byly testovány molekulárními markery ke stanovení přítomnosti genů rezistence *Lr1*, *Lr10*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr28*, *Lr34*, *Lr37* a *Lr68*. Vybrané odrůdy byly zároveň zkoušeny v polních infekčních testech na odolnost ke rzi pšeničné. Nejvyšší zastoupení v souboru odrůd měl gen *Lr37*, který se vyskytoval u dvaceti čtyř testovaných odrůd. Nejúčinnější byl gen *Lr24*, který v různých kombinacích s jinými *Lr* geny nesly kultivary Athlon, Futurum, Sheriff, Hyfi, Asory, Campesino a Gordian. Vysoká účinnost byla zjištěna také u genu *Lr28*.

The most widespread *Lr* gene in the set of tested cultivars was *Lr37*, either single or in combination with *Lr1*, *Lr10*, *Lr13*, *Lr24* or *Lr26*. Another important gene was *Lr24* single or in combination with *Lr34* or *Lr28*. Gene *Lr28* was detected single and in combination with *Lr24* or *Lr34* and *Lr10*. One cultivar possessed *Lr10*, two cultivars *Lr26*. Gene *Lr68* was detected single or in combination with *Lr1*, *Lr10*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr28* or *Lr34*. None of the tested *Lr* genes was found in six cultivars.

Cultivars possessing *Lr24* as well as those possessing *Lr28* were most resistant against leaf rust. Leaf rust scoring 2.0 – 2.7 on the scale 1 – resistant, 9 – susceptible was recorded in cultivars Athlon (*Lr24*), Sheriff (*Lr24*), Hyfi (*Lr24*), Tobak (*Lr28*), Gordian (*Lr24*, *Lr28*) and Frisky (*Lr28*, *Lr10*, *Lr37*), leaf rust scoring 3.0 – 3.6 in cultivars Asory (*Lr24*, *Lr34*), Campesino (*Lr24*, *Lr34*), Gordian (*Lr24*, *Lr28*, *Lr68*) and Futurum (*Lr24*, *Lr68*). Gene *Lr68* was detected in 7 cultivars using the marker, however its effect could not be recognized in field trials.

Surprisingly cultivar LG Mocca, without any of the tested *Lr* genes was also evaluated 2 indicating high resistance. Cultivars possessing *Lr37* in combination with other *Lr* genes had a higher resistance than those with *Lr37* alone. Disease scoring between cultivars possessing *Lr37* fluctuated between 3.2 (cultivar RGT Sacramento) and 7.7 (cultivar Sally). Cultivars carrying *Lr10* (Patras), *Lr26* (Johnson) had a medium scoring.

Average frequency of virulence of local isolates for *Lr1*, *Lr10* and *Lr26* exceeded 85% in the years 2014 – 2020. To *Lr24* it was only 12% to *Lr28* it was 23%. The virulence frequency to *Lr26* appears to have slightly increased from 75% in 2014 to 95% in 2020, the virulence of local races to *Lr24* has slightly decreased from the average to 8% for races collected in 2020. No significant or abrupt shifts in virulence were recorded in this time period for those 5 resistance genes.

The research was supported by the Ministry of Agriculture CR, NAZV, project no NAZV QK1910041.

Dynamika reziduí pesticidů ve vybraných druzích zeleniny a v jablkách

Residue dynamics of pesticides in selected vegetable species and apples

Tereza Horská¹, Jitka Stará¹, František Kocourek¹, Petr Mráz², František Krátký²
& Jana Hajšlová²

¹Odbor ochrany plodin a zdraví rostlin, Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i., Praha-Ruzyně;
tereza.horska@vurv.cz

²Ústav analýzy potravin a výživy, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze;
jana.hajslslova@vscht.cz

Stále více lidí se zajímá o kvalitu a bezpečnost ovoce a zeleniny, kterou sledují i obchodní řetězce. Výstupem šetrnějších systémů produkce ovoce a zeleniny je nízkoreziduální produkce, u které obsah reziduí pesticidů nepřesáhne v produktu limit 50–30 % MRL (maximální limit reziduí) či limit pro bezreziduální produkci odpovídající limitu pro kojeneckou stravu (max. 0,01 mg/kg). Pokus hodnotící dynamiku reziduí účinných látek fungicidů a insekticidů v jablkách probíhá v demonstračním sadu VÚRV v Praze Ruzyni již řadu let. Vloni započalo hodnocení nových účinných látek insekticidů, fungicidů a herbicidů aplikovaných na 7 druhů zeleniny. Tyto experimenty probíhají na pokusném a demonstračním pozemku ČZU v Praze. Vývoj metod pro nově registrované sloučeniny a stanovení reziduí účinných látek pesticidních přípravků v produktech jednotlivých druhů zeleniny a v jablkách probíhá v ISO 17025 akreditované laboratoři na Ústavu analýzy potravin a výživy VŠCHT v Praze. Pro představení dynamiky reziduí pesticidů v zelenině a jablkách byla vybrána insekticidní účinná látka chlorantraniliprole a fungicidní účinná látka fluopyram. Přípravky Coragen 20 SC (chlorantraniliprole) a Luna Experience (fluopyram + tebuconazole) nebo Luna Privilege (fluopyram) byly použity s vhodným smáčedlem v maximální povolené dávce pro jablka i jednotlivé druhy zeleniny.

More and more people are interested in the quality and safety of fruit and vegetables, which is also monitored by the retail chains. The output of more environmentally friendly fruit and vegetable production systems lead to low-residue production, where the pesticide residue content of the product does not exceed the limit of 50–30% of the MRL (maximum residue level), or the limit for non-residual production corresponding to the limit for baby food (max. 0.01 mg/kg). An experiment evaluating the dynamics of residues of active substances of fungicides and insecticides in apples has been carried out for many years in the demonstration orchard of RCI in Prague-Ruzyně. Last year, the evaluation of new active substances of insecticides, fungicides and herbicides applied to 7 vegetable species was started. The trials are carried out on the experimental and demonstration plot of CZU in Prague. The development of advanced methods for newly registered active ingredients of pesticide preparations leaving residues in the products of individual vegetables and apples is being carried out in the ISO 17025 accredited laboratory at UTC Prague. The insecticidal active substance chlorantraniliprole and the fungicidal active substance fluopyram were selected to present the dynamics of pesticide residues in vegetables and apples. The products Coragen 20 SC (chlorantraniliprole) and Luna Experience (fluopyram + tebuconazole) or Luna Privilege (fluopyram) were applied with an appropriate surfactant at the maximum rate allowed on apples and individual vegetables.

Výsledky byly získány v rámci řešení projektu MZe ČR NAZV QK21020238 a TAČR SS01020234.

Fuzariózy obilnin na Slovensku – výskyt, druhové spektrum a ochrana

***Fusarium* spp. on cereals in Slovakia - occurrence, species spectrum, and control**

Kamil Hudec¹ & Tibor Roháčik²

¹Slovak University of Agriculture in Nitra, kamil.hudec@uniag.sk

²Blumeria consulting, s.r.o., Nitra

The presented work summarizes the results of incidence of *Fusarium* diseases of winter wheat and spring barley in Slovakia in recent years, associated species spectrum and their control. Incidence of *Fusarium* diseases were monitored at several localities throughout Slovakia to detect the presence of *Fusarium* species spectrum associated with FHB, stem basis and leaves of attacked plants.

Classical *Fusarium* head blight in wheats and brown spikelet form of *Fusarium* infection in barleys dominated during each observed year. In overall, the high visual infection by *Fusarium* head blight on wheat has been found in many localities. In symptomatic wheat heads nine species of *Fusarium* and *Microdochium* genera were isolated: *F. poae*, *F. avenaceum*, *M. nivale*, *F. sporotrichioides*, *F. graminearum*, *F. equiseti*, *F. tricinctum*, *F. culmorum*, *F. langsethiae*. The highest frequency of occurrence reached *F. graminearum*. The highest frequency in symptomatic spikes of barley was observed for the species *F. poae*, *F. langsethiae* was absent. In the infected barley and wheat leaves (with *Fusarium* leaf blight symptoms) six *Fusarium* species were found: *F. poae*, *M. nivale*, *F. sporotrichioides*, *F. graminearum*, *F. equiseti*, *F. tricinctum*. The highest frequency of occurrence was reached by *F. poae*. In asymptomatic wheat grains eight species of *Fusarium* and *Microdochium* genera were determined: *F. poae*, *F. equiseti*, *F. avenaceum*, *F. tricinctum*, *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. sporotrichioides*, *M. nivale*. *F. poae* reached the highest frequency of occurrence. In addition to the spectrum of species occurred in asymptomatic grains of wheat, *F. langsethiae* was detected in barley only.

The fungicide treatments against FHB were effective only by reduction of disease occurrence and severity, whereas fungicides had no influence on structure of *Fusarium* species neither in heads nor in kernels. There were found any continual dominance of any species, which could be dominant on heads, symptomatic and asymptomatic kernels together. On each tested plant parts (head, asymptomatic and symptomatic kernels) were dominant different species. *F. graminearum* and *F. culmorum* were prevalent in infected heads, while *F. poae* was dominant in kernels. These results highlighted different structure of *Fusarium* species on FHB and *Fusarium* infested asymptomatic kernels, what suggests different origin of inoculum for certain form of infection.

Each of the tested *Fusarium* or *Microdochium* species reacted to selected fungicides in different way. The most susceptible species to all tested fungicides was *Microdochium nivale*, the less susceptible were *F. avenaceum* and *F. graminearum*. The susceptibility of *F. poae* and *F. culmorum* were intermediate. In radial mycelial growth inhibition, the most effective were triazole fungicides (tebuconazole + prochloraz, metconazole, prothioconazole + tebuconazole, tebuconazole, spiroxamine + tebuconazole + triadimenol). The fungicides containing strobilurins were more effective in suppressing *M. nivale* mycelium growth than triazoles.

Mezidruhové hybridy révy vinné (*Vitis vinifera* × *Muscadinia rotundifolia*) a jejich rezistence k patogenu *Erysiphe necator* a *Plasmopara viticola*

Interspecific hybrids of grapevine (*Vitis vinifera* × *Muscadinia rotundifolia*) and evaluation of resistance against pathogens *Erysiphe necator* and *Plasmopara viticola*

Kateřina Chvátalová Krupicová & Ivana Šafránková

Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně; xkrupico@mendelu.cz

V letech 2019 a 2020 byl u osmi populací semenáčů mezidruhového křížení *Vitis vinifera* × *Muscadinia rotundifolia* sledován zdravotní stav a hodnocena rezistence k závažným houbovým patogenům *Erysiphe necator* a *Plasmopara viticola*. Pokusy byly založeny na pozemcích firmy Vinselekt a.s. Šlechtitelské stanice vinařské v Perné. U nejlépe hodnocených populací se předpokládá přítomnost genů rezistence, které by bylo možné přenést z rodičů, jejich morfologie listu, která může představovat účinnou bariéru vůči patogenům. Vybrané hybridy byly doporučeny k dalšímu sledování a analýze genů. Pokud se podaří prokázat přítomnost genů rezistence, budou populace využity k dalšímu křížení, jehož cílem bude pyramidizace genů.

In 2019 and 2020, the health status of eight populations of seedlings of the interspecific cross *Vitis vinifera* × *Muscadinia rotundifolia* was monitored and resistance to the major fungal pathogens *Erysiphe necator* and *Plasmopara viticola* was assessed. The experiments were set up on the land of the Vinselect Wine Breeding Station in Perná. In the best evaluated populations, the presence of resistance genes that could be transferred from the parents is assumed, their leaf morphology which may represent an effective barrier to the pathogens. The selected hybrids were recommended for further monitoring and gene analysis. If the presence of resistance genes can be demonstrated, the populations will be used for further crosses aimed at pyramiding the genes.

Využití modelového organismu *Brachypodium distachyon* ve fytopatologii

Use of the model organism *Brachypodium distachyon* in phytopathology

Pavel Matušinsky, Božena Sedláčková, Andrea Radková & Bára Staroštíková

Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc;
pavel.matusinsky@upol.cz

Brachypodium distachyon (Bd) je druh trávy z čeledi *Poaceae* s relativně malým genomen, krátkou vegetační dobou a malým vzrůstem, který je příbuzný obilninám, jako je pšenice (*Triticum*) a ječmen (*Hordeum*). Bd slouží jako modelový systém používaný ve výzkumu vývoje rostlin, interakcí mezi rostlinami a mikroorganismy, účinků abiotického stresu a evoluční a systémové biologie. V naší práci používáme Bd jako modelový organismus ve výzkumu interakcí mezi hostitelem a patogenem a endofytickými houbami. Infikováním Bd určitým druhem houby lze zkoumat povahu interakce s hostitelskou rostlinou. Příkladem využití Bd jako modelového systému je interakce s patogenem *Fusarium culmorum*, který infikuje velké množství hostitelů včetně pšenice, ječmene a dalších trav, dále pak interakce s endofytickou houbou *Microdochium bolleyi*. Je přínosné, že symptomy a interakce způsobené houbovými organismy u Bd jsou velmi podobné těm, které byly pozorovány u pšenice.

Brachypodium distachyon (Bd) is the grass species in the *Poaceae* family with a relatively small genome, short growth period, and relatively small stature, which is related to cereals such as wheat (*Triticum*) and barley (*Hordeum*). Bd serves as a model system used in research on plant development, plant-microorganism interactions, the effects of abiotic stress, and evolutionary and systems biology. In our work, we use Bd as a model organism in research on host-pathogen interactions and endophytic fungi. By infecting Bd with a given fungal species, the nature of the interaction with the host plant can be investigated. Examples of the use of Bd as a model system include its interaction with both the pathogen *Fusarium culmorum*, which infects a large number of hosts, such as wheat, barley, and other grasses and the endophytic fungus *Microdochium bolleyi*. It is beneficial that the symptoms and interactions caused by the fungal organisms in Bd are very similar to those observed in wheat.

The research was supported by the Ministry of Agriculture CR, NAZV, project no. QK21010064.

Studium výskytu padlí (Erysiphales) na rostlinách čeledi Lamiaceae v České republice

Study of powdery mildews (Erysiphales) occurrence on plants of family Lamiaceae in the Czech Republic

Barbora Mieslerová, Eliška Baďurová, Abigail Vrbovská, Michaela Sedláčová & Aleš Lebeda

Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci;
barbora.mieslerova@upol.cz

V průběhu let 2011 až 2022 byly na území ČR sbírány vzorky padlí na planých, léčivých i okrasných rostlinách. Celkově bylo posbíráno 23 vzorků padlí na rostlinách z čeledi Lamiaceae. Nejčastěji byl zastoupen komplex druhů *Golovinomyces biocellatus*, který je v současnosti rozdělován na druhy *G. biocellatus*, *G. monardae*, *G. neosalviae* a *G. salviae*, které byly všechny potvrzeny. Pouze na vzorcích *Lamium album* a *L. purpureum* se vyskytoval i druh *Neoërysiphe galeopsidis*.

Representatives of the Lamiaceae family are annual, biennial and perennial plants. In the area of the Czech Republic, they are found in the form of herbs or semi-shrubs. A number of the representatives of Lamiaceae are widely used for content of aromatic substances in the food industry, mostly as spices, as well as in folk medicine and in the pharmaceutical industry.

Powdery mildews (Erysiphales, Ascomycota) are obligate biotrophic parasites of vascular plants, acting on the hosts as debilitators. Worldwide on the family Lamiaceae there have been described up to 11 powdery mildew species in five genera, specifically *Erysiphe*, *Golovinomyces*, *Leveillula*, *Neoërysiphe* and *Podosphaera*.

In the Czech Republic occurrence of powdery mildews on wild and ornamental plants has been studied during years 2011–2022. Altogether 23 samples of plants from the family Lamiaceae with leaves bearing symptoms of powdery mildews were collected. Samples were herbarized and microscopically analysed by lactofuchsin (Shin method). In all samples there was confirmed occurrence of only anamorph stage of the pathogen.

According to detailed microscopic analysis there were confirmed two species of powdery mildews infecting Lamiaceae family, i.e. *Neoërysiphe galeopsidis* and *Golovinomyces biocellatus* complex. Although both species have *Euoidium* type of conidiophores (conidia are produced in chains), they can be easily distinguished by different types of appressoria on hyphae (*N. galeopsidis* forms lobbed appressoria, while *G. biocellatus* nipple-shaped, resp.). The prevailing powdery mildew among samples of Lamiaceae family was *G. biocellatus* complex. As recently *G. biocellatus* complex was intensively studied and divided to several species, samples of powdery mildew found on *Melissa officinalis*, *Mentha longifolia*, *Mentha piperita*, *Monarda bradburiana*, *Mo. citriodora*, *Mo. didyma*, and *Mo. fistulosa* were determined as *Golovinomyces monardae*; the samples on the host plants *Salvia officinalis*, *S. sclarea* were determined as *Golovinomyces neosalviae*; samples on *S. pratensis* and *S. verticillata* were determined as *Golovinomyces salviae* and the samples on *Glechoma hederacea* and *Nepeta cataria* as *Golovinomyces biocellatus*. Species *Neoërysiphe galeopsidis* was confirmed only on *Lamium album* and *L. purpureum*.

Studium účinnosti hyperparazita *Ampelomyces quisqualis* na padlí

Study of the effectiveness of the hyperparasite *Ampelomyces quisqualis* on powdery mildew

Barbora Mieslerová, Eliška Nováková, Nikola Niederlová & Aleš Lebeda

Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci;
barbora.mieslerova@upol.cz

Pro eliminaci výskytu padlí (obligátních biotrofních parazitů cévnatých rostlin) lze využít chemických přípravků, ale v současnosti se pozornost upíná také na biologické prostředky ochrany. V našich experimentech jsme se zaměřili na mikroskopické studium účinnosti hyperparazita *Ampelomyces quisqualis* (AQ) na vývoj padlí. Pracovali jsme se třemi patosystémy, a realizovali několik nezávislých experimentů. Účinnost AQ se lišila jak mezi patosystémy, tak mezi jednotlivými experimentálními variantami, přičemž největší účinnost byla prokázána při současné inokulaci listových segmentů padlím a AQ. V tomto případě byla pozorována redukce klíčení konidií i dalšího vývoje padlí. V žádné experimentální variantě však AQ významně nepotlačil sporulaci padlí.

Powdery mildews (PM) are obligate biotrophic parasites of vascular plants which act as debilitators. Plants can be protected against powdery mildews by various means, both chemical and biological. One possibility is the use of hyperparasitic fungi, which includes *Ampelomyces quisqualis* (AQ). *Ampelomyces* attacks powdery mildew inside of the cells of its mycelium, conidiophores, eventually chasmothecia and forms pycnidia with conidia here. The presence of AQ was recorded on more than 64 species within the genera *Brasiliomyces*, *Erysiphe*, *Leveillula*, *Phyllactinia*, *Podosphaera*, *Golovinomyces*. The natural incidence of hyperparasitism in studies fluctuated between 4.3 and 68.8%.

The study of effectiveness of AQ was divided to several independent experiments, in which development of AQ and PM was microscopically analysed. In the first experiment there was studied effectivity of AQ on pathosystems *Lactuca serriola* - *Golovinomyces bolayi*, *Solanum lycopersicum* - *Pseudoidium neoly copersici*, *Cucumis melo* - *Podosphaera xanthii* when applied by spraying on whole plants or detached leaves intensively attacked by PM. However, there was not observed any apparent effect on powdery mildew development after 7 days pi.

In the second experiment with above mentioned three pathosystems AQ was applied on detached leaves which have just been inoculated with powdery mildew and immediately sprayed with AQ. All powdery mildews showed slightly reduced conidia germination, mycelia development and sporulation after application of AQ, with the greatest influence on the pathosystem *L. serriola* – *G. bolayi*. However, the resulting sporulation was only partially reduced.

In the third experiment only pathosystem *S. lycopersicum* – *P. neoly copersici* was studied. The aim of the study was to compare the effectivity of AQ application in different temperature variations, 15/10 °C, 20/18 °C and 25/25 °C (light/dark). AQ was applied on leaf discs of tomato freshly inoculated with powdery mildew. Although PM conidia germination and development were reduced in all cases, the resulting sporulation was only slightly reduced, and was more affected by temperature suitable/unsuitable for PM development than by spraying of AQ. In all experimental variants AQ was not able to effective control powdery mildew sporulation.

Padlí na okrasných rostlinách čeledi hluchavkovité (Lamiaceae) v zahradách a parcích jižní a střední Moravy

Powdery mildews on ornamental plants of the family Lamiaceae in gardens and parks of South and Central Moravia

Markéta Michutová & Ivana Šafránková

Ústav pěstování šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně; xmichuto@mendelu.cz

Padlí (Erysiphales) patří mezi nejčastěji se vyskytující patogeny napadající většinu druhů rostlin. Jedním z častých hostitelů těchto obligátně parazitických vřeckovýtrusých hub (Ascomycota) jsou i zástupci čeledi hluchavkovité (Lamiaceae). Na rostlinách je padlí viditelné jako souvislý, nebo skvrnitý bílý až světle šedivý povlak na svrchní straně listů, stonků či na rostlinách. Padlí snižují estetickou hodnotu okrasných rostlin a způsobují ekonomické škody. Během vegetační sezóny 2021 byly v botanických zahradách a parcích jižní a střední Moravy vyhledávány a odebrány vzorky okrasných hluchavkovitých rostlin napadených padlím. Z celkového počtu 18 odebraných vzorků bylo padlí určeno na 13 druzích a kultivarech hluchavkovitých rostlin, přičemž všechny identifikované druhy padlí patřily do rodu *Golovinomyces* – *G. orontii*, *G. monardae*, *G. biocellatus* a *G. salviae*.

Powdery mildews (Erysiphales) is one of the most common pathogens attacking many plant species. One of the frequent hosts of this obligately parasitic fungus belonging to the division Ascomycota are representatives of the Lamiaceae family. Macroscopically, powdery mildews appear as a white to a grey layer on the upper side of the leaf, which can be whole but can also form spots called pustules. These manifestations of infestation cause deterioration of ornamental plants and cause considerable economic damage. During the 2021 growing season, samples of ornamental plants of the family Lamiaceae attacked by powdery mildew were searched for and collected in the botanical gardens and parks of South and Central Moravia. Out of 18 samples, powdery mildews were determined on 13 species and cultivars of Lamiaceae plants. All powdery mildews species belonged to the genus *Golovinomyces* – *G. orontii*, *G. monardae*, *G. biocellatus*, and *G. salviae*.

Klíčová role genu rezistence *Pch1* v odolnosti odrůd ozimé pšenice ke stéblolamu

The key role of the *Pch1* resistance gene in the resistance of winter wheat varieties to eyespot

Jana Palicová¹, Veronika Dumalasová¹, Alena Hanzalová¹ & Pavel Matušínský²

¹Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Praha-Ruzyně; palicova@vurv.cz

²Agrotest Fyto, s.r.o., Kroměříž; Univerzita Palackého v Olomouci, Přírodovědecká fakulta

Původci stéblolamu, jedné z hlavních chorob pat stébel obilnin, patří do rodu *Oculimacula* (*O. yallundae* a *O. acuformis*). V České republice je významnější *O. yallundae*, která převládá na pšenici. *O. acuformis* je dominantní na žitě, z pšenice byla izolována sporadicky. Od roku 2019 je studována reakce vybraných odrůd ozimé pšenice registrovaných v ČR ke stéblolamu. Inokulace probíhá na jaře a na podzim směsí izolátů obou původců. Hodnocení stupně napadení je prováděno vizuálně pomocí symptomů na bázích stébel a kvantitativní polymerázovou řetězovou reakcí (real-time PCR). Odrůdy jsou rovněž testovány na přítomnost genu rezistence *Pch1* pomocí STS markeru *Xorw1*. Byly zjištěny statistické rozdíly mezi odrůdami i mezi jednotlivými roky 2019–2021. Nejnižší průměrná úroveň infekce stéblolamem byla pozorována u odrůdy Annie, která nese gen rezistence *Pch1*. Obdobně i další odrůdy s genem *Pch1* vykazovaly nižší napadení (např. SU Tarroca, Campesino, LG Imposanto, LG Absalon). Metodou real-time PCR je možné zaznamenat i nízkou hladinu DNA patogenů, navíc odlišit oba původce stéblolamu. *O. yallundae* byla detekována ve vyšších koncentracích v inokulovaných rostlinách ve srovnání s *O. acuformis*. Nejvyšší míra infekce stéblolamem byla v roce 2020 v důsledku povětrnostních podmínek vhodných pro rozvoj choroby.

Causal agents of eyespot, one of the main stem-base diseases of cereals, belong to the genus *Oculimacula* (*O. yallundae* and *O. acuformis*). In the Czech Republic, *O. yallundae* is more important and predominates on wheat. *O. acuformis* is dominant on rye and has been isolated sporadically from wheat. Since 2019, the response of selected winter wheat varieties registered in the Czech Republic to eyespot has been studying. Inoculation takes place in spring and autumn with a mixture of both eyespot causal agents. The assessment of the degree of infection is carried out visually using symptoms on stem bases and by quantitative polymerase chain reaction (real-time PCR). The varieties are also tested for the presence of the *Pch1* resistance gene using the STS marker *Xorw1*. Statistical differences were found between varieties and between years 2019–2021. The lowest average level of eyespot infection was observed in the variety Annie, which carries the *Pch1* resistance gene. Similarly, other varieties with *Pch1* gene showed fewer symptoms (e.g. SU Tarroca, Campesino, LG Imposanto and LG Absalon). Real-time PCR can also detect low levels of pathogen DNA and distinguish between the two pathogens. *O. yallundae* was detected at higher concentrations in inoculated plants compared to *O. acuformis*. The highest rates of eyespot infection were in 2020 due to weather conditions suitable for disease development.

The research was supported by the Ministry of Agriculture CR, projects no. MZE-RO0418, MZE-RO1118.

Rezistencia *Cercospora beticola* k fungicídom v Slovenskej republike

Resistance *Cercospora beticola* to fungicides in Slovak Republic

Tibor Roháčik¹, Kamil Hudec² & Milan Mihók¹

¹Blumeria consulting s.r.o., Nitra; rohacik.t@gmail.com

²Katedra ochrany rastlín, Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre

V roku 2018 pokračoval prieskum rezistencie huby *C. beticola* k fungicídom v Slovenskej republike. Prieskum sa uskutočnil na lokalitách Čachtice, Dvory n. Žitavou, Hronovce, Jaslovské Bohunice, Majcichov, Matúškovo, Nové Sady, Rastislavice, Rybany, Skalica. Získané izoláty *C. beticola* boli testované na rezistenciu k fungicídom s účinnými látkami prochloraz + propiconazole, fenpropidin + difenoconazole, azoxystrobin + cyproconazole, tetaconazole, epoxiconazole + tiophanate-methyl, cyproconazole + trifloxystrobin, tiophanate methyl. Testovaný bol aj prípravok v procese registrácie s účinnými látkami fenpropidin + difenoconazole. Najvyššia miera rezistencie bola zistená k fungicídom s účinnými látkami epoxiconazole + tiophanate-methyl a tiophanate-methyl. Kombinácia účinných látok fenpropidin + difenoconazole mala proti všetkým izolátom *C. beticola* účinnosť 100 %. Najvyšší stupeň rezistencie izolátov *C. beticola* bol identifikovaný na lokalite Hronovce.

In the year 2018, the survey of *Cercospora beticola* testing for fungicide resistance continued in Slovak republic. The testing of isolates were realised on localities Čachtice, Dvory n. Žitavou, Hronovce, Jaslovské Bohunice, Majcichov, Matúškovo, Nové Sady, Rastislavice, Rybany, and Skalica. The obtained isolates of *C. beticola* were tested to following fungicides: prochloraz + propiconazole, fenpropidin + difenoconazole, azoxystrobin + cyproconazole, tetaconazole, epoxiconazole + tiophanate-methyl, cyproconazole + trifloxystrobin, and tiophanate methyl. The unauthorised fungicide (in Slovakia) based on active ingredients fenpropidin + difenoconazole was included into the testing. The highest resistance to fungicides in *Cercospora beticola* isolates was found out by epoxiconazole + tiophanate-methyl and tiophanate-methyl. The combination of active ingredients fenpropidin + difenoconazole achieved 100% fungicide efficacy to all the tested isolates, and zero resistance of isolates to them. The highest degree of resistance of *C. beticola* isolates was detected in locality Hronovce.

Studium účinnosti esenciálních olejů vůči padlý a plísni dýňovitých

Study of efficacy of essential oils against powdery and downy mildews on cucurbit plants

Božena Sedláková, Pavel Matušinsky, Anna Lebdušková & Aleš Lebeda

Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc;
bozena.sedlakova@upol.cz

Účinnost jedenácti esenciálních olejů (EO) a dvou rostlinných extraktů (E) byla sledována u dvou izolátů padlý dýňovitých (PM) (původce: *Podosphaera xanthii* /Px/, 22/21 Px, 26/21 Px) a dvou izolátů plísne dýňovitých (původce: *Pseudoperonospora cubensis* /PC/: PC 28/18 2, PC OL 7/21) pocházejících z České republiky. K testování PM byla využita modifikovaná metoda listových disků podle Sedlákové a Lebedy (2008) a pro DM metoda plovoucích listových disků navržená Lebedou a Urbanem (2010). Listové disky byly připraveny z listů vysoce náchylné odrůdy okurky seté (*Cucumis sativus*) Perzeus F1. Byla testována účinnost EO z těchto rostlin: *Mentha spicata*, *Melaleuca alternifolia*, *Thymus vulgaris*, *Cinnamomum zeyladicum*, *Syzygium aromaticum*, *Pelargonium graveolens*, *Foeniculum vulgare*, *Cymbopogon winterianus*, *Pimpinella anisum*, *Rosmarinus officinalis*, *Eucalyptus citriodora*, a také těchto dvou E: karvonu a eugenolu. U všech byly testovány tři koncentrace (0,025%, 0,05%, 0,075%). Účinnost sledovaných EO a E vůči izolátům PM a PC se signifikantně lišila, a to jak vzhledem k jednotlivým testovaným EO a E, tak rovněž i mezi oběma studovanými skupinami biotrofních patogenů (PM, DM). U testovaných Px izolátů byla navíc také pozorována odlišnost ve frekvenci výskytu rezistentní/středně rezistentní odpovědi vůči některým sledovaným EO a oběma E.

Efficacy of eleven essential oils (EO) and two plant extracts (E) were screened on two powdery mildew /PM/ isolates (*Podosphaera xanthii* /Px/: 22/21 Px, 26/21 Px) and two downy mildew /DM/ isolates (*Pseudoperonospora cubensis* /PC/: PC 28/18 2, PC OL 7/21) originated from Czech Republic. A modified leaf discs bioassay by Sedláková and Lebeda (2008) for PM and the floating leaf discs bioassay for DM by Lebeda and Urban (2010) were used for screening. Highly susceptible *Cucumis sativus* cv. Perzeus F1 served for preparation of leaf discs. EOs from *Mentha spicata*, *Melaleuca alternifolia*, *Thymus vulgaris*, *Cinnamomum zeyladicum*, *Syzygium aromaticum*, *Pelargonium graveolens*, *Foeniculum vulgare*, *Cymbopogon winterianus*, *Pimpinella anisum*, *Rosmarinus officinalis*, *Eucalyptus citriodora* and Es from karvon and eugenol were tested in three concentrations (0.025%, 0.05%, 0.075%). Efficacy of screened EOs and Es towards PM and PC isolates varied significantly in relation to tested EOs, Es and as well in comparison to both studied biotrophic groups of pathogens (PM, DM). Between screened Px isolates, there were noted differences in frequency of resistant/moderately resistant response against some EOs and both tested Es too.

This research was supported by the Ministry of Agriculture CR, NAZV, projects no. QK21010064 and NPGZ-M/03-023 and IGA - PrF - 2022-002.

Plíseň slunečnice a *Plasmopara halstedii* virus v České republice

Sunflower downy mildew and *Plasmopara halstedii* virus in the Czech Republic

Michaela Sedlářová¹, Adéla Kovalíková^{1,2}, Dana Šafářová², Miloslav Kitner¹, Michaela Škeříková³ & Aleš Lebeda¹

¹Katedra botaniky, ²Katedra buněčné biologie a genetiky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci, ³AGROFINAL spol. s r.o., Praha 1; michaela.sedlarova@upol.cz

Plíseň slunečnice, *Plasmopara halstedii* (Farl.) Berl. & De Toni (*Ph*), je biotrofní peronospora, rozšířená v zemích, kde je slunečnice pěstována. V rámci IOR je třeba brát v úvahu fakt, že se jedná o organismus infikující primárně rostliny z vlhké půdy a že oospory v půdě mohou přežívat po dobu více než 10 let. Přes snahu pěstovat certifikované osivo rezistentních hybridů slunečnice, jež je mořené fungicidy, vznikají škody na úrodě. Hlavní příčinou je vznik a selekce nových fyziologických ras/patotypů patogenu, či kmenů nesoucích rezistenci vůči fungicidům. Do roku 2022 bylo celosvětově zaznamenáno asi 46 ras *Ph* a determinaci dalších lze předpokládat.

V letech 2007–2022 byl v ČR zaznamenán výskyt *Ph* na 11 z cca 132 monitorovaných lokalit, často i opakován. Izoláty *Ph* byly přemnoženy a testovány v laboratoři. Fenotyp virulence byl stanovován nejdříve na 9, od r. 2014 na 15 diferenčních liniích slunečnice. Z našich výsledků vyplývá, že u nás dominovaly rasy 700 a 710, od r. 2011 se objevují a postupně převažují rasy 704 a 714. V r. 2014 byly poprvé zaznamenány dvě úplně nové rasy 705 a 715 (lokalita Podivín, Jižní Morava). V r. 2016 byla zaznamenána rasa 750, dříve známá z Německa. Spektrum zaznamenaných ras se v průběhu času měnilo, i u malých izolovaných populací *Ph*, jako např. v ČR, lze sledovat zajímavou dynamiku změn virulence. Účinnost metalaxylu byla testována na listových discích. Všechny české izoláty *Ph* byly citlivé k metalaxylu. Od r. 2014 byl pomocí PCR stanovován *Plasmopara halstedii* virus; v ČR infikuje nižší procento izolátů *Ph* než v Maďarsku či dalších zemích.

Sunflower downy mildew, *Plasmopara halstedii* (Farl.) Berl. & De Toni (*Ph*), is a biotrophic oomycete widespread in sunflower-growing countries. The fact that it is an organism primarily infecting plants from moist soil and that oospores can survive in soil for more than 10 years must be taken into account in the integrated crop protection. Despite efforts to grow certified seed of resistant sunflower hybrids, coated with fungicides, *Ph* can affect the crop yield. Emergence and selection of new physiological races/pathotypes of the pathogen, and new strains bearing resistance to fungicides are the main reasons. By 2022, about 46 races of *Ph* have been recorded worldwide, and determination of more can be anticipated.

During 2007–2022, *Ph* has been recorded on 11 of ca 132 monitored localities in the Czech Republic, often repeatedly. *Ph* isolates were subcultivated and tested in lab. Physiological races were determined according to the phenotypic reaction of 9 or 15 (starting in 2014) sunflower differential lines, respectively. Our results show that race 700 and race 710 prevailed, with races 704 and 714 emerging in 2011. In 2014, two completely new races 705 and 715 (from locality Podivín, South Moravia) were recorded for the first time. In 2016, race 750, previously known from Germany, was found. The spectrum of physiological races has been changing over time, even in small isolated populations of *Ph*, such as found in the Czech Republic it is possible to observe the dynamics of virulence shift. All Czech *Ph* isolates have been sensitive to metalaxyl in leaf disc tests. Since 2014, the presence of *Plasmopara halstedii* virus was recorded by PCR in a lower percentage of Czech *Ph* isolates than in Hungary or other countries.

Výzkum byl podpořen MŠMT ČR (MSM 6198959215), MZe ČR (NAZV QH71254; Národním programem konzervace a využívání genetických zdrojů rostlin, zvířat a mikroorganismů významných pro výživu a zemědělství) a UP v Olomouci (IGA UP PrF-2022-002).

Makroskopické hodnotenie genetickej diverzity *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary v poraste repky ozimnej

Macroscopic evaluation of *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary genetic diversity in single rapeseed field

Monika Tóthová¹, Kamil Hudec¹, Veronika Krchňavá¹ & Olha Matsera²

¹Institute of Agronomic Sciences, Slovak University of Agriculture in Nitra, Slovakia;
monika.tothova@uniag.sk

²Vinnytsia National Agrarian University, Vinnytsia, Ukraine

Cieľom tejto štúdie bolo porovnať genetickú diverzitu izolátov *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary pochádzajúcich z jedného porastu repky ozimnej. Genetickú diverzitu sme zistovali na zaraďovaním izolátov do skupín na základe ich myceliovej kompatibility. V našich pokusoch sme zaznamenali veľmi vysokú mieru nekompatibilných izolátov. Z literatúry známe analýzy väzobnej nerovnováhy nepotvrdili náhodné rekombinácie ako dôsledok genetickej diverzity, preto príčiny vysokej miery nekompatibilných reakcií nie sú známe.

Sclerotinia sclerotiorum (Lib.) de Bary with its polyphagous nature is infecting more than 400 plant species, among them several monocotyledonous and a majority of economically important dicotyledonous plant species, including rapeseed. The disease severity is dependent on environmental conditions suitable for carpogenic germination of sclerotia and producing of ascospores from apothecia. These airborne ascospores are infecting above-ground part of rapeseeds after abscission of flower petals.

S. sclerotiorum is homothallic species, its genome contains both mating-type idiomorphs and it can reproduce both clonally and sexually. Because of homothallism, the airborne ascospores are thought to propagate clonal genotypes. Genetic diversity of the *S. sclerotiorum* population has not been studied so far in Slovakia. Therefore, the aim of this study was to compare isolates of *S. sclerotiorum* originated from single rapeseed field and to analyse similarity or differences between them.

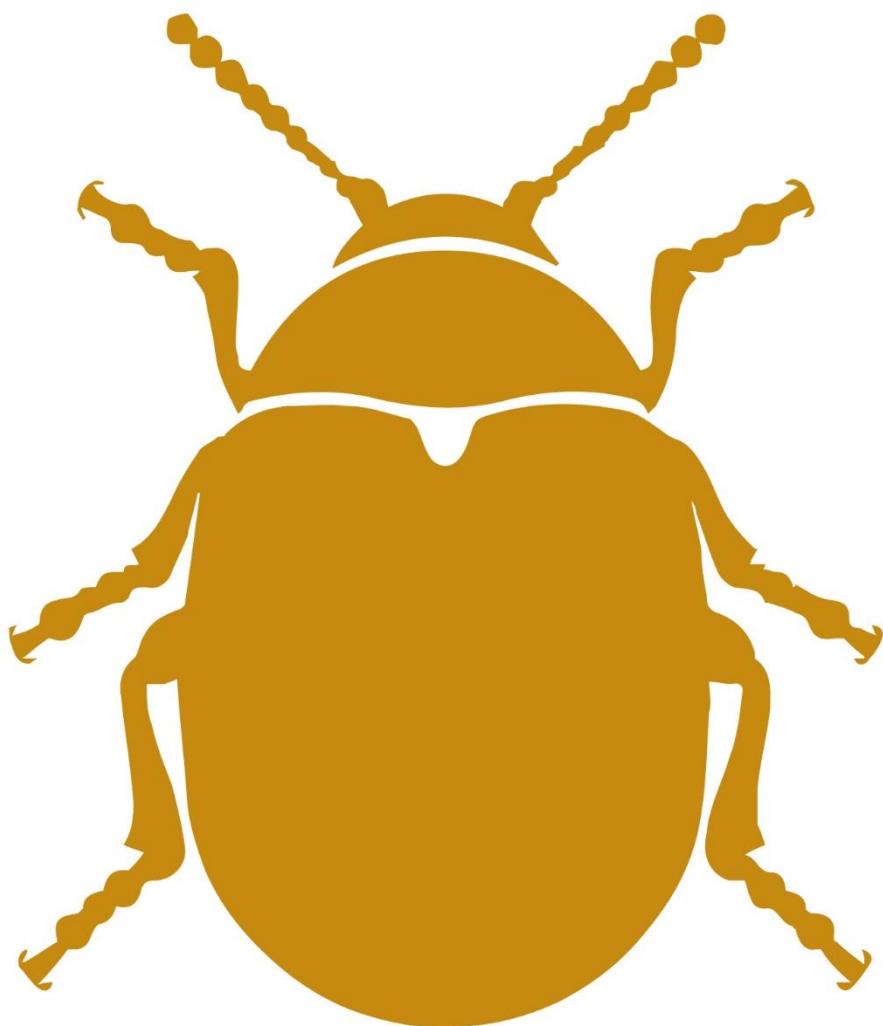
One way of characterizing genetic diversity in population of *S. sclerotiorum* is mycelial compatibility groups (MCGs) testing – a phenotypic, macroscopic assay of the self or non-self recognition system controlled by multiple loci. Mycelial incompatibility is a failure of different isolates to fuse and form one cohesive colony and is characterized by reduced growth between two incompatible colonies.

In this study, 40 flower petal isolates from very warm and dry lowland climate region were tested in two sets. Each set consisted of 20 isolates, i.e., 190 combinations per set in three repetitions. Each isolate was paired by itself as a control of compatibility. Pairings were cultivated on PDA amended by bromophenol blue for 7 days.

No prevalent MCG was found in this study, suggesting that *S. sclerotiorum* population affecting the target rapeseed field consisted of a diverse group of isolates. In some studies, analyses of linkage disequilibrium rejected the random recombination in accordance with predominantly asexual reproduction of homothallic *S. sclerotiorum*, which is functionally equivalent to clonal reproduction. The high level of incompatible reactions found in this study remains obscure.

This work was supported by the Operational Program Integrated Infrastructure within the project Sustainable smart farming systems taking into account the future challenges (ITMS 313011W112), co-financed by the European Regional Development Fund.

Živočišní škůdci



Repellents as a possible tool for the control insect pest of cultural plants

Ludovít Cagáň, Miroslava Fusková, Salim Mubarak & Peter Bokor

Slovak University of Agriculture, Nitra; ludovit.cagan@gmail.com

Cieľom výskumu bolo nájsť potenciálny repelentný efekt dvoch chemikalií DEET, 2-Undecanone, a esenciálnych olejovov (EOs) z *Allium sativum* Linnaeus, 1753; *Artemisia annua* Linnaeus, 1753, *Ocimum basilicum* Linnaeus, 1753; *Lavandula angustifolia* Mill, 1768; *Eucalyptus globulus*, Labill 1800; *Pinus sylvestris*, Linnaeus 1753, *Melaleuca alternifolia* and *Curcuma longa* Linnaeus 1753. Chemické zloženie EOs bolo analyzované pomocou plynovej chromatografie a hmotnostnej spektrometrie.

Výsledky s pásavkou zemiakovou (*Leptinotarsa decemlineata*) ukázali najvyšší repelentný efekt v olfaktometrických testoch v prípade *A. sativum*, *O. basilicum*, *A. annua*, *P. sylvestris*, *C. longa*, *E. globulus*, DEET, 2- Undecanone, *M. alternifolia* and *L. angustifolia*.

V prípade skladových škodcov *Tribolium confusum* Jacquelin du Val, 1863; *Tenebrio molitor* Linnaeus, 1758; a *Acanthoscelides obtectus* Say, 1859 sa tiež zistili preukazné rozdiely medzi kontrolou a repeletnými látkami. Najväčší repelentný efekt v testoch s olfaktometrom sa zistil v prípade *P. sylvestris* and *L. angustifolia*. Najväčšia toxicita sa zistila v prípade *A. sativum*, *O. basilicum*, and *E. globulus*.

Naše výsledky naznačujú, že všetky chemické látky a esenciálne oleje použité v laboratórnych pokusoch boli repelentné pre všetkých skladových škodcov a pásavku zemiakovú (*L. decemlineata*). Výsledky naznačujú, že repelentné látky môžu ovplyvniť početnosť škodcov.

The aim of the study was to find the potential repellency effect of two chemical substances DEET, 2-Undecanone, and essential oils (EOs) from *Allium sativum* Linnaeus, 1753; *Artemisia annua* Linnaeus, 1753, *Ocimum basilicum* Linnaeus, 1753; *Lavandula angustifolia* Mill, 1768; *Eucalyptus globulus*, Labill 1800; *Pinus sylvestris*, Linnaeus 1753, *Melaleuca alternifolia* and *Curcuma longa* Linnaeus 1753. Chemical composition of EOs was analysed with gas chromatography mass-spectrometry.

On the Colorado potato beetle (*Leptinotarsa decemlineata*) the results showed that the highest repellency effect of EOs in olfactometer test were detected for *A. sativum*, *O. basilicum*, *A. annua*, *P. sylvestris*, *C. longa*, *E. globulus*, DEET, 2-Undecanone, *M. alternifolia* and *L. angustifolia* respectively.

On storage pests *Tribolium confusum* Jacquelin du Val, 1863; *Tenebrio molitor* Linnaeus, 1758; and *Acanthoscelides obtectus* Say, 1859 significant differences were observed, and the greatest repellency effect in olfactometer test was detected for *P. sylvestris* and *L. angustifolia*. The strongest toxicity effect was detected for *A. sativum*, *O. basilicum*, and *E. globulus*.

Our results indicate that all chemical substances and essential oils used in the experiment were repellent to all storage pests and *L. decemlineata* in laboratory experiments. The results indicate that repellent substances can influence the number of the insect pests.

This publication was supported by the Operational Programme Integrated Infrastructure within the project: Sustainable smart farming systems taking into account the future challenges 313011W112, cofinanced by the European Regional Development Fund.

Druhové složení a početnost škůdců lilku rajčete (*Solanum lycopersicum*) ve fóliovnících

Species composition and abundance of tomato (*Solanum lycopersicum*) pests in foil plants

Jana Fadrná & Hana Šefrová

Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně; hana.sefrova@mendelu.cz

V roce 2021 byl ve fóliovníku na hydroponické pěstování rajčete na Farmě Ráječek v Brně s rozlohou 10 000 m² hodnocen výskyt škůdců. Bylo pěstováno 7 odrůd rajčete, keříkové, cherry a koktejlové odrůdy. Na počátku března byl do skleníku introdukován polyfágní predátor klopuška škrabošková (*Macrolophus pygmaeus*), opylení rostlin bylo zajištěno introdukcí čmeláka zemního (*Bombus terrestris*). Škůdci byli sledováni od dubna do listopadu pomocí žlutých lepových desek a vizuální kontrolou porostu rajčete. Ke zjištění makadlovky rajčatové (*Tuta absoluta*) byly do skleníku umístěny feromonové lapače. Žluté lepové desky byly instalovány také ve vnějším prostředí, odkud mohou škůdci do fóliovníku pronikat. Pomocí žlutých lepových desek ve fóliovníku byl zjištěn výskyt molice skleníkové (*Trialeurodes vaporariorum*) a smutnicovitých (Sciaridae). Molice skleníková se ve fóliovníku vyskytovala až od poloviny září do poloviny října, v nejvyšší početnosti na keříkových odrůdách Tomicia a Plumola. Na cherry odrůdách zjištěna nebyla. Nebylo zaregistrováno poškození rostlin způsobené tímto škůdcem. Smutnicovití se vyskytovali od konce dubna do poloviny června a jejich početnost v jednotlivých sekcích fóliovníku byla srovnatelná. Vizuální kontrolou rostlin byl zjištěn výskyt vrtalek rodu *Liriomyza* a vlnovníka rajského (*Aculops lycopersici*). Poškození rajčete od vrtalek rodu *Liriomyza* bylo pozorováno v cherry odrůdách Belido a Maggino. Imagina se ve fóliovníku vyskytovala až od konce srpna do počátku října. Vlnovníkem rajským byly napadeny pouze dvě rostliny cherry odrůdy Maggino na konci srpna. Feromonovými lapači nebyla zachycena makadlovka rajčatová. Na žlutých lepových deskách ve vnějším prostředí byl zaznamenán výskyt mšice broskvoňové (*Myzus persicae*) a květilkovitých (Anthomyiidae). Všichni škůdci byli zjištěni v nízké početnosti a na produkci rajčete neměli hospodářsky významný vliv.

In 2021, occurrence of pests was evaluated in hydroponically grown tomato plants at Ráječek Farm in Brno. Seven varieties of tomato were grown, bush, cherry and cocktail varieties. The polyphagous predator *Macrolophus pygmaeus* was introduced into the greenhouse at the beginning of March, pollination of the plants was ensured by introduction of *Bombus terrestris*. Pests were monitored from April to November using yellow traps and visual check of the plants. Pheromone traps were placed in the greenhouse to detect *Tuta absoluta*. Yellow traps were installed also outdoor. Using yellow traps in the greenhouse, the presence of *Trialeurodes vaporariorum* and Sciaridae was detected. *Trialeurodes vaporariorum* was present in the greenhouse from mid-September to mid-October, with the highest abundance on the shrub varieties Tomicia and Plumola. It was not found on the cherry varieties. No plant damage caused by this pest was observed. Sciaridae were present from late April to mid-June and their abundance was comparable in the different sections. Occurrence of *Liriomyza* species and *Aculops lycopersici* was recorded by visual check. *Aculops lycopersici* attacked only two plants of the cherry variety Maggino at the end of August. *Liriomyza* species damaged plants of cherry cultivars Belido and Maggino. *Liriomyza* adults were present from late August to early October. *Tuta absoluta* was not registered by pheromone traps. *Myzus persicae* and Anthomyiidae were detected on yellow traps outdoor. All pests were found in low abundance and had no economically significant effect on tomato production.

Intenzita napadení různých druhů a odrůd ovocných dřevin škůdci

Intensity of pest infestation of different species and varieties of fruit trees

Miroslava Háková & Hana Šefrová

Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně; hana.sefrova@mendelu.cz

V roce 2021 byly sledovány škodlivé druhy hmyzu na 28 ovocných dřevinách v sadu a v aleji u obce Moravany u Ronova nad Doubravou. Monitoring probíhal pomocí sklepávání od 3. května do 10. října. Bylo provedeno 24 odběrů na *Malus domestica* (8 odrůd), *Pyrus communis*, *Prunus domestica* (3 odrůdy), *Prunus domestica* subsp. *insititia* a *Prunus cerasifera*. Celkem bylo uloveneno 588 jedinců 56 druhů ze 4 řádů, Hemiptera (249 jedinců, 8 druhů), Coleoptera (164 jedinců, 10 druhů), Lepidoptera (163 jedinců, 35 druhů) a Hymenoptera (12 jedinců, 3 druhy). Nejvyšších počtů dosahovali škůdci od počátku května do poloviny července. Napadení škůdci a druhová diverzita byly vyšší na ovocných dřevinách v sadu než v aleji. Nejpočetnější skupinou byli polyfágové, druhou početnou skupinou byli oligofágové na různých růžovitých dřevinách. Menší, početně shodné skupiny, představovaly druhy vyvíjející se buď jen na jádrovinách, nebo jen na peckovinách. Nejméně početnými skupinami byly monofágové na dřevinách rodu *Malus* a monofágové na úzkém okruhu dřevin rodu *Prunus*. Z ovocných druhů byly nejvíce napadené *Malus domestica* a *Prunus domestica* subsp. *insititia*. Nejvíce napadenou odrůdou *Malus domestica* byl Libernáč vinický, dále Idared a Matčino. Nejpočetnějšími škůdci na *Malus domestica* byli *Cacopsylla mali* a *Tatianaerhynchites aequatus*. Na *Prunus domestica* subsp. *insititia* byli nejpočetnější *Argyresthia spinosella* a *Hedya pruniana*. Nejvíce napadenou odrůdou *Prunus domestica* byla Valjevka. Jediným hospodářsky významným škůdcem byla zobonoska jablečná (*Tatianaerhynchites aequatus*), jejíž početnost dosáhla prahu škodlivosti na pěti stromech *Malus domestica* odrůdy Libernáč vinický, Bílé sládě z Meziny, James Grieve a Matčino 18. května a odrůdy Idared 7. června.

In 2021, harmful insect species were monitored on 28 fruit trees in an orchard and an avenue near the village of Moravany near Ronov nad Doubravou. Monitoring was carried out by beating from May 3rd to October 10th with a total of 24 samplings on *Malus domestica* (8 varieties), *Pyrus communis*, *Prunus domestica* (3 varieties), *Prunus domestica* subsp. *insititia* and *Prunus cerasifera*. A total of 588 individuals of 56 species from 4 orders, Hemiptera (249 individuals, 8 species), Coleoptera (164 individuals, 10 species), Lepidoptera (163 individuals, 35 species), and Hymenoptera (12 individuals, 3 species) were caught. Pest numbers were highest from early May to mid-July. The most numerous group were polyphages, followed by the oligophages on various Rosaceae. Smaller, numerically identical groups represented species developing either only on Maloideae or only on Prunoideae. The least numerous groups were monophages on *Malus* and monophages on a narrow range of *Prunus*. Pest infestation and species diversity were higher on fruit trees in the orchard than in the avenue. Among fruit species, *Malus domestica* and *Prunus domestica* subsp. *insititia* were the most infested. The most infested *Malus domestica* variety was Libernáč vinický, followed by Idared and Matčino. The most numerous pests on *Malus domestica* were *Cacopsylla mali* and *Tatianaerhynchites aequatus*. On *Prunus domestica* subsp. *insititia*, the most numerous species were *Argyresthia spinosella* and *Hedya pruniana*. The most infested variety of *Prunus domestica* was Valjevka. The abundance of *Tatianaerhynchites aequatus* reached the pest threshold on five trees of *Malus domestica* cv. Libernáč vinický, Bílé sládě z Meziny, James Grieve and Matčino on May 18th and cv. Idared on June 7th.

Škodlivé druhy vrtulí

Fruit fly pest

Kamil Holý

Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Praha-Ruzyně; holy@vurv.cz

Do nedávné doby způsobovala z čeledi vrtulovití (Tephritidae) významné škody pouze vrtule třešňová, další 3 druhy (v. celerová, v. chřestová a v. velkohlavá) jsou minoritní škůdci, proti kterým se cílená ochrana většinou neprovádí. V posledních deseti letech se k nám rozšířily tři druhy škodící na ovoci (v. ořechová, v. rakytníková, v. višňová), další nepůvodní druhy vrtulí jsou v blízkosti našich hranic a je nejspíše pouze otázka času, kdy se objeví i u nás. Obdobné je to s dalšími, potenciálně škodlivými druhy vrtulí, které se dosud v Evropě nevyskytují. S ohledem na velkou odolnost pupárií a nedostatečnou kontrolu/desinsekci dováženého zboží a přepravních obalů, je jejich zavlečení v blízké budoucnosti více než pravděpodobné. Invazní druhy nemají většinou v nových oblastech přirozené nepřátele schopné potlačit škůdce pod práh škodlivosti a vhodný termín a způsob ochrany se často neshoduje s ochranou proti dalším škůdcům, což zvyšuje náklady na ochranu rostlin i spotřebu insekticidů.

Práce byla podpořena projektem QK22020019.

Potenciální pomocník v ochraně proti dřepčíku olejkovému

Potential biocontrol agent against serious oilseed rape pest

Tomáš Hovorka^{1, 2}

¹Katedra ochrany rostlin, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze

²Oddělení entomologie, Národní muzeum, Praha-Horní Počernice

Po zákazu moření osiva řepky neonikotinoidy, v Evropské unii opět vzrostl význam dřepčíka olejkového (*Psylliodes chrysocephala* Linnaeus, 1758), jako jednoho z hlavních škůdců řepky na podzim. V České republice, podobně jako v okolních zemích se škodlivost tohoto škůdce každoročně zvyšuje. Jednou z příčin rostoucí škodlivosti dřepčíků je poměrně úzké spektrum vhodných insekticidů, které se proti němu dají použít. Proto je vhodné hledat alternativní možnosti regulace škůdců řepky. Jednou z možností by mohla být podpora užitečných organismů jako je blanokřídly parazitoid z čeledi lumčíků *Microctonus brassicae* (Haeselbarth, 2008), který parazituje na dospělcích dřepčíka olejkového. Jeho výskyt byl nyní potvrzen mimo Spojené království také v České republice, resp. v kontinentální Evropě. Pět samců lumčíka *M. brassicae* bylo dochováno z 50 dospělců dřepčíka olejkového ze dvou lokalit ve středních Čechách. Tento parazitoid dospělců dřepčíků spolu s dalšími parazitoidy jeho larev pravděpodobně hráje důležitou roli v životním cyklu a populační dynamice tohoto škůdce. V příspěvku jsou shrnuty současné poznatky o biologii, taxonomickém zařazení a identifikaci tohoto parazitoida. Předmětem dalšího výzkumu bude zjištění míry parazitace populací dřepčíků na území ČR a případné možnosti podpory jeho výskytu a potenciálního využití v ochraně rostlin.

After the ban on treating oilseed rape seeds with neonicotinoids in European Union, cabbage stem flea beetles (*Psylliodes chrysocephala* Linnaeus, 1758) again became one of its main pests. In Czech Republic, the impact of this pest increases every year, given with the narrowing spectrum of suitable insecticides and growing damage to oilseed rape plants in autumn. Based on this scenario, it is appropriate to look for alternative options to control oilseed rape pests. One option could be supporting beneficial organisms. One of these organisms is the hymenopteran braconid parasitoid *Microctonus brassicae* (Haeselbarth, 2008), which parasitizes adult cabbage stem flea beetles. Its occurrence has now been confirmed outside United Kingdom in Czech Republic (Bohemia) and continental Europe respectively. Five male specimens of *M. brassicae* emerged from 50 collected adults of cabbage stem flea beetle by sweep netting from two localities in central Bohemia. This parasitoid of adult cabbage stem flea beetles and its larval parasitoids probably play an important role in the life cycle and population dynamics of this pest. Current knowledge about the biology, taxonomic classification and identification of this parasitoid is summarized in this contribution. The subject of further research will be to determine the degree of parasitization of the populations of cabbage stem flea beetles in the Czech Republic and possible ways to support its occurrence and potential use in crop protection.

Dokážeme předpovědět výskyt můrovitých na cukrovce v současných klimatických podmínkách České republiky?

Are we able to predict noctuid occurrence on sugar beet in current climatic conditions of the Czech Republic?

Eva Hrudová¹, Jan Juroch², Eva Svobodová³ & Jan Balek^{1,3}

¹Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně; eva.hrudova@mendelu.cz

²Ústřední kontrolní a zkušební ústav zemědělský, Brno

³CzechGlobe, Ústav výzkumu globální změny AV ČR, v. v. i., Brno

Osenice vykřičníková *Agrotis exclamacionis* (Linnaeus, 1758), o. polní *Agrotis segetum* (Denis & Schiffermüller, 1775), o. černé C *Xestia c-nigrum* (Linnaeus, 1758), můra kapustová *Lacanobia oleracea* (Linnaeus, 1758), m. zelná *Mamestra brassicae* (Linnaeus, 1758) a kovolesklec gama jsou příslušníky čeledi můrovitých (*Noctuidae*), jejichž housenky mohou působit významné škody na zemědělských plodinách. Tyto druhy působí větší škody lokálně a nepravidelně. Predikce škodlivosti je obtížná, a to i přes to, že nálet dospělců je monitorován pomocí světelých lapačů a jsou známy hodnoty spodních prahů vývoje (SPV) i sumy efektivních teplot (SET). Analýzou dat z let 2010–2020 bylo zjištěno, že využití SET je, vzhledem k průběhu počasí ve sledovaném období, problematické.

Moths: *Agrotis exclamacionis* (Linnaeus, 1758), *Agrotis segetum* (Denis & Schiffermüller, 1775), *Xestia c-nigrum* (Linnaeus, 1758), *Lacanobia oleracea* (Linnaeus, 1758), *Mamestra brassicae* (Linnaeus, 1758) and *Autographa gamma* (Linnaeus, 1758) are members of the *Noctuidae* family, whose caterpillars cause significant damage to agricultural crops, although locally and irregularly. Prediction of harmfulness is difficult, despite the fact that the flight period of adults is monitored using light traps and the values of the lower developmental threshold and sum of effective temperatures (SET) are known. Data analysis from the years 2010–2020 revealed that using SET is, due to the course of the weather in the monitored period, problematic.

Tato publikace byla připravena za finanční podpory projektu NAZV MZe č. QK1910338 Agrometeorologický systém včasné výstrahy biotických a abiotických rizik.

The research was supported by the Ministry of Agriculture CR, NAZV, project no. QH71248.

Zlatohlávek tmavý a zlatohlávek huňatý. Dnes chránění, zítra škůdci?

Scarabaeid beetles *Oxythyrea funesta* and *Tropinota hirta*. Today protected, pests tomorrow?

Eva Hrudová¹, Marek Seidenglanz², Aneta Nečasová¹ & Žaneta Pražanová¹

¹Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně; eva.hrudova@mendelu.cz

²Agritec Plant Research s.r.o., Šumperk

V posledních letech se na kvetoucí řepce stále častěji objevují dva druhy zlatohlávků: zlatohlávek tmavý (*Oxythyrea funesta*, (Poda 1761)) a zlatohlávek huňatý (*Tropinota hirta* (Poda 1761)). Žíví se pylem. Květy poškozují vyžíráním generativních orgánů. Škodí na květech ovocných druhů, často se vyskytují na květech řepky. Až do 90. let 20. století u nás byly považovány oba druhy za téměř vyhynulé. V posledních asi pěti letech jej pozorujeme často v porostech řepky. Viditelné poškození květů jsme zaznamenali na několika lokalitách jižní Moravy. Od poškození blýskáčkem jej lze odlišit, okvětní plátky bývají sežráný celé. Poškození květů ovocných stromů vypadá podobně. Zatímco u nás zlatohlávek huňatý ani zlatohlávek tmavý nejsou (zatím) považováni za významné škůdce, v zemích jižně od nás zaznamenávají pěstitelé i významné škody.

In recent years, two species of goldenrod appear more and more frequently on flowering rapeseeds: dark goldenrod (*Oxythyrea funesta*, (Poda 1761)) and bushy goldenrod (*Tropinota hirta* (Poda 1761)). They are polinivorous, causing damage to the flower's generative organs. They are harmful to fruit species and are often found on rapeseed flowers. Both species were considered almost extinct in our country until the 1990s. But, in the last five years, we have often observed it in rape fields. We noticed visible damage to flowers in several locations in South Moravia. It can be distinguished from damage caused by pollen beetles; the petals are usually eaten completely. Damage to fruit trees flower looks similar. While in our country neither the *Oxythyrea funesta* nor (*Tropinota hirta* (Poda 1761)) are (yet) considered to be significant pests, growers in southern countries have noticed significant damage.

The research was supported by the Ministry of Agriculture CR, NAZV QK21010332.

Parazitoidy kohútika modrého *Oulema gallaeciana* (Voet, 1806) na obilninách

Parasitoids of the cereal leaf beetle *Oulema gallaeciana* (Voet, 1806) on cereals

Monika Jeloková

Blumeria consulting s.r.o, Nitra; monika.jelokova@blumeriaconsulting.sk

Na Slovensku sa vyskytujú dva druhy kohútikov a to kohútik pestrý *Oulema melanopus* (Linnaeus, 1758) a kohútik modrý *Oulema gallaeciana* (Voet, 1806). Kohútiky sú vážnymi živočíšnymi škodcami obilní v mnohých oblastiach Slovenska. Súčasný výskyt kohútikov spôsobuje významné ekonomicke straty na obilninách. Z tohto dôvodu sme sledovali škodcov s cieľom získať poznatky o výskyte kohútikov a zistiť druhové spektrum parazitoidov kokónov kohútika modrého a tým určiť ich význam na redukciu škodcu v prirodzených podmienkach. Výskyt kohútikov má mierne stúpajúcu tendenciu. Neustále zvyšujúca sa priemerná denná teplota, rýchly nástup vyšších teplôt v jarnom období podporuje skorsí výskyt škodcov v porastoch obilní. Kohútik pestrý sa kuklí v pôde a kohútik modrý v kokónoch na listoch a klasoch obilní. Po 3 týždňoch od zakuklenia sa objavujú nové jedince kohútikov.

Pri analýze kokónov kohútika modrého sa zistilo, že kokóny boli parazitované najmä druhom *Necremnus leucarthros*. Parazitoval 61,6 % napadnutých kokónoch. Pohlavný pomer samčekov ku samičkám bol 1:3,1 v prospech samičiek. Druhým najviac zastúpeným druhom parazitoidov bol *Pteromalus vibulens*, ktorého parazitácia sa pohybovala v intervale od 16,6 do 32 %. Parazitoid *Gelis instabilis* sa vyskytoval v 3,2 % kokónoch. Najmenšie zastúpenie mal druh *Lemophagus curtus*, *Bathythrix maculatus* a *Diplazon* spp. Najväčšie zastúpenie mal parazitoid *Necremnus leucarthros*, na základe čoho by bolo možné tento druh odporučiť na ďalšie štúdie za cieľom jeho využitia v biologickej kontrole kohútikov. Druhy s menším zastúpením budú cieľom ďalších štúdií.

There are two species of cereal leaf beetle (CLB) in Slovakia, namely *Oulema melanopus* (Linnaeus, 1758) and *Oulema gallaeciana* (Voet, 1806). CLB are serious animal pests of cereals in many areas of Slovakia. The current occurrence of CLB causes significant economic losses on cereals. For this reason, we carried out pest monitoring in order to gain knowledge about the occurrence of CLB, to find out the species spectrum cocoon of *O. gallaeciana* parasitoids and thus to determine their importance for pest reduction in natural conditions. The occurrence of CLB has a slightly increasing tendency. The constantly increasing average daily temperature, the rapid onset of higher temperatures in the spring promotes the earlier appearance of pests in cereal crops. The *O. melanopus* pupates in the soil and the *O. gallaeciana* in cocoons on leaves and cereal ears. After 3 weeks from pupation, new CLB individuals appear.

When we analyzed the cocoons of the *O. gallaeciana*, it was found that the cocoons were mainly parasitized by the species *Necremnus leucarthros* which parasitized 61.6% of attacked cocoons. The sex ratio of males to females was 1:3.1 in favour of females. The second most represented species of parasitoid was *Pteromalus vibulens*, whose parasitism ranged from 16.6 to 32%. The parasitoid *Gelis instabilis* was present in 3.2% of cocoons. The species *Lemophagus curtus*, *Bathythrix maculatus* and *Diplazon* spp had the smallest representation. The parasitoid *Necremnus leucarthros* had the largest presence, on the basis of which it would be possible to recommend this species for further studies with the aim of its use in the biological control of cereal leaf beetle. Species with a smaller representation will be the target of further studies.

Vliv fungální infekce na změny atraktivity k hmyzím škůdcům

Fungal infection modifies oilseed rape attraction to herbivores

Barbora Jindřichová¹, Nikoleta Rubil¹, Thure Pavlo Hauser² & Lenka Burketová¹

¹Ústav experimentální botaniky AV ČR, Praha; jindrichova@ueb.cas.cz

²University of Copenhagen, Copenhagen, Denmark

V přírodě jsou rostliny vystaveny širokému spektru patogenů a škůdců. Většina dosud publikovaných studií se zabývala interakcemi rostlina – patogen nebo rostlina – členovec. Tato studie se zaměřuje na kombinovanou interakci mezi rostlinou, houbovou infekcí a napadením hmyzími škůdci. Pomocí výběrových a nevýběrových testů byly studovány změny preferencí žravého škůdce (zápředníček polní – *Plutella xylostella*) a savého škůdce (mšice zelná – *Brevicoryne brassicae*) k rostlinám řepky olejky (*Brassica napus*) infikovaných patogenem *Leptosphaeria maculans*. Předchozí výzkum ukázal, že rezistence vůči *L. maculans* u *B. napus* je zprostředkována pomocí signální dráhy kyseliny salicylové v kombinaci s ethylenem. Tuto neobvyklou hormonální spolupráci připisujeme hemibiotrofické povaze *L. maculans*. Výsledky ukazují, že oba druhy hmyzích škůdců preferují pravé listy před děložními listy a aktivují obranné signální dráhy rostlin. Zatímco geny zapojené do signálních drah kyseliny jasmonové a ethylenu byly zvýšené v rostlinách po infestaci *P. xylostella*, v případě *B. brassicae* byly exprimovány geny související se signální drahou kyseliny salicylové. Toto bylo potvrzeno i kvantifikací hormonů v infestovaném pletivu. Současně byly preinokulované rostliny řepky olejky *L. maculans* použity pro výběrový test. Tento test prokázal časovou závislost změn atraktivity infikovaných listů k *P. xylostella*, která byla nejvyšší třetí den po inokulaci. V pozdějších fázích infekce atraktivita k inokulovaným listům nebyla zaznamenána. V případě *B. brassicae* byly listy infikované *L. maculans* méně atraktivní ve srovnání s kontrolními listy.

In nature, plants are exposed to a wide range of pathogens and pests. Most studies published to date have been concerned with plant - pathogen or plant - arthropod interactions. Our study focuses on a combined interaction among plant, fungal infection and arthropod infestation. Choice and non-choice tests were used for studying of preference a chewing insect (diamondback moth - *Plutella xylostella*) and a sucking insect (cabbage aphid – *Brevicoryne brassicae*) to oilseed rape (*Brassica napus*) plants infected by the fungus *Leptosphaeria maculans*, an infectious agent of phoma stem canker. The mechanisms underlying insect preferences were analysed. Our preceded research showed that resistance to *L. maculans* in *B. napus* is mediated by salicylic acid signalling in combination with ethylene. We ascribe this unusual hormone cooperation to a hemibiotrophic nature of *L. maculans*. Similar approach has been chosen to study *B. napus* interaction with the insects. Results clearly show that both insect species prefer the first true leaves to cotyledons and activate defence signalling in plants. While genes implicated in jasmonic acid and ethylene signalling were upregulated in plants infested by *P. xylostella*, in case of *B. brassicae*, the genes related to salicylic acid signalling were expressed. This was confirmed also by hormone quantification in infested tissue. Concurrently, the preinoculated oilseed rape plants with *L. maculans* were used in a choice test to demonstrate a time-dependent attraction of infected leaves to *P. xylostella*, which was the highest on the third day after inoculation. This effect disappeared during later stages of the infection. In case of *B. brassicae*, *L. maculans* infected leaves were less attractive compared to control leaves.

Tato práce vznikla za podpory projektu „Centrum experimentální biologie rostlin“, reg.č.: CZ.02.1.01/0.0/0.0/16_019/0000738 financovaného z EFRR.

Vývoj rezistence mandelinky bramborové k insekticidům a aktuální antirezistentní strategie

Development of resistance of *Leptinotarsa decemlineata* (Say) to insecticides and actual antiresistant strategy

František Kocourek, Jitka Stará & Tereza Horská

Výzkumný ústav rostlin výroby, Praha-Ruzyně; kocourek@vurv.cz

Bude zhodnocen vývoj rezistence mandelinky bramborové v ČR za období od roku 2004 do roku 2021. Na vzorcích 5 populací z roku 2004 odebraných celého území ČR byly pomocí molekulárních metod detekovány mutace S291G a L1014F spojené s rezistencí k organofosfátům a k pyretroidům u mandelinky bramborové. V tomto období byla zjištěna vyšší frekvence rezistentních alel a také vyšší podíl rezistentních homozygotů k organofosfátům než k pyretroidům. Na vzorcích populací mandelinky odebraných po sedmnácti letech ze stejných lokalit bude porovnán výskyt rezistentních alel k pyretroidům a organofosfátům. Dále budou uvedeny výsledky plošného monitoringu výskytu rezistence mandelinky bramborové prováděného v letech 2017 až 2021 k nejčastěji v tomto období používaných insekticidům, tj. *lambda*-cyhalothrin, chlorpyrifos, acetamiprid, thiamethoxam, *tau*-fluvalinate a chlorantraniliprole. Pro hodnocení rezistence byly použity modifikovaný test FAO č. 012 a modifikovaný požerový test IRAC č. 018 (diamidy). Za sledované období byl zachycen trend postupného vývoje rezistence k jednotlivým účinným látkám neonikotinoidů. K roku 2021 byly proti mandelince bramborové účinné přípravky pouze ze dvou skupin s rozdílným mechanismem účinku, diamidy (chlorantraniliprole a cyantraniliprole) a spinosiny (spinosad). Diskutován bude vývoj rezistence mandelinky bramborové k insekticidům a aktualizace antirezistentní strategie.

Development of resistance of *Leptinotarsa decemlineata* in Czechia from 2004 to 2021 will be evaluated. The point mutations S291G and L1014F connected with the resistance to organophosphates and pyrethroids in *L. decemlineata*, respectively, were detected in the samples from 5 populations in 2004. The frequency of organophosphate resistant alleles was higher than the pyrethroid resistant ones in the evaluated samples. The changes in the frequency of resistant alleles in the samples from the same localities collected in 2017 will be evaluated. The results of resistance monitoring to the insecticides *lambda*-cyhalothrin, chlorpyrifos, acetamiprid, thiamethoxam, *tau*-fluvalinate and chlorantraniliprole in the populations of *L. decemlineata* from 2017 to 2021 will be presented. The modified test FAO 012 and IRAC 018 were used for the bioassay. Development of resistance to particular active substances of neonicotinoids has been recorded since 2017. Up to date, the insecticides from the group of diamides (chlorantraniliprole and cyantraniliprole) and spinosines (spinosad) are effective against *L. decemlineata*. The development of resistance of *L. decemlineata* to insecticides and updating of antiresistant strategy will be discussed.

Výsledky byly získány v rámci řešení projektu MZe č. QK1910270.

Rezistence mšice broskvoňové k pyretroidům a karbamátům a antirezistentní strategie

Resistance of green peach aphid (*Myzus persicae* Sulz.) to pyrethroids and carbamates and antiresistant strategies

František Kocourek¹, Jitka Stará¹ & Tomáš Hovorka²

¹Výzkumný ústav rostlin výroby, Praha-Ruzyně; kocourek@vurv.cz

²Česká zemědělská univerzita v Praze

V letech 2019 až 2021 byla hodnocena citlivost 11 lokálních populací mšice broskvoňové k 10 účinným látkám insekticidů ze 7 skupin s různým mechanismem účinku. Vzorky mšic byly odebrány z řepky ozimé na podzim z celého území ČR. Pro hodnocení byla použita metoda IRAC č. 019. Rezistence byla hodnocena podle indexu rezistence, indexu security a podle stupnice IRAC. Byl prokázán plošný výskyt rezistentních populací mšice broskvoňové k pyretroidům (*alfa*-cypermethrin) a ke karbamátům (pirimicarb). Vysoká citlivost populací mšice broskvoňové byla zjištěna vůči neonikotinoidům thiamethoxam, imidaclorpid a thiacloprid a organofosfátu chlorpyrifos, které již nejsou povoleny. Dostatečná citlivost byla zjištěna pro neonikotinoid acetamiprid a vysoká citlivost pro karboxamid flonicamid, sulfoximin sulfoxaflor a z tetramidových kyselin spirotetramat. Křížová rezistence byla prokázána mezi pirimicarbem a acetamipridem. Z mechanismů rezistence mšice vůči pyretroidům byla zjištěna nízká frekvence výskytu rezistence typu *kdr* založená na mutaci L1014F. Částečná restaurace citlivosti mšice k pyretroidům po aplikaci PBO naznačuje podíl metabolické rezistence na celkové rezistenci k pyretroidům. Diskutován bude vývoj rezistence mšice broskvoňové v ČR a aktualizace antirezistentní strategie.

Sensitivity of 11 local populations of *Myzus persicae* to 10 active substances of insecticides from 7 groups with different modes of action was evaluated in 2019–2021. The aphids were collected in autumn in oilseed rape fields from the whole area of Czechia. The IRAC method 019 was used for the bioassay. The resistance level was evaluated according to resistance ratio, security index and IRAC classification scale. Wide spread resistance to pyrethroids (*alfa*-cypermethrin) and carbamates (pirimicarb) was proved in contrast to high sensitivity to neonicotinoids thiamethoxam, imidaclorpid and thiacloprid and organophosphate chlorpyrifos. Sufficient sensitivity was proved also for neonicotinoid acetamiprid and carboxamid flonicamid, sulfoximin sulfoxaflor and tetramid acid spirotetramat. Cross resistance was proved between pirimicarb and acetamiprid. Low incidence of *kdr* resistance (mutation L1014F) was observed in several selected *M. persicae* populations. Partial restoration of sensitivity to pyrethroids after application of PBO indicate the role of metabolic resistance to pyrethroids. The development of resistance of *M. persicae* to insecticides in Czechia and updating of antiresistant strategies will be discussed.

Výsledky byly získány v rámci řešení projektu MZe č. QK22010194.

Synergické působení botanických pesticidů v ochraně brambor

Synergism of botanical pesticides in potato protection

Kateřina Kovaříková¹, Petr Doležal², Ervín Hausvater², Martin Žabka¹ & Roman Pavela²

¹Výzkumný ústav rostlinné výroby, v.v.i., Praha-Ruzyně; kovarikova@urv.cz

²Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o.

V letech 2020–2021 byly provedeny polní a maloparcelkové pokusy s použitím botanických pesticidů proti larvám mandelinky bramborové (*Leptinotarsa decemlineata* Say). Cílem pokusů bylo porovnat ochranný efekt ošetření a ověřit vzájemný synergický efekt použitých přípravků. Synergického působení přípravků lze využít v ochraně rostlin; oddaluje se selekce rezistence u škůdců; lze použít nižší dávky přípravků; nedochází k zatížení prostředí rezidui pesticidů. Pokusy byly založeny na lokalitách Žabčice (2020, 2021) a Ruzyně (2021). Testovanými přípravky byly NeemAzal® T/S v normální (Neem2) a snížené dávce (Neem1), Rock Effect New (REN) ve snížené dávce a směs snížených dávek těchto přípravků (MIX). U brambor bylo hodnoceno zejména poškození listů žírem larev (defoliace) a počet larev na rostlině. V roce 2021 na obou lokalitách byla průměrná defoliace nejvyšší v neošetřené kontrole, a to 55,8 % na lokalitě Žabčice a 33,9 % v Ruzyni. Následovala varianta REN s defoliací 45,6 % (Žabčice) a 35,5 % (Ruzyně). Poté následovaly varianty Neem1, MIX a Neem2 s defoliací 19,8 %, 5,2 % a 3,9 % v Žabčicích a 18,3 %, 12,5 %, a 10,7 % v Ruzyni. Rok 2020 byl poměrně atypický, poškození listů žírem larev u všech variant bylo nízké – v průměru 14,3 % u kontroly. Druhá nejvíce poškozená byla varianta Neem2 (11,1 %). Nejméně poškozená byla varianta MIX (4 %) a Neem1 (7,2 %). U varianty Ren byla defoliace 7,4 %. Varianta MIX měla ve všech případech větší ochranný efekt než snížené dávky příslušných přípravků použitých samostatně.

Field and small-plot experiments were carried out using botanical pesticides against the larvae of the Colorado potato beetle (*Leptinotarsa decemlineata* Say) in the years 2020–2021. The aim of the experiments was to evaluate the protective effect of the treatments and to verify the synergistic effect of the botanical pesticides in field conditions. Synergism can be used in plant protection, as it reduces the selection pressure on developing resistance to pesticides in pests and at the same time it enables the use of lower doses of synergistically acting substances and thereby reducing the burden on the environment. The experiments were based on the locations of Žabčice (2020, 2021) and Ruzyně (2021). The tested preparations were NeemAzal® T/S in normal (Neem2) and reduced dose (Neem1), Rock Effect New (REN) in reduced dose and a mixture of reduced doses of these preparations (MIX). Plant defoliation (%) caused by larval feeding and the number of larvae per plant were evaluated for individual variants. Average defoliation was highest in the untreated control at both locations in 2021, namely 55.8% (Žabčice) and 33.9% (Ruzyně). This was followed by the REN variant with defoliation of 45.6% (Žabčice) and 35.5% (Ruzyně). Variants Neem1, MIX and Neem2 had defoliation of 19.8%, 5.2% and 3.9%, respectively in Žabčice and 18.3%, 12.5% and 10.7% in Ruzyně. The year 2020 was quite atypical; damage to leaves by larval feeding was low in all variants – on average 14.3% in the control. The second most damaged variant was Neem2 (11.1%). The least damaged was the variant MIX (4%) and Neem1 (7.2%). For the REN variant, defoliation was 7.4%. The MIX variant had a greater protective effect in all cases than reduced doses of the corresponding preparations used alone.

The research was supported by the Ministry of Agriculture ČR, project no. QK22010073.

Monitoring obaleče mramorovaného a obaleče jednopásého v Dolních Dunajovicích

The monitoring of the *Lobesia botrana* and the *Eupoecilia ambiguella* in the Dolní Dunajovice

Žaneta Pražanová & Hana Šefrová

Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně; xprazano@mendelu.cz

V letech 2020 a 2021 byl sledován výskyt obaleče mramorovaného (*Lobesia botrana* Denis & Schiffermüller, 1775) a obaleče jednopásého (*Eupoecilia ambiguella* Hübner, 1796) ve vino hradu v Dolních Dunajovicích. Cílem monitoringu bylo posoudit účinnost různě starých syntetických sexuálních feromonů (feromonových odporníků). Byly využity feromonové odporníky různého stáří a zelené delta lapače od firmy Propher s.r.o. Na obaleče mramorovaného byly využity odporníky z let 2003, 2017, 2018, 2019, 2020 a 2021, na obaleče jednopásého byly použity odporníky z let 2017, 2018, 2019, 2020 a 2021. V roce 2020 bylo odchyceno celkem 762 imag o. mramorovaného, nejvíce na feromon z roku 2003 (219 imag), nejméně na feromon z roku 2019 (110 imag). Imaga obaleče jednopásého nebyla zaznamenána. V roce 2021 bylo celkem odchyceno 545 imag obaleče mramorovaného, nejvíce na feromon z roku 2018 (159 imag), nejméně na feromon z roku 2021 (32 imag) a žádné imago obaleče jednopásého. Na odporníky o. mramorovaného byly odchyceny tyto necílové druhy: *Lobesia abscisana* (Doubleday, 1849), *Diachrysia chrysitis* (Linnaeus, 1758), *Agrotis segetum* (Denis & Schiffermüller, 1775), *Xestia c-nigrum* (Linnaeus, 1758), *Mamestra brassicae* (Linnaeus, 1758), *Idaea biselata* (Hufnagel, 1767). V roce 2020 bylo nejméně necílových druhů zaznamenáno v lapačích s feromonem z let 2017 a 2018. V roce 2021 necílové druhy nebyly zaznamenány. Na základě monitoringu lze konstatovat, že žádný ze starších feromonů negativně neovlivnil či nevábil užitečné necílové organismy, vždy byli determinováni jen další potencionální škůdci v sadech a ve vino hradech.

In the years 2020 and 2021, the occurrence of the *Lobesia botrana* (Denis & Schiffermüller, 1775) and *Eupoecilia ambiguella* (Hübner, 1796) was monitored in the vineyard in Dolní Dunajovice. The goal of the monitoring was to assess the effectiveness of synthetic sex pheromones (pheromone lures) of various ages. Pheromone lures of different ages and green delta traps from the Propher s.r.o. were used. Lures from the years 2003, 2017, 2018, 2019, 2020 and 2021 were used for the *Lobesia botrana*, and lures from the years 2017, 2018, 2019, 2020 and 2021 were used for the *Eupoecilia ambiguella*. In 2020, a total of 762 individuals of the *Lobesia botrana* were caught, the most for a lure from 2003 (219 individuals), the least for a lure from 2019 (110 individuals). The *Eupoecilia ambiguella* was not recorded. In 2021, a total of 545 *Lobesia botrana* individuals were captured, the most for the 2018 lure (159 individuals), the least for the 2021 lure (32 individuals) and no individuals of *Eupoecilia ambiguella*. The following non-target species were captured for the *Lobesia botrana* lures: *Lobesia abscisana* (Doubleday, 1849), *Diachrysia chrysitis* (Linnaeus, 1758), *Agrotis segetum* (Denis & Schiffermüller, 1775), *Xestia c-nigrum* (Linnaeus, 1758), *Mamestra brassicae* (Linnaeus, 1758), *Idaea biselata* (Hufnagel, 1767). In 2020, the most non-target species were recorded in pheromone lures from 2017 and 2018. In 2021, non-target species were not recorded. Based on monitoring, it can be concluded that none of the older pheromones negatively influenced or attracted useful non-target organisms, only other potential pests in orchards and vineyards were always determined.

The research was supported by the IGA AF MENDELU, project no. AF-IGA2020-IP027.

Systém integrované ochrany proti živočišným škůdcům v certifikované bezreziduální produkci rajčat

Integrated plant protection system against pests in certified pesticide residue free tomato production

Václav Psota¹, Ivana Tlolková¹, Alžbeta Nagyová¹, Zuzana Zápotocká², Radek Fojtík² & Javier Arizmendi³

¹Farma Bezdínek s.r.o., Dolní Lutyně, Czech Republic; vaclav.psota@farmabezdinek.cz

²Farma Kameničany, s.r.o., Kameničany, Slovakia

³ZERYA Producciones sin Residuos S.L., Valencia, Spain

According to the voluntary ZERYA standard, certified production free from pesticide residues is defined to have less than the maximum residue level of 0.01 mg/kg of any active ingredient in the harvested production. Farma Bezdínek 11 ha (Czech Republic) and Farma Kameničany 3 ha (Slovakia) achieved the ZERYA standard in the modern hydroponic tomato greenhouses after an audit at the end of 2019. The unique system of integrated pest protection in tomato crop was developed in greenhouses consequently. The goal of this system is to keep pest populations below the level of economic threshold and at the same time, avoiding the use of pesticides that leave residues. The basic is regular pest monitoring, which is carried out on a weekly basis. The occurrence of the key pest of the greenhouse whitefly (*Trialeurodes vaporariorum*) is monitored using yellow sticky traps (20-40 pcs/ha) and the number of captured adults is recorded. Based on the monitoring of this pest, a preventive phytosanitary system was set, which defines the degree of infestation. Plant protection measures are defined for each degree of infestation. The degrees are defined as follows: green (0–30 whitefly/trap) – only biological control is used; the yellow (10–40 whitefly/trap) population tends to increase faster than in the green stage – biological protection is maintained and doses are increased especially with focus to hotspots; orange level (40–100 whitefly/trap) – the dose of biological protection is increased over the whole area and additional residue free contact acting insecticides are used; red (> 100 whitefly/trap) in this stage, an increased dose of biological protection is still used; in addition, it is possible to use a chemical insecticide, ideally with rapid degradation, with the fact that the production is declared as conventional until the laboratory proof degradation of the active ingredient. Knowledge about the degradation of pesticide ingredients with the value below the 0.01 mg/kg was acquired in the 2018/2019 season. Based on field tests in cooperation with the Eurofins laboratory, it was found that the degradation after the one application by legal dosage was as follows: spinosad 10 days, bifenazate 17 days, spiromesifen - 47 days, trifloxystrobin - 49 days. Degradations after 3 applications by legal dosage were for the substances indoxacarb - 54 days, flupyradifuron - 80 days and spinosad - 33 days. After four consecutive applications of pyriproxyfen, degradation took 40 days. The substance azadirachtin was tested repeatedly after applications, but the residue was found only in the leaves and not in the fruits.

Predikce populační dynamiky parazitoidů pomocí nového mezigeneračního přístupu

PARASITOIDS: prediction their population dynamics using our novel intergenerational approach

Alena Samková

Katedra ochrany rostlin, Fakulta potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze; samkovaa@af.czu.cz

Parazitoidi napadají širokou škálu hostitelů, díky čemuž se podílejí na zachování bohaté biologické rozmanitosti a celkové rovnováhy ekosystému. Tohoto vztahu můžeme využít v zemědělství v rámci biologické ochrany rostlin. Nicméně pro efektivní využití parazitoidů v zemědělství musíme detailně znát nejen biologii parazitoidů, ale především bychom měli umět predikovat jejich populační dynamiku. Tradičně se populační dynamika stanovuje pomocí velikosti populace na základě počtu jedinců na daném místě nebo u komerčních druhů, v daném balení. Domníváme se však, že tento přístup predikce populační dynamiky opomíjí jeden důležitý faktor, a tím je rozdílná velikost těla parazitoidů a jejich plodnost závislá na velikosti těla. Proto jsme s využitím modelového parazitoida *Anaphes flavipes* (Hymenoptera: Mymaridae) vyvinuli mezigenerační přístup k předpovědi populační dynamiky parazitoidů, který zahrnuje vliv velikosti těla. Pomocí tohoto přístupu můžeme odhalit možné změny v plodnosti v F2 generaci způsobené nepozorovatelnými změnami v F1 generaci. Mezigenerační přístup tedy zahrnuje nejen počet parazitoidů, ale i jejich kvalitu v podobě velikosti těla a budoucí plodnosti samiček a díky tomu ho lze uplatnit pro přesnější predikci populační dynamiky.

Parasitoids are important natural enemies that attack a wide range of hosts, and they play an important role in the biodiversity and balance of natural ecosystems. The stability of the ecosystem or the use of parasitoids to reduce insect pests in biological control programmes has traditionally been assessed using population size from the number of individuals. We suggest that this approach of predicting population dynamics using the number of individuals omits one important aspect and that is the body size of parasitoids and their body size-dependent fertility. Therefore, using the model parasitoid *Anaphes flavipes* (Hymenoptera: Mymaridae), we have developed a novel intergenerational approach to predict parasitoid population dynamics that includes parasitoids body size effects. Using this approach, we can detect possible changes in F2 generation fertility caused by unobservable changes in the F1 generation. Thus, the intergenerational approach takes into account not only the number of parasitoids but also their quality in terms of body size and future fertility of females, and can thus be applied for more accurate prediction of population dynamics.

The research was supported by the Ministry of Agriculture CR, TACR; project no. FW04020104.

Složení porostu hrachu ovlivňuje disperzi škůdců, chorob, plevelů i necílových organismů

Field pea crop composition influences the distribution of insect pests, diseases, weeds even the natural enemies

Marek Seidenglanz¹, Eliška Ondráčková¹, María Muñoz-Arbeález¹, Iva Smýkalová¹, Jaroslav Šafář¹ & Eva Hrudová²

¹Agritec Plant Research Ltd.; seidenglanz@agritec.cz

²Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně

V letech 2019–2022 bylo ve velkoparcelních pokusech zjištěváno, jak faktory diverzita porostu, způsob ošetření osiva, přítomnost kvetoucích bylin v okolí a charakter biotopů na okraji pole ovlivňují disperzní vzorce škodlivých organismů, vybraných přirozených nepřátel a výnosových charakteristik a jak tyto faktory zasahují do časo-prostorových vazeb mezi výše zmíněnými organismy, respektive znaky determinujícími výnos. Sběr primárních dat probíhal po celou dobu vegetace z hodnotících bodů určených souřadnicemi, jejichž síť pokryvala porovnávané porosty i navazující biotopy. Disperzní vzorce pro jednotlivé organismy / znaky byly stanoveny s využitím SADIE, následně míra shody mezi zjištěnými disperzními vzorci byla analyzována pomocí *Quick Association Analysis*. Většina hodnocených organismů / znaků projevuje signifikantní tendenci k agregaci, tedy k nenáhodné disperzi v porostech, která ovšem nemá vždy jasnou souvislost s diverzitou prorostu, respektive blízkostí kvetoucích pásů či typem biotopů v okolí. Těsnost časo-prostorových vazeb mezi hmyzími škůdci a jejich přirozenými nepřáteli je více ovlivněna složením porostu než přítomností kvetoucího pásu.

Impact of factors such as crop diversity, field pea seed treatment, presence of flowering strips in crop surrounding, and the type of biotopes on the field margin on distribution patterns of harmful organisms (insect pests, pathogens, weeds), natural enemies, and yield factors and on the spatio-temporal association among the assessed organisms/traits was assessed in large-plot field trials during 2019–2022. All the assessments made during the whole vegetation period were carried out on points (determined precisely with their coordinates) distributed across the compared types of crops, the flowering strips located in the vicinity, and the biotopes on the field margins. SADIE was used for establishing distribution patterns for the individual organisms/traits, the level of similarity among the distribution patterns was analysed with the usage of *Quick Association Analysis* and especially Canonical analyses were used for searching other relations among the assessed variables. Most organisms/traits showed a tendency to be aggregated, so they are not randomly distributed in crops. But there is no clear spatial relationship between the distribution pattern of the organisms/traits and the crop composition, type of flowering strips in the vicinity, and the character of biotopes on the field margins. The strength of the spatio-temporal relationship between the insect pests and their natural enemies is more influenced by the crop composition than the presence of a flowering strip.

Příspěvek je založen na výsledcích získaných při řešení projektu MZE-RO1018.

Hraboš polní – stále platné riziko v ochraně rostlin

Common vole - still a valid risk in plant protection

Josef Suchomel¹ & Marta Heroldová²

¹*Ústav zoologie, rybářství, hydrobiologie a včelařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně; suchomel@mendelu.cz*

²*Ústav ekologie lesa, Lesnická a dřevařská fakulta, Mendelova univerzita v Brně*

Hraboš polní je významně ovlivňován hospodařením v krajině, strukturou pěstovaných plodin a klimatickými výkyvy. Na základě zkušeností s jeho přemnožením v letech 2019 a 2020 a z našich výzkumů v agroekosystémech a v lesních porostech, budou prezentovány aktuální poznatky z ekologie tohoto hlodavce a jeho vliv na rostlinnou produkci. Zmíněny budou i výzvy pro výzkum a ochranu rostlin do budoucna.

A common vole is significantly influenced by landscape management, structure of cultivated crops and climatic fluctuations. Based on the experience with its outbreaks in 2019 and 2020 and from our research conducted in agroecosystems and forest covers, the current findings from the ecology of this rodent and its effect on plant production will be presented. The future research and plant protection challenges will also be mentioned.

Účinnosť priamych opatrení v ochrane orecha kráľovského proti vrtivke orechovej, *Ragoletis completa* (Tephritidae, Diptera)

Effectiveness of direct treatments in the protection of walnut against the walnut husk fly, *Ragoletis completa* (Tephritidae, Diptera)

Ján Tancik¹ & Tomáš Vereš²

¹*Ecophyta s.r.o.*, Nitra

²*Corteva Agriscience Slovakia s.r.o.*

Posledné roky pestovateľov orechov či už veľkých, profesionálnych sadárov, alebo malých, záhradkárov, trápi nový invázny škodca – vrtivka orechová, *Ragoletis completa* (Tephritidae, Diptera). Skúšané boli mnohé nepriame opatrenia ale nemali požadovanú účinnosť. V roku 2020 a 2021 sme založili niekoľko pokusov v orechových sadoch ale aj v záhradách drobných pestovateľov s cieľom zistitú účinnosť insekticídnych opatrení.

V roku 2020 sme v poloprevádzkových pokusoch v neprodukčnom orechovom sade na juhu Slovenska pestovanom v integrovanej produkcií, odrody Chendler a Lara, overovali a hodnotili účinnosť prípravkov povolených v Európe proti vrtivke orechovej, na baze acetamipridu a spinosudu, použitých s lákadlom. Termíny aplikácie sme si zvolili na základe náletu múč na žlté lepové dosky. Tie sme nainštalovali do koruny stromov na začiatku júla. Lapače sme kontrolovali raz za týždeň. Prípravky boli aplikované traktorovým postrekovačom CASOTTI DOCTOR Fly. Je to profesionálny mikrodávkovací postrekovač, ktorý sa používa na stromovú aplikáciu vo vopred určených mikrodávkach, ktoré musia byť vždy rovnaké na každý strom. Použité bolo 20 l postrekovej kvapaliny na 1 ha. Na každý strom bolo aplikované 2krát 200 ml postrekovej kvapaliny. Urobili sme 5 aplikácií, prvú 27.7. a poslednú 28.8.2020. Prvý a druhý postrek sme zopakovali lebo niekoľko hodín po postreku prišiel výdatný dážď. Hodnotenia sme robili pred zberom (11.9.2020), na 10 stromoch sme vyhodnotili po 100 plodov. Počet poškodených orechov larvami vrtivky orechovej bol veľmi nízky, pod 3 %. Na neošetrených stromoch v blízkosti sadu orechy boli napadnuté takmer 100 %.

In recent years, walnut growers, whether large, professional orchardists, or small, gardeners, have been troubled by a new invasive pest – the walnut husk fly, *Ragoletis completa* (Tephritidae, Diptera). Many indirect measures were tried, but they did not have the required effectiveness. In 2020 and 2021, we set up several trials in walnut orchards but also in the gardens of small growers in order to determine the effectiveness of insecticide treatments. In 2020, in semi-operational trials in a non-productive walnut orchard in the south of Slovakia grown in integrated production, the Chendler and Lara varieties, we verified and evaluated the effectiveness of insecticides approved in Europe against the walnut husk fly, based on acetamiprid and spinosad, used with an attractant. We chose the application dates based on the fly attack on the yellow glue boards. We installed these in the crown of the trees at the beginning of July. We checked the traps once a week. The preparations were applied with a CASOTTI DOCTOR Fly tractor sprayer. It is a professional micro-dose sprayer used for tree application in predetermined micro-doses that must always be the same for each tree. 20 l of spray liquid per 1 ha was used. 2 times 200 ml of spray liquid was applied to each tree. We made 5 applications, the first on 27.7. and the last 28.8.2020. We repeated the first and second spraying because a few hours after spraying, heavy rain came. We did the evaluations before the harvest (September 11, 2020), we evaluated 100 fruits on 10 trees. The number of nuts damaged by the larvae of the nut borer was very low, below 3%. Almost 100% of untreated trees near the walnut orchard were attacked.

BERABOT: Nástroj pro automatizaci monitoringu molic (Aleyrodidae) ve skleníku

BERABOT: Automatization tool for whitefly (Aleyrodidae) monitoring in the greenhouse environment

Alžběta Turečková¹, Tomáš Tureček¹, Václav Psota², Peter Janků¹, Pavel Vařacha¹, Roman Šenkeřík¹, Bronislav Chramcov¹, Roman Jašek¹, Vít Štěpánek³ & Zuzana Komínková Oplatková¹

¹*Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Zlín, Czech Republic*

²*Farma Bezdínek s.r.o., Dolní Lutyně, Czech Republic; vaclav.psota@farmabezdinek.cz*

³*NWT a.s., Zlín, Czech Republic*

The objectives of this study were: 1. Automatize the scouting of yellow sticky traps (YST) for whiteflies in a tomato greenhouse. 2. Evaluate the system performance and judge its applicability in practical use.

The pictures of yellow sticky traps (YST) were taken inside the heated and lighted tomato production greenhouse of "Bezdínek farm" in Dolní Lutyně, Czechia. Used pictures were collected using a mobile device to be easily replicable and suitable for the future fast processing in real environment. The whiteflies (Aleyrodidae) were manually marked by bounding boxes in a Labelbox labeling tool and validated by a professional phytopathologist. The created dataset was then used to train a deep convolutional network model for object detection. We utilized a state-of-the-art TOOD architecture with a slicing-aided inference that utilizes cutting of the original image to maintain full image resolution in the training and prediction process.

The final model achieves the F1 score (defined as the harmonic mean of precision and recall) of 81.97. We also compare the counting results from the greenhouse employees with the numbers from the phytopathologist (on a smaller dataset) to observe the human error rate. Human labor achieves the F1 score of 81.32. The results suggest comparable or even slightly better performance of the trained model than simple counting by a human, which is prone to mistakes due to the repetitive nature of the task. Moreover, the model precision is constant over the increasing number of whiteflies trapped while in some density, the humans skip to sector counting and estimating the final number. The key to a correct model function is to minimize the glue reflection on the YST since those white reflected spots might be incorrectly classified as a whitefly. If this precaution is complied with, the model gives stable output. The proposed model can be used in a mobile device operated by greenhouse employees or implemented into an autonomous robot system.

This work was supported by the Technology Agency of the Czech Republic, under the project No. FW01010381, by Internal Grant Agency of Tomas Bata University under the project no. IGA/CebiaTech/022/001, and further by the resources of A.I.Lab at the Faculty of Applied Informatics, Tomas Bata University in Zlín (ailab.fai.utb.cz).

Hád'átko řepné v ČR

Sugar Beet Cyst Nematode in the Czech Republic

Miloslav Zouhar¹, Marie Maňasová¹, Ondřej Douda², Jana Wenzlová¹ & Pavel Ryšánek¹

¹Česká zemědělská univerzita v Praze, manasova@af.czu.cz

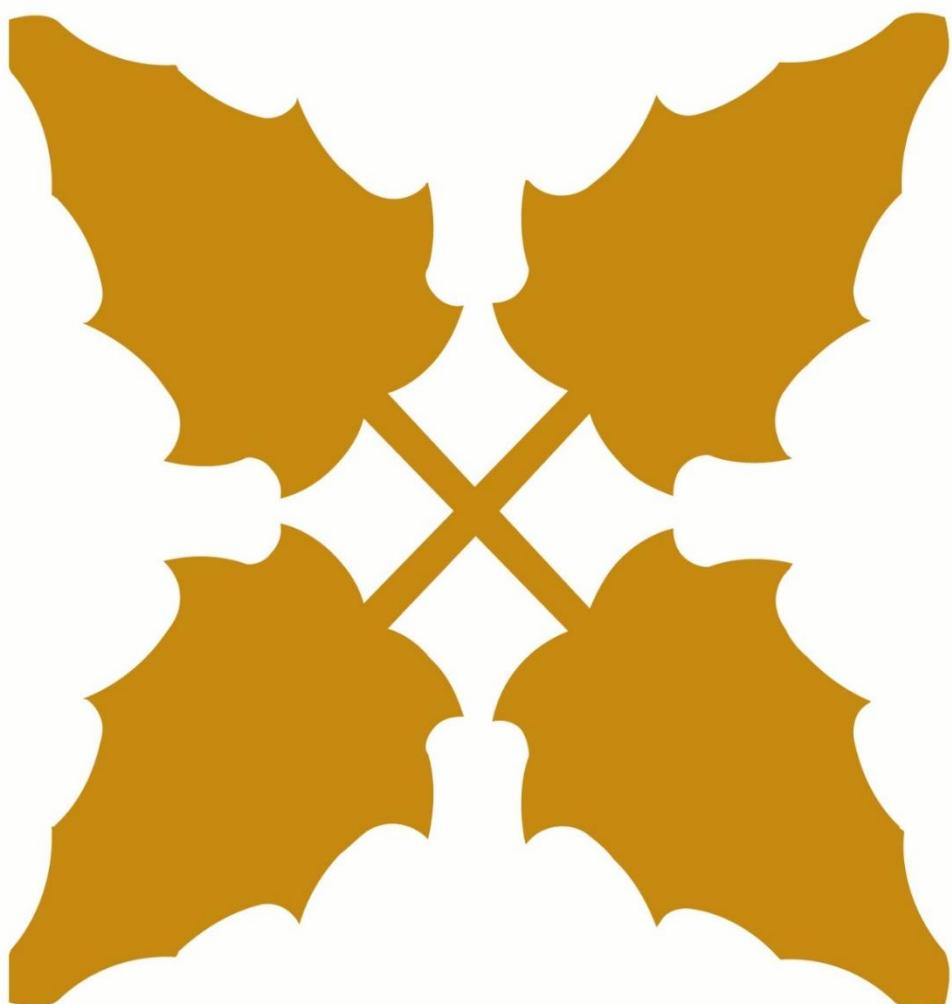
²Výzkumný ústav rostlinné výroby v Praze

Hád'átko řepné (*Heterodera schachtii*) je významným patogenem řepy cukrové. Ztráty, které způsobuje, mohou dosáhnout v některých případech až 80 %. Jeho vysoká škodlivost je způsobena zejména díky jeho biologii. V půdě dokáže hád'átko přežít bez hostitele i několik let. To je ale jeden, nikoliv jediný aspekt. Hád'átko řepné má ve svém hostitelském okruhu celou řadu kulturních i plevelních rostlin, a to mu dává šanci pro jeho rozvoj. Obvykle pěstované tolerantní odrůdy řepy cukrové jsou dalším faktorem, který zvyšuje zásobu cyst v půdě. Ochrana rostlin je v současné době zaměřena právě na tyto odrůdy, a i když nízký počet odrůd vykazuje znaky rezistence, jejich komerční využití je díky kvalitativním parametry komodity malé. Zbývá tedy osevní postup a další agrotechnické či alternativní zásahy, které mohou škodlivost tohoto patogena snížit pod ekonomický prah škodlivosti. Jednou z významných metod ochrany by se mohla stát logistika zbytků po čištění řepy po její sklizni. Tento odpadní materiál představuje velké riziko pro zamoření oblastí v okolí skládeček řepy i mimo ně, pokud jsou aplikovány běžné způsoby návratu tohoto materiálu na pole. Další cestou, jak by se hád'átko mohlo šířit na nové lokality je i návrat odpadní půdy z cukrovaru na pole, pokud není tato půda dostatečně dlouho skladována. Komplexní přístup k ochraně rostlin proti hád'átku řepnému je nezbytný pro dosažení úspěchu v pěstování této tradiční tržní plodiny.

The Sugar Beet Cyst Nematode (SBCN) (*Heterodera schachtii*) is an important pathogen of sugar beet. The losses it causes can reach up to 80% in some cases. Its high harmfulness is mainly due to its biology. In the soil, the nematode can survive without a host for several years. But that is not the only aspect. The SBCN has a wide range of cultivated crops and weed plants in its host range, and this gives it a chance to thrive. Commonly cultivated tolerant varieties of sugar beet are another factor that increases the supply of cysts in the soil. Plant protection is currently focused on these varieties and although a small number of varieties show signs of resistance, their commercial exploitation is low due to the quality parameters of the commodity. What remains is therefore the use of crop rotation and other agrotechnical or alternative methods that can reduce the harmfulness of this pathogen below the economic threshold. One important method of control could be the logistics of the residues left over after cleaning the beet bulbs after harvest. This waste material poses a major risk of infesting areas around sugar beet field storage and beyond if conventional methods of returning this material to the field are applied. Another way in which the nematode could spread to new sites is by returning waste soil from the sugar factory to the field if it is not stored for a long enough time. A comprehensive approach to plant protection against the beet cyst nematode is essential to achieving success in growing this traditional cash crop.

The research was supported by the project of the Technology Agency of the Czech Republic No. TH04030242.

Herbologie



Přínosy a rizika technologií využívajících odrůd tolerantních k herbicidům

Benefits and risks of herbicide tolerant technologies

Miroslav Jursík & Josef Soukup

Česká zemědělská univerzita v Praze; jursik@af.czu.cz

Zavedení technologií využívajících odrůd odolných k herbicidům (HT technologie) znamenalo výrazný pokrok v regulaci plevelů především v plodinách, kde byly možnosti herbicidní ochrany omezené a regulace plevelů byla velmi obtížná. Tolerance k některým herbicidům, především ze skupiny ALS inhibitorů a inhibitorů ACCasy, se podařilo dosáhnout konvenčními šlechtitelskými postupy. U jiných herbicidů (např. glyphosate a glufosinate-NH₄) bylo možné vytvořit tolerantní odrůdy pouze genetickou modifikací (GM), což však brání jejich rozšíření ve státech EU, kde se dosud GM HT technologie nesmí komerčně využívat.

Základním přínosem HT technologií je vysoká selektivita používaných herbicidů k plodině, od čehož se odvíjí řada agronomických, ale i ekologických předností. Především ve zjednodušení chemické ochrany proti plevelům, tím že volba herbicidu je předem daná a na pěstiteli je pouze volba dávky a termínu aplikace. Herbicidy, vůči kterým je vytvářena odolnost, obvykle působí na velmi široké spektrum plevelů včetně odolných druhů, přičemž eliminují také přiměsi jiných odrůd, za předpokladu, že nejsou k danému herbicidu rovněž tolerantní. Používání HT technologií je obvykle velmi efektivní zejména na pozemcích, kde se využívají minimalizační technologie zpracování půdy, neboť používanými herbicidy jsou dobře potlačovány vytrvalé plevely a vyšší podíl posklizňových zbytků na povrchu půdy nesnižuje výrazně jejich účinnost.

Při používání HT technologii je třeba počítat i s určitými agroekologickými riziky. Jde především o možnost přenosu genu rezistence na jiné (příbuzné) rostlinné druhy, či podruhy. Dlouhodobým monotónním používáním jednoho herbicidu může dojít k výraznému posunu ve spektru plevelů ve prospěch odolných druhů, případně k vytvoření rezistence. Problematictější může být také regulace výdruhu HT plodin.

Adoption of HT crops can mean easier weed management especially in those crop stands where chemical weed control can be limited and weed management complicated. In case of selected herbicides (ALS and ACCase inhibitors) methods of conventional breeding were used to get hybrids showing herbicide tolerance. In breeding glyphosate and glufosinate-NH₄ tolerant varieties, genetic modification was used. GM technologies are used widely in weed management in soybean, maize, cotton, oilseed rape, and sugar beet stand, except EU.

Basic advantage of HT technology is in high selectivity to crop species, which has many agronomical but also ecological positives. First of all, chemical weed management is easier as the herbicide selection is already done, and grower has to choose the dose and term of application only. Agro-ecological risks have to be taken into account – especially in the case of introgression of resistance-genes into related species or forms. Long-term use of only one herbicide can lead to significant shift in weed species spectrum when tolerant species become more abundant and/or resistance may occur. Also, management of HT volunteers can be problematic.

Posouzení účinnosti technologie Conviso Smart a její porovnání s konvekčními možnostmi ochrany proti plevelům v cukrové řepě

Assessing of efficacy of Conviso Smart technology and comparing it with convectional weed control management in sugar beet

Josef Kučera & Miroslav Jursík

Česká zemědělská univerzita v Praze; kucerajo@af.czu.cz

Cukrová řepa vykazuje velmi malou konkurenční schopnost vůči plevelům na počátku vegetace, plevele proto mohou snížit její výnos až o 95 %, přičemž takové porosty nejsou prakticky skliditelné. Jedním z nejvýznamnějších škodlivých organizmů cukrové řepy v ČR je plevelná řepa, kterou nelze zasáhnout žádným herbicidem registrovaným do konvekčních odrůd cukrové řepy.

V letech 2018 a 2019 proběhly na pozemcích České zemědělské univerzity v Praze dva maloparcelkové herbicidní pokusy, jejichž cílem bylo porovnat účinnost herbicidu Conviso One (thiencarbazone + foramsulfuron) na běžně se vyskytující pozdní jarní plevele (ježatka kuří noha, laskavec ohnutý, merlík bílý, mračňák Theophrastův, bažanku roční) a plevelnou řepu. Vedle vizuální účinnosti byla hodnocena hmotnost nadzemní biomasy plevelů, jejich reprodukční schopnost a výnos bulev řepy.

Dělená dávka herbicidu Conviso One (0,5 + 0,5 l/ha) s adjuvantem Mero prokázala nejvyšší účinnost (přes 97 %) na všechny plevele. Na této variantě bylo rovněž dosaženo největšího výnosu bulev (přes 80 t/ha). Pokud byl herbicid Conviso One použit pouze jednou (1.0 l/ha) došlo v suším roce 2018 k průkaznému snížení účinnosti a také výnosu řepy. Obě testované konvekční herbicidní kombinace (Betanal Expert + Safari a Betanal maxxPro + Goltix Titan) nedokázaly potlačit plevelnou řepu, což se projevilo výrazným snížením výnosu (12–29 t/ha). Po zavedení technologie Conviso Smart do praxe došlo ke zjednodušení a zefektivnění regulace plevelů v cukrové řepě. Významná je zejména vysoká účinnost na plevelnou řepu a mračňák Theophrastův.

Two small-plot trials were carried out in the field of Czech University of Life Sciences at the Prague in 2018 and 2019. The main aim of the trials was to evaluate the efficacy of herbicide Conviso One (thiencarbazone + foramsulfuron) on common weeds of sugar beet in Czech Republic (*Echinochloa crus-galli*, *Amaranthus retroflexus*, *Chenopodium album*, *Abutilon theophrasti*, *Mercurialis annua* and weed beet) and compare efficacy of this technology with conventional weed management in sugar beet. Highest efficacy (more than 97%) against all tested weeds showed split application of the herbicide Conviso One (0.5 + 0.5 l/ha) with oil adjuvant Mero (1.0 l/ha). Also yield of sugar beet on this treatment was highest (79–87 t/ha). Significantly lower efficacy was observed after one treatment of herbicide Conviso One (1.0 l/ha) during the dry growing season in 2018. Both conventional tank-mix (TM) combinations (Betanal Expert + Safari and Betanal maxxPro + Goltix Titan) not controlled weed beet which led to the high reproduction of this weed (10,000–75,000 fruits/m²). Moreover, TM combination Betanal maxxPro + Goltix Titan herbicides showed very low efficacy against *A. theophrasti*. The yield of the sugar beet on plots treated with conventional herbicides ranged between 12 and 29 t/ha. Conviso Smart technology has a positive future for sugar beet cultivation.

Cílená aplikace herbicidních látek s využitím technologií precizního zemědělství

Usage of precision agriculture technologies for site-specific application of herbicides

Vojtěch Lukas¹, Vladimír Smutný¹, Kornel Czíria², Lenka Porčová¹, Petr Širůček¹, Igor Horniaček¹ & Jakub Elbl¹

¹Ústav agrosystémů a bioklimatologie, Mendelova univerzita v Brně;

vojtech.lukas@mendelu.cz

²Skymaps s.r.o., Brno

Optimalizace využívání pesticidních látek v ochraně rostlin je klíčovým tématem při pěstování zemědělských plodin jak z hlediska environmentálních efektů, tak v případě zajištění rentability pěstování a zvýšení konkurenčních schopností českých zemědělských podniků. Lokálně cílená regulace zaplevelení chemickým ošetřením navrhoje použití herbicidní látky v dávce nezbytné dle polohy a intenzity zaplevelení. Výsledky ověřování cílené aplikace herbicidního ošetření z roku 2019, realizované ve spolupráci MENDELU a společnosti Skymaps s.r.o. na celkem čtyřech lokalitách na Slovensku a Maďarsku, ukázaly na významný vliv zohlednění prostorového pokrytí zaplevelení vedoucí ke snížení celkového množství aplikovaných látek. Identifikace zaplevelení (převážně *Cirsium arvense*) pro provedení prostorově cílené aplikace byla provedena před setím plodiny (kukuřice / sója) s využitím bezpilotního průzkumu s prostorovým rozlišením na úrovni 1 cm / pixel (RGB kamera Sony 7R) až 5 cm/pixel (multispektrální kamera Micasense Altum). V závislosti na intenzitě zaplevelení bylo dosaženo redukce plošné aplikace přípravku Roundup od 26 % do 71 % v režimu zapínání jednotlivých sekcí postřikovače. Spolupráce obou partnerů pokračuje v rámci aktuálně řešeného (2021–2023) výzkumného projektu MPO Aplikace (CZ.01.1.02/0.0/0.0/20_321/0024838), který je zaměřen na výzkum postupů zefektivnění detekce zaplevelení metodami DPZ, vyhodnocení intenzity zaplevelení a tvorbu podkladových map pro aplikační techniku. Případnému zavedení těchto postupů do zemědělské praxe výrazně napomáhá technický vývoj aplikační techniky s možnostmi ovládání jednotlivých trysek a vysokou přesností RTK naváděním.

Optimizing the use of pesticides in plant protection is a key topic in crop management both from the point of view of environmental effects, ensuring the profitability of plant production and increasing the competitiveness of Czech agricultural enterprises. Site-specific weed control by chemical treatment suggests the use of a herbicide based on the location and intensity of the weed infestation. The results of the verification of the patch spraying of herbicide treatment from 2019, carried out in cooperation between MENDELU and the company Skymaps s.r.o. at four locations in Slovakia and Hungary, showed a significant effect of addressing the spatial coverage of weed infestation by the reduction in the total amount of applied herbicides. The identification of weed plants (mainly *Cirsium arvense*) was performed prior to sowing the crop (maize and soybean) by using an unmanned aerial survey with a spatial resolution of 1 cm/pixel (RGB camera Sony 7R) to 5 cm/pixel (multispectral camera Micasense Altum). Depending on the intensity of weed infestation, a reduction of the Roundup application area was achieved from 26 % to 71% in the on/off switching individual boom sections of the sprayer. The cooperation of the research partners continues within the currently solved (2021–2023) research project “CZ.01.1.02/0.0/0.0/20_321/0024838” funded by the MPO Aplikace program. The project is focused on the research of weed plants detection by remote sensing methods, evaluating the weed intensity and creating prescription maps for variable rate application of herbicides. The introduction of these procedures into agricultural practice is greatly aided by the development of spraying technology with individual nozzle control and accurate RTK guidance.

Herbicidní rezistence trávovitých plevelů

Herbicide resistance of grass weeds in Czech Republic

Jakub Mikulka & Pavlína Košnarová

Katedra agroekologie a rostlinné produkce, Česká zemědělská univerzita v Praze;
mikulkajakub@af.czu.cz

Rezistence plevelů vůči herbicidům je celosvětově pravděpodobně nejsledovanějším problémem regulace zaplevelení. V České republice již bylo identifikováno poměrně značné množství rezistentních populací významných plevelů vůči herbicidům s různým mechanismem účinku a jejich další nárůst je velice pravděpodobný. Přestože není prokázána podmíněnost mezi rostlinnými čeleděmi a rizikem vzniku rezistence, je známo, že u trávovitých plevelů se rezistence ke klíčovým skupinám herbicidů používaným proti nim vyvíjí velice rychle. Z čeledi lipnicovitých pochází 40 % z doposud popsaných rezistentních biotypů plevelů, přičemž jednoděložných rostlin je oproti dvouděložným přibližně třikrát méně. Chundelka metlice (*Apera spica-venti*) je jedním z nejskodlivějších trávovitých plevelů střední Evropy, u nás je nejvýznamnějším trávovitým plevelem (zapleveluje až 80 % ploch ozimé pšenice). V České republice byl poprvé zjištěn výskyt rezistentních populací v pšenici ozimé v roce 2005, bylo prokázáno, že se jedná o vícenásobnou rezistenci vůči ALS inhibitorům a PS II inhibitorům. Od té doby je problematika rezistence chundelky zejména vůči sulfonylmočovinám mezi zemědělci poměrně známá. Největší problémy v regulaci chundelky metlice přicházejí s výskytem vícenásobné rezistence. Existuje již řada lokalit s výskytem chundelky metlice, které jsou rezistentní vůči více mechanizmům účinku herbicidů najednou. Velkým problémem u psárky polní (*Alopecurus myosuroides*) především v západní Evropě je vícenásobná rezistence, v Belgii byl zjištěn případ rezistence k pěti různým mechanizmům účinku, v takovém případě je sortiment účinných látek extrémně omezený. U nás byla rezistence u psárky poprvé zjištěna v roce 2008 k účinné látce chlorsulfuron (ALS inhibitor). V posledních letech byla zjištěna rezistence k chlorotoluronu (inhibitor fotosystému II). Začínají se však objevovat i případy rezistence u dalších jednoděložných druhů (sveřep jalový, oves hluchý, jílky), proto je nutné využívat veškeré postupy antirezistentní strategie. Dodržování těchto zásad výrazně snižuje riziko vzniku a šíření rezistentních plevelů.

Mechanická regulace zaplevelení obilnin v systému ekologického zemědělství

Mechanical weed control of cereals in the organic farming system

Lenka Porčová¹, Jakub Vašina¹, Vladimír Smutný¹, Michal Rábek¹ & Petr Elzner²

¹Ústav agrosystémů a bioklimatologie, ²Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně; lenka.porcova@mendelu.cz

Plochy vedené v systému ekologického zemědělství navzdory zakazu použití syntetických pesticidů i umělých hnojiv každoročně narůstají. Momentálně je v režimu ekologického zemědělství v ČR vedeno více než 15 % zemědělské plochy. Neúměrné zaplevelení může způsobit u obilnin pokles výnosů až o 40 %. Tento příspěvek hodnotí účinnost mechanické regulace plevelů v porostu pšenice ozimé a ječmene jarního na pozemcích Polní pokusné stanice v Žabčicích. K regulaci zaplevelení bylo ve vegetaci využito opakování vláčení prutovými branami. Účinnost byla u pšenice i ječmene hodnocena na ploše 0,25 m² na 48 místech v porostu. V porostu pšenice ozimé se vyskytovaly převážně jednoleté ozimé druhy plevelů: hluchavka nachová (*Lamium purpureum*), ptačinec prostřední (*Stellaria media*), sporadicky hluchavka objímavá (*Lamium amplexicaule*), zemědým lékařský (*Fumaria officinalis*) nebo ostrožka východní (*Consolida orientalis*). Průměrná účinnost vláčení na hluchavku nachovou byla 50 %, na ptačinec prostřední 84 %. V ječmeni jarním se vyskytovaly jednoleté pozdně jarní druhy: opletka obecná (*Fallopia convolvulus*), rdesno ptačí (*Polygonum aviculare*) a merlík bílý (*Chenopodium album*), sporadicky silenka široolistá bílá (*Silene latifolia* subsp. *alba*) a laskavce (*Amaranthus* sp.). Průměrná účinnost po opakování vláčení byla u rdesna ptačího 35 %, u opletky obecné 30 % a merlíku bílého 58 %. V porostech ozimých ani jarních obilnin nebyl zaznamenán významnější výskyt vytrvalých plevelů.

Despite the ban on the use of synthetic pesticides and fertilizers, the areas managed in the organic farming system are increasing every year. Currently, more than 15% of the agricultural area in the Czech Republic is under organic farming. High weed infestation can cause a yield drop of up to 40% for cereals. This contribution evaluates the efficiency of mechanical control of weeds in winter wheat and spring barley on the plots of the Field Experimental Station in Žabčice. Tine harrowing, conducted twice in each crop, was used in an attempt to weed control. The efficiency was evaluated on an area of 0.25 m² at 48 locations in the crop stand. Mainly annual winter weed species: Red dead-nettle (*Lamium purpureum*), Chickweed (*Stellaria media*), sporadically Henbit Dead-nettle (*Lamium amplexicaule*), Common Fumitory (*Fumaria officinalis*) or Eastern Larkspur (*Consolida orientalis*) were in the winter wheat stand. The average efficiency of tine harrowing for the Red dead-nettle was 50% and 84% for the Chickweed. Annual late spring species: Black-bindweed (*Fallopia convolvulus*), Knotgrass (*Polygonum aviculare*) and Fat-hen (*Chenopodium album*), sporadically Bladder Campion (*Silene latifolia* subsp. *alba*) and Pigweed (*Amaranthus* sp.) were in the spring barley. The average efficiency after repeated tine harrowing was 35% for Knotgrass, 30% for Black-bindweed and 58% for Fat-hen. No significant occurrence of perennial weeds was recorded in the stands of winter or spring cereals.

Příspěvek vznikl za podpory projektu MendelFarm – Integrovaná ochrana rostlin v podniku hospodařícím v suchých podmínkách, který je financovaný z dotačního programu 9.f.m. Ministerstva zemědělství „Demonstrační farmy“.

První případy herbicidní rezistence u heřmánkovce nevonného v ČR

First cases of herbicide resistance of scentless mayweed in the Czech Republic

Jaromír Šuk, Pavlína Košnarová, Kateřina Hamouzová, Jakub Mikulka & Josef Soukup

Katedra agroekologie a rostlinné produkce, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze; sukjaromir@ag.czu.cz

V posledních letech se na našem území vedle již dlouhodobě narůstajícího počtu rezistentních populací chundelky metlice začínají objevovat i další jednoděložné a dvouděložné plevelné druhy s potvrzenou herbicidní rezistencí. Proto v roce 2019 a 2020 byl proveden monitoring herbicidní rezistence heřmánkovce nevonného (*Tripleurospermum inodorum*) k účinným látkám florasulam a tribenuron (ALS inhibitory). Celkově bylo otestováno 28 populací, rostliny byly ve fázi BBCH12–14 ošetřeny registrovanými a dvojnásobnými dávkami herbicidů v přesném laboratorním postřikovači PK-3 s tryskami Lurmark 015F80 za tlaku 0,23 MPa, dávka postřikové kapaliny činila 300 l/ha. Monitoringem byla prokázána rezistence dvou populací k tribenuronu (rok 2019) a tří silně rezistentní populace k tribenuronu (rok 2020), které byly zároveň slabě rezistentní k florasulamu. Silně rezistentní populace přežívaly i 31,6 násobně vyšší dávku tribenuronu, než je registrovaná.

V našem průzkumu bylo poměrně vysoké procento rezistentních populací heřmánkovce přímořského k inhibitorům ALS. Vzhledem k tomu, že heřmánkovec patří k plevelům s velmi vysokou reprodukční schopností, má vysoký potenciál k rozvoji a vzniku herbicidní rezistence v důsledku větší pravděpodobnosti výskytu mutací zakládajících rezistenci a rychlému nárůstu populací. Pozitivním výsledkem naší studie je, že nebyl potvrzen ani jeden případ rezistence k další herbicidní skupině syntetických auxinů, která je k regulaci heřmánkovce používána nejčastěji v kombinovaných přípravcích. K oběma účinným látkám ze skupiny syntetických auxinů (regulátorů růstu) byly všechny testované populace citlivé a lze je tedy využít v antirezistentních strategiích.

Flóra vinic jižní Moravy z pohledu ekosystémových funkcí

Flora of south Moravian vineyards from the point of view of ecosystem functions

Jan Winkler¹, Erika Hurajová¹, Lucia Ragasová², Vojtěch Febry² & Tomáš Kopta²

¹Ústav biologie rostlin, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně;
winkler@mendelu.cz

²Ústav zelinářství a květinářství, Zahradnická fakulta, Mendelova univerzita v Brně

Vinice jsou významným prvkem v kulturní krajině. Součástí vinic je specifická vegetace, rostoucí společně s vinnou révou. Vegetace ve vinicích má velký význam a poskytuje jak půdě, tak i vinicím a lidem ekosystémové funkce, mezi které patří zdroj potravy pro opylovače, produkce kyslíku nebo obohacení půdy o vzdušný dusík. Vegetace také zabírá větrným a vodním erozím, předchází nechtěné evaporaci a reguluje výskyt patogenů a škůdců. Některé druhy rostlin je možné využít k lékařským účelům. V neposlední řadě vegetace plní i služby estetické, které zvyšují turistickou atraktivitu lokality. Ovšem v některých případech může vegetace soupeřit s vinnou révou o vodu a světlo, a proto je nutné porosty udržovat sečením, mulčováním, pomocí herbicidů nebo dalšími způsoby regulace. Biomasa některých druhů rostlin ve vinicích je potenciálním rizikem pro vznik a šíření požárů. Vinice díky své vegetaci, která je druhově bohatá, mohou být významným zdrojem biodiverzity v naší kulturní krajině. Vegetace ve vinici, udržovaná přiměřeným managementem, má potenciál zapojit se do udržitelného zemědělství.

Tato práce vznikla v rámci projektu: IGA-ZF/2021-ST2001 Hodnocení ekosystémových služeb vegetace v trvalých kulturách

Vegetace solárních parků – přínosy a rizika pro ekosystém

Vegetation of solar parks – benefits and risks for the ecosystem

Jan Winkler¹, Dan Uldriajn¹, Martin Černý¹, Radek Punčochář¹, Ladislav Havel¹ & Magdalena Daria Vaverková²

¹Ústav biologie rostlin, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně;
winkler@mendelu.cz

²Ústav aplikované a krajinné ekologie, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně

Solární parky jsou v současné době vnímány jako jeden z nástrojů pro výrobu energie z obnovitelných zdrojů. Vegetace solárního parku je druhově bohatá a výrazně fragmentovaná, ale vlivy solárních parků na strukturu vegetace a její ekosystémové funkce nejsou zatím dostatečně známé. Vegetace solárních parků vytváří předpoklady pro vztahy a interakce s okolními ekosystémy. Z pohledu provozu solárního parku jsou ideální druhy s nízkou výškou vzrůstu, aby nedocházelo k zastínění fotovoltaických (FV) panelů. Důležitý je zde také účinek vegetace proti erozi. Mezi FV panely dominují vytrvalé trávy a vytrvalé dvouděložné druhy, zatímco pod FV panely mají vyšší pokryvnost jednoleté trávy a jednoleté dvouděložné druhy. Vegetace musí být pravidelně udržována sečením, a dokonce by měla být přijata i chemická kontrolní opatření. Areál solárního parku má potenciál hostit původní druhy rostlin, které tvoří základ funkčního ekosystému, poskytují dostatečný prostor pro přirozené ekosystémy a přispívají k jejich stabilizaci. Ovšem výsledky našich studií nasvědčují, že stacionární FV panely vytvářejí příznivé podmínky pro druhy, které zvyšují nebezpečí vzniku a šíření požárů. Nebezpečí požárů lze snížit pastvou, sečením a odstraňováním biomasy vegetace. Použití rotačních FV panelů, kombinované s pastvou ovcí je pro snížení rizika požárů nejúčinnější. Vegetace solárního parku má výrazný potenciál plnit ekosystémové služby a je důležitá z pohledu biologické relevance v zemědělské krajině.

Tento výzkum byl podpořen programem INTER-EXCELLENCE, podprogram INTER-COST Ministerstva školství, mládeže a tělovýchovy ČR, grant č. LTC20001.

Adresář autorů abstraktů a účastníků konference

Achs Adam, *Biomedical Research Center of the Slovak Academy of Sciences, Institute of Virology, Dúbravská cesta 9, 84505 Bratislava, Slovakia; adam.achs@savba.sk*

Alaxin Peter, *Biomedical Research Center of the Slovak Academy of Sciences, Institute of Virology, Dúbravská cesta 9, 84505 Bratislava, Slovakia; peter.alaxin@savba.sk*

Arizmendi Javier, *ZERYA Producciones sin Residuos S.L., San Vicente Mártir, 83 - 7º J, 46007 Valencia, Spain*

Baďurová Eliška, *Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic*

Balek Jan, *Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně; jan.balek@mendelu.cz; CZECHGLOBE, Ústav výzkumu globální změny AV ČR, v. v. i., Bělidla 986/4a, 603 00 Brno, Česká republika; balek.j@czechglobe.cz*

Bárnét Martin, *AGRA GROUP a.s., Tovární 201, 387 15 Střelské Hoštice, Česká republika; martin.barnet@agra.cz*

Ben Mansour Karima, *Department of Plant Protection, Faculty of Agrobiology, Natural and Food Resources, Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 129, 165 00, Prague, Czech Republic; karina79@hotmail.fr*

Bilavčík Alois, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika; bilavcik@vurv.cz*

Blystad Dag-Ragnar, *Norwegian Institute of Bioeconomy Research, Høgskoleveien 7, 1433 Ås, Norway; dag-ragnar.blystad@nibio.no*

Bojnanská Katarína, *Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum, Výskumný ústav rastlinnej výroby, Bratislavská cesta 122, 921 68 Piešťany, Slovenská republika; katarina.bojnanska@nppc.sk*

Bokor Peter, *Ústav agronomických vied, Fakulta agrobiológie a potravinových zdrojov, Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, Tr. A. Hlinku 2, 949 01 Nitra, Slovenská republika; peter.bokor@uniag.sk*

Brázdová Sára, *Biology Centre CAS, Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic; sara.brazdova11@gmail.com*

Brožová Jana, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika; brozova@vurv.cz*

Bryxová Pavla, *AGRA GROUP a.s., Tovární 201, 387 15 Střelské Hoštice, Česká republika*

Březinová Belcredi Natálie, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; natalie.belcredi@mendelu.cz*

Burketová Lenka, *Ústav experimentální botaniky AV ČR, v.v.i., Rozvojová 263, 165 02 Praha 6 - Lysolaje, Česká republika; burketova@ueb.cas.cz*

Cagáň Ľudovít, *Ústav agronomických vied, Fakulta agrobiológie a potravinových zdrojov, Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, Tr. A. Hlinku 2, 949 01 Nitra, Slovenská republika; ludovit.cagan@gmail.com*

- Czíria Kornel, *Skymaps s.r.o.*, Botanická 834/56, 602 00 Brno, Czech Republic; info@skymaps.cz
- Černý Martin, *Ústav biologie rostlin, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika*
- Čmejla Radek, *Research and Breeding Institute of Pomology Holovousy Ltd., Hořice, Czech Republic*; radek.cmejla@vsuo.cz
- Doležal Petr, *Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o., Dobrovského 2366, 580 01 Havlíčkův Brod, Česká republika*; dolezal@vuhb.cz
- Douda Ondřej, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika*; douda@vurv.cz
- Dumalasová Veronika, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika*; dumalasova@vurv.cz
- Elbl Jakub, *Ústav agrosystémů a bioklimatologie, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika*; jakub.elbl@mendelu.cz
- Elzner Petr, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika*; petr.elzner@mendelu.cz
- Fadrná Jana, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika*; xfadrna@mendelu.cz
- Fajemisin Olufadekemi, *Department of Plant Protection, Faculty of Agrobiology, Natural and Food Resources, Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 129, 165 00, Prague, Czech Republic*; fajemisin@af.czu.cz
- Faltus Miloš, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika*; faltus@vurv.cz
- Febry Vojtěch, *Ústav zelinářství a květinářství, Zahradnická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Valtická 337, 69 144 Lednice, Česká republika*
- Fojtík Radek, *Farma Kameničany, s.r.o., Kameničany 200, 018 54 Kameničany, Slovakia*
- Fránová Jana, *Biology Centre CAS, Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic*; jana@umbr.cas.cz
- Fuchs Rene, *State Institute of Viticulture and Enology, Merzhauser Straße 119, 79100 Freiburg, Germany*; mfl3@cornell.edu
- Fusková Miroslava, *Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, Tr. A. Hlinku 2, 949 01 Nitra, Slovenská republika*
- Glasa Miroslav, *Biomedical Research Center of the Slovak Academy of Sciences, Institute of Virology, Dúbravská cesta 9, 84505 Bratislava, Slovakia*; miroslav.glasa@savba.sk
- Grimová Lenka, *Department of Plant Protection, Faculty of Agrobiology, Natural and Food Resources, Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 129, 165 00, Prague, Czech Republic*; grimova@af.czu.cz
- Gubiš Jozef, *Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum, Výskumný ústav rastlinnej výroby, Bratislavská cesta 122, 921 68 Piešťany, Slovenská republika*; jozef.gubis@nppc.sk
- Gubišová Marcela, *Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum, Výskumný ústav rastlinnej výroby, Bratislavská cesta 122, 921 68 Piešťany, Slovenská republika*; marcela.gubisova@nppc.sk
- Hajšlová Jana, *Ústav analýzy potravin a výživy, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Technická 5, 166 28 Praha 6 – Dejvice, Česká republika*; jana.hajslova@vscht.cz

Háková Miroslava, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika;* xhakova@mendelu.cz

Hamborg Zhibo, *Norwegian Institute of Bioeconomy Research, Høgskoleveien 7, 1433 Ås, Norway;* zhibo.hamborg@nibio.no

Hammond Hammond Stacy Denise, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika;* hammond@vurv.cz

Hamouzová Kateřina, *Katedra agroekologie a rostlinné produkce, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze; Kamýcká 129, 165 00 Praha-Suchdol, Česká republika;* hamouzova@af.czu.cz

Hanzalová Alena, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika;* hanzalova@vurv.cz

Hauser Thure Pavlo, *University of Copenhagen, Nørregade 10, DK-1165 Copenhagen K, Denmark;* tpha@plen.ku.dk

Hausvater Ervína, *Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o., Dobrovského 2366, 580 01 Havlíčkův Brod, Česká republika;* hausvater@vuhb.cz

Havel Ladislav, *Ústav biologie rostlin, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika;* ladislav.havel@mendelu.cz

Holub Jan, *Jan Holub Ltd., Hvozdečko 7, 783 25 Bouzov, Czech Republic*

Holý Kamil, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika;* holy@vurv.cz

Horniacek Igor, *Ústav agrosystémů a bioklimatologie, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika;* igor.horniacek@mendelu.cz

Horská Tereza, *Odbor ochrany plodin a zdraví rostlin, Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika;* terezahorska@vurv.cz

Hovorka Tomáš, *Katedra ochrany rostlin, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze, Kamýcká 129, 165 00 Praha-Suchdol, Česká republika;* hovorkat@af.czu.cz; *Oddělení entomologie, Národní muzeum, Praha-Horní Počernice, Česká republika*

Hrdlicová Miroslava, *Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum, Výskumný ústav rastlinnej výroby, Bratislavská cesta 122, 921 68 Piešťany, Slovenská republika;* miroslava.hrdlicova@nppc.sk

Hrudová Eva, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika;* eva.hrudova@mendelu.cz

Hudcovicová Martina, *Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum, Výskumný ústav rastlinnej výroby, Bratislavská cesta 122, 921 68 Piešťany, Slovenská republika;* martina.hudcovicova@nppc.sk

Hudec Kamil, *Institute of Agronomic Sciences, Slovak University of Agriculture in Nitra, Trieda Andreja Hlinku 2, 949 76 Nitra, Slovakia;* kamil.hudec@uniag.sk

Hurajová Erika, *Ústav biologie rostlin, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika;* xhurajo1@node.mendelu.cz

Chochola Jaromír, *Řepařský institut, spol. s r.o., Semčice 69, 294 46 Semčice, Česká republika;* chochola@semcice.cz

Chramcov Bronislav, *Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Nad Stráněmi 4511, 760 05 Zlín, Czech Republic;* chramcov@utb.cz

Chvátalová Krupicová Kateřina, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; xkrupico@mendelu.cz*

Janda Martin, *LMU Munich Biocenter, Ludwig-Maximilian-University of Munich, Großhaderner Strasse 4, 821 52 Martinsried, DE; University of Chemistry and Technology Prague, Department of Biochemistry and Microbiology, Technická 5, 166 28 Prague 6, Czech Republic; Faculty of Science, University of South Bohemia in České Budějovice, Branišovská 1645/31a, 370 05 České Budějovice, Czech Republic; njanda04@jcu.cz*

Janků Peter, *Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Nad Stráněmi 4511, 760 05 Zlín, Česká republika; janku@utb.cz*

Jašek Roman, *Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Nad Stráněmi 4511, 760 05 Zlín, Česká republika; jasek@utb.cz*

Jeloková Monika, *Blumeria consultin s.r.o, Ludovíta Okánička 590/4, 949 01 Nitra, Slovakia; monika.jelokova@blumeriaconsulting.sk*

Jílková Barbora, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; babrora.jilkova@mendelu.cz*

Jindřichová Barbora, *Ústav experimentální botaniky AV ČR, v.v.i., Rozvojová 263, 165 02 Praha 6 - Lysolaje, Česká republika; jindrichova@ueb.cas.cz*

John Sona, *Technical University of Munich, Arcisstraße 21, 803 33 München, Germany*

Juroch Jan, *Ústřední kontrolní a zkušební ústav zemědělský, Hroznová 2, 603 00 Brno, Česká republika; jan.juroch@ukzuz.cz*

Jursík Miroslav, *Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 129, 165 00 Prague, Czech Republic; jursik@af.czu.cz*

Kazda Jan, *Department of Plant Protection, Faculty of Agrobiology, Natural and Food resources, Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 129, 165 00 Prague, Czech Republic; kazda@af.czu.cz*

Kemenczeiová Jana, *Faculty of Natural Sciences, University of Ss. Cyril and Methodius, Nám. J. Herdu 2, 91701 Trnava, Slovakia*

Kitner Miloslav, *Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic; miloslav.kitner@upol.cz*

Klčová Lenka, *Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum, Výskumný ústav rastlinnej výroby, Bratislavská cesta 122, 921 68 Piešťany, Slovenská republika; lenka.klcova@nppc.sk*

Klička Vladislav, *Vesa Velhartice, a. s., Velhartice 220, 341 42 Velhartice, Česká republika; klicka@vesa-velhartice.cz*

Klingl Andreas, *LMU Munich Biocenter, Ludwig-Maximilian-University of Munich, Großhaderner Strasse 4, 821 52 Martinsried, DE; andreas.klingl@biologie.uni-muenchen.de*

Kmoch Martin, *Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o., Dobrovského 2366, 580 01 Havlíčkův Brod, Česká republika; kmoch@vuhb.cz*

Kocanová Mária, *Zahradnická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Valtická 337, 691 44 Lednice, Česká republika; xkocanov@mendelu.cz*

Kocourek František, *Odbor ochrany plodin a zdraví rostlin, Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika; kocourek@vurv.cz*

Koloniuk Igor, *Biology Centre CAS, Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic; koloniuk@umbr.cas.cz*

- Komínek Petr, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika; kominek@vurv.cz*
- Komínková Marcela, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika; kominkova@vurv.cz*
- Komínková Oplatková Zuzana, *Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Nad Stráněmi 4511, 760 05 Zlín, Česká republika; oplatkova@utb.cz*
- Kopta Tomáš, *Ústav zelinářství a květinářství, Zahradnická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Valtická 337, 69 144 Lednice, Česká republika; tomas.kopta@mendelu.cz*
- Kosman Evsey, *Institute for Cereal Crops Research, The George S. Wise Faculty of Life Sciences, Tel Aviv University, Tel Aviv 69978, Israel; kosman@post.tau.ac.il*
- Košnarová Pavlína, *Katedra agroekologie a rostlinné produkce, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze; Kamýcká 129, 165 00 Praha-Suchdol, Česká republika; kosnarova@af.czu.cz*
- Kovalíková Adéla, *Katedra botaniky, Katedra buněčné biologie a genetiky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc-Holice, Česká republika; adela.kovalikova01@upol.cz*
- Kovaříková Kateřina, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 00 Praha-Ruzyně; kovarikova@vurv.cz*
- Krassini Laura, *LMU Munich Biocenter, Ludwig-Maximilian-University of Munich, Großhaderner Strasse 4, 821 52 Martinsried, DE; Laura.Krassini@biologie.uni-muenchen.de*
- Krátký František, *Ústav analýzy potravin a výživy, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Technická 5, 166 28 Praha 6 – Dejvice, Česká republika; frantisek.kratky@vscht.cz*
- Krchňavá Veronika, *Institute of Agronomic Sciences, Slovak University of Agriculture in Nitra, Trieda Andreja Hlinku 2, 949 76 Nitra, Slovakia*
- Kříštková Eva, *Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic; eva.kristkova@upol.cz*
- Kučera Josef, *Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 129, 165 00 Prague, Czech Republic; kucerajo@af.czu.cz*
- Kumar Jibin, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 00 Praha-Ruzyně; jiban@vurv.cz*
- Lebeda Aleš, *Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic; ales.lebeda@upol.cz*
- Lenz Ondřej, *Biology Centre CAS, Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic; lenz@umbr.cas.cz*
- Ludwig Christina, *Bavarian Center for Biomolecular Mass Spectrometry (BayBioMS), Technical University of Munich, Gregor-Mendel-Strasse 4, 853 54 Freising, DE*
- Lukas Vojtěch, *Ústav agrosystémů a bioklimatologie, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; vojtech.lukas@mendelu.cz*
- Maňasová Marie, *Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 129, 165 00, Prague, Czech Republic; manasova@af.czu.cz*
- Märkle Hanna, *School of Life Sciences, Technical University of Munich, Arcisstraße 21, 803 33 München, Germany; Department of Biology, New York University, New York, USA*
- Matsera Olha, *Vinnytsia National Agrarian University, Sonyachna St. 3, 210 00 Vinnytsia, Ukraine*

- Matušinsky Pavel, *Agrotest Fyto, s.r.o.*, Havlíčkova 2787/121, 767 01 Kroměříž; matusinsky@vukrom.cz; Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic; pavel.matusinsky@upol.cz
- Mazáková Jana, *Ústav experimentální botaniky AV ČR, v.v.i.*, Rozvojová 263, 165 02, Praha 6 - Lysolaje, Česká republika
- McDonald Bruce, *ETH Zurich, Institute of Integrative Biology*, Universitatstrasse 2, 8092 Zurich, Switzerland; bruce.mcdonald@usys.ethz.ch
- Messmer Noemi, *State Institute of Viticulture and Enology*, Merzhauser Straße 119, 79100 Freiburg, Germany; noemi.messmer@wbi.bwl.de
- Metzger Lukas, *School of Life Sciences, Technical University of Munich*, Arcisstraße 21, 803 33 München, Germany
- Mieslerová Barbora, *Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc*, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic; barbora.mieslerova@upol.cz
- Mihálik Daniel, *Faculty of Natural Sciences, University of Ss. Cyril and Methodius*, Nám. J. Herdu 2, 91701 Trnava, Slovakia; michaela.mrkova@ucm.sk
- Mihók Milan, *Blumeria consulting s.r.o.*, L. Okánička 590/4, 949 01 Nitra, Slovakia; milan.mihok@blumeriaconsulting.sk
- Michutová Markéta, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně*, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; xmichuto@mendelu.cz
- Mikulka Jakub, *Katedra agroekologie a rostlinné produkce, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze*; Kamýcká 129, 165 00 Praha-Suchdol, Česká republika; mikulkajakub@af.czu.cz
- Mráz Jaroslav, *AGRA GROUP a.s.*, Tovární 201, 387 15 Střelské Hoštice, Česká republika; jarolav.mraz@agra.cz
- Mráz Petr, *Ústav analýzy potravin a výživy, Vysoká škola chemicko-technologická v Praze*, Technická 5, 166 28 Praha 6 – Dejvice, Česká republika; petr.mraz@vscht.cz
- Mrkvová Michaela, *Faculty of Natural Sciences, University of Ss. Cyril and Methodius*, Nám. J. Herdu 2, 91701 Trnava, Slovakia; michaela.mrkova@ucm.sk
- Mubarak Salim, *Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre*, Tr. A. Hlinku 2, 949 01 Nitra, Slovenská republika
- Muñoz-Arbeález María, *Agritec Plant Research Ltd.*, Zemědělská 2520/16, Šumperk, 78701, Czech Republic; munoz@agritec.cz
- Nagyová Alžběta, *Farma Bezdínek s.r.o.*, K Bezdínce 1515, 735 53 Dolní Lutyně, Česká republika; alzbeta.nagyova@farmabezdinek.cz
- Navrátil Milan, *Katedra buněčné biologie a genetiky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci*, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc-Holice, Česká republika; milan.navratil@upol.cz
- Neumanová Kateřina, *Katedra buněčné biologie a genetiky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci*, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc-Holice, Česká republika
- Nevolová Helena, *Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o.*, Dobrovského 2366, 580 01 Havlíčkův Brod, Česká republika; nevolova@vuhb.cz
- Niederlová Nikola, *Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc*, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic
- Nováková Eliška, *Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc*, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic

- Novotná Hana, *Katedra buněčné biologie a genetiky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc-Holice, Česká republika*
- Ondráčková Eliška, *Agritec Plant Research Ltd., Zemědělská 2520/16, Šumperk, 78701, Czech Republic; ondrackova@agritec.cz*
- Ondreičková Katarína, *Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum, Výskumný ústav rastlinnej výroby, Bratislavská cesta 122, 921 68 Piešťany, Slovenská republika; katarina.ondreickova@nppc.sk*
- Palicová Jana, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika; palicova@vurv.cz*
- Pavela Roman, *Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o., Dobrovského 2366, 580 01 Havlíčkův Brod, Česká republika*
- Pavlů Klára, *Řepařský institut, spol. s r.o., Semčice 69, 294 46 Semčice, Česká republika; pavlu@semcice.cz*
- Petrzík Karel, *Biologické centrum AV ČR, v. v. i., Branišovská 1160/31, 370 05, České Budějovice, Česká republika; petrzik@umbr.cas.cz*
- Pink David A.C., *Harper Adams University, Newport TF10 8NB, Shropshire, United Kingdom*
- Plachká Eva, *OSEVA vývoj a výzkum, s.r.o., Purkyňova 10, 746 01 Opava, Česká republika; plachka@oseva.cz*
- Pluháčková Helena, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; helena.pluhackova@mendelu.cz*
- Porčová Lenka, *Ústav agrosystémů a bioklimatologie, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; lenka.porcova@mendelu.cz*
- Pražanová Žaneta, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; zaneta.prazanova@mendelu.cz*
- Predajňa Lukáš, *Biomedical Research Center of the Slovak Academy of Sciences, Institute of Virology, Dúbravská cesta 9, 84505 Bratislava, Slovakia; viruluke@savba.sk*
- Přibylová Jaroslava, *Biology Centre CAS, Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic; pribyl@umbr.cas.cz*
- Psota Václav, *Farma Bezdínek s.r.o., K Bezdínce 1515, 735 53 Dolní Lutyně, Česká republika; vaclav.psota@farmabezdinek.cz*
- Punčochář Radek, *Ústav biologie rostlin, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; xpuncoch@mendelu.cz*
- Rábek Michal, *Ústav agrosystémů a bioklimatologie, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; michal.rabek@mendelu.cz*
- Radková Andrea, *Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic*
- Ragasová Lucia, *Ústav zelinářství a květinářství, Zahrádknická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Valtická 337, 69 144 Lednice, Česká republika; lucia.ragasova@mendelu.cz*
- Rejlová Martina, *Research and Breeding Institute of Pomology Holovousy Ltd., Hořice, Czech Republic*
- Robatzek Silke, *LMU Munich Biocenter, Ludwig-Maximilian-University of Munich, Großhaderner Strasse 4, 821 52 Martinsried, DE; robatzek@biologie.uni-muenchen.de*
- Roháčik Tibor, *Blumeria consulting s.r.o., L. Okánička 590/4, 949 01 Nitra, Slovakia; rohacik.t@gmail.com*

- Rubil Nikoleta, *Ústav experimentální botaniky AV ČR, v.v.i., Rozvojová 263, 165 02 Praha 6 - Lysolaje, Česká republika; rubil@ueb.cas.cz*
- Rybák Katarzyna, *LMU Munich Biocenter, Ludwig-Maximilian-University of Munich, Großhaderner Strasse 4, 821 52 Martinsried, DE; Katarzyna.Rybak@biologie.uni-muenchen.de*
- Ryšánek Pavel, *Department of Plant Protection, Faculty of Agrobiology, Natural and Food Resources, Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 129, 165 00 Prague, Czech Republic; rysanek@af.czu.cz*
- Samková Alena, *Department of Plant Protection, Faculty of Agrobiology, Food and Natural Resources, Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 129, 165 00 Prague 6 - Suchdol, Czech Republic; samkovaa@af.czu.cz*
- Sarkisova Tatiana, *Biology Centre CAS, Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic; sarkisova@umbr.cas.cz*
- Sedlák Jiří, *Research and Breeding Institute of Pomology Holovousy Ltd., Hořice, Czech Republic; sedlak@vsuo.cz*
- Sedláková Božena, *Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic; bozena.sedlakova@upol.cz*
- Seidenglanz Marek, *Agritec Plant Research s.r.o., Zemědělská 2520/16, 787 01 Šumperk, Česká republika; seidenglanz@agritec.cz*
- Semerák Matěj, *Výzkumný a šlechtitelský ústav ovocnářský, Holovousy 129, Hořice, Česká republika*
- Skalík Jan, *Jan Holub Ltd., Hvozdečko 7, 783 25 Bouzov, Czech Republic; lab@janholub.cz*
- Smutný Vladimír, *Ústav agrosystémů a bioklimatologie, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; vladimir.smutny@mendelu.cz*
- Smýkal Petr, *Department of Botany, Faculty of Sciences, Palacký University in Olomouc, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic; petr.smykal@upol.cz*
- Smýkalová Iva, *Agritec Plant Research s.r.o., Zemědělská 2520/16, 787 01 Šumperk, Česká republika; smykalova@agritec.cz*
- Soukup Josef, *Katedra agroekologie a rostlinné produkce, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů, Česká zemědělská univerzita v Praze; Kamýcká 129, 165 00 Praha-Suchdol, Česká republika; soukup@af.czu.cz*
- Spetz Carl, *Norwegian Institute of Bioeconomy Research, Høgskoleveien 7, 1433 Ås, Norway; carl.spetz@nibio.no*
- Stará Jitka, *Odbor ochrany plodin a zdraví rostlin, Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika; stara@vurv.cz*
- Staroštíková Bára, *Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic*
- Stehlík Daniel, *Ústav experimentální botaniky AV ČR, v.v.i., Rozvojová 263, 165 02 Praha 6 – Lysolaje, Česká republika; stehlikd@ueb.cas.cz; Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Technická 5, 166 28 Praha 6 – Dejvice, Česká republika*
- Suchomel Josef, *Ústav zoologie, rybářství, hydrobiologie a včelařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika; suchomel@mendelu.cz*
- Svobodová Eva, *CZECHGLOBE, Ústav výzkumu globální změny AV ČR, v. v. i., Bělidla 986/4a, 603 00 Brno, Česká republika; svobodova.e2@czechglobe.cz*

Šafář Jaroslav, *Agritec Plant Research s.r.o.*, Zemědělská 2520/16, 787 01 Šumperk, Česká republika; safar@agritec.cz

Šafářová Dana, *Katedra buněčné biologie a genetiky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc-Holice, Česká republika;* dana.safarova@upol.cz

Šafránková Ivana, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika;* ivana.safrankova@mendelu.cz

Šefrová Hana, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika;* hana.sefrova@mendelu.cz

Šenkeřík Roman, *Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Nad Stráněmi 4511, 760 05 Zlín, Česká republika;* senkerik@utb.cz

Ševčík Rudolf, *Vysoká škola chemicko-technologická v Praze, Technická 5, 166 28 Praha 6 – Dejvice, Česká republika*

Širůček Petr, *Ústav agrosystémů a bioklimatologie, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika;* petr.sirucek@mendelu.cz

Škeříková Michaela, *AGROFINAL spol. s r.o., Petřská 1161/24, 110 00 Praha 1, Česká republika;* skerikova@agrofinal.cz

Špak Josef, *Biology Centre CAS, Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic;* spak@umbr.cas.cz

Štěpánek Vít, *NWT a.s., třída Tomáše Bati 269, 760 01 Zlín, Czech Republic*

Šubr Zdeno, *Biomedical Research Center of the Slovak Academy of Sciences, Institute of Virology, Dúbravská cesta 9, 845 05 Bratislava, Slovakia;* zdeno.subr@savba.sk

Šuk Jaromír, *Česká zemědělská univerzita v Praze, Praha, Česká republika;* sukaromir@af.czu.cz

Tan Jiunn Luh, *Biology Centre CAS, Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic;* jiunn.juh.tan@entu.cas.cz; *Faculty of Science, University of South Bohemia in České Budějovice, Branišovská 1645/31 a, 370 05 České Budějovice, Czech Republic*

Tancik Ján, *Ecophyta s.r.o., Chrenovská 30, 949 01 Nitra, Slovakia;* info@ecophyta.sk

Tellier Aurélien, *School of Life Sciences, Technical University of Munich, Arcisstraße 21, 803 33 München, Germany;* aurelien.tellier@tum.de

Tlolková Ivana, *Farma Bezdínek s.r.o., K Bezdínce 1515, 735 53, Dolní Lutyně, Česká republika*

Tóthová Monika, *Institute of Agronomic Sciences, Slovak University of Agriculture in Nitra, Trieda Andreja Hlinku 2, 949 76 Nitra, Slovakia;* monika.tothova@uniag.sk

Trandem Nina, *Norwegian Institute of Bioeconomy Research, Høgskoleveien 7, 1433 Ås, Norway;* nina.trandem@nibio.no

Tureček Tomáš, *Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Nad Stráněmi 4511, 760 05 Zlín, Czech Republic*

Turečková Alžběta, *Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Nad Stráněmi 4511, 760 05 Zlín, Czech Republic;* tureckova@utb.cz

Uldrijan Dan, *Ústav biologie rostlin, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika;* xuldrija@mendelu.cz

Vacek Josef, *Výzkumný ústav bramborářský Havlíčkův Brod, s.r.o., Dobrovského 2366, 580 01 Havlíčkův Brod, Česká republika;* vacek@vubhb.cz

Valentová Lucie, *Research and Breeding Institute of Pomology Holovousy Ltd., Hořice, Czech Republic*; lucie.valentova@vsuo.cz

Vařacha Pavel, *Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně, Nad Stráněmi 4511, 760 05 Zlín, Česká republika*; varacha@utb.cz

Vašina Jakub, *Ústav agrosystémů a bioklimatologie, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika*; avasina@mendelu.cz

Vaverková Magdalena Daria, *Ústav aplikované a krajinné ekologie, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika*; magdalena.vaverkova@mendelu.cz

Vavrušková Karolína, *Katedra buněčné biologie a genetiky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc-Holice, Česká republika*

Vereš Tomáš, *Corteva Agriscience Slovakia s.r.o., Námestie SNP 474/15, 81 106 Bratislava, Slovakia*

Víchová Jana, *Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika*; jana.vichova@mendelu.cz

Vinokurov Konstantin, *Biology Centre CAS, Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic*; orchesia@seznam.cz

Vrbovská Abigail, *Department of Botany, Faculty of Science, Palacký University in Olomouc, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Czech Republic*;

Wenzlová Jana, *Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 129, 165 00 Prague, Czech Republic*; wenzlova@af.czu.cz

Wetzel Thierry, *Department of Nematology and Virology, DLR Rheinpfalz, Institute of Plant Protection, Neustadt/Weinstr, Germany*

Winkler Jan, *Ústav biologie rostlin, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Česká republika*; winkler@mendelu.cz

Winterhagen Patrik, *Department of Nematology and Virology, DLR Rheinpfalz, Institute of Plant Protection, Neustadt/Weinstr, Germany*

Zámečník Jiří, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika*; zamecnik@vurv.cz

Zápotocká Zuzana, *Farma Kameničany, s.r.o., Kameničany 200, 018 54 Kameničany, Slovakia*

Zelba Ondřej, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika*; zelba@vurv.cz; *Fakulta tropického zemědělství, Česká zemědělská univerzita v Praze, Kamýcká 129, 165 00 Praha, Česká republika*

Zemek Rostislav, *Biology Centre CAS, Branišovská 1160/31, 370 05 České Budějovice, Czech Republic*; rosta@entu.cas.cz

Zouhar Miloslav, *Department of Plant Protection, Faculty of Agrobiology, Natural and Food Resources, Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 129, 165 00, Prague, Czech Republic*; zouhar@af.czu.cz

Žabka Martin, *Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i., Drnovská 507/73, 161 06 Praha-Ruzyně, Česká republika*; zabka@vurv.cz

Rejstřík autorů abstraktů

A

- ACHS 13, 14, 20
ALAXIN 20
ARIZMENDI 66

B

- BAĎUROVÁ 44
BALEK 58
BÁRNÉT 35
BEN MANSOUR 15, 16, 24
BILAVČÍK 18
BLYSTAD 18, 25
BOJNANSKÁ 33
BOKOR 34, 53
BRÁZDOVÁ 17, 23, 27
BROŽOVÁ 24
BRYXOVÁ 35
BURKETOVÁ 36, 61

C

- CAGÁŇ 34, 53
CZÍRIA 76

Č

- ČERNÝ 81
ČMEJLA 18, 19, 25

D

- DOLEŽAL 64
DOUDA 72
DUMALASOVÁ 37, 47

E

- ELBL 76
ELZNER 78

F

- FADRŇÁ 54
FAJEMISIN 36

- FALTUS 18
FEBRY 80
FOJTÍK 66
FRÁNOVÁ 18, 19, 25, 28
FUCHS 16
FUSKOVÁ 53

G

- GLASA 13, 20
GRIMOVÁ 15, 29
GUBIŠ 38
GUBIŠOVÁ 38

H

- HAJŠLOVÁ 40
HÁKOVÁ 55
HAMBORG 18, 25
HAMMOND 18
HAMOUZOVÁ 79
HANZALOVÁ 39, 47
HAUSER 61
HAUSVATER 64
HAVEL 81
HEROLDOVÁ 69
HOLUB 18, 25, 28
HOLÝ 56
HORNIAČEK 76
HORSKÁ 40, 62
HOVORKA 57, 63
HRDLICOVÁ 33
HRUDOVÁ 58, 59, 68
HUDCOVICOVÁ 38
HUDEC 41, 48, 51
HURAJOVÁ 80

Ch

- CHOCHOLA 29
CHRAMCOV 71
CHVÁTALOVÁ KRUPICOVÁ 42

J

JANDA	21
JANKŮ	71
JAŠEK	71
JELOKOVÁ	60
JÍLKOVÁ	22
JINDŘICHOVÁ	36, 61
JOHN.....	7
JUROCH	58
JURSÍK	74, 75

K

KAZDA	15, 24
KEMENCZEOVÁ	26
KITNER.....	9, 50
KLČOVÁ	38
KLIČKA	23, 27
KLINGL.....	21
KMOCH.....	22, 23, 27
KOCANOVÁ	17
KOCOUREK.....	40, 62, 63
KOLONIUK.....	18, 19, 25, 28, 31
KOMÍNEK	15, 24
KOMÍNKOVÁ	15, 24
KOMÍNKOVÁ OPLATKOVÁ.....	71
KOPTA.....	80
KOSMAN.....	8
KOŠNAROVÁ	77, 79
KOVALÍKOVÁ	50
KOVAŘÍKOVÁ	64
KRASSINI.....	21
KRÁTKÝ	40
KRCHŇAVÁ	51
KŘÍSTKOVÁ	9
KUČERA	75
KUMAR.....	29

L

LEBDUŠKOVÁ	49
LEBEDA.....	9, 44, 45, 49, 50
LENZ	18, 25, 31
LUDWIG.....	21
LUKAS	76

M

MAŇASOVÁ	29, 72
MÄRKLE	7
MATSERA	51
MATUŠINSKY.....	43, 47, 49
MAZÁKOVÁ	36
MCDONALD	10
MESSMER	16
METZGER	7
MIESLEROVÁ	44, 45
MIHÁLIK.....	26
MIHÓK.....	48
MICHUTOVÁ	46
MIKULKA	77, 79
MRÁZ	35, 40
MRKVOVÁ	26
MUBARAK	53
MUÑOZ-ARBEÁLEZ	68

N

NAGYOVÁ.....	66
NAVRÁTIL	30
NEČASOVÁ	59
NEUMANOVÁ.....	30
NEVOLOVÁ	23
NIEDERLOVÁ	45
NOVÁKOVÁ	45
NOVOTNÁ	30

O

ONDRAČKOVÁ	68
ONDREIČKOVÁ	38

P

PALICOVÁ.....	47
PAVELA	64
PAVLŮ	29
PETRZIK.....	17, 23, 27, 28
PINK	9
PLACHKÁ.....	36
PORČOVÁ.....	76, 78
PRAŽANOVÁ	59, 65
PREDAJNÁ	20
PŘIBYLOVÁ.....	18, 19, 28, 31
PSOTA.....	66, 71
PUNČOCHÁŘ	81

R	ŠUK	79
RÁBEK.....	78	
RADKOVÁ.....	43	
RAGASOVÁ.....	80	
REJLOVÁ	18, 19	
ROBATZEK	21	
ROHÁČIK.....	41, 48	
RUBIL.....	61	
RYBAK	21	
RYŠÁNEK	15, 16, 24, 29, 36, 72	
S		
SAMKOVÁ	67	
SARKISOVA	18, 28	
SEDLÁK.....	18, 31	
SEDLÁKOVÁ	43, 49	
SEDLÁŘOVÁ	44, 50	
SEIDENGLANZ	59, 68	
SEMERÁK	31	
SKALÍK.....	18, 25, 28	
SMUTNÝ	76, 78	
SMÝKAL	11	
SMÝKALOVÁ	68	
SOUKUP.....	74, 79	
SPETZ	18	
STARÁ	40, 62, 63	
STAROŠTÍKOVÁ	43	
STEHLÍK	36	
SUCHOMEL	69	
SVOBODOVÁ.....	58	
Š		
ŠAFÁŘ	68	
ŠAFÁŘOVÁ	30, 50	
ŠAFRÁNKOVÁ	42, 46	
ŠEFROVÁ	54, 55, 65	
ŠENKEŘÍK.....	71	
ŠEVČÍK	23, 27	
ŠIRŮČEK	76	
ŠKEŘÍKOVÁ	50	
ŠPAK	18, 28, 31	
ŠTĚPÁNEK	71	
ŠUBR	13, 14, 20	
T		
TAN	18	
TANCIK.....	70	
TELLIER	7	
TLOLKOVÁ	66	
TÓTHOVÁ	51	
TRANDEM	18	
TUREČEK	71	
TUREČKOVÁ	71	
U		
ULDRIAJN	81	
V		
VACEK.....	23, 27	
VALENTOVÁ	18, 19, 25	
VAŘACHA	71	
VAŠINA.....	78	
VAVERKOVÁ	81	
VAVRUŠKOVÁ	30	
VEREŠ	70	
VÍCHOVÁ	22	
VINOKUROV	18	
VRBOVSKÁ	44	
W		
WENZLOVÁ	72	
WETZEL.....	16	
WINKLER.....	80, 81	
WINTERHAGEN.....	16	
Z		
ZÁMEČNÍK	18	
ZÁPOTOCKÁ	66	
ZELBA	39	
ZEMEK	18	
ZOUHAR	15, 29, 72	
Ž		
ŽABKA.....	64	

Pořadatel konference

- MENDELU
- Agronomická
- fakulta

Spolupořadatel konference



Mediální partner konference



Partneři konference



Název: XXII. Česká a slovenská konference o ochraně rostlin. Sborník abstraktů

Editoři: Natálie Březinová Belcredi, Eva Hrudová, Markéta Michutová, Ivana Šafránková

Vydal: Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1, 613 00 Brno

Vydání: 1. vydání, 2022

Počet stran: 96

Obálka: Zbyněk Dufka

ISBN 978-80-7509-848-1 (online; pdf)