

Malus x domestica - Venturia inaequalis pathosystem: resistance of the apple tree and virulence of the fungus

Doctoral Thesis

Author(s):

Sierotzki, Helge

Publication date:

1996

Permanent link:

<https://doi.org/10.3929/ethz-a-001693065>

Rights / license:

[In Copyright - Non-Commercial Use Permitted](#)

***Malus x domestica* - *Venturia inaequalis* pathosystem:
Resistance of the apple tree and virulence of the
fungus**

A dissertation submitted to the

SWISS FEDERAL INSTITUTE OF TECHNOLOGY ZÜRICH

for the degree of

Doctor of Natural Sciences

presented by

Helge Sierotzki

Dipl. sc. nat. ETH
born October 1st, 1964
citizen of Germany



Accepted on the recommendation of

Prof. Dr. M. S. Wolfe, examiner

Prof. Dr. K. Apel, co-examiner

Dr. C. Gessler, co-examiner

1996

ETHICS ETH-BIB



00100002920823

Zusammenfassung

Die vorliegende Arbeit behandelt zwei Aspekte des Wechselspiels zwischen Apfel (*Malus x domestica*) und dem Erreger des Apfelschorfes, *Venturia inaequalis*. Einerseits wurde ein möglicher Resistenzmechanismus der Pflanze (Teil I) und andererseits die Virulenz des Pilzes (Teile II-IV) untersucht.

Im ersten Teil wurden der Gehalt an Flavan-3-olen in den Blättern anfälliger und resistenter Sorten und in Nachkommen von Kreuzungen zwischen anfälligen und resistenten Eltern gemessen. Die Ergebnisse deuten daraufhin, dass keine positive Korrelation zwischen Resistenz der Apfelbäume gegenüber dem Schorfpilz und konstitutionell gebildeten Flavan-3-olen besteht.

Im zweiten Teil dieser Abhandlung wurden die Virulenzunterschiede in natürlich vorkommenden *Venturia inaequalis* Populationen gegenüber anfälligen Apfelsorten untersucht. Die Resultate von Kreuzinfektionsversuchen zeigen klar, dass *Venturia inaequalis* Isolate sortenspezifische Virulenzen besitzen, d. h. *Venturia inaequalis* Stämme rufen auf ihren Ursprungsorten die stärksten Symptome hervor und auf anderen Sorten schwächere. Darüber hinaus konnte gezeigt werden, dass die einzelne Apfelsorte einen starken Selektionsdruck auf Isolate, die nicht von der jeweiligen Sorte isoliert wurden, ausüben. Auch innerhalb der Population gleichen Ursprungs herrscht Konkurrenz zwischen den Isolaten. Aus diesen Versuchen kann geschlossen werden, dass auch sogenannte anfällige Sorten vertikale Resistenzen besitzen, die selektiv auf natürlich vorkommende *Venturia inaequalis* Populationen wirken.

Der dritte Teil behandelt die Vererbung von Virulenzen zweier Isolate von *Venturia inaequalis*, die in Teil II beschrieben wurden. Es wurden die Virulenzen gegenüber dreier Sorten ('Boskoop', 'Spartan' und 'Golden Delicious') getestet. Aus der Aufspaltung der Virulenzen in der Nachkommenschaft wurde geschlossen, dass die Virulenz gegenüber 'Boskoop' und 'Golden Delicious' von einem Gen und die Virulenz gegenüber 'Spartan' von zwei komplementären Genen bestimmt wird. Es wurden Nachkommen mit keiner (avirulent), einer, zwei und allen drei Virulenzen gefunden, was auf die unabhängige Vererbung der Gene und auf das mögliche Auftreten von komplexen Pathotypen mit multiplen Virulenzen hindeutet.

Der letzte Teil beschreibt den Anfang der Erstellung einer genetischen Karte von *Venturia inaequalis* mit 30 RAPD-Markern basierend auf der im dritten Teil verwendeten Kreuzung. Zusätzlich wurden in diese Karte die ITS (Internal Transcribed Spacer) Region der r-DNA, der 'Mating-Type' und die Virulenz gegenüber 'Boskoop' eingebettet.

Nach wie vor ist ungeklärt auf welche Mechanismen die Resistenz von Apfelbäumen gegenüber den Schorfpilz beruht.

Die Virulenzunterschiede innerhalb von *Venturia inaequalis* Populationen können zur Reduktion der Epidemien und zur Erhöhung der Dauerhaftigkeit der Resistenzen ausgenutzt werden, indem geeignete Mischpflanzungen angelegt werden.

Die genetische Karte ist in populationsbiologischen Untersuchungen für die Interpretation von Assoziationen zwischen Virulenzen, für die Abschätzung der Möglichkeit, dass komplexe Pathotypen auftreten und als erster Schritt für das Klonieren von Genen wichtig.

Summary

The thesis deals with two aspects of the pathogenesis between apple (*Malus x domestica*) and *Venturia inaequalis*, the causal agent of apple scab: resistance mechanisms of the plant (part I) and the virulence of the fungus (part II-IV).

In the first part the flavan-3-ol content in clones resistant and susceptible to apple scab and in progeny of crosses of resistant and susceptible parents of *Malus x domestica* was measured. There appeared to be no positive correlation between resistance and pre-formed flavan-3-ols in the relationship between *Malus x domestica* and *Venturia inaequalis*.

The second part describes the detection of variation in virulence to susceptible apple cultivars in natural populations of *Venturia inaequalis*. Isolates of *Venturia inaequalis* taken from primary lesions on seven different apple cultivars were tested as mixtures, and/or alone, and in cross infection trials on graft-trees of seven cultivars. In general, isolates produced most lesions on the cultivar genotypes from which they were isolated and fewer on the other cultivars. None of the isolates produced the same infection type on all cultivars. Specific pathogen genotypes showed specialisation toward particular host genotypes. In experiments on competition among isolates from different cultivars inoculated on single hosts there was strong selection against isolates not originating from the particular test cultivar. These results indicate the presence of differential resistance factors in susceptible cultivars exerting selection on natural populations of *Venturia inaequalis* that vary in virulence.

In the third part, the inheritance of virulence in *Venturia inaequalis* to *Malus x domestica* was studied. The resistances of the three apple cultivars 'Boskoop', 'Spartan', and 'Golden Delicious' were differential to the isolates Bo-7 and Sp-7 of *Venturia inaequalis*. The segregation of virulence and avirulence among the offspring towards the apple cultivars 'Boskoop', 'Spartan' and 'Golden Delicious' fitted best to the hypothesis that one gene is responsible for virulence to 'Boskoop' and 'Golden Delicious' and that two genes are responsible for virulence towards 'Spartan', with the assumption that each gene segregated independently from the others. The two genes for virulence to 'Spartan' were complementary and were inherited independently. Virulence of *V. inaequalis* is governed by few heritable genes for each cultivar. Combinations of virulences were observed, indicating that the build-up of complex races is possible.

The fourth part deals with the construction of a preliminary genetic map of *Venturia inaequalis* using 30 RAPD-markers, the ITS-region, the mating-type and virulence/avirulence to the apple cultivar 'Boskoop'. The map is about 270 cM long and divided into 6 linkage groups. The mating-type is flanked by two RAPD-markers at 28.9 and 18.9 cM distance. The ITS-region is linked to a RAPD-marker at 15.7 cM distance and the virulence/avirulence to 'Boskoop' is linked to a RAPD-marker at 19.5 cM. The ITS-region is shown to be located on one chromosome and spans a length of 7.16 cM.

The mechanisms leading to resistance of apple to *Venturia inaequalis* are still obscure.

Virulence differences between strains of *Venturia inaequalis* populations can be exploited in strategies for reducing epidemics and for increasing durability of resistances