

MYKOLOGICKÉ LISTY

153



Časopis
České vědecké společnosti pro mykologii
Praha 2022
ISSN 1213-5887

OBSAH / CONTENTS**Brzica M., Kout J., Zíbarová L.:**

- Pórnatka šedofialová (*Ceriporia griseoviolascens*)
na území České republiky
Ceriporia griseoviolascens in the Czech Republic 1

Šandová M.:

- Revize sběrů rodu *Mollisia* na číškách buku z herbáře
Národního muzea v Praze
Revision of *Mollisia* specimens on beech fruits deposited
in the PRM herbarium 10

Antonín V.:

- Jiří Moravec osmdesátníkem
Jiří Moravec octogenarian 29

Nováková A. (ed.):

- Konference MICROMYCO (abstrakty)
Congress MICROMYCO (abstracts) 33

ODBORNÉ ČLÁNKY**PÓRNATKA ŠEDOFIALOVÁ (*CERIPORIA GRISEOVIOLASCENS*)
NA ÚZEMÍ ČESKÉ REPUBLIKY**Matěj Brzica¹, Jiří Kout¹, Lucie Zíbarová²¹ Centrum biologie, geověd a envigogiky, Fakulta pedagogická, Západočeská univerzita v Plzni, Klatovská 51, 306 19 Plzeň, Česká republika; matejbrzica@seznam.cz² Resslerova 26, Ústí nad Labem, CZ-400 01, Czech Republic; gekko13@seznam.cz

Brzica M., Kout J., Zíbarová L. (2022): Pórnatka šedofialová (*Ceriporia griseoviolascens*) na území České republiky. – Mykologické listy no. 153: 1–9.

Je uveden podrobný popis, geografické rozšíření a ekologie vzácného druhu choroše pórnatky šedofialové *Ceriporia griseoviolascens* z území České republiky. Důraz je kladen na nálezy z území Čech, odkud nebyla dosud známa. Diskutujeme taxonomickou pozici *C. griseoviolascens* a jsou uvedeny nejdůležitější rozlišovací znaky podobných druhů.

Klíčová slova: *Irpicaceae*, Česko, choroše

Brzica M., Kout J., Zíbarová L. (2022): *Ceriporia griseoviolascens* in the Czech Republic. – Mykologické listy no. 153: 1–9.

A detailed description, the geographical distribution and the ecology of the rare polypore *Ceriporia griseoviolascens* from the Czech Republic is summarised. Emphasis is mainly put on records from Bohemia where the species had not been recorded yet. The taxonomic position of *C. griseoviolascens* is discussed and the most important characters discriminating it from similar species are presented.

Úvod

Resupinátní choroše z rodu *Ceriporia* Donk stojí v poslední době v centru zájmu mykologů (např. Chen et al. 2020, 2022, Miettinen et al. 2016, Spirin et al. 2016). S taxonomickými novinkami a vyjasněním některých druhových komplexů se na základě revizí vynořují údaje o rozšíření nově rozlišovaných druhů i na našem území. Jako ukázkový příklad může posloužit komplex druhů z okruhu pórnatky purpurové – *Ceriporia purpurea* (Fr.) Komarova řešený nedávno v rámci celé severní polokoule (Spirin et al. 2016). V této práci byly potvrzeny dva nové druhy i pro Českou republiku. Jedním z nich je *Ceriporia torpida* Spirin & Miettinen a druhým je

pórnatka šedofialová – *Ceriporia griseoviolascens* M. Pieri & B. Rivoire – která se dosud nedočkala komplexního zpracování výskytu v České republice. Mikroskopicky se v rámci rodu *Ceriporia* jedná o druh význačný přítomností leptocystid a prohnutými sporami, které jsou ve srovnání s ostatními druhy rodu *Ceriporia* krátké a široké (Ryvarden et al. 2014). Jako nový druh byla *Ceriporia griseoviolascens* popsána již roku 1997 francouzskými mykology (Pieri et Rivoire 1997) z Francie na topolu černém (*Populus nigra*) a vrbě (*Salix* sp.), a stále se považuje za vzácnou (Bernicchia et Gorjón 2020). V Evropě byla později potvrzena převážně z teplých oblastí v Dánsku (Boertmann 2016), Itálii (Bernicchia et al. 2008, Maggi 2011), Polsku, Německu, Nizozemí (Wassink et Osieck 2018), Česku a na Slovensku (Spirin et al. 2016, Tejklová et Zíbarová 2018, 2020, Vampola et Charvátová 2021), a to zřejmě jen na dřevě listnatých dřevin. V Polsku byl však prokázán výskyt již před rokem 1903 (Bresadola 1903, pod jménem *Poria violacea*). Bernicchia et al. (2008) považují *C. griseoviolascens* za mediteránní druh, který jen vzácněji proniká do teplých částí střední Evropy; i v rámci Itálie má jižní rozšíření s centrem rozšíření na Sardinii a Sicílii (Bernicchia et Gorjón 2020). Tyto představy o rozšíření druhu se však s ohledem na nálezy v Dánsku a Nizozemí zdají jako mylné.

Metodika

V rámci tohoto článku byly revidovány vybrané položky rodu *Ceriporia*, které by mohly být zaměněny s druhem *C. griseoviolascens*. Jako srovnávací materiál byla použita molekulárně ověřená položka *Ceriporia griseoviolascens* (herb. CBG ZČU 11/132). Herbář Národního muzea v Praze (PRM) nemá deponovány žádné položky označené jako *C. griseoviolascens*, stejně tak i Moravské zemské muzeum (BRNM). Pozitivní výsledek nepřinesla ani revize sběrů z PRM označených jako *C. purpurea*, mezi kterými by se nejspíše mohl druh *C. griseoviolascens* skrývat. Položky z BRNM byly již víceméně odborně revidovány dříve (P. Vampola). Vlastní sběry druhu *C. griseoviolascens* uložené v herbáři Centra biologie a geověd Fakulty pedagogické Západočeské univerzity v Plzni (CBG ZČU) byly hodnoceny nejprve při sběru na lokalitách a následně posuzovány též v suchém stavu. Ke zhodnocení makroskopických znaků sloužila binokulární lupa Olympus SZ51. K mikroskopování byl použit optický mikroskop Olympus BX51, jako pozorovací médium byla použita bavlníková modř. Popis druhu je založen pouze na položkách nalezených na území České republiky.

Výsledky a diskuze

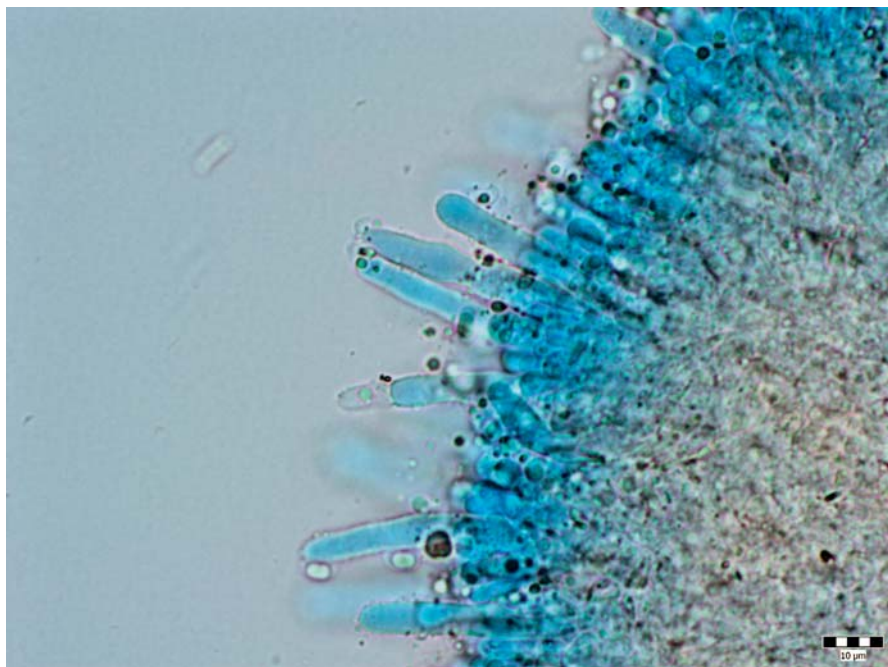
Ceriporia griseoviolascens M. Pieri & B. Rivoire – pórnatka šedofialová

Plodnice jsou jednoleté, resupinatní, měkké, vyschnutím se stávají křehkými či voskovitými. Houba nemá obvykle typický zápach, případně páchne slabě nakysle. Tloušťka plodnice dosahuje až 1,5 mm. Hymenofor je rourkatý, na začátku špinavě bělavý, postupně šedne a objevují se růžové až špinavě fialové odstíny, brzy dochází ke ztmavnutí a povrch se stává hnědočerveným až vínově zbarveným. Póry jsou kulaté až téměř hranaté, poměrně veliké (1–4 póry na mm), nepravidelně protažené a na svých okrajích tupé. U starších plodnic může docházet k propojování jednotlivých pórů a hymenofor pak získává na pohled síťovitý charakter (Obr. 1). Při reakci s 5% roztokem hydroxidu draselného (KOH) se plodnice zbarvuje do červena, fialova či vínova. Subikulum tvoří volněji propletené hyfy, které jsou zbarvené do světlejších odstínů než plodnice.



Obr. 1. Pórnatka šedofialová – *Ceriporia griseoviolascens*. Vrch Lipová u Brodců, na větvi jabloně (herb. L.Z 1052), foto L. Zíbarová.

Hyfový systém monomitický, hyfy se septy bez přezek, tenkostěnné, bezbarvé, hladké, někde pokryté jemnými krystalky o šířce 3–5 μm . Hymeniální leptocystidy přítomny hojně až vzácně, v některých částech hymenia mohou zcela chybět, nejhojnější jsou při ostří rourek, nápadné, válcovité až štíhle kyjovité, vzácněji s příčnými přehrádkami, o velikosti 46–48 \times 4,8–5,2 μm (Obr. 2). Bazidie válcovité, tetrasporické. Bazidiospory bezbarvé, tenkostěnné, neamyloidní, mírně prohnuté (fazolovité) v bočním pohledu, válcovité až podlouhle elipsoidní v čelním pohledu, o velikosti 5,2–6,8 \times 2,9–3,2 μm , $Q = 1,86\text{--}1,98$ ($n = 20$).



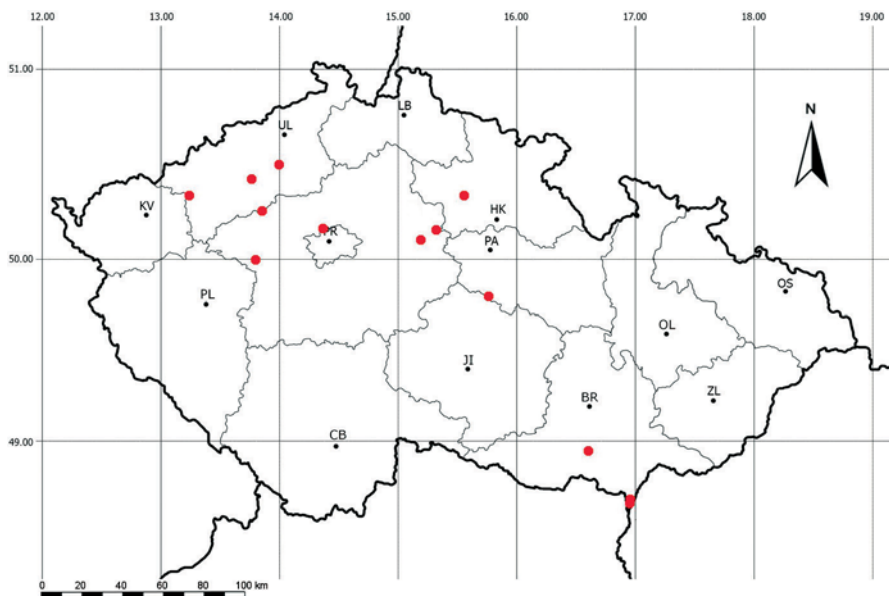
Obr. 2. Pórnatka šedofialová – *Ceriporia griseoviolascens* – leptocystidy. Milá, dřevo bez borky (herb. CBG ZČU11/132), foto M. Brzica.

Ceriporia griseoviolascens se vyskytuje na mrtvém dřevě listnatých stromů, které se nacházejí především v teplých oblastech. Většina nálezů z České republiky potvrzuje, že druh preferuje dřevo v pozdním stádiu rozkladu. Na našem území je pórnatka šedofialová známa z následujících dřevin: buk lesní (*Fagus sylvatica*), dub zimní (*Quercus petraea*, leg. 2019 Vampola), hloh (*Crataegus* sp., leg. 2017 Zíbarová), jablň domáci (*Malus domestica*), javor (*Acer* sp., Zíbarová 2014), jírovec

maďal (*Aesculus hippocastanum*, leg. 2018 Vampola), olše (*Alnus* sp., leg. 2018 Vampola) (*Alnus glutinosa*, leg. 2021 Zibarová), vrba (*Salix* sp., leg. 2018 Vampola). V zahraničí byl druh nalezen též, a to na dubu zimním (Spirin et al. 2016, Rivoire et Carbonnel 2012) a vrbě (Pieri et Rivoire 1997). Oproti nálezům na území České republiky známe ze zahraničí též plodnice nalezené na topolu černém (*Populus nigra*, Pieri et Rivoire 1997), planice (*Arbutus*, Rivoire 2020), rohovníku obecném (*Ceratonia siliqua*, Bernicchia et Gorjón 2020) a nejistý nález z borovice (*Pinus* sp., Spirin et al. 2016).

Nálezy *Ceriporia griseoviolascens* na území České republiky

Pórnatka šedofialová *Ceriporia griseoviolascens* je známa v České republice z Moravy (Běťák 2016, Vampola et Charvátová 2021) i z Čech (Kout 2019, Zibarová 2013, 2014). Na Moravě byl druh poprvé nalezen v roce 1995 na území dnešní NPR Cahnov – Soutok (Vampola et Charvátová 2021). Většina lokalit pórnatky šedofialové v České republice se nachází především v teplejších oblastech a v rámci termofytika lze předpokládat další nálezy (Obr. 3).



Obr. 3. Potvrzené nálezy *Ceriporia griseoviolascens* na území České republiky.

Čechy. Krivoklátsko, poblíž Kouřimecké rybárny ve směru na NPR Velká pleš, u cesty, 13. V. 2009 leg. J. Kout, det. J. Kout et M. Brzica (herb. CBG ZČU 9/135). – České Středohoří, Milá, rozpadavé dřevo bez borky, 13. III. 2011 leg. et det. J. Kout (herb. CBG ZČU 11/132), (GenBank KX236486). – Kadaň (okr. Chomutov), Brodce, vrch Lipová, 470 m n. m., okraj lesa, opadlá větev *Malus domestica*, 28. VI. 2013 leg. L. Zíbarová et A. Lepšová, det. L. Zíbarová (herb. L. Z. 1052). – Kněžičky (okr. Nymburk), NPR Kněžičky, 240 m n. m., teplomilná doubrava, kmen *Quercus*, 31. X. 2013 leg. et det. L. Zíbarová (CB 19180). – ibid., teplomilná doubrava, pařez *Quercus*, 31. X. 2013 leg. et det. L. Zíbarová (herb. L. Z. 2213). – Vinařice (okr. Louny), NPR Malý a Velký štít, 430 m n. m., suťový les, opadlá tlustá větev *Acer*, 1. VII. 2014 leg. et det. L. Zíbarová (herb. L. Z. 2467). – Velká Strítež (okr. Chrudim), PR Polom, 572–576 m n. m., květnatá bučina, padlý kmen *Fagus sylvatica*, 5. VI. 2015 leg. et det. L. Zíbarová (HR P103903, HR P103423). – Režný Újezd (okr. Litoměřice), úpatí vrchu Boreč, 340 m n. m., křovinatá mez, opadlá větev *Crataegus*, 1. IV. 2017 leg. et det. L. Zíbarová (herb. L. Z. 6335). – Roztoky (okr. Praha západ), Roztoky, vrch Řivnáč, zetlelé dřevo listnatého stromu, 2. IV. 2021 leg. K. Tejkal, det. J. Kout. – Lysá nad Labem (okr. Nymburk), NPP Polabská černava, 185 m n. m., mokřadní olšina, opadlá větev *Alnus glutinosa*, 3. X. 2021 leg. et det. L. Zíbarová (herb. L. Z. 9566). – Velký Osek (okr. Kolín), NPR Libický luh, tvrdý luh, padlý kmen listnáče, 190 m n. m., 3. VI. 2022 leg. et det. L. Zíbarová (herb. L. Z. 10187). Morava. Lanžhot (okr. Břeclav), NPR Cahnov – Soutok, 150 m n. m., *Quercus* sp. – na ležícím kmeni, 20. VI. 1995 leg. et det. P. Vampola (ut *Meruliopsis* sp.), 21. I. 2019 rev. P. Vampola (MJ 7154). – Lanžhot (okr. Břeclav), NPR Cahnov – Soutok, 150 m n. m., listnáč: na kusu dřeva, 27. VII. 1995 leg. A. Vágner, 4. VIII. 1995 det. P. Vampola (ut *Meruliopsis* sp.), 7. VIII. 2018 rev. P. Vampola (MJ 5489). – Lanžhot (okr. Břeclav), NPR Ranšpurk, 150 m n. m., listnáč: na kusu dřeva, 19. VIII. 1995 leg. A. Vágner, det. P. Vampola (ut *Meruliopsis* sp.), 7. VIII. 2018 rev. P. Vampola (MJ 5491). – Vranovice (okr. Brno-venkov), PR Plačkův les, 170 m n. m., *Salix* sp.: na kusu dřeva, 19. X. 1999 leg. A. Vágner, det. P. Vampola (ut *Meruliopsis* sp.), 7. VIII. 2018 rev. P. Vampola (MJ 5492). – Lanžhot (okr. Břeclav), PR Cahnov, na tlejícím kmeni *Quercus*, 17. X. 2013 leg. et det. J. Běťák (JB13/1584). – Lanžhot (okr. Břeclav), NPR Ranšpurk, na tlejícím kmeni *Quercus*, 9. V. 2015 leg. et det. J. Běťák (JB15/79). – Lanžhot (okr. Břeclav), NPR Ranšpurk, na tlejícím kmeni *Quercus*, 26. VIII. 2015 leg. et det. J. Běťák (JB15/506). – Lanžhot (okr. Břeclav), NPR Ranšpurk, na tlejícím kmeni *Quercus*, 25. IX. 2015 leg. et det. J. Běťák (JB15/1089). – Lanžhot (okr. Břeclav), NPR Ranšpurk, na tlejícím kmeni *Quercus*, 25. IX. 2015 leg. et det. J. Běťák (JB15/1094).

Na základě námi získaných údajů je pravděpodobné, že rozšíření *C. griseoviolascens* v termofytiku je širší, než se dosud podařilo zaznamenat. Na druhou stranu nepřítomnost starších položek v našich hlavních herbářích může ukazovat na recentní šíření tohoto druhu ve střední Evropě. Většina nálezů pochází z přirozených lesů, kde je druh vázán především na substrát v silně pokročilém stádiu rozkladu. K zá-

měně pórnatky šedofialové za jiné druhy chorošů v terénu může docházet snadno. Makroskopicky může být podobná barevně proměnlivější pórnatka purpurová (*Ceriporia purpurea*) (Obr. 4), ale i pórnatka nádherná (*Ceriporia excelsa* (S. Lundell) Parmasto) (obr. na titulní straně obálky). Navíc oba zmíněné druhy se mohou vyskytovat na stejných lokalitách s pórnatkou šedofialovou. Mikroskopicky to však příliš pravděpodobné není, pokud máme položku *C. griseoviolascens* v dobrém stavu a potvrdíme přítomnost leptocystid s kombinací charakteristických spor a jednoduše stavěného hyfového systému rodu *Ceriporia*. Další dvojici druhů, které lze s *C. griseoviolascens* potencionálně zaměnit, je pórnatka Herinkova (*Ceriporia mellita* (Bourdot & Galzin) Bondartsev & Singer) a pórnatka oranžovomasová (*Ceriporia aurantiocarnescens* (Henn.) M. Pieri & B. Rivoire). Tyto druhy lze makroskopicky odlišit výraznějším zbarvením, kdy *C. mellita* jde až do výrazně oranžových odstínů a *C. aurantiocarnescens* má zbarvení do žluta. Stejně tak jako výše uvedené druhy nemají ani tyto dva cystidy a liší se od *C. griseoviolascens* též podobou spor.



Obr. 4. Pórnatka purpurová – *Ceriporia purpurea*. PR Pod Trlinou, opadlá větev růže (herb. L. Z. 9985), foto L. Zíbarová.

Poděkování

Autoři děkují kurátorům muzejních sbírek za zpřístupnění uložených položek a J. Běřákovi za poskytnutí údajů k jeho položkám. Publikace vznikla s podporou grantové soutěže BAMAPE 2022 (č. projektu 01) na Fakultě pedagogické Západočeské univerzity.

Literatura

- Bernicchia A., Arras L., Piga A., Ryvar den L. (2008): Biodiversity of Sardinian Aphyllophoraceous fungi. – *Synopsis Fungorum* 25: 53–124.
- Bernicchia A., Gorjón S. P. (2020): Polypores of the Mediterranean region. – ROMAR, Milano.
- Běřák J. (2016): Aktivita č. 4 Monitoring hub: Lignikolní makromycety na tlejících dubech (*Quercus robur*) v NPR Ranšpurk. – In: Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v.v.i. Monitoring přirozených lesů ČR část B Monitoring a analýza modelových skupin organismů: Souhrnná výzkumná zpráva NPR Ranšpurk. Průhonice: Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v.v.i., 73 p.
- Boertmann D. (2016): Gråviolet Voksporesvamp (*Ceriporia griseoviolascens*) – ny for Danmark. – *Svampe* 73: 32–33.
- Bresadola G. (1903): Fungi Polonici a cl. Viro B. Eichler lecti. – *Annales Mycologici* 1: 97–131.
- Chen C.-C., Chen Ch.-Y., Lim Y. W., Wu S.-H. (2020): Phylogeny and taxonomy of *Ceriporia* and other related taxa and description of three new species. – *Mycologia* 112(1): 64–82.
- Chen J.-J., Wang Y.-R., Wang C.-G., Dai Y.-Ch. (2022): Two new species of *Ceriporia* (*Irpicaceae*, *Basidiomycota*) from the Asia Pacific area. – *Mycological Progress* 21: 39–48.
- Kout J. (2019): Novinky v diverzitě chorošů České republiky. – In: Holec J., ed., *Seminář Novinky studia velkých hub, Mykologické Listy* no. 142: 18–21.
- Maggi O. (2011): Biodiversity of wood-decay fungi in Italy. – *Plant Biosystems* 145(4): 958–968.
- Miettinen O., Spirin V., Vlasák J., Rivoire B., Stenroos S., Hibbett D. S. (2016): Polypores and genus concepts in *Phanerochaetaceae* (*Polyporales*, *Basidiomycota*). – *MycKeys* 17: 1–46.
- Pieri M., Rivoire B. (1997): A propos du genre *Ceriporia* Donk (*Aphyllophoromycetidae*). – *Bulletin de la Société Mycologique de France* 113(3): 193–250.
- Rivoire B. (2020): Polypores de France et d'Europe. – *Mycopolydev*, Orléans.
- Rivoire B., Carbonnel D. (2012): Le bois Bouchat: une forêt caractéristique des contreforts est des monts du Lyonnais. Indications sur sa fonge. I. – Les polypores. – *Bulletin Mensuel de la Société Linnéenne de Lyon* 81(3–4): 55–68.
- Ryvar den L., Melo I. (2014): Poroid fungi of Europe. – *Fungiflora*, Oslo.
- Spirin V., Rivoire B., Kotiranta H., Vlasák J., Kout J., Miettinen O. (2016): Studies in the *Ceriporia purpurea* Group (*Polyporales*, *Basidiomycota*), with notes on similar *Ceriporia* Species. – *Cryptogamie Mycologie* 37(4): 421–435.

- Tejklová T., Zíbarová L. (2018): A contribution to the knowledge of lignicolous fungi of Podunajská nížina Lowland (Slovakia). – *Catathelasma* 19: 1–80.
- Tejklová T., Zíbarová L. (2020): A contribution to the knowledge of lignicolous fungi of Podunajská nížina Lowland (Slovakia) 2. – *Catathelasma* 21: 5–146.
- Vampola P., Charvátová E. (2021): Choroše Evropy ve sbírkách Muzea Vysočiny Jihlava. – Nakladatelství Vampola, Jihlava.
- Wassink H., Osieck E. (2018): Nieuwe en bijzondere soorten: *Cerioporia griseoviolascens* Pieri & Rivoire 1997. – *Coolia* 61: 109–110.
- Zíbarová L. (2013): Mykologický průzkum vybraných lokalit v rámci EVL Doupovské hory. – AMEC s.r.o, Brno, 28 p.
- Zíbarová L. (2014): Závěrečná zpráva z orientačního mykologického průzkumu NPR Malý a Velký štít v r. 2014. – SCHKO Krivoklátsko, 14 p.

**REVIZE SBĚRŮ RODU *MOLLISIA* NA ČÍŠKÁCH BUKU
Z HERBÁŘE NÁRODNÍHO MUZEA V PRAZE**

Markéta Š a n d o v á

Národní muzeum, mykologické oddělení, Cirkusová 1740, 193 00 Praha 9;
marketa.sandova@nm.cz

Šandová M. (2022): Revize sběrů rodu *Mollisia* na číškách buku z herbáře Národního muzea v Praze. – Mykologické Listy no. 153: 10–28.

Při revizi herbářových položek rodu *Mollisia* na číškách buku jsem prohlédla 14 herbářových položek, z nichž většina obsahovala jeden druh, ve třech případech byly v rámci položky přítomné dva druhy a u typové položky druhu *Mollisia faginea* byla zjištěna přítomnost druhého druhu, přičemž jeden už je z této položky publikován Gminderem. Bude tedy nutné jméno *M. faginea* před jeho používáním lektotypifikovat. Celkem bylo při revizi zjištěno 6 druhů: *Mollisia cinerea* agg., *M. cf. fusca*, *M. lividofusca*, *M. cf. melaleuca*, *Mollisia* sp. (materiál možná identický s druhem *M. albogrisea*) a *Pyrenopeziza cf. caespiticia*.

Klíčová slova: *Mollisia*, *Fagus*, střední Evropa, taxonomie, herbář PRM

Šandová M. (2022): Revision of *Mollisia* specimens on beech fruits deposited in the PRM herbarium. – Mykologické Listy no. 153: 10–28.

A total of 14 herbarium specimens of the genus *Mollisia* on beech fruits were revised. Most specimens contained one species, in three cases two species were present in the specimen. Also the type specimen of *Mollisia faginea* was found to include another species besides the one already published by Gminder. Given the presence of two species, the name *M. faginea* will therefore need lectotypification before its usage. In total, six species were found during the revision, *Mollisia cinerea* agg., *M. cf. fusca*, *M. lividofusca*, *M. cf. melaleuca*, *Mollisia* sp. (possibly identical to *M. albogrisea*) and *Pyrenopeziza cf. caespiticia*.

Ú v o d

Rod *Mollisia* (Fr.) P. Karst. (čeled' *Mollisiaceae*) představuje rod s povrchově vyrůstajícími plodnicemi, u většiny zástupců s tmavým vnějším excipulem, s možnou přítomností subikula nebo chlupů, kyjovitými vrčky, vejčitými, klínovitými, elipsoidními, větvenovitými nebo niťovitými, jedno- až vícebuněčnými askosporami a parafýzami často v horní části s dlouhou světlolomnou vakuolou (Gminder 2008, Nauta et Spooner 1999, Rehm 1891, Wagner 2022). Vyskytuje se převážně na opadu dřevin, dvouděložných bylin a trav. Od vzhledem i stavbou plodnic podobného rodu

Pyrenopeziza Fuckel (čeleď *Ploettnerulaceae*) se liší parafýzami za čerstva obsahujícími souvislou světlolomnou vakuolu a vrčky se štíhlou bází (Gminder 2008).

Ze zástupců rodu *Mollisia* Oudemans (1920) na číškách buku uvádí jediný druh, *M. umbonata* (Pers.) Sacc., na různých částech buku (vyjma listů) pak uvádí dalších 14 druhů: *M. caesia* (Fuckel) Sacc., *M. cinerea* (Batsch) P. Karst., *M. cinerella* (Sacc.) Sacc., *M. discolor* (Mont. & Fr.) W. Phillips, *M. ligni* (Desm.) P. Karst. (jako *Pyrenopeziza*), *M. microcarpa* (Fuckel) Sacc., *M. myiocopron* Speg., *M. ramealis* (P. Karst.) P. Karst., *M. sublividula* (Nyl.) P. Karst., *Niptera ramincola* Rehm, *Tapesia fusca* (Pers.) Fuckel, *T. lateritia* (Pers.) Sacc., *T. minutissima* Fuckel a *T. stipata* (Fr.) Sacc. Později byly z buku popsány druhy *T. atrospora* Velen., *T. carpathica* Velen., *M. viridula* Svrček a *T. rivularis* Svrček. Přímo z číšek byl popsán druh *M. faginea* Velen. Pokud jde o různé čeledi podobných diskomycetů, tak na bukových číškách jsou udávány například druhy *Hymenoscyphus fagineus* (Pers.) Dennis (Ellis et Ellis 1997) z čeledi *Helotiaceae* nebo *Mollisiella fagiseda* Svrček patřící podle diskuse uvedené autorem druhu do čeledi *Pezizellaceae*.

Cílem práce byla revize sběrů rodu *Mollisia* na bukových číškách v herbáři PRM, s možností srovnání s materiálem na dřevě a větvích buku, který byl také částečně revidován.

Metodika

Šířka plodnic byla měřena a je udávána za sucha. Část studované plodnice byla navlhčena vodou a pomocí žiletky oddělena pro mikroskopické studium. Žlutá reakce parafýz v KOH (Gminder 1996) byla zjišťována pouze pomocí stereomikroskopu. Jako pozitivní reakci jsem vyhodnocovala případy, kdy část plodnice s hymeniem vložená do 3% KOH zežloutla a žlutá barva se šířila i do okolního média. Mikroznaky byly studovány ve světelném mikroskopu s použitím imerzního objektivu a měřeny s použitím programu QuickPhoto Camera 3.2. Modrá reakce askoapikálního aparátu vrček byla zjišťována pomocí Melzerova činidla (v textu MLZ pro pozorování bez předpůsobení v KOH; s předpůsobením v 3% KOH v textu jako KOH/MLZ). Označení „l/w“ představuje poměr délky k šířce. Obsah tělísek v askosporách byl hodnocen jenom slovně. Jako základní pomůcku k určování jsem používala určovací klíč Gmintera (Gminder 2008) a informace shromážděné a sdílené H.-O. Baralem (https://drive.google.com/drive/folders/0B5SeyOEKxxZhYVZub0N1aGY5YTg?resourcekey=0-ggy7Rl_pVPZH7OhROIP9iA). Jako zdroj informací byly využity i další určovací klíče (Baral in Baral et Marson 2005, Wagner 2022).

Výsledky

Celkem jsem revidovala 13 položek a jednu typovou položku částečně (vyjma materiálu, který byl pravděpodobně už revidován a publikován). Druhů jsem našla šest, KOH reakci jsem, jak doporučuje Gminder (2008), považovala za spolehlivý znak jen pokud byla pozitivní. Pozitivní reakce byla zaznamenána u druhu *Mollisia* cf. *fusca* a u většiny položek druhu *Mollisia* sp., u ostatních druhů nebyla zaznamenána. Druhy spolu s poznámkami ke znakům jsou uvedeny v abecedním pořadí.

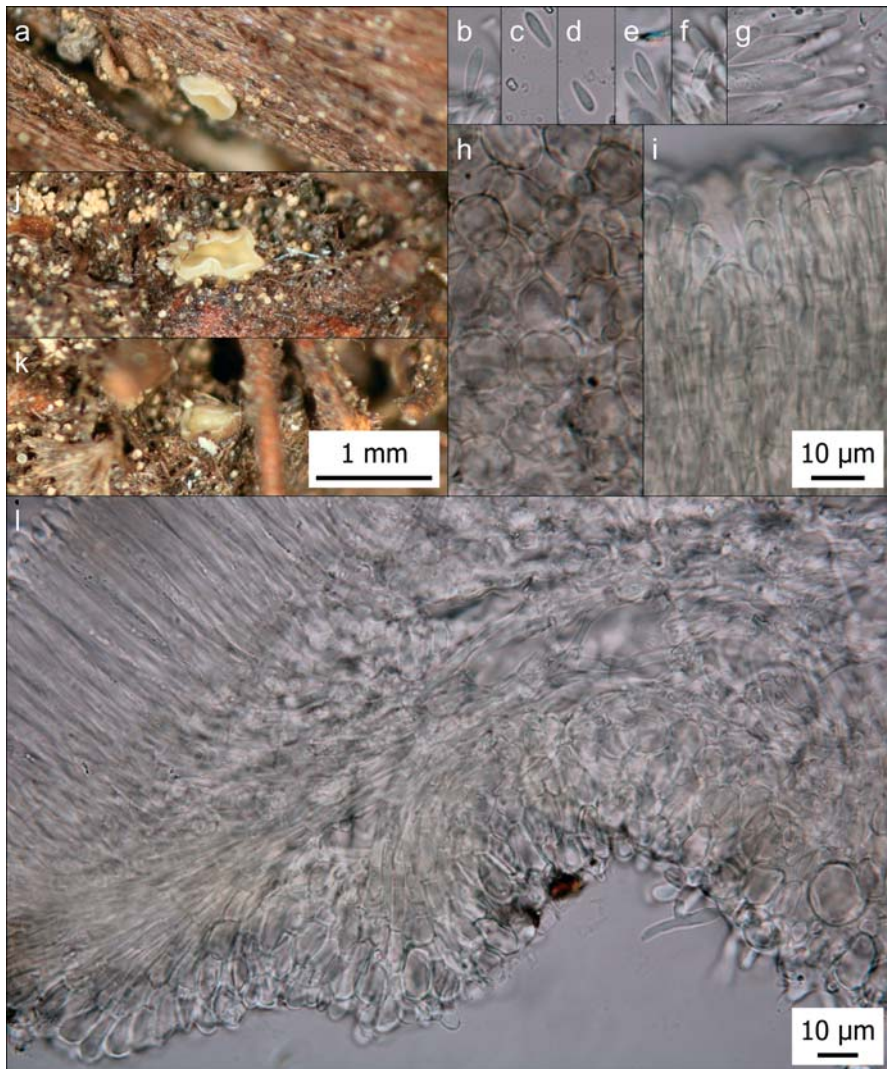
***Mollisia cinerea* (Batsch) P. Karst. agg.**

Obr. 1.

Plodnice za sucha světlé, 0,25–0,9 mm široké. Excipulum světlé, pouze v dolní části světle hnědé. Subikulum nepozorováno, pozorovány jen krátké a větvičky se hyfy vyrůstající z buněk povrchu excipula. Vřečka 48–65 × 5,2–6 µm, vznikající hákováním, pór MLZ+. Askospory 6,9–10,1 × 2,2–2,7 µm (l/w 2,9–4), obsahující velmi málo drobných tělísek. Parafýzy nitřovité, šířka 3,0–3,3 µm.

Studované položky: Vráž u Písku, Čížovské poleší, vrch Čertova hora, na číškách *Fagus sylvatica*, 3. IX. 1972 leg. M. Svřček (PRM 926608, jako *Mollisia*, spolu s druhem *Mollisia* sp.).

Poznámky: Podle mikroznaků tento sběr zapadá mezi jiné revidované sběry *M. cinerea* na dřevě buku v herbáři PRM, u nichž plodnice nejsou takto světlé. V určení jako *Mollisia cinerea* mám jednu nejistotu ve srovnání s údaji z určovacích klíčů. Askospory jsou udávány jako mírně užší než bych z rozdílu mezi živým materiálem a zde studovaným materiálem v KOH předpokládala. Wagner (2022) uvádí šířku askospor 2,2–2,9 µm a autoři Baral (*Helotiales* key English in Baral et Marson 2005) a Gminder (2008) shodně 2,5–3 µm. U dosud revidovaných sběrů na dřevě buku jsem zjistila šířku askospor v KOH v rozmezí 2,2–3,3 µm.



Obr. 1. *Mollisia cinerea* agg. (PRM 926608): a, j–k: suché plodnice; b–f: askospory; g: parafýzy a vrcholy vřecek; h: povrch excipula v boční až bazální části plodnice; i: buňky excipula při okraji plodnice; l: řez plodnicí (?hyalinní hyfy subikula). Médium: b–i, l: 3% KOH. Měřítka: 1 mm: a, j–k; 10 µm (nahore): b–i; 10 µm (dole): l.

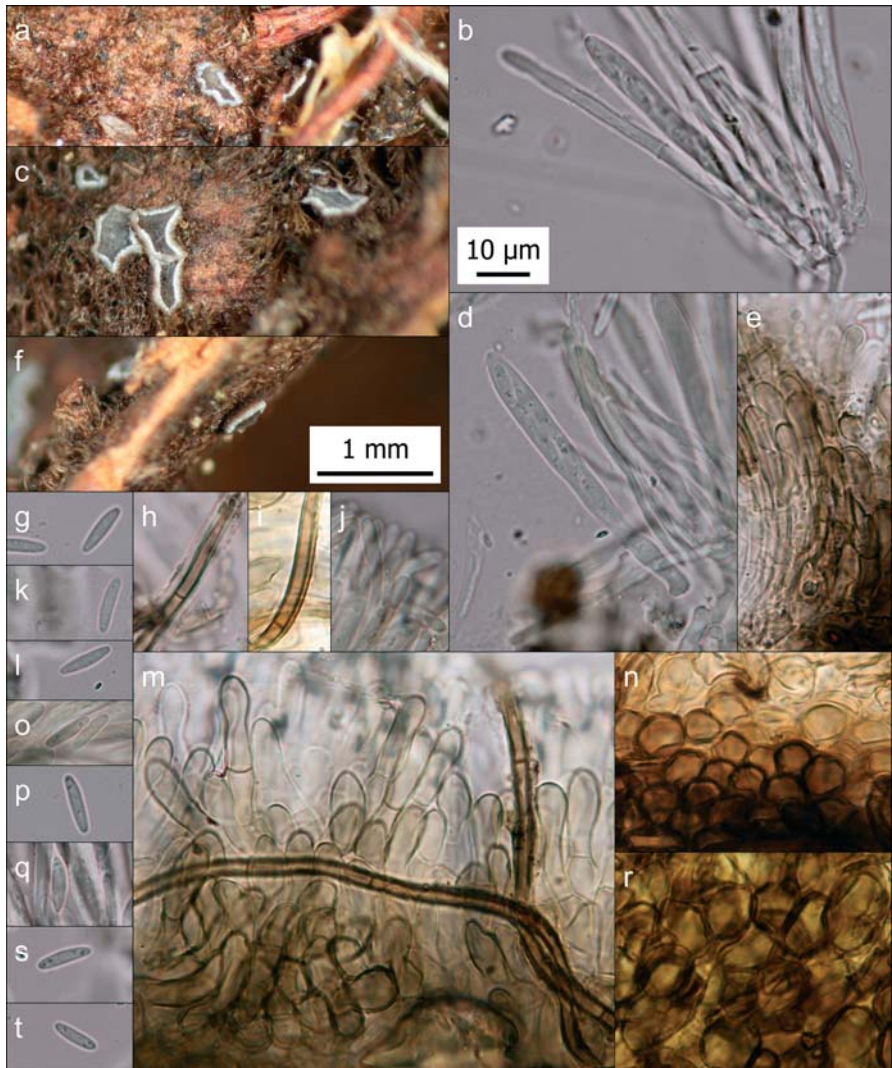
Mollisia cf. *fusca* (Pers.) P. Karst.

Tab. 1; Obr. 2.

Plodnice za sucha s bělavým okrajem a hnědou dolní částí excipula, 0,3–0,9 mm široké, terče průsvitně bělavé. Marginální buňky (koncové buňky hyf) v okrajové části plodnice 25–28 × 6,5–8,5 μm (světle hnědé buňky), × 4,5–5 μm (subhyalinní buňky). Subikulární hyfy hnědé, 4–5 μm široké. Vřečka 51–69 × 5–6,3 μm, vznikající hákováním, pór MLZ+. Askospory 8,6–12,3 × 2,4–2,7 μm (l/w 3,7–4,6), někdy až se 4 poměrně velkými tělísky. Parafýzy nitřovité, šířka 2,4–3,6 μm.

Studované položky: Slovensko: Malá Fatra, hora Fatranský [Malý] Kriváň (1669 m n. m.), místo Meškalka, na čiškách *F. silvatica*, 28. VI. – 2. VII. 1947 leg. M. Svrček (PRM 926661, jako *Mollisia*, spolu s druhy *Capitotricha* cf. *bicolor*, *Lachnum* cf. *virgineum* a *Mollisia* sp.).

Poznámky: Při snaze o určení jsem se podle Gminderova klíče (Gminder 2008) dostala do blízkosti těchto druhů: *Mollisia fagicola* nom. prov. a *M. perparvula* (P. Karst.) P. Karst. S druhem *M. perparvula* zatím sama nemám žádnou zkušenost jak dalece je tam důležitá stopkatost plodnic a zda a jaké jsou jeho další znaky. Podle Karstenova původního popisu mají být vřečka bez reakce v jódu, ale Gminder (2008) druh v klíči řadí mezi druhy s amyloidní reakcí póru. Uvádí, že revidoval položky PAK 2922 a 2930 z herbáře H (první z nich má v jiné části práce uvedenou jako lektotyp) a u druhu uvádí amyloidní reakci alespoň slabou. U druhu provizorně nazývaného *M. fagicola* jsem měla kromě údajů v Gminderově klíči k dispozici ještě popis a kresbu podle herbářového materiálu (Gminder 2012, pod druhem *M. faginea*, s nímž *M. „fagicola“* ztotožňuje), ale hyfy při okraji plodnice, které jsem u studovaného materiálu pozorovala, tam zaznamenány nejsou. Otázkou zůstává, jak veliký má přítomnost přehrádkovaných hyf v marginální části excipula a s tím spojený bílý střapatý okraj u suchých plodnic taxonomický význam. Dalšími druhy, které jsem prověřovala, jsou *M. fusca* (Pers.) P. Karst. a *M. sericeomarginata* Svrček. Podle klíčů založených na studiu čerstvých sběrů by měl být určitý rozdíl v šířce askospor mezi těmito dvěma druhy. Podle Barala (in Baral et Marson 2005) má druh *M. fusca* askospory 10–17 × 2,4–3,3 μm, druh *M. sericeomarginata* 8–14 × 3,3–4,2 μm, podle Wagnera (2022) *M. fusca* 10–15 × 2,5–3 μm a *M. sericeomarginata* 12–17 × 3–4,5 μm. Gminder (2008) uvádí pro druh *M. fusca* rozměr askospor (9?–)10–15 × 2,2–3,2 μm. Mnou studovaný materiál je podle šířky askospor snad bližší druhu *M. fusca*, obsah oleje v askosporách (Wagner 2022) je obtížné u herbářového materiálu zhodnotit a koncové buňky excipula při okraji plodnice snad přibližně s údaji Wagnera (2022) souhlasí.



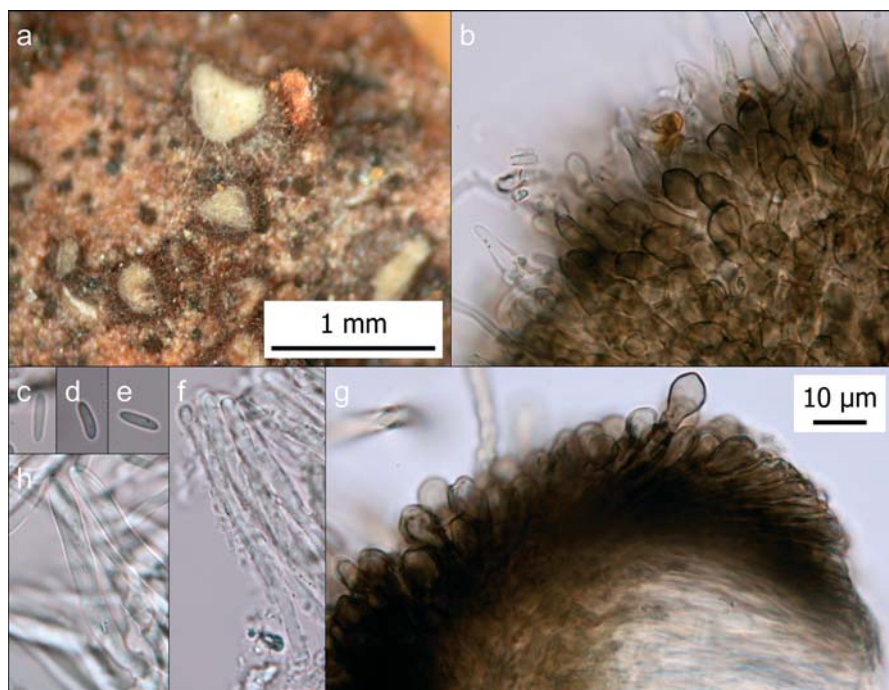
Obr. 2. *Mollisia* cf. *fusca* (PRM 926661): a, c, f: suché plodnice; b: parafýza; d: vřecko; e: buňky excipula; g, k–l, o–q, s–t: askospory; h–i: hyfy subikula; j: parafýzy; m: povrch excipula při okraji plodnice; n, r: povrch excipula. Médium: b, d–e, g–r: 3% KOH. Měřítka: 1 mm: a, c, f; 10 µm: b, d–e, g–r.

Mollisia lividofusca (Fr.) Gillet

Obr. 3.

Plodnice za sucha s tmavě hnědým vnějším povrchem, z něhož radiálně vyrůstají hyfy, a špinavě bílými terči, 0,25–0,9 mm široké. Subhymenium obsahující hnědoběžové nebo hnědé hyfy. Marginální buňky při okraji plodnice o rozměrech 15–18 × 4 μm (subhyalinní nebo s tmavě hnědým odstínem). Subikulární hyfy 3,5–5 μm široké. Vřecka 38–51 × 4,5–5,3 μm, vznikající hákováním, pór MLZ+. Askospory 7,5–9,4 × 2,1–2,4 μm (l/w 3,1–4,5), bez nebo s 1–2 světlolomnými tělísky. Parafýzy nitřovité, šířka 2,5–3,6 μm.

Studované položky: Česká republika: Hrusice, cihelna, na čišce *F. silvatica*, X. 1931 leg. et det. J. Velenovský (PRM 153123, jako *Tapesia fusca*, rev. M. Svrček jako non est *T. fusca*!, spolu s druhem *M. cf. melaleuca*).



Obr. 3. *Mollisia lividofusca* (PRM 153123): a: suché plodnice; b: povrch excipula; c–e: askospory; f: parafýzy; g: okraj plodnice; h: vřecko. Médium: b–h: 3% KOH. Měřítka: 1 mm: a; 10 μm: b–h.

Poznámky: Ve srovnání s poměrně četnými sběry *M. lividofusca* na dřevě buku uloženými v herbáři PRM není exemplář z číšek (PRM 153123) zcela typický, a to svými kratšími věckami a také mírně vyšším poměrem délky ku šířce askospor (u zmíněných ostatních sběrů byl zjištěn poměr 2,8–4,2 a délka věcek 47–54 μm). Barva terče v suchém stavu podle zkušenosti s těmito sběry může být zhruba bílá, béžová (méně časté), světle žlutá, žlutá, oranžová nebo průsvitně šedá či průsvitně hnědá. Při snaze určit položku PRM 153123 jsem prověřovala i možnou příslušnost k *M. ladae* (Velen.) Gminder (Gminder 2006, 2008), ale zjištěná délka marginálních buněk u okraje plodnice u položky PRM 153123 byla maximálně 18 μm , což se liší od Gminderova údaje a kresby (Gminder 2006), kde udává velikost marginálních buněk až 26–35(40) \times 5–7 μm . Substrátem podle Gmintera špatně zachovaného originálního materiálu *M. ladae* je větvička vrby.

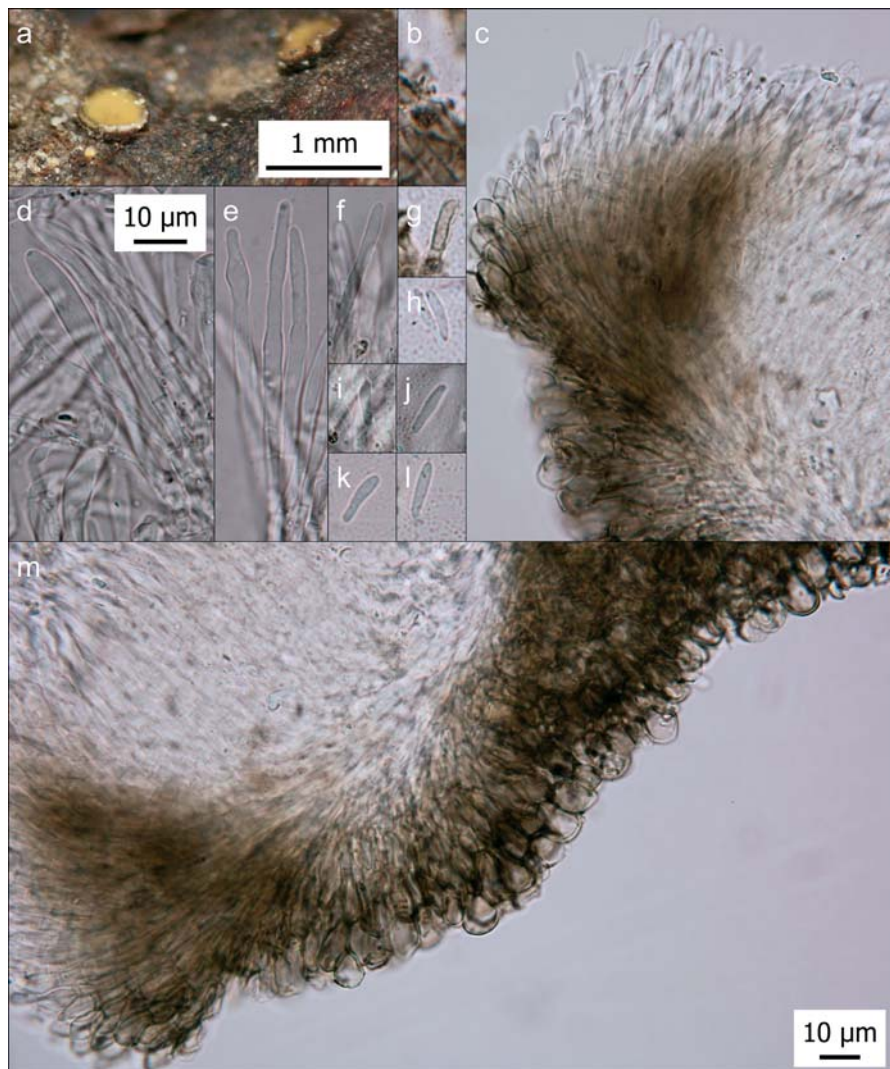
Mollisia cf. *melaleuca* (Fr.) Brunaud

Tab. 1; Obr. 4.

Plodnice za sucha se žlutými až oranžovými terči, vně hnědé, na okraji někdy přecházející v bílou, 0,3–1,2 mm široké. Subhymenium hyalinní. Marginální buňky v okrajové části plodnice 13,5–19 \times 3,5–6 μm (hyalinní až hnědé). Subikulum pozorováno jen v malém množství, subikulární hyfy hnědé, 2,8–3,4 μm široké. Vřečka 36–78 \times 5,1–6,9 μm , vznikající hákováním, pór MLZ+. Askospory 7,7–13,4 \times 2,0–3,1 μm (l/w 2,7–5,6), obvykle obsahující několik tělísek. Pozorovány 2 hyalinní až subhyalinní askospory(?) s netypicky válcovitým tvarem a přehrádkou, cca 14 \times 3,5 μm . Parafýzy niťovité, šířka 2,6–3,2 μm .

Studované položky (na číškách *F. silvatica*): Česká republika: Černošice, 1. XI. 1949 leg. et det. V. Vacek (PRM 712747, jako *Mollisia vulgaris*). – Řevnice, 13. XI. 1949 leg. et det. V. Vacek (PRM 712745, jako *M. vulgaris*). – Hrusice, cihelna, X. 1931 leg. et det. J. Velenovský (PRM 153123, jako *Tapesia fusca*, rev. M. Svrček jako non est *T. fusca!*, spolu s druhem *M. lividofusca*).

Poznámky: Podle Vackova určení u položek PRM 712745 a 712747 (jako *Mollisia vulgaris* = *Calycina vulgaris* (Fr.) Baral) považují za pravděpodobné, že plodnice studovaného druhu mohly mít za čerstva bílé terče. (Druh *Calycina vulgaris* se liší stopkatými plodnicemi se světlým a jinak stavěným excipulem a věckami s neamyloidním pórem, např. herbářová položka PRM 833406, Dennis (1956), Dennis (1981).) Barva terčů za sucha se zdá být konstantní a podobná druhu *M. amenticola* (Sacc.) Rehm. Druh *M. amenticola* se liší menšími askosporami (např. Rehm 1891, Breitenbach et Kränzlin 1984, Ellis et Ellis 1997) a podle Gmintera (Gminder 2008) se vyskytuje výlučně na šištících olše. Od druhu *M. lividofusca* se studovaný materiál liší



Obr. 4. *Mollisia* cf. *melaleuca* (PRM 712747): a: suché plodnice; b, g: ?hyfy subikula; c: okraj plodnice; d: vřecko; e–f: parafýzy; h–l: askospory; m: řez plodnicí. Médium: b–m: 3% KOH. Měřítka: 1 mm: a; 10 µm (nahore): b, d–l; 10 µm (dole): c, m.

barvou subhymenia, která u všech tří položek byla bez hnědého zbarvení. Podle Gminderova klíče (Gminder 2008) jsem došla do blízkosti druhu *Mollisia peruni* (Velen.) Gminder popsaného ze zimolezu (*Lonicera*) a javoru. Od materiálu *M. peruni* studovaného Gminderem (Gminder 2006) se zde studovaný materiál liší kratšími hodnotami u rozměrů marginálních buněk, větším rozmezím délky vrček a o něco širšími parafýzami. Gminder též pouze v jednom případě zmiňuje terč plodnice za sucha žlutavý (u 1 plodnice položky PRM 154087). Druh *Mollisia melaleuca* v herbáři PRM (např. PRM 718789, na větvi lípy) je robustností plodnic podobný studovanému materiálu. Na určitou podobnost s druhem *M. melaleuca* poukazuje i Gminder (2006) u druhu *M. peruni* s tím, že problémem je přítomnost subikula u *M. peruni* a vyšší obsah oleje v askosporách *M. melaleuca*. Podle Gminderova vyobrazení se navíc materiál PRM 812443 a 154087 v obsahu oleje liší; poznámkou k barvě plodnic i vyobrazením obsahu oleje lépe odpovídá materiál z druhé položky. Stavbou excipula na řezu je studovaný materiál blízký druhu *Niptera ramincola* Rehm (Tanney et Seifert 2020), opět je zde ale problém s přítomností subikula a s nízkým obsahem oleje v askosporách u studovaného materiálu (vycházím pouze z obrázku *N. ramincola* publikovaného zmíněnými autory). Existenci určitého druhu lišícího se od *M. melaleuca* přítomností subikula a nižším obsahem oleje v askosporách nasvědčuje i jeden ze sběrů (9. IV. 2019, jako *M. cf. melaleuca*) v materiálu sdíleném H.-O. Baralem (viz odkaz v metodice). Problematika vyžaduje další studium.

Na druh *Mollisia umbonata* (Pers.) Sacc., který z dřeva, číšek a listů buku udává Oudemans (1920), zde chci upozornit proto, že svými přisedlými bělavými plodnicemi (Persoon 1800) by teoreticky mohl patřit k tomuto druhu. Rozsahu substrátů *M. umbonata* v pojetí zachyceném Oudemansem by dobře odpovídal druh *M. lividofusca* nalezený i na listovém opadu buku (položka PRM 560532). V Persoonově originálním popisu jsou ale jako substrát uvedeny jen padlé kmeny a větve nespecifikované dřeviny. Položky *Peziza umbonata* Pers. v herbáři PRM sbírané J. Peylem v roce 1859 obsahují materiál *M. amenticola* na šištících olše. Druh *M. amenticola* byl popsán jako varieta druhu *M. umbonata* Saccardem v roce 1889. Höhnelova (1918) studie citovaná Dennisem (1956) se ale vyjadřuje ke dvěma jiným pojetím druhu *M. umbonata*, která jsou mimo rod *Mollisia*. Rehmovo pojetí je podle Höhnela totožné s druhem *Phialea violascens* Rehm in litt., který má podle popisu, na který Höhnel odkazuje, plodnice s až 1 mm dlouhou stopkou a výskyt na listech olše porostlých vlákný řasy. Karstenovo pojetí je podle Höhnela spojeno s druhy rodu *Ombrophila* nebo *Rutstroemia*, podle Karstenova popisu (Karsten 1871) jsou plodnice nahloučené nebo částečně rozptýlené, zpočátku válcovitě kyjovité až obkonicové, později výrazněji stopkaté, s gelatinózním excipulem a vyskytují se na listech a větvičkách. Zda se zachoval typový materiál a zda byl někým studován jsem nezjišťovala. Výše diskutovaní autoři neuvádí, že by jej studovali.

***Mollisia* sp.**

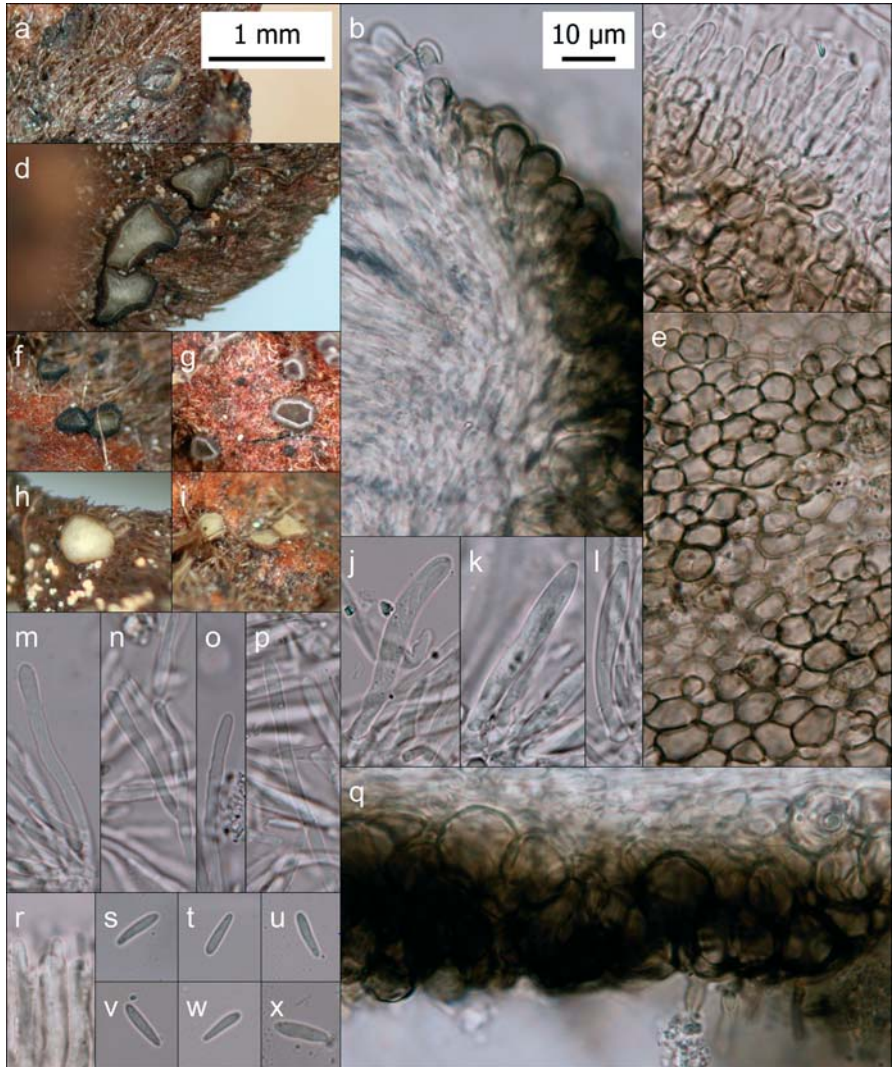
Tab. 1; Obr. 5–6.

? *M. faginea* Velen.

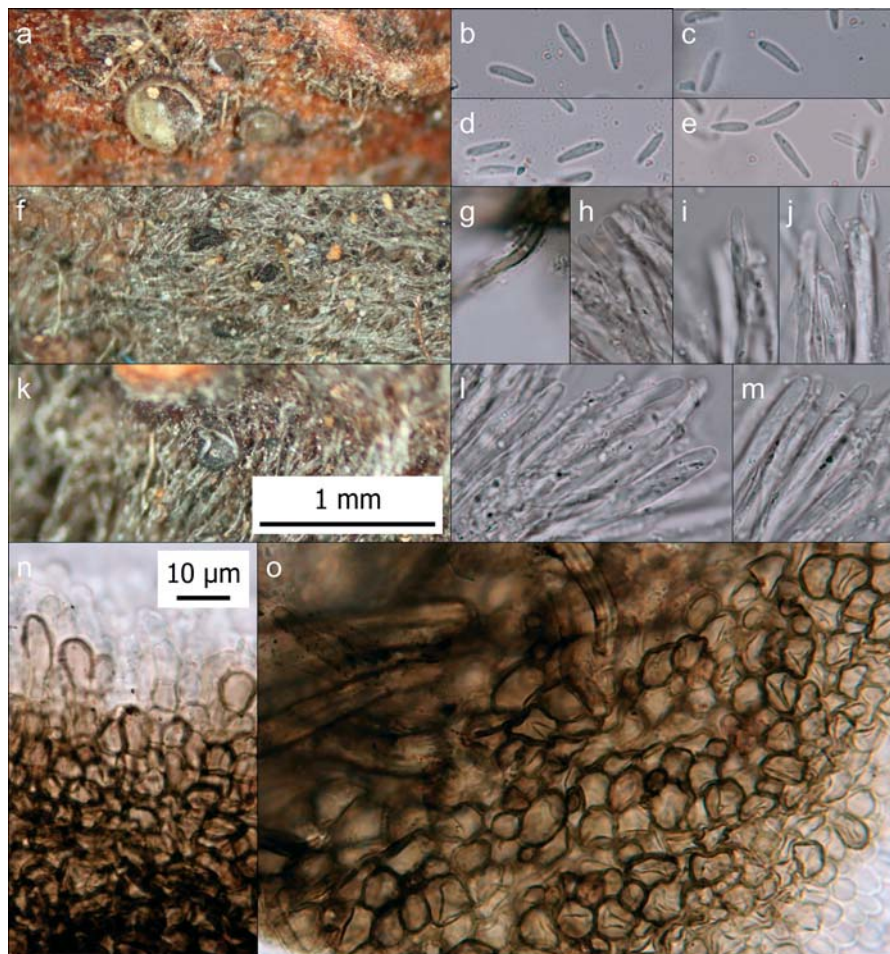
Plodnice za sucha různě zbarvené, často s úzkým bělavým okrajem, 0,1–1,1 mm široké. Při okraji plodnice je světlejší pás excipula obsahující kyjovité vrcholové buňky nebo přehrádkované hyfy. Subikulum pozorováno v malém množství u položek PRM 151676 a 818809, subikulární hyfy hnědé, 2–3,3 μm široké. Vřečka (26–)30–48 \times 3,9–5,5 μm , vznikající hákováním (u položek s KOH-negativní reakcí také pravděpodobně hákováním podle vzhledu jejich bází), pór MLZ+. Askospory (6,0–)6,5–10,7 \times (1,6–)1,8–2,3 μm (l/w 3,5–5,6), obvykle s drobnými tělisky. Parafyzy nitřovité, šířka (1,7–)2,2–3,3(–3,6) μm .

Studované položky (informace zda je materiál s nebo bez zaznamenané KOH reakce viz Tab. 1): Česká republika: Brdské hřeben, v údolí Moklického potoka u Řevnic, na čišce *F. silvatica*, 9. V. 1971 leg. M. Svrček (PRM 926597, jako *Mollisia*, spolu s druhem *Lachnum cf. virgineum*). – Jevany, na číškách *F. silvatica*, 7. VII. 1941 leg. J. Velenovský (PRM 151676, jako *Mollisia faginea*, holotyp). – Nevězice u Čimelic, v lesní rokli pod myslivnou Svatý Jan, na spadáných číškách *F. silvatica*, 1. VIII. 1973 leg. M. Svrček (PRM 734766, jako *Mollisia*). – Vraž u Písku, Čížovské poleší, lesní rezervace Hrby, na číškách *F. silvatica*, 4. IX. 1972 leg. M. Svrček (PRM 926602, jako *Mollisia*). – Vraž u Písku, Čížovské poleší, vrch Čertova hora, na číškách *F. silvatica*, 3. IX. 1972 leg. M. Svrček (PRM 926608, jako *Mollisia*, spolu s druhem *M. cinerea* agg.). – Šumava, Zátoň u Horní Vltavice, Boubínský prales, na čišce *F. silvatica*, 27. V. 1978 leg. M. Svrček et J. Kubička (PRM 818809, jako *Mollisia*). – V lesích Markétský revír u Lásenice, v místě zvaném Fabiánek, na číškách *F. silvatica*, 26. V. 1967 leg. M. Svrček et J. Kubička (PRM 926765, jako *Mollisia*). – Novohradské hory, Lužnický vrch (903 m n. m.) nad vesnicí Lužnice u Pohorské Vsi, na čišce *F. silvatica*, 30. VII. 1961 leg. M. Svrček (PRM 802060, jako *Mollisia*). – Slovensko: Malá Fatra, hora Fatranský [Malý] Kriváň (1669 m n. m.), místo Meškalka, na číškách *F. silvatica*, 28. VI. – 2. VII. 1947 leg. M. Svrček (PRM 926661, jako *Mollisia*, spolu s druhem *M. cf. fusca*).

Poznámky: Jedná se o druh se žlutou reakcí v KOH, který byl při studiu na číškách buku opakovaně zaznamenan a který se liší od druhu *M. fusca* kratšími vřečky a askosporami. Podle údajů o barvě plodnic zaznamenaných v terénu M. Svrčkem, které se vyskytují u větší části položek a já je nyní opakuji jen u položek, které neobsahovaly víc druhů, se jednalo o plodnice velmi malé a tmavě šedé (1 \times), modrošedé (3 \times) a bělavé (1 \times , na bezkoré, 1,5 cm tlusté větvi buku, PRM 620338). Studované sběry pochází z období od května do září. Exmpláře, které nevykazovaly žlutou reakci v KOH (viz Tab. 1, Obr. 6), jsem se po důkladném porovnání mikroskopů rozhodla považovat za identické, tedy patřící pod *Mollisia* sp. Druh *Mollisia*

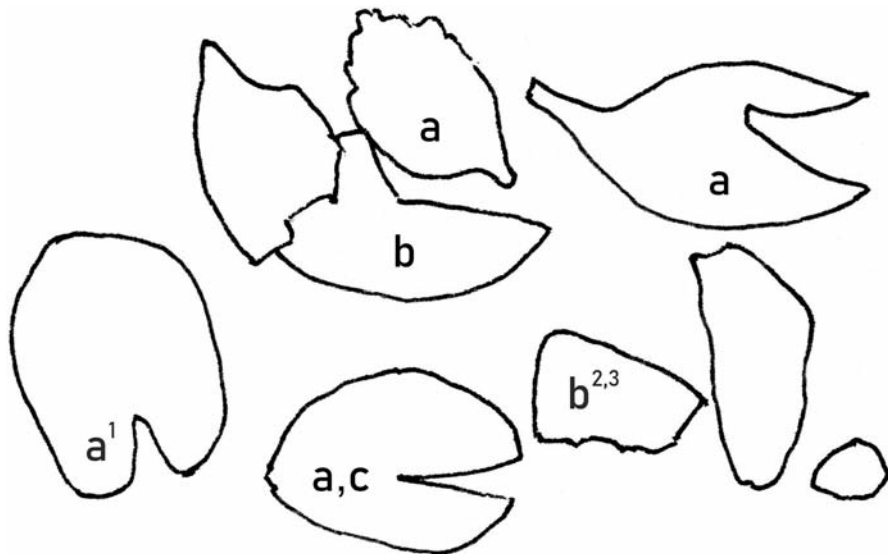


Obr. 5. *Mollisia* sp. (s KOH reakcí): a, d, f-i: suché plodnice; b, q: excipulum v okrajové a v boční části plodnice; c, e: povrch excipula; j-l: věcka; m-p, r: parafýzy; s-x: askospory. Médium: b-c, e, j-x: 3% KOH. Měřítka: 1 mm: a, d, f-i; 10 µm: b-c, e, j-x. Holotyp druhu *M. faginea* (PRM 151676): a, l-n, s.



Obr. 6. *Mollisia* sp. (bez KOH reakce): a, f, k: suché plodnice; b–e: askospory; g: ?hyfa subikula; h–j, l–m: parafýzy a vrchol vřecka; n–o: povrch excipula. Médium: b–e, g–j, l–o: 3% KOH. Měřítka: 1 mm: a, f, k; 10 µm: b–e, g–j, l–o. Holotyp druhu *M. faginea* (PRM 151676): b–o.

albogrisea Gminder, I. Wagner, F. Prell & Baral podle popisu v práci Grünig et al. (2009, pod jménem *Phaeomollisia piceae* Sieber & Grünig) by mohl být identický, v literatuře jsem však zatím žádný údaj o jeho výskytu na číškách buku nenalezla.



Obr. 7. Zaznamenaná přítomnost mollisioidních plodnic na úlomcích číšek v typové položce druhu *Mollisia faginea* (PRM 151676): a: plodnice velkých rozměrů bez viditelného subikula; b: plodnice malých rozměrů bez viditelného subikula; c: plodnice v místě s viditelným subikulem. Číslice 1, 2, 3 označují jednotlivá pozorování v tabulce 1 označená jako 151676 (a), (b), (c) v tomto pořadí.

Při revizi typové položky druhu *M. faginea* Velen. (PRM 151676) během této studie byl druh *Mollisia* sp. v položce nalezen. Schéma materiálu přítomného v položce je na obr. 7. To, co popisuje z typové položky druhu *M. faginea* Gminder (2012) je podle mého názoru jiný druh *Mollisia*, který není totožný s *Mollisia* sp. Gminder (2012) uvádí, že nestudoval všechny části typové položky *M. faginea* a materiál, který popisuje, má subikulární hyfy o šířce (4,5–)5–7 μm , vřecha o délce 50–58 μm a askospory 7–12 \times 1,8–2,5 μm . V položce opravdu je místo s plodnicemi na subikulu (viz obr. 7), které jsem v rámci této práce nestudovala, pouze jsem zkontrolovala charakter subikulárních hyf, které odpovídají rodu *Mollisia* a jejich šířka naměřená v KOH je 3,9–5,5 μm . Jím studovaný materiál, jak sám uvádí, je patrně blízký druhu *M. fusca*. Vzhledem k přítomnosti dvou druhů v typové položce by bylo nutné předtím, než by se jméno používalo, ustanovit, který materiál bude lektotypem jména. Zdá se mi, že protologu druhu *M. faginea* lépe odpovídá druh *Mollisia* sp. a také je v položce zastoupen poměrně hodně. Ohledně rozměrů udávaných Velenovským (1934, 1940, 1947) je problematika složitá. Z revize jednotlivých

položek rodu *Orbilina* Fr. a blízkých rodů v díle Baral et al. (2020) vyplývá, že rozměry v mikrometrech udané Velenovským jsou menší než rozměry v KOH. Při porovnání rozměrů u položek rodu *Mollisia* s. l. revidovaných Gminderem (2006, 2012) je poměr menších, srovnatelných a větších rozměrů udávaných Velenovským zhruba 9/4/9 u rozměrů věceček a 2/1/1 u rozměrů askospor. Nedá se tedy říci, že rozměry udané Velenovským jsou vždy menší než rozměry naměřené v KOH.

Pyrenopeziza cf. *caespiticia* (P. Karst.) Gremmen

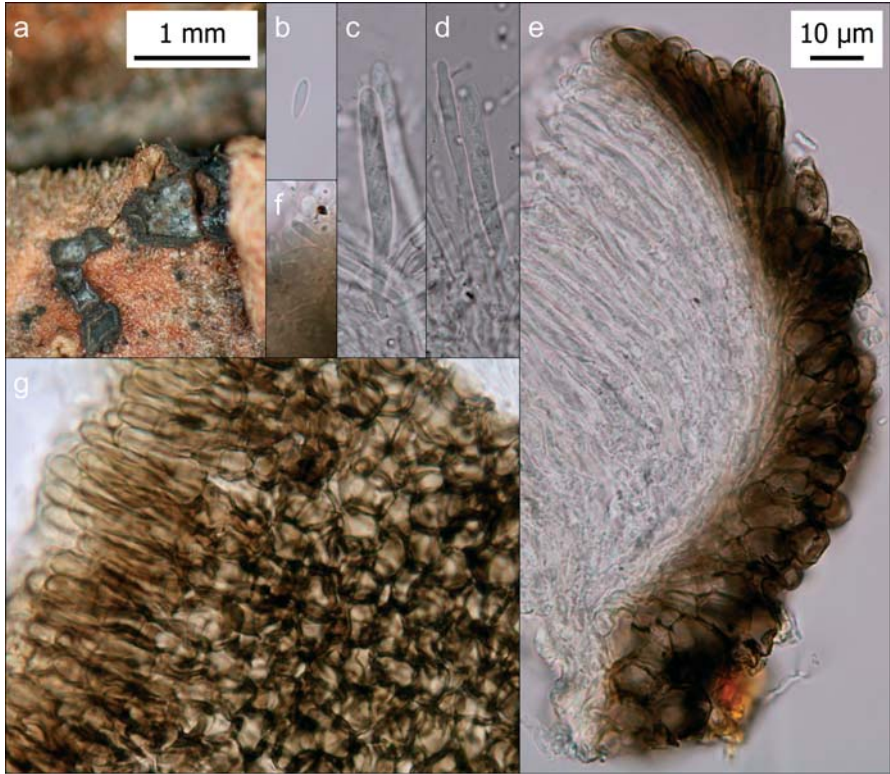
Obr. 8.

Plodnice za sucha s tmavě hnědým vnějším povrchem, 0,3–0,75 mm široké. Subikulum nepozorováno. Marginální hyfy při okraji plodnice 21–27 μm dlouhé, hnědé, s 1–2(–3?) přehrádkami. Vřečka 37–47 \times 4,2–5,1 μm , vznikající hákováním, pór MLZ–, KOH/MLZ–. Askospory 7,6–8,3 \times 1,9–2,3 μm (l/w 3,5–4,2), s 1 až maximálně 5 drobnými tělísky. Parafýzy nitřovité, šířka 2,8 μm .

Studované položky: Slovensko: Nízké Poloniny, Nová Sedlica, hora Príkry (952 m n. m.), na čišce *F. silvatica*, 30. V. 1972 leg. M. Svrček (PRM 802315, jako *Mollisia*, spolu s druhy *Brunnipila fuscescens*, *Capitotricha* cf. *bicolor* a *Lachnum* cf. *virginium*).

Poznámky: Podle údaje o barvě plodnic v terénu, který je v položce dostupný, byly plodnice tmavě šedé. Podle určovacích klíčů připadaly v úvahu dva druhy, *M. ligni* (Desm.) P. Karst. a *P. caespiticia*. Rozlišovací znaky, které by s použitím všech určovacích pomůcek uvedených v metodice připadaly v úvahu jsou délka a charakter chlupů a velikost askospor, ale i ty mi podle fotografií a údajů sdílených H.-O. Baralem nepříjdou jednoznačné, stejně jako barva plodnic a barva chlupů. Taktéž pospolitě uspořádání plodnic se pravděpodobně může vyskytnout u obou druhů. Wagner (2022) uvádí, že druh *M. ligni* je odolný vůči suchu. Podle údajů v použitých určovacích klíčích jsou askospory druhu *P. caespiticia* užší než askospory druhu *M. ligni* (šířka rámcově pod 1,8 μm vs. nad 2 μm , podle klíče Barala pod 2,3 vs. nad 2,3 μm). V případě mnou naměřené šířky v KOH bych ale s jistotou nedokázala o určení rozhodnout a zabránila mi v tom i další skutečnost uvedená níže. K určení jako *P. caespiticia* jsem se přiklonila při srovnání s další položkou (*M. ligni*, PRM 620338, na dřevě buku), u které byly dobře a snadno pozorovatelné hnědé chlupy s délkou větší než 30 μm , sice též maximálně s 2 přehrádkami (pokud se buňka pod tím už nepovažuje za chlup), ale vyrůstající obvykle z kulovité nebo širší buňky excipula, nikoliv tedy z postupně se rozšiřující hyfy jako u materiálu PRM 802315. Ostatní znaky zjištěné u této položky nebyly příliš odlišné (plodnice 0,45–0,75 mm široké, rostoucí jednotlivě, podle údaje z terénu tmavě šedé, věcka 36–46 \times 3,6–4,8 μm , šířka parafýz 3 μm , askospory 5,8–7,7 \times 1,7 μm , l/w 3,4–4,5).

Materiál byl tedy určen pouze na základě chlupů, přičemž není jasné, zda by odlišení obstálo i u většího množství položek.



Obr. 8. *Pyrenopeziza cf. caespiticia* (PRM 802315): a: suché plodnice; b, f: askospory; c: vřecko; d: parafýza; e: excipulum; g: povrch excipula. Médium: b–d, f–g: 3% KOH; e: voda. Měřítka: 1 mm: a; 10 µm: b–g.

Tab. 1. Přehled rozměrů zjištěných u druhů s více studovanými položkami nebo plodnicemi. Písmena a, b, c označují jednotlivá pozorování, nikoliv oddělené části herbariových položek.

Druh rodu <i>Mollisia</i>	Číslo PRM	Šířka plodnic (μm)	Délka vřecek (μm)	Šířka parafýz (μm)	Délka askospor (μm)	Šířka askospor (μm)	Poměr délky askospor k šířce
<i>cf. fusca</i>	926661 (a)	480–520	52–63	2,9–3,6	8,8–11,4	2,4–2,6	3,7–4,6
<i>cf. fusca</i>	926661 (b)	340–860	55–69	2,6–3,0	10,5–12,3	2,4–2,7	4,0–4,6
<i>cf. fusca</i>	926661 (c)	330–550	51–60	2,4–3,1	9,2–11,4	2,4–2,6	3,8–4,4
<i>cf. melaleuca</i>	153123	420–1200	63–78	2,6–3,2	8,6–13,4	2,4–2,5	3,4–5,6
<i>cf. melaleuca</i>	712745	370–1000	45–54	2,9–3,2	7,7–8,8	2,0–3,1	2,7–4,4
<i>cf. melaleuca</i>	712747	630–660	36–61	2,7–3,1	8,6–11,0	2,2–2,5	3,9–4,7
sp.*	151676 (a)	180–1100	30–39	2,7–3,3	8,2–10,2	1,9–2,2	4,3–4,9
sp.**	151676 (b)	130–220	34–45	2,3–2,7	7,3–10,7	1,8–2,1	3,7–5,6
sp.**	151676 (c)	190–350	33–48	2,5–3,6	7,3–9,5	1,8–2,1	3,7–4,5
sp.	734766	420	36–41	2,5–2,7	6,0–9,0	1,6–1,9	3,7–5,1
sp.	802060 (a)	180–780	30–47	2,4–2,6	6,7–10,1	1,8–2,2	3,5–5,4
sp.*	802060 (b)	310–490	26–41	2,2–2,5	8,1–9,1	1,8–2,2	3,7–4,6
sp.	802060 (c)	200–500	34–44	2,3–2,5	7,8–9,7	1,8–2,1	3,7–5,2
sp.	818809	280–400	40–45	2,3–2,4	8,3–10,0	2,1–2,3	4,0–4,5
sp.	926602	450–570	32–41	2,6–3,0	–	–	–
sp.	926608 (a)	210–360	31–39	2,2–2,4	6,5–9,0	1,9–2,2	3,6–4,5
sp.**	926608 (b)	190–450	37–46	1,7–2,9	7,8–10,6	1,8–2,1	4,3–5,3
sp.	926597	160–400	35–40	2,5–3,3	7,7–9,1	2,0–2,2	3,8–4,4
sp.	926661	180–370	38–43	1,9–2,6	6,7–8,3	1,8–2,0	3,5–4,3
sp.	926765	110–410	37–43	2,2–3,3	7,5–9,0	2,0–2,3	3,8–4,5

* plodnice za sucha s lesklým a ne matným vnějším povrchem, možná byl stav před usušením jiný než u ostatních plodnic, v obou případech šlo o plodnici rostoucí na vnitřním povrchu čišky buku (obr. 5a, 5h)

** materiál, který při studiu v KOH nevykazoval žlutou reakci

Poděkování

Děkuji recenzentům práce za pozorné přečtení a připomínky. Práce probíhala za finanční podpory Ministerstva kultury v rámci institucionálního financování dlouhodobého koncepčního rozvoje výzkumné organizace Národní muzeum (DKRVO 20192023/3.I.d, 00023272).

Literatura

- Baral H.-O., Marson G. (2005): In vivo veritas. Ed. 3. Over 10000 images of fungi and plants (microscopical drawings, water colour plates, photo macro- & micrographs), with materials on vital taxonomy and xerotolerance. – DVD distribuované autory.
- Baral H.-O., Weber E., Marson G. (2020): Monograph of *Orbiliomycetes* (Ascomycota) based on vital taxonomy. Vol. 1, 2. – National Museum of Natural History Luxembourg, Luxembourg.
- Breitenbach J., Kränzlin F. (1984): Fungi of Switzerland. A contribution to the knowledge of the fungal flora of Switzerland. Vol. 1. Ascomycetes. – Verlag Mykologia, Luzern.
- Dennis R. W. G. (1956): A revision of the British *Helotiaceae* in the herbarium of the Royal Botanic Gardens, Kew, with notes on related European species. – Mycological Papers 62: 1–216.
- Dennis R. W. G. (1981): British Ascomycetes. Revised edition. – J. Kramer in A. R. Gantner Verlag K. G., Vaduz.
- Ellis M. B., Ellis J. P. (1997): Microfungi on land plants. An identification handbook. New enlarged edition. – The Richmond publishing company Ltd., Slough.
- Gminder A. (1996): Studien in der Gattung *Mollisia* s.l. I. – Zeitschrift für Mykologie 62(2): 181–194.
- Gminder A. (2006): Studies in the genus *Mollisia* s. l. II: Revision of some species of *Mollisia* and *Tapesia* described by J. Velenovský (part 1). – Czech Mycology 58(1–2): 125–148.
- Gminder A. (2008): Provisional key for the genus *Mollisia* s. l., vers. 2008. – http://www.ascofrance.com/uploads/forum_file/1-KEY-0001.DOC
- Gminder A. (2012): Studies in the genus *Mollisia* s. l. III: Revision of some species of *Mollisia* and *Tapesia* described by J. Velenovský (part 2). – Czech Mycology 64(2): 105–126.
- Grüning C. R., Queloz V., Duò A., Sieber T. N. (2009): Phylogeny of *Phaeomollisia piceae* gen. sp. nov.: a dark, septate, conifer-needle endophyte and its relationships to *Phialocephala* and *Acephala*. – Mycological Research 113(2): 207–221.
- Höhnelt, von F. (1918): Fragmente zur Mykologie (XXI. Mitteilung, Nr. 1058 bis 1091). – Sitzungsberichte, Akademie der Wissenschaften in Wien. Mathematisch-naturwissenschaftliche Klasse, Abteilung 1, 127: 329–393.
- Karsten P. A. (1871): Mycologia Fennica. Pars prima. Discomycetes. – Bidrag till kännedom af Finlands Natur och Folk 19: I–VIII, 1–264.

- Nauta M. M., Spooner B. (1999): British *Dermateaceae*: 4A. *Dermateoideae*. – Mycologist 13(4): 146–148.
- Oudemans C. A. J. A. (1920): Enumeratio systematica fungorum. Vol. 2. Divisio XIII: subdivisio II Angiospermae, classis Dicotyledoneae. Subclassis: Archichlamydeae. Series: Salicales – series Centrospermae: subser. Portulacineae. – Typis Hoitsema fratrum, Groningae.
- Persoon C. H. (1800): Icones et descriptiones fungorum minus cognitorum. Vol. 2. – Bibliopolii Breitkopf-Haerteliani impensis, Lipsiae.
- Rehm H. (1891): Hysteriaceen und Discomyceten. Lf. 36. – In: Rabenhorst L., Kryptogamen-Flora von Deutschland, Oesterreich und der Schweiz, Ed. 2, 1/3: 529–608. – Verlag von Eduard Kummer, Leipzig.
- Tanney J. B., Seifert K. A. (2020): *Mollisiaceae*. An overlooked lineage of diverse endophytes. – Studies in Mycology 95: 293–380.
- Velenovský J. (1934): Monographia Discomycetum Bohemiae. Vol. 1, 2. – V. Neubert fil., Praha.
- Velenovský J. (1940) „1939“: Novitates mycologicae. – Typis V. & A. Janata, Nový Bydžov.
- Velenovský J. (1947): Novitates mycologicae novissimae. – Opera Botanica Čechica 4: 1–158, 2 tab.
- Wagner I. (2022): ASCO-SONNEBERG Mollisia-Key. Last changed: 16/07/2022 at 21:04. – <https://asco-sonneberg.de/pages/posts/mollisia-key22.php>

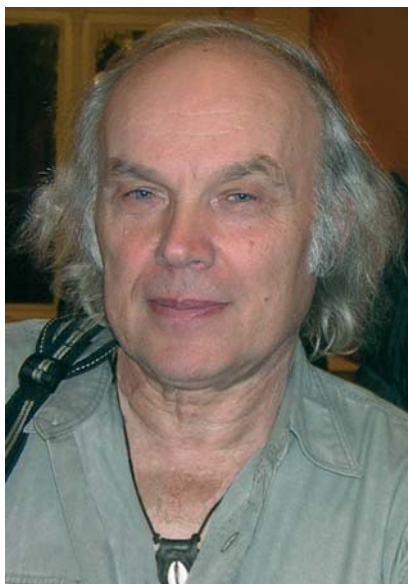
OSOBNÍ

JIŘÍ MORAVEC OSMDESÁTNÍKEM

JIŘÍ MORAVEC OCTOGENARIAN

Vladimír Antonín

Moravské zemské muzeum, botanické odd., Zelný trh 6, 659 37 Brno; vantonin@mzm.cz



Dne 29. října 2022 se dožil osmdesátky pan Jiří Moravec. Jiří je výraznou osobností naší vědy, protože jako amatérský badatel dosáhl světové proslulosti ve dvou vědních oblastech – v mykologii a entomologii. Narodil se 29. října 1942 v Mladé Boleslavi a v roce 1971 se přestěhoval do Adamova, kde pracoval až do odchodu do důchodu jako frézař v průmyslovém podniku AĐAST; v Adamově žije do současnosti. Znalosti v mykologické a entomologické taxonomii získal samostudiem, a výtečnou angličtinu si osvojil po složení úplné státní zkoušky na Jazykové škole v Brně v r. 1980. Studovat na vysoké škole nebylo Jiřímu za minulého režimu

umožněno, protože byl syn živnostníka a později se aktivně angažoval pro ideály „Pražského jara“. Angličtinu a částečně latinu i francouzštinu bohatě využívá nejen při své odborné práci, ale i při cestování téměř po celém světě.

Mykologii se začal věnovat přibližně od roku 1962. Záhy se stal členem Československé vědecké společnosti pro mykologii při ČSAV a Československé společnosti entomologické při ČSAV, přechodně byl členem i zahraničních mykologických společností, a spolupracoval s více než dvaceti kolegy v zahraničí (viz Antonín 1998).

Brzy zaměřil svůj zájem na operkulátní diskomycety, při jejichž studiu mu zpočátku byli výbornými učiteli zejména dr. Mirko Svrček, CSc. a korespondenčně prof. Richard P. Korf (Ithaca, USA). Z Mladé Boleslavi Jiří dojížděl za dr. Svrčkem do Prahy, a jak rád zmiňoval, za dost kuriózní situace – tyto návštěvy musel často uskutečnit se svým psem Brixem, pokud ho nemohl celý den ponechat samotného. Pracovna dr. Svrčka byla tehdy v kopuli budovy Národního muzea, kam se dalo dostat jen služebním výtahem. Je nejen úsměvné, ale dnes až neuvěřitelné, že zřejmě pro impozantní vzhled a skvělé chování jeho německé dogy recepční muzea vždy Jiřímu povolili návštěvy spolu se psem. Dr. Svrček Jiřího navštívil později i v Adamově a v té době společně popsali několik pro vědu nových druhů, z nichž *Jafneadelphus olivaceofuscus* Svrček & J. Moravec [v současnosti *Aleurina olivaceofusca* (Svrček & J. Moravec) W. Y. Zhuang & Korf; Zhuang et Korf (1986)] stojí za připomenutí pro svůj jedinečný nález a překvapivý výskyt (Ševčíková et al. 2021).

Záhy po přestěhování do Adamova se Jiří zapojil do činnosti brněnské pobočky mykologické společnosti a seznámil se s kolegy v okolí svého nového působiště, jmenovitě s vedoucím houbařské poradny Moravského zemského muzea ing. Karlem Křížem, ale i s paní Květoslavou Koncerovou a všestranně zkušeným mykologem Aloisem Vágnerem, kteří mu i dodávali jimi nasbírané diskomycety ke studiu. V první polovině 70. let jsem také Jiřího poznal já coby gymnaziální student. S Aloisem pak navštěvoval různé lokality v okolí Brna. Stejně tak jako při jeho původním působení ve středních Čechách bylo i zde objeveno mnoho zajímavých i pro vědu nových druhů. Ve skupině operkulátních diskomycetů se Jiří brzy vypracoval na uznávaného světového specialistu. Jeho studie byly, kromě typového materiálu, založeny většinou na vlastních sběrech, které z velké části získával při svých četných cestách, včetně těch do subtropických a tropických oblastí (Sumatra, Nepál a několikrát východní Afrika a Madagaskar), ale i na Nový Zéland; z většiny navštívených zemí, i z úspěšného výstupu na nejvyšší horu Afriky Kilimandžáro, popsal pro vědu nové druhy. Jeho práce jsou známy naprostou precizností textu a dokonalými kresbami mikroskopických znaků ve světelném mikroskopu, u druhů s ornamentovanými výtrusy byly součástí jeho prací i fotografie z rastrovacího elektronového mikroskopu (SEM).

Během své mykologické dráhy se Jiří účastnil celostátních mykologických konferencí a jiných setkání a exkurzí, včetně akcí s kolegy a přáteli ze Slovenska. Na pozvání mykologů z univerzity v Taiuanu navštívil i Čínu. V r. 1983 se aktivně (přednášky a poster) zúčastnil mezinárodního kongresu mykologů (IMC3) v Japonsku, včetně posjezdových exkurzí (Sanshi Imai Discomycete Workshop and Foray) i dvou kongresů Evropských mykologů – v Tallinu (1989) a Regensburgu (1990).

Jiří uveřejnil celkem 79 odborných mykologických článků (některé se spoluautory) s popisem 56 nových taxonů v různých časopisech (Česká mykologie / později Czech Mycology, Mycotaxon, Mycologia Helvetica, Transactions of the British Mycological Society, Kew Bulletin, Agarica, Nordic Journal of Botany), z nichž zde připomínám zejména monografické taxonomické revize několika dalších rodů: *Aleuria* Boud., *Melastiza* Boud., *Marcelleina* Brumm., Korf & Rifai a *Sowerbyella* Nannf. Jeden rod, *Moravecchia* Benkert, Caillet & Moyne a dva druhy, *Peziza moravecii* Svrček a *Octospora moravecii* Khare, byly pojmenovány na jeho počest.

Jeho mykologické aktivity a kompletní bibliografie do roku 1997 byly shrnuty v článku k jeho pětapadesátinám (Antonín 1998).

Od té doby uveřejnil Jiří následující odborné mykologické publikace (uspořádáno chronologicky):

- Antonín V., Moravec J. (2001): Some notes on the remarkable variability of *Ascobolus scati-genus* (*Discomycetes*, *Pezizales*). – Czech Mycology 52(4): 295–298.
- Moravec J. (2003): Taxonomic revision of the genus *Cheilymenia* – 7. A reassessment of the sections *Paracheilymeniae* and *Raripilosae*. – Czech Mycology 54(3–4): 113–133.
- Moravec J. (2003): Taxonomic revision of the genus *Cheilymenia* – 8. The section *Micropilosae*. – Czech Mycology 54(3–4): 135–143.
- Moravec J. (2003): A taxonomic revision of the genus *Cheilymenia* Boud. – 9. The sections *Villosae* and *Obtusipilosae*, and a revision of the genus *Pseudoaleuria* Lusk (*Pezizales*, *Pyronemataceae*). – Acta Musei Moraviae, Scientiae biologicae, 88: 37–73.
- Moravec J. (2003): Taxonomic revision of the genus *Cheilymenia* – 10. *Cheilymenia apiculisporea* spec. nov., a new species of the section *Coprobia*. – Czech Mycology 55(3–4): 215–222.
- Moravec J. (2005): A world monograph of the genus *Cheilymenia* (*Discomycetes*, *Pezizales*, *Pyronemataceae*). – Libri Botanici 21: 1–256.
- Antonín V., Moravec J. (2010): *Jafnea semitosta* (*Ascomycota*, *Pyronemataceae*), first collection in the Czech Republic. – Czech Mycology 62(1): 1–11.

Další publikace J. Moravce

- Antonín V., Dvořák D., Moravec J. & Ševčíková H. (2020): Za Aloisem Vágnerem (26. 6. 1939 – 23. 8. 2020). – Mykologické Listy no. 147: 87–90.

Ševčíková H., Moravec J., Antonín V. (2021): Zajímavé makromycety Národní přírodní rezervace Býčí skála I. – Mykologický Sborník 97(4): 99–113.

Z těchto publikací bych chtěl vyzvednout především knižní světovou monografii rodu *Cheilymenia*, vydanou německým vydavatelstvím IHW-Verlag v Echingu (Moravec 2005), na jejíž kompletaci Jiří obdržel grant od GAČR. Tato monografie je vynikajícím a velice detailním zpracováním tohoto obtížného rodu, včetně unikátních SEM fotografií ornamentiky askospor ke každému z 38 druhů, a patří mezi základní literaturu všech mykologů, kteří se této skupině hub věnují.

Od devadesátých let se Jiřího hlavní vědecký zájem přesunul k entomologii. Jeho specializací jsou celosvětově svižníkovití brouci (*Cicindelidae*). I v této skupině patří mezi známé a uznávané odborníky, zejména pro kompletní revize a precizní prezentace typového materiálu každého taxonu i prezentace variability u jednotlivých druhů. V entomologii uveřejnil doposud 71 taxonomických publikací; z nich tři jsou knižní monografie svižníkovitých brouků z Madagaskaru a dvě objemné knižní revize svižníků z neotropické oblasti. Entomologické aktivity Jiřího Moravce, včetně jeho publikací, jsou shrnuty v článku k jeho současnému výročí v odborném entomologickém časopise Klapalekiana (Vybíral 2023).

Zbývá ještě dodat, že Jiří je podruhé ženatý, od r. 1996 s ing. arch. Hanou Hałasovou. Z prvního manželství má dceru Pavlínou, dvě vnučky a dvě pravnoučata. Těžce ho postihla ztráta jeho syna Kamila, který zahynul při autonehodě ve svých třiceti letech.

Jirko, do dalších let Ti přejeme dobré zdraví a aby Ti vydržela energie při tvých vědeckých aktivitách, kterou doposud stále oplýváš.

Literatura

- Antonín V. (1998): Jiří Moravec fifty-five years old. – Czech Mycology 50(3): 241–244.
- Ševčíková H., Moravec J., Antonín V. (2021): Zajímavé makromycety Národní přírodní rezervace Býčí skála I. – Mykologický Sborník 97(4): 99–113.
- Vybíral J. (2023): Jiří Moravec osmdesátníkem! – Klapalekiana (submitováno).
- Zhuang W.-Y., Korf R. P. (1986): A monograph of the genus *Aleurina* Masec (= *Jafneadelphus* Rířai). – Mycotaxon 26: 361–400.

ZPRÁVY Z AKCÍ

KONFERENCE MICROMYCO 2022

MICROMYCO CONGRESS

Alena Nováková (ed.)

Laboratoř genetiky a metabolismu hub, Mikrobiologický ústav AV ČR, v. v. i.,
Václavská 1083, 142 20 Praha 4 – Krč; ANmicrofungi@seznam.cz



Ve dnech 26.–27. 9. 2022 se v areálu AV ČR v Praze-Krči konal již 9. ročník mezinárodní konference MICROMYCO (8. ročník v roce 2020 se kvůli pandemii způsobené onemocněním covid-19 nakonec nekonal). Konference se uskutečnila pod hlavičkou Sekce pro studium mikroskopických hub ČVSM a Mikrobiologického ústavu AV ČR, v. v. i. a zúčastnilo se jí 33 účastníků z původně 37 přihlášených (28 účastníků z České republiky, 4 ze Slovenska a 1 účastník z Rakouska). Mezi účastníky byli specialisté z různých institucí, ale také studenti vysokých škol i doktorandského studia. Během konference bylo prezentováno 27 příspěvků, 20 přednášek a 7 posterů. Nejvíce prezentací bylo věnováno fytopatologii, několik prezentací bylo zaměřeno na lékařskou mykologii, rozšíření mikroskopických hub v extrémních podmínkách (Antarktida, podzemí), sekundární metabolity mikroskopických hub, taxonomii a molekulární metodiky, ale také na využití obrazové analýzy a umělé inteligence při výzkumu mikrobiálních kultur. Neméně zajímavé byly prezentace o úskalí autentizace starých jmen mikroskopických hub a o databázi GlobalFungi. Během posterové sekce představili autoři vystavené postery krátkou ústní prezentací a odpovídali na dotazy ostatních účastníků konference. Bohaté diskuse probíhaly nejen k posterům, ale i k předneseným přednáškám, a pokračovaly během přestávek na občerstvení a polední pauzy i během společné večeře v restauraci „Na tý louce zelený“. Na závěr konference byla promítnuta prezentace s přehledem dosud uspořádaných workshopů/konferencí MICROMYCO, ve které byly uvedeny údaje o jednotlivých ročnících včetně bohaté fotodokumentace.

Místo konání	České Budějovice				Praha-Krč				
	2007	2008	2010	2012	2014	2016	2018	2020	2022
účastníci	37	24	35	27	49	35	36	–	33
přednášky	17	19	20	17	13	18	22	–	21
postery	5	4	15	13	19	8	5	–	7

Abstrakty prednášiek a posterů prezentovaných na konferenci MICRO-MYCO 2022 (podtržené je uveden prezentujúci autor):**AFLATOXINOGÉNNE MIKROMYCÉTY –
POTENCIÁLNY PROBLÉM SLOVENSKÝCH RASTLINNÝCH KOMODÍT?**

Zuzana Barboráková¹, Silvia Jakobová², Dana Tančinová¹,
Zuzana Mašková¹, Viktória Uzsáková¹, Monika Mrvová¹, Jana Maková¹

¹ Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, Fakulta biotechnológie a potravinárstva,
Ústav biotechnológie, Tr. A. Hlinku 2, 949 76 Nitra, Slovensko;
zuzana.barborakova@uniag.sk

² Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, Fakulta biotechnológie a potravinárstva,
Ústav potravinárstva, Tr. A. Hlinku 2, 949 76 Nitra, Slovensko

Aflatoxíny (AF) predstavujú významný problém v oblasti bezpečnosti potravín a krmív. Medzinárodnou agentúrou pre výskum rakoviny sú klasifikované ako ľudské karcinogény – skupina 1. Hlavnými producentami AF sú druhy rodu *Aspergillus*, podrod *Circumdati*, sekcia *Flavi*. V období 2018–2021 sme sledovali výskyt aspergilov zo sekcie *Flavi* v rastlinných komoditách slovenského pôvodu (31 vzoriek pšenice, 28 vz. jačmeňa, 21 vz. rajčiakov). Získané izoláty sme testovali tenkovrstvovou chromatografiou (TLC) *in vitro* na ich schopnosť produkovať AFB₁. Z analyzovaných vzoriek slovenských komodít (80) sme celkovo izolovali 79 izolátov aspergilov zo sekcie *Flavi*. Z uvedeného počtu izolátov testovaných v tejto štúdii malo schopnosť produkovať AFB₁ 9 izolátov (11,4 %). Pri troch vybraných produkčných izolátoch (izolát KMi608 z jačmeňa/Kolíňany/2018, KMi836 z jačmeňa/Oponice/2019, KMi1040 z rajčiakov/2021) sme kvantifikovali množstvo vyprodukovaných AF pomocou vysokoúčinnnej kvapalinovej chromatografie (HPLC) s fluorescenčným detektorom (FLD). Využili sme kultiváciu na tekutom médiu YES (médiu s kvasničným extraktom a sacharózou) na trepačkách pri 25 ± 1 °C, 30 ± 1 °C a laboratórnej teplote (LT, 21 ± 1 °C) počas siedmich dní, v troch opakovaníach. Všetky 3 testované izoláty produkovali v najväčších koncentráciách AFG₁ (57,92–168,54 µg.ml⁻¹), pričom najvyššiu koncentráciu AFG₁ produkoval izolát KMi836 pri LT. Najvyššiu produkciu AFB₁ mal izolát KMi608 (36,69 µg.ml⁻¹) pri 30 ± 1 °C. Tento izolát produkoval aj AFG₂ v najvyššej koncentrácii pri LT (9,99 µg.ml⁻¹). Najvyššiu koncentráciu AFB₂ (9,86 µg.ml⁻¹) produkoval taktiež izolát KMi836 počas kultivácie pri 25 ± 1 °C. Z našich výsledkov vyplýva, že aflatoxinogénne mikromycéty sú prítomné v domácich rastlinných komoditách, sú schopné produkovať AF a môžu predstavovať potenciálne riziko pre zdravie človeka na našom území.

Príspevok vznikol vďaka finančnej podpore projektov GA SPU 40/2019, VEGA/0517/21 a KEGA 022SPU–4/2021.

**AFLATOXIGENIC MICROMYCETES –
POTENTIAL PROBLEM OF SLOVAK PLANT COMMODITIES?**

Zuzana Barboráková¹, Silvia Jakobová², Dana Tančínová¹,
Zuzana Mašková¹, Viktória Uzáková¹, Monika Mrvová¹, Jana Maková¹

¹ Slovak University of Agriculture in Nitra, Faculty of Biotechnology and Food Sciences,
Institute of Biotechnology, Tr. A. Hlinku 2, 949 76 Nitra, Slovakia;
zuzana.barborakova@uniag.sk

² Slovak University of Agriculture, Faculty of Biotechnology and Food Sciences,
Institute of Food Sciences, Tr. A. Hlinku 2, 949 76 Nitra, Slovakia

Aflatoxins (AFs) are a significant problem in the field of food and feed safety. They are classified as Group 1 human carcinogens according to the International Agency for Research of Cancer (IARC). The main producers of AFs are species of the genus *Aspergillus* subgenus *Circumdati* section *Flavi*. In the period 2018–2021, the occurrence of *Aspergillus* section *Flavi* isolates in Slovak plant commodities (31 wheat, 28 barley and 21 tomato samples) was monitored. The obtained isolates of *Aspergillus* section *Flavi* were tested by means of thin-layer chromatography (TLC) for their ability to produce AFB₁ *in vitro*. A total of 79 *Aspergillus* section *Flavi* isolates were obtained from the 80 analysed samples. Of the isolates tested in this study, nine (11.4%) had the ability to produce AFB₁. For three selected productive isolates (KMi608 isolated from barley/Kolíňany/2018, KMi836 isolated from barley/Oponice/2019, and KMi1040 isolated from tomatoes/2021), the concentration of produced AFs by using HPLC–FLD (high-performance liquid chromatography with fluorescence detector) was quantified. We performed seven-day cultivation on YES (yeast extract sucrose) liquid medium on orbital shakers at 25 ± 1 °C, 30 ± 1 °C, and at laboratory temperature (LT, 21 ± 1 °C), in three replicates. All three tested *Aspergillus* section *Flavi* isolates produced the highest concentrations of AFG₁ (57.92–168.54 µg.ml⁻¹). The highest concentration of AFG₁ was produced in isolate KMi836 at LT. Isolate KMi608 synthesised the highest concentration of AFB₁ at 30 ± 1 °C (36.69 µg.ml⁻¹) and of AFG₂ at LT (9.99 µg.ml⁻¹). The highest concentration of AFB₂ was produced by isolate KMi836 (9.86 µg.ml⁻¹) at 25 ± 1 °C. Our results show that aflatoxigenic micromycetes are present in domestic plant commodities, are capable of AFs production, and can be a potential risk to human health in our region.

This work was supported by projects GA SPU 40/2019, VEGA/0517/21 and KEGA 022SPU–4/2021.

* * *

KUTÁNNÍ A SUBKUTÁNNÍ MUKORMYKÓZY**Radim Dobiáš^{1,2}, Valeria Skopelidou², Jan Strakoš²**

¹ Oddělení bakteriologie a mykologie, Národní referenční laboratoř pro mykologickou diagnostiku, Zdravotní ústav se sídlem v Ostravě, Česká republika; radim.dobias@zuova.cz

² Ústav laboratorní medicíny, Lékařská fakulta, Ostravská univerzita, Česká republika

Kutánní nebo subkutánní mukormykóza je třetím nejčastějším klinickým typem mukormykózy. Tkáňová invaze může postupovat rychle a často končí fatálně. Pro dosažení lepšího klinického výsledku je důležité stanovit diagnózu co nejdříve. Podle literatury se od roku 1958 do roku 2021 kutánní mukormykóza vyskytovala v 693 případech ve 46 zemích. Většina kazuistik pocházela ze Severní Ameriky (256 případů, 36,9 %) a Asie (216 případů, 31,2 %) společně s nejběžnějšími rizikovými faktory jako diabetes mellitus (20 %) a hematologické malignity (15,7 %). Velká část kutánní mukormykózy u pacientů bez základního onemocnění nastává po traumatech (54 %). Doporučená terapie antimykotiky se skládá zejména z kombinace amfotericinu B, a chirurgického zákroku. Tímto způsobem léčby se signifikantně snižuje mortalita (až na 29,6 %). Příkladem je infekce *Lichtheimia ramosa* u pacienta, který měl výrazné popáleniny 2. a 3. stupně na horních končetinách v důsledku elektrického šoku. Uvedený případ zdůrazňuje nutnost včasné identifikace, agresivní chirurgické a antimykotické léčby mukormykózy v této kategorii pacientů. Rovněž naznačuje, že monoterapie isavukonazolem by mohla být použita jako účinná možnost antimykotické léčby. Nezbytná je včasná diagnostika, eliminace postižené tkáně, predisponujících faktorů (pokud je to možné), rychlé zahájení antimykotické léčby a úprava celkového stavu pacienta včetně kontroly infekce. Diagnostický biomarker pro časná stádia invazivní mukormykózy však stále chybí. Jedním z nadějných, ale nespecifických proteinů akutní fáze by mohl být lidský pentraxin-3 (Ptx3). Podle našich dat ze studie vzorků bronchoalveolární laváže (BAL) skupiny 22 pacientů s prokázanou nebo pravděpodobnou plicní aspergilózou (IPA) a invazivní plicní mukormykózou (IPM), která byla porovnána s kontrolní kohortou neinvazivních mykotických onemocnění, u 67 pacientů vykazoval medián koncentrace pentraxinu 3 v případě invazivní infekce vysokou hodnotu (4 326 pg/ml). Samotný test Ptx3 má potenciál odlišit IPA od chronických stádií aspergilózy a invazivních mykotických infekcí včetně IPM od kolonizace.

Za finanční podpory Grantové agentury České Republiky (projekt číslo 21–17044S) a Interní grantové agentury Ostravské univerzity (projekt číslo SGS01–2021).

CUTANEOUS AND SUBCUTANEOUS MUCORMYCOSIS**Radim Dobiáš^{1,2}, Valeria Skopelidou², Jan Strakoš²**

¹ Department of Bacteriology and Mycology, National Reference Laboratory for Mycological Diagnostics, Public Health Institute in Ostrava, Czech Republic; radim.dobias@zuova.cz

² Institute of Laboratory Medicine, Faculty of Medicine, University of Ostrava,
Czech Republic

Cutaneous or subcutaneous mucormycosis is the third most common clinical type of mucormycosis. Tissue invasion can progress rapidly and be often fatal. It is important to make the diagnosis as early as possible in order to achieve a favourable outcome. According to the literature, cutaneous mucormycosis was reported in 693 cases in 46 countries from 1958 until 2021. Most case reports were from North America (256 cases, 36.9%) and Asia (216 cases, 31.2%) with the most common risk factors being diabetes mellitus (20%) and hematological malignancies (15.7%). However, a large proportion of cutaneous mucormycosis in patients without underlying conditions was trauma (54%). The guided treatment was performed with antifungals, mainly amphotericin B, and/or surgery. Mortality was significantly lower when both antifungals and surgery were applied (29.6%). A case of *Lichtheimia ramosa* infection in a patient who had significant second and third-degree burns on the upper limbs as a result of electric shock was presented. The mentioned case highlights the necessity of early identification, aggressive surgical and antifungal treatment of mucormycosis in this category of patients. It also suggests that isavuconazole monotherapy may be used as an effective antifungal treatment. Early diagnosis, surgical debridement of the affected tissue, elimination of predisposing factors (if possible), prompt initiation of antifungal treatment, and adjustment of the patient's general condition, including infection control, are all necessary. However, a diagnostic biomarker for early stages of invasive mucormycosis is still missing. One of the hopeful but non-specific acute phase proteins could be human Pentraxin 3 (Ptx3). According to our data, broncho-alveolar lavage fluid (BALF) samples from 22 patients with proven or probable pulmonary aspergillosis (IPA) and invasive pulmonary mucormycosis (IPM) compared to a control non-invasive fungal disease cohort of 67 patients showed a high median of Pentraxin 3 concentrations in the case of invasion (4,326 pg/ml). The Ptx3 assay alone has the potential to distinguish IPA from chronic stages of aspergillosis and invasive fungal disease including IPM from colonisation.

This research was financially supported by the Grant Agency of Czech Republic (21-17044S) and the Internal Grant Agency, University of Ostrava (SGS01-2021).

* * *

CO JE NOVÉHO NA POLI INVAZNÍCH HUB

Zuzana Haňáčková¹, Markéta Hrabětová¹, Markéta Šandová², Karel Černý¹

¹ Odbor biologických rizik, Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v. v. i., Květnové náměstí 391, 252 43 Průhonice, Česká republika;
zuzana.hanackova@vukoz

² Mykologické oddělení, Národní muzeum v Praze, Václavské náměstí 1700/68,
110 00 Praha 1, Česká republika

Invasní organismy se považují za jednu z hlavních hrozeb světové biodiverzity. Houby jako mikroorganismy jsou z tohoto pohledu zatím nedostatečně prozkoumané a většina úsilí je věnována hlavně nejnebezpečnějším a nejviditelnějším druhům. Naším cílem bylo vytvořit seznam nepůvodních druhů hub a houbám podobných organismů pro území České republiky. Na základě databází EASIN, DAISY a dalších jsme vytvořili vstupní databázi hub nepůvodních pro Evropu čítající 850 druhů. Výskyty těchto druhů v ČR jsme ověřovali v několika databázích a literárních zdrojích a pokračujeme s vyhledáváním herbariových položek. V současnosti máme potvrzeno 539 druhů. Křivka prvních záchytů těchto druhů sleduje trend dvou vln globalizace s vrcholy na konci 19. a 20. století. Nejpočetnější skupinou jsou třídy *Urediniomycetes* (21 %) a *Leotiomycetes* (18 %). Nicméně zastoupení tříd se v průběhu času měnilo a v posledních 20 letech jsou nejčastější zaznamenávané druhy půdní oomycety. Na základě analýzy hostitelského spektra patogenních druhů se jako nejrizikovější jeví obchod s okrasnými dřevinami, přes které se může šířit skoro třikrát více druhů než přes jiné dřeviny.

Tuto studii podpořil Vědecký výbor fyto-sanitární a životního prostředí a projekt TA ČR SS02030018 Centrum pro krajinu a biodiverzitu (DivLand).

INVASIVE FUNGAL SPECIES IN CZECHIA – AN UPDATE

Zuzana Haňáčková¹, Markéta Hrabětová¹, Markéta Šandová², Karel Černý¹

¹Silva Tarouca Research Institute for Landscape and Ornamental Gardening,
Department of Biological Risks, Květnové náměstí 391, 252 43 Průhonice, Czech Republic;
zuzana.hanackova@vukoz

²Department of Mycology, National Museum, Václavské náměstí 1700/68,
110 00 Prague 1, Czech Republic

Invasive organisms are considered to be one of the main threats to the world's biodiversity. Fungi as microorganisms are not yet explored sufficiently from this point of view, and most efforts are devoted to the most dangerous and visible species. Our aim was to create a list of alien fungal species and fungus-like organisms for the area of the Czech Republic. Based on databases EASIN, DAISY and others, we created an input database of fungi alien to Europe, counting 850 species. We verified the occurrences of these species in the Czech Republic in several databases and literature sources and we are continuing with a search in herbarium specimens. Currently 539 species have been confirmed. The curve of the first records of these species follows the trend of two waves of globalisation with peaks at the end of the 19th and 20th centuries. The most numerous groups are the classes *Urediniomycetes* (21%) and *Leotiomycetes* (18%). However, class representation has changed over time, and in the past 20 years soil oomycetes have become the most common recorded species. Based on analysis of the host spectrum of pathogenic species, the riskiest appears to be trade in ornamental trees, through which almost three times more species can spread than through other tree groups.

This study was supported by the Scientific Committee for Phytosanitary and Environment and TA ČR project SS02030018 Center for Landscape and Biodiversity (DivLand).

* * *

NOVÉ DRUHY RODU *PHYTOPHTHORA* V ČESKÉ SBÍRCE FYTOPATOGENNÍCH OOMYCETŮ

Markéta Hrabětová, Marcela Mrázková

Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v. v. i. (VÚKOZ),
Květnové náměstí 391, 252 43 Průhonice, Česká republika; hrabetova@vukoz.cz

Fytopatogenní oomycety patří mezi nejdůležitější invazní organismy světa, velmi snadno se šíří (spolu s rostlinným materiálem a vodou) a v místech zavlečení mnohdy hrozí jejich únik do přírodního prostředí a případně i závažné environmentální škody. Česká sbírka fytopatogenních oomycetů (ČSFO) se soustřeďuje právě na vyhledávání a uchovávání genetických zdrojů těchto organismů z území České republiky, zejména pak na aktuální hrozby – na druhy recentně pronikající na naše území. ČSFO byla založena v roce 2005 na odboru biologických rizik VÚKOZ v Průhonicích a je od roku 2012 součástí Národního programu konzervace a využívání genetických zdrojů mikroorganismů a drobných živočichů hospodářského významu (NPGZM). Sběrka slouží především k uchování kmenů fytopatologicky významných druhů oomycetů náležejících do rodu *Phytophthora* a do široce pojatého rodu *Pythium*, zahrnujícího také nedávno popsané rody *Elongisporangium*, *Globisporangium* a *Phytopythium*. V současné době je ve veřejné části sbírky uloženo přes 650 kmenů oomycetů náležejících do rodů *Phytophthora* (34 taxonů) a *Pythium* s. l. (24 taxonů) a v pracovní části sbírky je uloženo přes 500 dalších kmenů. V průběhu let 2021 a 2022 bylo odebráno a analyzováno 459 vzorků téměř 70 druhů okrasných rostlin prodávaných v řetězcích hobby marketů a zahradních centrech, zejména jehličnanů (např. rody *Cupressus*, *Chamaecyparis*, *Juniperus*, *Pinus*, *Taxus*, *Thuja*) a některých dalších oblíbených okrasných rostlin (*Buxus*, *Hebe*, *Pieris*, *Rhododendron*, *Syringa*) importovaných na náš trh ze zahraničí, zejména z Itálie, Německa, Nizozemí a Polska, s cílem identifikovat recentní kritické vstupy invazních oomycetů do ČR. Oomycety byly odebrány z napadených kořenových systémů pomocí tzv. baiting method, nebo přímo z napadených pletiv s pomocí selektivních živných médií. Izolované kmeny patogenů byly uchovány a určeny morfologicky i molekulárními metodami (sekvenace ITS, *cox1* aj.), významnější kmeny jsou pak uloženy trvale v ČSFO. Z celkového počtu odebraných vzorků bylo 73 % pozitivních na výskyt oomycetů, z toho cca v polovině případů byl potvrzen výskyt druhů rodu *Phytophthora*. Doposud bylo zachyceno 25 druhů rodu *Phytophthora* (*P. cactorum*, *P. cambivora*, *P. cinnamomi*, *P. citrophthora*, *P. cryptogea*, *P. gonapodyides*, *P. gregata*, *P. chlamydospora*, *P. chlamydospora* × *annicola*, *P. cf. acerina*, *P. lacustris*, *P. multibullata*, *P. multivora*, *P. nemorosa*, *P. nicotianae*, *P. niederhauseri*, *P. occultans*, *P. cf. ornamentata*, *P. palmivora*, *P. pini*, *P. plurivora*, *P. pseudocryptogea*, *P. ramorum*, *P. syringae*, *P. × stag-*

num) a 13 druhů *Pythium* s. l. Mezi zaznamenanými druhy byly nejen druhy v ČR již široce rozšířené (*P. cactorum*, *P. cambivora* a *P. plurivora*), ale i *P. cinnamomi* a *P. ramorum*, dále druhy, které byly již v minulosti na území ČR zaznamenané nebo u kterých se jedná o jejich první výskyt na našem území (*P. chlamydospora*, *P. multibullata*, *P. nemorosa*, *P. nicotianae*, *P. niederhauserii*, *P. occultans*, *P. pini* a *P. × stagnum*). Množství získaných izolátů a spektrum zachycených druhů dokazuje, že i přes dlouhou dobu známý fakt, že mezinárodní obchod s okrasnými rostlinami je významnou cestou zavlékání invazních oomycetů na nová území, nebyla přijata a uplatněna adekvátní opatření, která by tento problém eliminovala či alespoň potlačila. Pravděpodobnost a riziko zdomácnění a dalšího šíření nově zavlékaných druhů jsou dány jejich hostitelskými nároky a podmínkami prostředí. Vzhledem k současným znalostem a obecné značné schopnosti exaptace druhů rodu *Phytophthora* lze předpokládat, že v budoucnu se alespoň některé z nově detekovaných druhů začnou šířit v kulturním a pravděpodobně i v přírodním prostředí ČR.

Studie byla podpořena Technologickou agenturou ČR [SS02030018 DivLand].

NEW SPECIES OF THE GENUS *PHYTOPHTHORA* IN THE CZECH COLLECTION OF PHYTOPATHOGENIC OOMYCETES

Markéta Hrabětová, Marcela Mrázková

Silva Tarouca Research Institute for Landscape and Ornamental Gardening (RILOG),
Květnové náměstí 391, 252 43 Průhonice, Czech Republic; hrabetova@vukoz.cz

Phytopathogenic oomycetes are among the most important invasive organisms in the world. They spread very easily (together with plant material and water) and in places of introduction they often pose a risk due to their potential to escape and damage the environment. The Czech Collection of Phytopathogenic Oomycetes (CCPO) is specialised in the collection and preservation of genetic resources of phytopathogenic oomycetes, especially of current threats – species which have recently invaded the Czech Republic. The CCPO was founded in 2005 at the Department of Biological Risks of the RILOG in Průhonice. Since 2012, the Collection has become a part of the National Programme on Conservation and Utilization of Microbial Genetic Resources and Invertebrates of Agricultural Importance (NPMGR). The Collection serves primarily to preserve strains of phytopathogenic oomycete species belonging to the genus *Phytophthora* and the genus *Pythium* in a broad sense, also including the recently described genera *Elongisporangium*, *Globisporangium* and *Phytopythium*. Currently, over 650 strains of oomycetes belonging to the genera *Phytophthora* (34 taxa) and *Pythium* s.l. (24 taxa) are stored in the public part of the Collection and more than 500 other strains in its operative part. During 2021 and 2022, 459 samples of almost 70 species of ornamental plants in hobby market stores and garden centres, mainly conifers and some other popular ornamental taxa imported from abroad, mainly Italy, Germany, the Netherlands and Poland, were collected and analysed. The plants were examined for the presence of oomycetes. Pathogens were iso-

lated from root systems using the baiting method, or directly from infected tissues using selective nutrient media. Isolated strains of pathogens were identified morphologically and by means of molecular methods (ITS sequencing, *cox1*, etc.) and representatives of them were stored in the CCPO. Of the total number of samples, 73% were positive for oomycetes, about half of which confirming occurrence of *Phytophthora* species. To date, 25 *Phytophthora* species (*P. cactorum*, *P. cambivora*, *P. cinnamomi*, *P. citrophthora*, *P. cryptogea*, *P. gonapodyides*, *P. gregata*, *P. chlamydospora*, *P. chlamydospora* × *amnicola*, *P. cf. acerina*, *P. lacustris*, *P. multibullata*, *P. multivora*, *P. nemorosa*, *P. nicotianae*, *P. niederhauseri*, *P. occultans*, *P. cf. ornamentata*, *P. palmivora*, *P. pini*, *P. plurivora*, *P. pseudocryptogea*, *P. ramorum*, *P. syringae*, *P. × stagnum*) and 13 *Pythium* s.l. species were recorded. The recorded species included species already widespread in the Czech Republic (*P. cactorum*, *P. cambivora* and *P. plurivora*), pathogenic species (*P. cinnamomi* and *P. ramorum*), species recorded in the Czech Republic in the past or isolated for the first time in this country (*P. chlamydospora*, *P. multibullata*, *P. nemorosa*), as well as cosmopolitan species *P. nicotianae*, thermophilic polyphagous species *P. niederhauserii* and *P. occultans*, and *P. pini* and *P. × stagnum* separated from the *P. citricola* complex. The amount of isolates obtained and the spectrum of recorded species confirms that despite the long-known fact that international trade in ornamental plants is an important way of introducing invasive oomycetes into new territories, adequate measures have not been taken and applied to eliminate or at least suppress this problem. The probability and risk of naturalisation and further spread of newly introduced species are determined by their host requirements and environmental conditions. With regard to the current findings and considerable exaptation ability of many *Phytophthora* species, it can be assumed that at least some of the newly detected species will begin to spread in the cultural and probably also natural environment of the Czech Republic in the future.

The study was supported by the Technology Agency of the Czech Republic [SS02030018 DivLand].

* * *

AUTOMATIZACE VÝZKUMU MIKROBIÁLNÍCH KULTUR ZA VYUŽITÍ OBRAZOVÉ ANALÝZY A UMĚLÉ INTELIGENCE

Jan Hrudka

VŠCHT, Technická 5, 166 28 Praha 6 – Dejvice, Česká republika; Jan.Hrudka@outlook.com

Pěstování mikrobiálních kultur na speciálních médiích je stále používanou metodou sledování přirozeného nárůstu populace mikroorganismů za kontrolovaných laboratorních podmínek, sloužící k jejich identifikaci, stanovení počtů či ke zkoumání efektu vnějšího prostředí na intenzitu jejich reprodukce v čase. Tyto experimenty jsou stále velice rozšířené a narůstá potřeba efektivních kvantitativních a kvalitativních vyhodnocovacích metod. K vyhodnocování kultur mikroskopických hub se dosud obvykle využívá softwarů, které nedokážou z fo-

tografií kultur samostatně vyhodnotit zastoupení mikromycet, a je tudíž potřeba manuální asistence pracovníka u každé z fotografií. Tento postup je značně neefektivní, nepřesný a nespolehlivý, což doposud značně omezovalo výzkumnou činnost v této oblasti. Program Aurora dokáže za využití strojového učení nejenom s vysokou přesností klasifikovat jednotlivé zóny a získat tak jejich relativní velikost v daném čase, ale i spočítat počet kolonií a z kombinace těchto dat získat distribuci relativní velikosti jednotlivých kolonií. Jedná se o úplně novou metodu, která by mohla poodkrýt nové souvislosti v prováděných experimentech takřka bez nutnosti uživatelského vstupu. Tím se celý proces vyhodnocování v podstatě kompletně zautomatizuje, dojde k masivnímu zrychlení procesu a díky tomu bude možné provádět rozsáhlejší experimenty s kvalitním statistickým vyhodnocením a získat tak více relevantní výsledky.

AUTOMATISATION OF THE RESEARCH OF MICROBIAL CULTURES USING VISUAL ANALYSIS AND ARTIFICIAL INTELLIGENCE

Jan H r u d k a

University of Chemistry and Technology Prague, Technická 5, 166 28 Prague 6 – Dejvice,
Czech Republic; Jan.Hrudka@outlook.com

Cultivation of microbial cultures on special media is an important method currently used for the observation of natural growth of microbial populations under controlled laboratory conditions. It is used to identify and count them and to investigate the effect of the external environment on their reproduction rate. Currently, these experiments are very widespread, creating an increasing need for effective quantitative and qualitative evaluation methods. Microbial culture evaluation typically uses software that cannot independently assess micromycete abundance from culture photographs without manual assistance of staff members. This method is thus highly inefficient, inaccurate and unreliable, and has severely limited research activity in this area to date. The Aurora programme, using machine learning, can not only classify particular zones with high accuracy and thus obtain the relative size of a micromycete colony at a given time. It counts the number of colonies and also obtains the distribution of the relative size of each colony from the combination of these data. It is a completely new method, which could reveal new contexts in experiments – all without the need for user input, thus essentially automating the whole evaluation process completely, leading to a massive acceleration, making it possible to perform larger experiments with better statistics and thus more substantial results.

* * *

**INVAZNÍ PATOGENY DŘEVIN V ČR: POTENCIÁLNÍ DISTRIBUCE,
IDENTIFIKACE A MANAGEMENT**

Eva Chumanová, Karel Černý, Zuzana Haňáčková, Tereza Brestovanská,
Ludmila Havrdová, Vladimír Zýka

Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v. v. i.,
Květnové náměstí 391, 252 43 Průhonice, Česká republika; vukoz@vukoz.cz

Invazní houbové a houbám podobné patogeny dřevin jsou často opomíjená skupina invazních organismů. Vyznačují se však vysokou invazivitou a potenciálně závažným dopadem na přírodní prostředí i krajinu jako celek. Představují závažné riziko pro biodiverzitu a ekosystémové funkce, způsobují ekologické i ekonomické problémy a představují tak velkou výzvu pro dnešní ochranu přírody, udržitelné využívání krajiny i lesnictví. V podmínkách České republiky, kde jsou dostatečně pestré klimatické a ekologické poměry, jsou patogeny svým významem srovnatelné s fenomény jako sucho nebo kůrovec. Hlavními cíli výzkumu bylo identifikovat klíčové druhy invazních nepůvodních patogenů dřevin s největším předpokládaným impaktem na přírodní prostředí ČR, vytvořit mapový atlas potenciální distribuce a impaktu na lesní ekosystémy, vypracovat metodiku obsahující detekci organismů a návrh vhodných mitigačních a adaptačních opatření a v neposlední řadě navázat užší spolupráci s institucemi z oboru lesnictví a ochrany přírody a krajiny, prezentovat jim problematiku, výsledky a jejich možné aplikace. Seznam 11 klíčových druhů invazních nepůvodních patogenů dřevin byl sestaven na základě jejich potenciálu a schopnosti poškodit významné biotopy Natura 2000 a zahrnuje *Colletotrichum salicis*, *Cryptostroma corticale*, *Dothistroma septosporum*, *Eutypella parasitica*, *Hymenoscyphus fraxineus*, *Melampsorium hiratsukanum*, *Ophiostoma novo-ulmi*, *Phytophthora alni*, *P. cinnamomi*, *P. plurivora* a *P. ramorum*. Pro všechny klíčové druhy byly s využitím dostupných dat, literárních rešerší jejich ekologie a epidemiologie chorob, které způsobují, vytvořeny expertní modely jejich potenciální distribuce a impaktu na lesní, případně i nelesní ekosystémy v ČR, přičemž pro každý druh patogenu byly vytvořeny predikční mapy (mapa příznivosti abiotických podmínek prostředí, citlivosti a potenciální ohroženosti dřevinné vegetace lesních biotopů), které byly v roce 2021 souhrnně publikovány v „Atlasu potenciální distribuce vybraných druhů invazních patogenů dřevin a jejich impaktu na lesní ekosystémy v ČR“. Certifikovaná metodika „*Invazní patogeny dřevin v životním prostředí – determinace chorob a možnosti omezení šíření a impaktu na lesní ekosystémy*“ z roku 2021 je určená především terénním pracovníkům a správám na lokální úrovni a obsahuje pro každý klíčový druh jeho popis, popis choroby a typických symptomů, ekologii druhu a epidemiologii choroby, původ a rozšíření, význam a možnosti ochrany doplněné obrazovou tabulí s typickými symptomy a dopady na vegetaci.

Výzkum byl podpořen Technologickou agenturou ČR v rámci programu Epsilon v letech 2018–2021 (projekt „Invazní nepůvodní organismy jako riziko pro lesní ekosystémy ČR. Identifikace, analýza impaktu a návrh mitigačních a adaptačních opatření se zaměřením na zvláště chráněná území“).

**INVASIVE PATHOGENS OF WOODY PLANTS IN THE CZECH REPUBLIC:
POTENTIAL DISTRIBUTION, IDENTIFICATION AND MANAGEMENT**

Eva Chumanová, Karel Černý, Zuzana Haňáčková, Tereza Brestovanská,
Ludmila Havrdová, Vladimír Zýka

Silva Tarouca Research Institute for Landscape and Ornamental Gardening,
Květnové náměstí 391, 252 43 Průhonice, Czech Republic; vukoz@vukoz.cz

Invasive fungal and fungus-like pathogens of woody plants are an often overlooked group of invasive organisms. However, they are characterised by their high invasiveness and potentially serious impact on the natural environment and the landscape as a whole (serious risk to biodiversity and ecosystem functions, causing ecological and economic problems, thus representing a major challenge to today's nature conservation, sustainable landscape use and forestry). In the Czech Republic, where climatic and ecological conditions are sufficiently diverse, pathogens are comparable in importance to phenomena such as drought and bark beetle outbreaks. The objectives of the project were to identify key species of invasive non-native pathogens to woody plants with the highest expected impact on the natural environment of the Czech Republic, to create a map atlas of the pathogens' potential distribution and impact on forest ecosystems, to develop a methodology for the detection of organisms and the design of appropriate mitigation and adaptation measures, and last but not least to establish closer cooperation with institutions in the field of forestry and nature and landscape conservation, presenting them the issues, results and their possible applications. A list of 11 key species of invasive non-native pathogens to woody plants was compiled based on their potential and ability to damage important Natura 2000 habitats, including the following species: *Colletotrichum salicis*, *Cryptostroma corticale*, *Dothistroma septosporum*, *Eutypella parasitica*, *Hymenoscyphus fraxineus*, *Melampsoridium hiratsukanum*, *Ophiostoma novo-ulmi*, *Phytophthora alni*, *P. cinnamomi*, *P. plurivora*, *P. ramorum*. For all key species, expert models of their potential distribution and impact on forest and non-forest ecosystems in the Czech Republic were developed using available data, literature searches on their ecology and epidemiology of the diseases they cause. For each pathogen, models and prediction maps were created and all resulting maps were published in the *Atlas of potential distribution of selected species of invasive woody plants pathogens and their impact on forest ecosystems in the Czech Republic* in 2021. The certified methodology titled *Invasive pathogens of woody plants in the environment – Determination of diseases and possibilities of limiting their spread and impact on forest ecosystems*, published in the same year, is intended primarily for field workers and administrations at the local level. It includes for each disease a description of the disease and its typical symptoms, the ecology of the species and the epidemiology of the disease, origin and distribution, importance and conservation options, and is completed with a pictorial table with typical symptoms and impacts on vegetation.

The research was supported by the Technology Agency of the Czech Republic under the Epsilon programme in 2018–2021 (project TH03030306 Invasive non-native organisms

as a risk for forest ecosystems of the Czech Republic. Identification, impact analysis and design of mitigation and adaptation measures with a focus on specially protected areas).

* * *

INAKTIVACE MIKROMYCET NETERMÁLNÍM PLAZMATEM PODPOŘENÁ AKTIVOVANOU BENGÁLSKOU ČERVENÍ

Michal Jankovský, Vladimír Scholtz, Eliška Lokajová

University of Chemistry and Technology Prague, Technická 5, 166 28 Prague 6 – Dejvice,
Czech Republic; jankovsm@vscht.cz

Mykotické onemocnění nehtů na rukou, nohou a meziprstních prostor (onychomykóza) způsobují dermatofytní kmeny mikromycet, kvasinky nebo hyfomycety. Nejčastějšími původci jsou dermatofytní kmeny *Trichophyton rubrum* a *Trichophyton interdigitale*. Onychomykóza postihuje odhadem 10–20 % celosvětové populace přičemž více než polovina výskytu onemocnění připadá na osoby nad šedesát let. Toto onemocnění může pacientům způsobit psychosociální komplikace a je obzvláště nebezpečná pro diabetiky či imunokompromitované osoby. Samotná léčba onychomykózy je značně náročná a časově zdoluhavá. Cílem studie byly pokusy aktivace bengálské červeně netermálním plazmatem, případně vznik významné inhibice růstu mikromycet při kombinaci netermálního plazmatu a bengálské červeně. Netermální plazma je částečně či plně ionizovaný plyn, který vykazuje kolektivní chování, kvazi-neutralitu a má teplotu podobnou teplotě prostředí, nejčastěji je generováno elektrickým výbojem v atmosféře různých plynů a nejběžnějším zdrojem je plazmový hořák (plazma jet). V současnosti se netermální plazma využívá například k urychlení regenerace ran, dezinfekci materiálů a testuje se její potenciální využití k léčbě bakteriálních, virových a mykotických onemocnění. Bengálská červeně a její deriváty nacházejí využití například v medicíně, kde barví mrtvé, poškozené a degenerované buňky epitelu, rohovky a spojivky. Petriho misky s živným médiem byly inokulovány suspenzí *Trichophyton interdigitale*, některé s přídavkem bengálské červeně, byly vystaveny netermálnímu plazmatu po dobu 10 minut a fotograficky dokumentovány po dobu několika dní. Výsledky pokusu ukázaly, že vzorky ošetřené netermálním plazmatem vykazují částečnou inhibici růstu mikromycet v porovnání se vzorky referenčními. Vzorky s bengálskou červení, které byly zároveň vystaveny netermálnímu plazmatu, vykazovaly významnou inhibici růstu mikromycet v porovnání s referenčními vzorky s bengálskou červení. Jev je s největší pravděpodobností způsoben aktivací bengálské červeně netermálním plazmatem. Předběžné výsledky celkově poukazují na potenciální synergií bengálské červeně a netermálního plazmatu – jejich kombinace vykazuje významně silnější inhibiční růstový efekt, než když je použijeme separátně, ale přesnější popis a pochopení tohoto jevu vyžaduje další studie.

**INACTIVATION OF MICROMYCETES USING NONTHERMAL PLASMA
SUPPORTED BY ROSE BENGAL**

Michal Jankovský, Vladimír Scholtz, Eliška Lokajová

University of Chemistry and Technology Prague, Technická 5, 166 28 Prague 6 – Dejvice,
Czech Republic; jankovsm@vscht.cz

Mycotic infection of fingernails, toenails and spaces between toes and fingers (onychomycosis) is caused by dermatophyte strains of micromycetes, yeast and hyphomycetes. The most common are dermatophyte strains of *Trichophyton rubrum* and *T. interdigitale*. Onychomycosis affects approximately 10–20% of the world population, and more than a half of the occurrences concerns patients above 60 years old. Onychomycosis may cause psychosocial complications and is especially dangerous for diabetics or immunocompromised people. Treatment of onychomycosis can be rather difficult and time consuming. The aim of this study was to find out if rose Bengal can be activated with nonthermal plasma, and if it can potentially inhibit the growth of micromycetes. Nonthermal plasma is a partially or fully ionised gas showing collective behaviour and quasineutrality, and has a temperature similar to the environment. Nonthermal plasma is most commonly generated by an electrical charge in an atmosphere composed of different gases. The most common source is a plasma jet. Nowadays nonthermal plasma is utilised in e.g. accelerating wound regeneration, material sanitation and it is tested for its potential use in the treatment of bacterial, viral and mycotic infections, rose Bengal and its derivatives are applied in medicine, where it is used as cellular dye. Petri dishes containing growth medium with *T. interdigitale* (and rose Bengal added to some of them) were exposed to nonthermal plasma for 10 minutes. The test samples were photographically documented in the time span of a few days. Results show that the samples treated with nonthermal plasma display partial inhibition in micromycete activity in comparison to reference samples. Samples with additional rose Bengal and treated with nonthermal plasma showed much stronger inhibition in comparison to reference samples with only rose Bengal added. We attribute this fact to the rose Bengal being activated by nonthermal plasma. Overall results indicate advantages of the combination of rose Bengal and nonthermal plasma, which possibly provides significantly stronger inhibition effects when used separately, but further study is needed to understand this effect properly.

* * *

**SEKUNDÁRNÍ METABOLITY A ANTIMIKROBIÁLNÍ ÚČINKY
NEOTROPICKÝCH ZÁSTUPCŮ RODU *HERMATOMYCES***

Tereza Ježková^{1,2}, Ondřej Koukol¹, Jaroslav Semerád^{2,3},
Eva Stodůlková², Miroslav Kolařík², Adéla Čmoková²

¹Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy, Benátská 2, 128 00 Praha 2,
Česká republika; jezkova.t@gmail.com

²Mikrobiologický ústav Akademie věd České Republiky, Vídeňská 1083,
142 20 Praha 4 – Krč, Česká republika

³Ústav pro životní prostředí, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy, Benátská 2,
128 00 Praha 2, Česká republika

Druhy rodu *Hermatomyces* (*Pleosporales*) se vyskytují jako saprotrofové na dřevě a v opadu v tropických oblastech. Jelikož sekundární metabolity tohoto rodu nebyly doposud zkoumány, zaměřuje se tato studie na jejich výzkum. Antifungální vlastnosti rodu *Hermatomyces* byly ověřeny pomocí párovacích pokusů na agarových plotnách a testováním minimálních inhibičních koncentrací extraktů získaných z houbové biomasy. Extrakt jednoho vybraného kmene *H. reticulatus* CCF 5893 byl separován preparativní metodou HPLC. Vybrané biologicky aktivní frakce byly purifikovány a analýzou nukleární magnetické rezonance a rentgenovou krystalografií byla stanovena chemická struktura separovaných látek. U tohoto druhu byly objeveny dvě sloučeniny: palmarumyciny C2 a C12, které mají antifungální vlastnosti. Dále bylo porovnáno celkem 25 kmenů *Hermatomyces* na základě produkce sekundárních metabolitů (testováním jejich minimálních inhibičních koncentrací a porovnáním HRMS dat). Unikátní látky produkoval *H. megasporus*, který také vykazoval nejvyšší antimikrobiální aktivitu ze všech druhů, a je tedy nejvhodnějším druhem pro další studium antimikrobiálních sloučenin tohoto rodu.

**SECONDARY METABOLITES AND ANTIMICROBIAL EFFECTS
OF NEOTROPICAL MEMBERS OF THE GENUS *HERMATOMYCES***

Tereza Ježková^{1,2}, Ondřej Koukol¹, Jaroslav Semerád^{2,3},
Eva Stodůlková², Miroslav Kolařík², Adéla Čmoková²

¹Department of Botany, Faculty of Science, Charles University, Benátská 2,
128 00 Prague 2, Czech Republic; jezkova.t@gmail.com

²Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Vídeňská 1083,
142 20 Prague 4, Czech Republic

³Institute for Environmental Studies, Faculty of Science, Charles University, Benátská 2,
128 00 Prague 2, Czech Republic

Species of the genus *Hermatomyces* (*Pleosporales*) occur as saprotrophs on wood and litter in the tropics. Since the secondary metabolites of this genus have not been investigated to date, they are the subject of this study. The antifungal properties of the genus *Hermatomyces* were verified by pairing experiments on agar plates and by testing the minimum inhibitory concentrations of extracts obtained from fungal biomass. The extract of one selected strain, *H. reticulatus* CCF 5893, was separated by means of preparative HPLC. The selected biologically active fractions were purified and the chemical structure of the separated compounds was determined with nuclear magnetic resonance analysis and X-ray crystallography. Two compounds were found in this species, palmarumycins C2 and C12, which have antifungal properties. Furthermore, secondary metabolite production of a total of 25 *Hermatomyces* strains of 8 species was compared (by testing their minimum inhibitory concentrations and comparing HRMS data). Unique compounds were produced by *H. megasporus*, which also showed the highest antimicrobial activity of all species and is therefore the most suitable species for further study of antimicrobial compounds in this genus.

* * *

GLOBALFUNGI – NOVÝ NÁSTROJ NA STUDIUM DIVERZITY A EKOLOGIE HUB

Miroslav Kolařík

Mikrobiologický ústav AV ČR, v.v.i., Laboratoř genetiky a metabolismu hub,
Videňská 1083, 142 20 Praha 4 – Krč, Česká republika; mkolarik@biomed.cas.cz

Biogeografie hub, zejména těch mikroskopických, je oproti jiným organismům velmi málo známa. Je to dáno zejména velkou diverzitou hub a problémy s druhovou identifikací, které jsou bez DNA dat často velmi spekulativní. Ve výsledku máme mnoho geografických údajů o daném druhu, ale není jisté, zda daný taxon byl dobře určen a zda výsledné geografické rozšíření ve skutečnosti není založeno na několika kryptických druzích. Dosavadní databáze DNA dat (NCBI GenBank, UNITE atd.), ze kterých lze vyčíst jak údaje o identitě, tak rozšíření, shromažďují jen data z tzv. přímého, Sangerova, sekvenování. Pro data ze studia totální, environmentální DNA (envDNA) dosud neexistovala jednotná databáze pro jejich ukládání. Přitom právě z envDNA dat je daleko více údajů, než z jakýchkoliv jiných typů studií. To recentně napravila databáze GlobalFungi.com, která postupně shromažďuje ITS barcoding data z envDNA studií. Přednáška demonstruje využití databáze ke studiu geografie a ekologie hub rodu *Arthroderma* a *Chloridium*. Databáze umožňuje vyhledávat informace pomocí vložené ITS1 či ITS2 sekvence (BLAST search), či pomocí hledání druhů rozčleněných do Species Hypotheses dle databáze UNITE. Přednáška ukazuje, že díky této nové databázi je poprvé možné studovat rozšíření hub v globálním měřítku. Mezi limity tohoto přístupu patří 1) nedostatečné zastoupení některých oblastí (zejména tropy, celá Afrika), 2) nízké zastoupení některých substrátů (databáze obsahuje zejména vzorky z půdy, opadu a mrtvého dřeva), 3) nedostatečná rozlišovací schopnost ITS jako barcode markeru (tj. některé druhy nemají unikátní ITS sekvenci).

**GLOBALFUNGI – NEW INSTRUMENT FOR FUNGAL DIVERSITY
AND ECOLOGY STUDIES**

Miroslav Kolařík

Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology of the
Czech Academy of Sciences, Vídeňská 1083, 142 20 Prague 4 – Krč, Czech Republic;
mkolarik@biomed.cas.cz

The biogeography of fungi, especially microscopic ones, is very little known compared to other organisms. This is mainly due to the high diversity of fungi and the problem of species identification, which is often highly speculative without DNA data. As a result, we have a lot of geographic data on a particular species, but it is uncertain whether the taxon has been well identified or the resulting geographic distribution is not based on some cryptic species. Existing DNA databases (NCBI GenBank, UNITE, etc.), from which both identity and distribution data can be read, only collect data from Sanger sequencing, a method of so-called direct sequencing. For data from studies of total, environmental DNA (envDNA), no single database had been set up. Yet there is far more data available from envDNA studies than from any other type of study. This has recently been solved by the GlobalFungi.com database, which is continually collecting ITS barcoding data from envDNA studies. The current study demonstrates the use of the database for studying the geography and ecology of fungi in the genera *Arthroderma* and *Chloridium*. The database allows to search for information using ITS1 or ITS2 sequences (BLAST search), or by searching for species defined as Species Hypotheses according to the UNITE database. The presentation shows that this new database makes it possible to study the distribution of fungi on a global scale for the first time. Limitations of this approach include (1) under-representation of some regions (especially the tropics, entire Africa), (2) partial absence of some substrates (the database contains mainly soil, root and litter samples), and (3) lack of resolution of the ITS barcode marker (i.e. some species do not have a unique ITS sequence).

* * *

ÚSKALÍ AUTENTIZACE STARÝCH DRUHOVÝCH JMEN

Miroslav Kolařík

Mikrobiologický ústav AV ČR, v.v.i., Laboratoř genetiky a metabolismu hub,
Vídeňská 1083, 142 20 Praha 4 – Krč, Česká republika; mkolarik@biomed.cas.cz

Žijeme ve zlaté éře taxonomie. Taxonomické časopisy mají velkou vědeckou prestiž a počty nově popsaných taxonů publikovaných každý rok přesahují jakékoliv historické údaje.

Přiřazovat správná jména nalezeným houbám a řešit čistě nomenklatorické problémy je tedy velmi aktuální a žádané téma. Taxonomie zásadním způsobem usnadňuje komunikaci ve vědě, protože umožňuje spojit informace publikované na jednom taxonu, pro který jsou používána různá jména. Taxonomie a nomenklatura je tedy důležitá pro poznání biologie daného druhu. Přednáška poukazuje na problematiku autentizace starých jmen s novými nálezy na dvou organismech, námelu (*Claviceps purpurea* s. l.) a houbě rodu *Taxomyces*. Tradičně je vyžadováno, že stará jména je třeba respektovat a s maximální snahou s nimi konfrontovat nové položky, a tudíž až násilně napasovat nově nalezenou houbu na starší, nejvíce podobný taxon. Problém nastává, když staré jméno není dobře dokumentováno a není možno studovat typový materiál. Kvůli malému počtu morfologických znaků a velké diverzitě hub je pak riziko, že námi nestudovaný typus (tj. bez DNA dat) je ve skutečnosti jiný druh, než nově nalezená a zdánlivě identická položka, kterou zvolíme jako epitypus. Pokud chybí jednoznačná DNA data pro autentizaci, je vhodné novou položku popsat jako nový taxon s patřičnou diskuzí. To je v souladu s trendy v jiných oborech (např. botanika, protistologie), protože zde nehrozí riziko spojení údajů o biologii dvou odlišných taxonů. Tento problém je v rámci přednášky demonstrován na případu *Claviceps humidiphila*, která byla původně popsána z Japonska a mylně ztotožněna s morfologicky a hostitelsky identickým kosmopolitním druhem, který nově nese jméno *C. baviensis*. Přednáška dále poukazuje na přetrvávající rozdíly v pojetí důležitosti taxonomie mezi obory základního a aplikovaného výzkumu. Je třeba brát v potaz, že studie aplikovaného výzkumu jen okrajově řeší skutečnou druhovou příslušnost použitého materiálu. Například řada genomických sekvencí pochází z nesprávně určeného materiálu. Přitom identita sekvenovaného kmene jde z genomické sekvence dobře určit, protože obsahuje i potřebné barcoding geny, jak je demonstrováno na biotechnologicky významném rodu *Taxomyces*, jehož publikovaná genomická sekvence patří druhu *Ceriporiopsis gilvescens*.

DIFFICULTIES IN AUTHENTICATION OF OLD SPECIES NAMES

Miroslav Kolařík

Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Vídeňská 1083, 142 20 Prague 4 – Krč, Czech Republic; mkolarik@biomed.cas.cz

We live in a golden age of taxonomy. Taxonomic journals have high scientific prestige and the numbers of newly described taxa published every year exceed any historical data. Assigning correct names to newly found fungi, and solving purely nomenclatural problems, is therefore a very topical and desirable task. Taxonomy fundamentally facilitates communication in science, because it makes it possible to link information on a single taxon for which different names are used. Thus, taxonomy and nomenclature are important for understanding the biology of a particular species. This lecture highlights the problem of authenticating old names with new findings on two organisms, ergot (*Claviceps purpurea sensu lato*) and a fungus of the genus *Taxomyces*. Traditionally, it is required that old names be respected and that

every effort be made to confront new entries with them, and thus to forcibly match the newly found fungus to the older most similar taxon. A problem arises when the old name is not documented well and the type material cannot be studied. Due to the small number of morphological characters and the high diversity of fungi, there is then a risk that the type species which we have not studied (i.e. without DNA data) is actually a species different from the newly found and apparently identical entity, which we choose as the epitype. In the absence of unambiguous DNA data for authentication, it is appropriate to describe the new entry as a new taxon, including appropriate discussion. This is in line with trends in other disciplines (e.g. botany, protistology) and poses no risk of combining data on the biology of two distinct taxa. This problem is demonstrated in this presentation by the case of *Claviceps humidiphila*, which was originally described from Japan and mistakenly identified with a morphologically similar and host-identical cosmopolitan species which is now named *C. bavariensis*. The presentation also highlights the persistent differences in the importance of taxonomy as perceived by workers in the fields of basic and applied research. It should be taken into account that applied research studies only marginally address the actual species identity of the material studied. For example, many genomic sequences come from misidentified material. However, the identity of a sequenced strain can be reliably determined from its genomic sequence because it also contains the necessary barcoding genes, as demonstrated by the biotechnologically important genus *Taxomyces*, whose published genomic sequence belongs to *Ceriporiopsis gilvescens*.

* * *

MIKROSKOPICKÉ HOUBY VE ŠTOLÁCH – PŘEDBĚŽNÉ VÝSLEDKY

Alena Kubátová¹ a Miroslav Kolařík^{1,2}

¹ Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Katedra botaniky, Benátská 2,
128 01 Praha 2, Česká republika; kubatova@natur.cuni.cz

² Mikrobiologický ústav AV ČR, v.v.i., Laboratoř genetiky a metabolismu hub,
Václavská 1083, 142 20 Praha 4 – Krč, Česká republika

Prostředí podzemních prostor je poměrně chudé na živiny, které mohou využívat houby. Přesto zde můžeme najít rozmanité spektrum mikroskopických hub např. na trusu a mrtvých tělech drobných živočichů. Cílem tohoto příspěvku je představit některé typy hub nalezené v uplynulých letech v prostředí podzemních štol v České republice. V letech 2009–2017 jsme z prostředí podzemních štol v České republice odebírali různé typy vzorků (sediment, stěry ze stěn, guáno, mrtvá těla netopýřů). Vzorky byly inkubovány při 10 °C na různých agarových médiích (např. malt-extrakt agar, MEA) po dobu až několika měsíců. Izolované kmeny hub pak byly kultivovány při 10, 15, 20, 25, 30 a 37 °C na MEA, bramboro-mrkvovém agaru nebo Sabouraudově agaru pro stanovení růstového optima. Identifikace probíhala na základě morfologických a molekulárních znaků (ITS, LSU rDNA). V tomto příspěvku prezentujeme

několik vybraných hub (většinou vřeckovýtrusných), z nichž některé jsou nekrofilní, jiné ko-profilní, dřevní nebo jejich substrátová specifita není vyhraněná či známa: *Acaulium caviariforme*, *Cephalotheca sulfurea*, *Chrysosporium* sp., *Gymnascella aurantiaca*, *Pseudogymnoascus alpinus*, *Leptodophora* sp., *Mammaria echinobotryoides*, *Myotisia cremea*, *Oncocladium flavum*, *Pseudallescheria fimeti*, *Preussia funiculata* a *Apiotrichum dulcitum* (jediný bazidiomycet). Pokud jde o teplotní nároky, pouze *A. caviariforme* a *Gymnascella aurantiaca* nerostly při 25 °C, preferovaly chladnější teploty. Ostatní houby měly růstové optimum většinou kolem 15–20(–25) °C. Pouze stopkovýtrusná kvasinka *Apiotrichum dulcitum* byla schopná omezeného růstu i při 37 °C. Některé z těchto hub pravděpodobně představují nové druhy a budou popsány později. Ačkoliv se podzemním prostorům věnuje v posledních letech velká pozornost v souvislosti s onemocněním netopýrů způsobeným houbou *Pseudogymnoascus destructans*, naše výsledky ukazují na stále ještě skrytou a nedostatečně probádanou diverzitu tohoto prostředí.

Studium bylo částečně podpořeno projektem GAČR P506/12/1064.

MICROSCOPIC FUNGI IN UNDERGROUND TUNNELS – PRELIMINARY RESULTS

Alena Kubátová¹ a Miroslav Kolařík^{1,2}

¹Department of Botany, Faculty of Science, Charles University, Benátská 2,
128 01 Prague 2, Czech Republic; kubatova@natur.cuni.cz

²Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology
of the Czech Academy of Sciences, Vídeňská 1083, 142 20 Prague 4 – Krč, Czech Republic

In recent years, we isolated a number of interesting microscopic fungi from the environment of underground tunnels in the Czech Republic. They were isolated from sediments, air, walls, bat guano and dead bats. Samples were incubated at 10 °C on various agar media for up to several months. The isolated strains were then cultured at 10, 15, 20, 25, 30 and 37 °C to determine the growth optimum. Identification was based on morphological and molecular markers (ITS, LSU rDNA). In this contribution, we present several selected fungi (mostly ascomycetes), namely *Acaulium caviariforme*, *Cephalotheca sulphurea*, *Chrysosporium* sp., *Gymnascella aurantiaca*, *Pseudogymnoascus alpinus*, *Leptodophora* sp., *Mammaria echinobotryoides*, *Myotisia cremea*, *Oncocladium flavum*, *Pseudallescheria fimeti*, *Preussia funiculata* and *Apiotrichum dulcitum* (the only basidiomycete). Although underground spaces have attracted attention in recent years in connection with the White-nose syndrome of bats caused by *Pseudogymnoascus destructans*, our results show that the fungal diversity of this environment is still unrevealed and insufficiently explored.

The study was partly supported by the Grant Agency of the Czech Republic (P506/12/1064).

* * *

**PRÍPADOVÁ ŠTÚDIA O IZOLÁCII ŽLTÝCH PIGMENTOV PRODUKOVANÝCH
NOVÝM DRUHOM Z RODU *METAPOCHONIA***Roman Labuda^{1,2}

¹ Oddelenie pre hospodárske zvieratá a verejné zdravie, Inštitút bezpečnosti potravín,
Univerzita veterinárskeho lekárstva Viedeň (VetMed), Viedeň, Rakúsko;
roman.labuda@vetmeduni.ac.at

² Výskumná platforma Bioaktívnych mikrobiálnych metabolitov (BiMM), Tulln, Rakúsko

Na izoláciu žltých pigmentov bol použitý nový druh rodu *Metapochonia* (*Ascomycota*, *Hypocreales*), izolovaný metódou hair-baiting zo vzorky pôdy odobratej na Slovensku, z oblasti Banskej Štiavnice – Šobov. Nový taxón je dobre podporený fenotypovou, chemotaxonomickou a multilokusovou fylogenetickou analýzou (rukopis v príprave). Fylogénéza bola vykonaná pomocou interného transkribovaného spaceru (ITS), jadrovej veľkej podjednotky (LSU) rDNA a translačného elongačného faktora (EF1- α). Žlté pigmenty sa izolovali z kultivačného extraktu huby pestovanej na médiu kvasinkového extraktu pomocou flash chromatografie, po ktorej nasledovala preparatívna vysokoúčinná kvapalinová chromatografia (HPLC). Chemické štruktúry boli objasnené pomocou nukleárnej magnetickej rezonancie (NMR) a kvapalinovej chromatografie – hmotnostnej spektrometrie (LC-MS), ktoré odhalili prítomnosť asteltoxínu a asteltoxínu C (známe antibakteriálne, antivírusové a protinádorové látky) a antibiotika AB5529 (známa insekticídna látka). Okrem toho, boli počas tejto štúdie nájdené tri nové deriváty antibiotika AB5529, ktorých štruktúry budú čoskoro poskytnuté vedeckej komunite.

**CASE STUDY ON THE ISOLATION OF YELLOW PIGMENTS PRODUCED BY
A NEW *METAPOCHONIA* SPECIES**Roman Labuda^{1,2}

¹ Department for Farm Animals and Veterinary Public Health, Institute of Food Safety,
University of Veterinary Medicine Vienna (VetMed), Vienna, Austria;
roman.labuda@vetmeduni.ac.at

² Research Platform Bioactive Microbial Metabolites (BiMM), Tulln, Austria

A new species of the genus *Metapochonia* (*Ascomycota*, *Hypocreales*), officially described elsewhere, isolated with the hair-baiting method from a soil sample originating from Slovakia, was used for the isolation of yellow pigments. The new taxon is well supported by phenotypic, chemotaxonomic, and multilocus phylogenetic analysis using the internal transcribed spacer (ITS), the nuclear large subunit (LSU) rDNA, and translation elongation factor

(EF1- α). Yellow pigments were isolated from the cultural extract of the fungus grown on yeast extract medium by means of flash chromatography followed by preparative high performance liquid chromatography (HPLC). The chemical structures were elucidated with nuclear magnetic resonance (NMR) and liquid chromatography-mass spectrometry (LC-MS), revealing the presence of asteltoxin and asteltoxin C (well-known antibacterial, antiviral and antitumor substances), and antibiotic AB5529 (a well-known insecticide substance). Furthermore, three new derivatives of the latter were found during this study and their structures will soon be provided to the scientific community.

* * *

TAXONOMICKÁ CHARAKTERISTIKA IZOLÁTŮ RODU *VERMICONIDIA* Z ANTARKTIDY

Monika Laichmanová¹, Anna Manová^{1,2}

¹ Ústav experimentální biologie, Česká sbírka mikroorganismů, Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita, Kamenice 5, 625 00 Brno, Česká republika; monikadr@sci.muni.cz

² Laboratoř environmentální mikrobiologie, Mikrobiologický ústav AV ČR, v. v. i., Vídeňská 1083, 14220 Praha 4, Česká republika

Rod *Vermiconidia* zahrnuje druhy patřící mezi melanizované houby osídlující horniny (RIF, z angl. rock-inhabiting fungi). Typovým druhem rodu je *Vermiconidia foris* izolovaná z masivu hory Monte Rosa v Itálii. Zástupci dalších tří popsanych druhů byli nalezeni na skalách na Mallorce, v Antarktidě a na kamenných monumentech v Itálii. Rod je v současnosti řazen do čeledi *Extremaceae*, řádu *Mycosphaerellales*, třídy *Dothideomycetes*. V této práci byla charakterizována skupina 15 RIF izolátů získaných z úlomků hornin, které pocházely z odledněné části ostrova Jamese Rosse a blízkého ostrova Tail v Antarktidě. Morfologie kultur byla hodnocena po třech měsících kultivace na bramboro-dextrózovém agaru (PDA) a 2% agaru se sladovým extraktem (MEA) při 15 °C. Fyziologická charakteristika kultur zahrnovala hodnocení růstu na vybraných médiích, stanovení teplotních preferencí a hodnocení tolerance k NaCl. K vymezení druhových hranic byly použity tři jednodokusové a jeden kombinovaný fylogenetický strom. RIF izoláty byly na základě fenotypu obtížně rozlišitelné. Kolonie se vyznačovaly pomalým růstem, byly vyvýšené, někdy ve středu kráterovitě propadlé nebo umbonátní, laločnaté, sameťové a většinou olivové, na spodní straně černé. Mycelium bylo tvořeno úzkými, světle hnědými, septovanými hyfami a torulózními, tmavě hnědými hyfami. Dále byla pozorována tvorba shluků silnostěnných buněk, artrokonidií a vzácně endokonidií a endohyf. Většina kmenů byla schopna růst v rozmezí teplot od 0 do 25 °C s optimální teplotou růstu při 20 °C. Všechny kmeny byly mírně halotolerantní a rostly dobře na přírodních médiích, jako je MEA, PDA a OA, zatímco růst na CZA byl slabý. Ve většině jednodokusových fylogenezí tvořily čtyři antarktické izoláty dvě statisticky vysoce podporované monofyletické linie a představují tak nové fylogenetické druhy. V multilokusovém fylogenetickém stromu tvořily zbývající antarktické izoláty skupinu

s kmeny druhu *Vermiconidia flagrans*, která však byla statisticky podpořenou pouze analýzou ML. Taxonomická příslušnost těchto izolátů bude dále studována pomocí analýzy sekvencí genu pro β -tubulin.

Tato práce vznikla v rámci projektu CzechPolar2 podporovaného Ministerstvem školství, mládeže a tělovýchovy České republiky (LM2015078).

TAXONOMIC CHARACTERISATION OF *VERMICONIDIA* ISOLATES FROM ANTARCTICA

Monika Laichmanová¹, Anna Manová^{1,2}

¹Department of Experimental Biology, Czech Collection of Microorganisms,
Faculty of Science, Masaryk University, Kamenice 5, 625 00 Brno, Czech Republic;
monikadr@sci.muni.cz

²Laboratory of Environmental Microbiology, Institute of Microbiology
of the Czech Academy of Sciences, Vídeňská 1083, 142 20 Prague 4, Czech Republic

The genus *Vermiconidia* accommodates species belonging to melanised rock-inhabiting fungi (RIFs). The type species of the genus is *Vermiconidia foris*, isolated from the Monte Rosa massif in Italy. The remaining three described species were found on rocks in Mallorca and Antarctica and on stone monuments in Italy. The genus is currently classified in the family *Extremaceae* (order *Mycosphaerellales*, class *Dothideomycetes*). A group of 15 RIFs studied in this work were isolated from rock fragments collected in the deglaciated part of James Ross Island and adjacent Tail Island (Antarctica). Their morphology was examined on three-month-old cultures cultivated on potato-dextrose agar (PDA) and 2% malt extract agar (MEA) at 15 °C. Physiological characterisation included cultural and temperature preferences and NaCl tolerance. Three single-locus (ITS rDNA, nuc28S rDNA, RPB2) and one combined phylogenetic tree were used for species delimitation. The RIF isolates were phenotypically poorly distinguishable. Colonies were slow-growing, raised, sometimes crateriform or umbonate, lobate, velvety and mostly olivaceous with a black reverse. Their mycelium was composed of narrow, light brown, septate hyphae and torulose, dark brown hyphae. Clumps of cells, arthroconidia, rarely endoconidia and endohyphae were formed. Most strains were able to grow in the range of 0–25 °C with the optimal growth temperature at 20 °C. They were slightly halotolerant and grew well on natural media such as MEA, PDA and OA, while the growth on CZA was weak. Four RIF isolates formed two statistically strongly supported monophyletic clades in almost all single-locus phylogenies and represent new phylogenetic species. In multi-gene phylogeny, the remaining isolates were grouped within a dubiously supported clade including all *Vermiconidia flagrans* strains. The taxonomic affiliation of these strains will be further investigated by the β -tubulin gene sequence analysis.

This work was carried out under project CzechPolar2, supported by the Ministry of Education, Youth and Sports of the Czech Republic (LM2015078).

MYKOTICKÉ SUPERINFEKCE U PACIENTŮ SE ZÁVAŽNÝM PRŮBĚHEM COVID-19

Pavĺina Lysková

Zdravotní ústav se sídlem v Ústí nad Labem (ZÚÚL), Sokolovská 60, 186 00 Praha 8, Česká republika; pavlina.lyskova@zuusti.cz

Covid-19 je vysoce nakažlivé virové onemocnění vyvolané virem SARS-CoV-2 (Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2), které mělo katastrofální efekt na světovou demografii a k březnu 2022 vyústilo celosvětově ve smrt více než 6 milionů lidí. Podobně jako u ostatních RNA virů u něj během jeho adaptace na nového hostitele docházelo k mutacím, čímž vznikaly mnohočetné varianty s odlišnými charakteristikami než původní předek (jako např. infekčnost, patogenita, rezistence k protilátkám). V průběhu se vyvinulo několik linií variant (Alfa, Beta, Gama, Delta a Omikron). Klinický průběh se u pacientů liší, avšak někteří pacienti mají vyšší riziko závažného průběhu. Mezi hlavní rizikové faktory závažného průběhu patří věk nad 60 let, mužské pohlaví, obezita, kardiovaskulární choroby, chronické onemocnění ledvin, DM (= cukrovka, diabetes mellitus), chronické onemocnění plic, kouření, nádorová onemocnění. Nejčastěji se rozvíjí respirační formy onemocnění a mohou se rozvinout těžké pneumonie vyžadující hospitalizaci na JIP (ICU – Intensive Care Unit). V průběhu epidemie se zjistilo, že u pacientů se závažným průběhem covid-19 na pneumonie často nasedají sekundární mykotické infekce, zejména aspergilózy tzv. Covid Associated Pulmonary Aspergillosis (CAPA) popř. Covid Associated Mucormycosis (CAM). Zvýšené riziko rozvoje těchto superinfekcí je spojeno s používáním kortikoidů a interleukinu 6 v terapii covid-19. V naší laboratoři jsme v období, kdy byly ICU zaplněny covidovými pacienty, zaznamenali neobvykle zvýšené počty pacientů s CAPA. V případě CAM byly reportovány zprávy zejména z Indie (my jsme zaznamenali 2 takové případy). Případy CAM byly spojeny zejména s přítomností diabetu (dekompence spojené se vznikem ketoacidózy).

MYCOTIC SUPERINFECTION IN PATIENTS WITH SEVERE COVID-19

Pavĺina Lysková

Health Institute Ústí nad Labem (ZÚÚL), Sokolovská 60, 186 00 Praha 8, Czech Republic; pavlina.lyskova@zuusti.cz

Covid-19 is a highly contagious viral disease caused by the SARS-CoV-2 (Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2) virus, which has had a catastrophic effect on the world's demographics and resulted in the death of more than 6 million people by March 2022. Similar to other RNA viruses, it mutated during its adaptation to a new host, resulting in multiple va-

riants with different characteristics (such as infectivity, pathogenicity, antibody resistance) than the original ancestor. Several lines of variants (Alpha, Beta, Gamma, Delta, and Omicron) evolved over the course of time. The clinical course varies among patients, but some of them have a higher risk of developing a severe disease. The main risk factors for this include age over 60, male gender, obesity, cardiovascular disease, chronic kidney disease, diabetes, chronic lung disease, smoking and cancer. Most often, respiratory forms of the disease develop and severe pneumonia requiring hospitalisation in the ICU (Intensive Care Unit) may develop. In the course of the epidemic it was found that in patients with severe Covid-19 pneumonia often secondary fungal infections develop, especially aspergillosis, the so-called Covid Associated Pulmonary Aspergillosis (CAPA) or Covid-Associated Mucormycosis (CAM). An increased risk of these superinfections is associated with the use of corticoids and interleukin 6 in the therapy of Covid-19. In our laboratory, during the period when the ICUs were filled with Covid patients, we noticed unusually raised numbers of patients with CAPA. Cases of the CAM were reported mainly from India (we recorded 2 cases). Cases of CAM were mainly associated with the presence of diabetes (decompensation associated with the development of ketoacidosis).

* * *

**ANALÝZA GENOVÉ EXPRESE DRUHŮ Z KOMPLEXU
*TRICHOPHYTON BENHAMIAE***

Lenka Machová^{1,3}, Adéla Čm o k o v á^{2,3}, Martin K o s t o v č í k³,
Miroslav K o l a ř í k³

¹ Katedra genetiky a mikrobiologie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Viničná 5,
128 44 Praha 2, Česká republika; lenka.machova@natur.cuni.cz

² Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Benátská 2,
128 00 Praha 2, Česká republika

³ Laboratoř genetiky a metabolismu hub, Mikrobiologický ústav AV ČR, v. v. i.,
Videňská 1083, 142 20 Praha 4 – Krč, Česká republika

Zástupci druhového komplexu *Trichophyton benhamiae* jsou patogeny s širokou distribucí mezi domácími mazlíčky, jako jsou morčata, králíci a psi, s častým přenosem na člověka. Význam tohoto druhového komplexu narůstá s epidemickým šířením zástupce *T. benhamiae* var. *luteum* mezi dětmi ve střední Evropě. Pro ostatní zástupce tohoto komplexu s preferencemi stejných hostitelů a ze stejné lokality nebylo epidemické šíření zaznamenáno. V naší studii se zaměřujeme na rozdíl v expresi vybraných genů mezi těmito blízkými příbuznými zástupci. Pro naši studii byly vybrány tři taxony blízké příbuzné epidemicky se šířícím kmenům. Vybrané kmeny byly kultivovány na různých kultivačních médiích včetně nově vyvinutého modelu myších kožních explantátů. Transkriptomy byly studovány metodou RT-qPCR za účelem porovnání exprese genů potenciálně spojených s virulencí. Exprese genů spojených s primárním a sekundárním metabolismem byla zvýšená během růstu na *ex vivo* myších kožních

explantátech. Epidemicky se šířící kmen navíc vykazoval vyšší expresi potenciální syntázy polyketidů podobných LovB. V kontrastu s v minulosti publikovanými studiemi jsme nepozorovali významný rozdíl v genové expresi enzymů malát syntáza a izocitrát lyáza při kultivaci při různých podmínkách. Nicméně, exprese těchto genů se významně lišila mezi jednotlivými taxony při růstu v Sabouraudově tekutém médiu.

**GENE EXPRESSION ANALYSIS OF SPECIES
OF THE *TRICHOPHYTON BENHAMIAE* CLADE**

Lenka Machová^{1,3}, Adéla Čmorková^{2,3}, Martin Kostovčík³,
Miroslav Kolařík³

¹ Department of Genetics and Microbiology, Faculty of Science, Charles University,
Viničná 5, 128 44, Prague 2, Czech Republic

² Department of Botany, Faculty of Science, Charles University, Benátská 433/2,
128 00 Prague 2, Czech Republic; lenka.machova@natur.cuni.cz

³ Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology
of the Czech Academy of Sciences, Vídeňská 1083, 142 20, Prague 4, Czech Republic

Species of the *Trichophyton benhamiae* species complex are pathogens widely distributed in pet animals such as guinea pigs, rabbits and dogs with common transmission to humans. The importance of this complex is increasing since the epidemical spread of *Trichophyton benhamiae* var. *luteum* among children in Central Europe. The epidemical spread was not reported for other taxa from the complex with the same host preferences and locality. We focused on the question whether the closely related taxa differed in the expression of selected genes. For the purpose of the study, we selected three taxa closely related to epidemically spreading strains. The selected strains were grown on different media including the newly established murine skin explants model. Transcriptomes were then investigated by means of RT-qPCR in order to compare the gene expression of genes potentially related to virulence among the taxa. We found that the expression of genes related to primary and secondary metabolism was upregulated during growth on the *ex vivo* skin explants. On top of that, the epidemically spreading strains showed upregulation of putative LovB-like polyketide synthase. In contrast with previously published studies, we did not observe a significant difference in gene expression of the enzymes malate synthase and isocitrate lyase under different cultivation conditions. However, the expression of these two genes differed significantly between the studied taxa when grown in Sabouraud liquid medium.

* * *

**MIKROMYCÉTY ZODPOVEDNÉ ZA KAZENIE BIELEHO STOLOVÉHO
HROZNA V OBCHODNEJ SIETI**

Zuzana Mašková, Dana Tančinová, Zuzana Barboráková

Ústav biotechnológie – Katedra mikrobiológie, Fakulta biotechnológie a potravinárstva,
Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, Tr. A. Hlinku 2, 949 76 Nitra, Slovensko;
zuzana.maskova@uniag.sk

Plody viniča svojim zložením predstavujú ideálny substrát pre rozvoj mikroorganizmov, ktoré vyvolávajú kazenie plodov a obmedzujú jeho komerčný export. Monitorovacia štúdia sa venovala detekcii mikroskopických vlákniťých húb spôsobujúcich viditeľné znehodnotenie bobúľ bieleho stolového hrozna, získaného z rôznych obchodných reťazcov na Slovensku v rokoch 2021 a 2022. Analyzovaných bolo 30 vzoriek hrozna, javiacich mikrobiologické poškodenie. Viditeľne rastúce mikromycéty boli preočkované na živné médiá MEA, PDA, resp. PCA a kultivované 7 dní v tme pri 25 ± 1 °C. Identifikácia prebiehala na základe makro- a mikromorfologických znakov. Potenciálne toxínogénne huby boli testované na schopnosť produkovať vybrané mykotoxíny metódou tenkovrstvovej chromatografie. V sledovaných vzorkách boli ako pôvodcovia kazenia identifikované rody *Alternaria*, *Aspergillus*, *Botrytis*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Geotrichum*, *Penicillium*, *Rhizopus* a *Stemphylium*. S najvyššou frekvenciou výskytu (Fr) boli zaznamenané *Botrytis cinerea* (60,0 %) a *Penicillium* spp. (56,7 %). V rámci rodu *Penicillium* sme identifikovali 8 druhov (*P. bialowiezense*, *P. brevicompactum*, *P. corylophilum*, *P. chrysogenum*, *P. glabrum* clade, *P. italicum*, *P. olsonii*, *P. palitans*). *Penicillium chrysogenum* preukázalo produkciu rokfortínu C a kmene *P. palitans* boli testované na produkciu kyseliny cyklopiazonovej (CPA), no táto schopnosť sa nepotvrdila. Rod *Alternaria* sa vyskytoval s Fr 23,3 % a kmene boli zaradené do druhových skupín *A. alternata*, *A. arborescens* a *A. tenuissima*. Izoláty boli testované na schopnosť produkovať alternuén, alternariol a alternariol monometyléter, pričom 33 % izolátov tvorilo všetky tri toxíny a 83 % kmeňov produkovalo aspoň jeden z nich. *Aspergillus* spp. sa vyskytovali s Fr 13,3 % a boli zatriedené do sekcií *Nigri* (85,7 %) a *Flavi* (14,3 %). Testované boli na schopnosť tvoriť CPA, ochratoxín A a aflatoxíny B₁, G₁ a G₂. Z uvedených metabolitov bola zaznamenaná len produkcia CPA kmeňom zo sekcie *Flavi*.

Výskum bol podporený projektami VEGA/0517/21 a Drive4SIFood 313011V336.

**MICROMYCETES RESPONSIBLE FOR SPOILAGE OF WHITE TABLE GRAPES
IN CHAIN STORES**

Zuzana Mašková, Dana Tančinová, Zuzana Barboráková

Institute of Biotechnology – Department of Microbiology, Faculty of Biotechnology
and Food Sciences, Slovak University of Agriculture in Nitra, Tr. A. Hlinku 2,
949 76 Nitra, Slovakia; zuzana.maskova@uniag.sk

Table grape berries are, due to their composition, an ideal substrate for the development of microorganisms which cause spoilage of the fruit and limit its commercial export. This monitoring study dealt with the detection of microscopic filamentous fungi causing visible spoilage of white table grape berries obtained from various retail chain stores in Slovakia in 2021–2022. In total 30 grape samples showing microbiological damage were analysed. Visibly growing micromycetes were inoculated onto nutrient media MEA, PDA or PCA and cultured for 7 days in the dark at 25 ± 1 °C. Identification was based on macro- and micromorphological features. Potentially toxinogenic fungi were tested for their ability to produce selected mycotoxins with thin-layer chromatography. In the monitored samples, the genera *Alternaria*, *Aspergillus*, *Botrytis*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Geotrichum*, *Penicillium*, *Rhizopus* and *Stemphylium* were identified as spoilage agents. *Botrytis cinerea* (60.0%) and *Penicillium* spp. (56.7%) were recorded at the highest isolation frequency (Fr). Within the genus *Penicillium*, we identified 8 species (*P. bialowiezense*, *P. brevicompactum*, *P. corylophilum*, *P. chrysogenum*, *P. glabrum* clade, *P. italicum*, *P. olsonii*, *P. palitans*). *Penicillium chrysogenum* has been shown to produce roquefortine C, and strains of *P. palitans* have been tested for cyclopiazonic acid (CPA) production, but this ability has not been confirmed. The *Alternaria* genus had an Fr of 23.3% and the strains were included in the *A. alternata*, *A. arborescens* and *A. tenuissima* species groups. Isolates were tested for the ability to produce alternene, alternariol, and alternariol monomethylether, with 33% of isolates producing all three toxins and 83% of strains producing at least one of them. *Aspergillus* spp. had an Fr of 13.3% and were classified into the *Nigri* (85.7%) and *Flavi* (14.3%) sections. They have been tested for the ability to produce CPA, ochratoxin A and aflatoxins B₁, G₁ and G₂. Of the listed metabolites, only CPA production by strains from section *Flavi* was recorded.

The research was supported by projects VEGA/0517/21 and Drive4SIFood 313011V336.

* * *

VOLNĚ ŽIJÍCÍ HLODAVCI PŘEDSTAVUJÍ SKRYTÝ REZERVOÁR DIVERSITY RODU *ARTHRODERMA*

Štěpánka Moulíková¹, Miroslav Kolařík², Daniela Kolarczyk¹,
Vít Hubka^{1,2}, Adéla Čmoková^{1,2}

¹Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Benátská 2,
128 00 Praha 2, Česká republika; cmokova@gmail.com

²Laboratoř genetiky a metabolismu hub, Mikrobiologický ústav Akademie věd ČR,
Vítěňská 1083, 142 20 Praha 4 – Krč, Česká republika

V rámci skupiny dermatofytů představuje rod *Arthroderma* skupinu s největší diverzitou. Za přirozený rezervoár tohoto rodu se považuje půda obohacená o keratin. Během studia diverzity dermatofytů u volně žijících hlodavců v České Republice jsme izolovali několik

kmenů rodu *Arthroderma*. K zjištění ekologie těchto izolátů ($n = 29$) jsme je charakterizovali pomocí genetických markerů (tj. sekvenování ITS, *tubb* a *tef1 α*), morfologicky, fyziologicky a zjišťovali jsme také jejich schopnost se křížit. Abychom dále prozkoumali biogeografii nalezených druhů a jejich asociaci s určitým typem substrátu, porovnali jsme sekvence izolátů získaných z hlodavců s existující ITS databází sekvenčních dat v GenBanku a databázi GlobalFungi. Celkově bylo izolováno osm druhů rodu *Arthroderma* – čtyři již popsané druhy (*A. crocatum*, *A. cuniculi*, *A. curreyi*, *A. quadrifidum*) a čtyři nové druhy: *A. rodenticum*, *A. simile*, *A. zoogenum* a *A. psychrophilum*. Geografická distribuce nově popsáných taxonů nebyla omezena na Českou republiku, ani na hlodavce jako substrát, další izoláty byly získány také z netopýřů a dalších savců, plazů a půdy v Evropě, Severní Americe a Asii. Environmentální data ukázala, že rod *Arthroderma* sdružuje druhy s rozdílnou ekologií, některé linie se relativně často vyskytují v půdě. Jiné se zdají být více asociované se zvířaty, jak bylo například pozorováno u *A. rodenticum*. V samotné půdě bylo nalezeno jen málo sekvencí rodu *Arthroderma*, což může ukazovat na to, že druhy rodu *Arthroderma* jsou spíše asociovány se zvířaty a keratinózními zbytky, než že by se jednalo o typické půdní houby. U dermatofytů se jedná o první studii, která použila data z NGS sekvenčních databází pro zpřesnění naší představy o biodiverzitě, ekologii a diverzitě dermatofytů.

WILD RODENTS HARBOUR HIGH DIVERSITY OF *ARTHRODERMA*

Štěpánka M o u l í k o v á¹, Miroslav K o l a ř í k², Daniela K o l a r c z y k o v á¹,
Vít H u b k a^{1,2}, Adéla Č m o k o v á^{1,2}

¹ Department of Botany, Faculty of Science, Charles University, Benátská 2, 128 00 Prague, Czech Republic; cmokova@gmail.com

² Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Videňská 1083, 142 20 Prague 4, Czech Republic

Arthroderma is the most diverse genus of dermatophytes, and its natural reservoir is considered to be soil enriched with keratin sources. During a study on the diversity of dermatophytes in wild small rodents in the Czech Republic, we isolated several members of *Arthroderma*. To explore the diversity and ecological significance of these isolates from rodents ($n = 29$), we characterised the strains genetically (i.e. sequenced ITS, *tubb* and *tef1 α*), morphologically, physiologically, and by conducting mating experiments. We then compared the rodent-derived strains to existing ITS sequence data from GenBank and the GlobalFungi Database to further investigate biogeography of *Arthroderma* species and their association with different types of environments. In total, eight *Arthroderma* species were isolated from rodents, including four previously described species (*A. crocatum*, *A. cuniculi*, *A. curreyi*, *A. quadrifidum*) and four new species proposed herein, i.e. *A. rodenticum*, *A. simile*, *A. zoogenum* and *A. psychrophilum*. The geographical distribution of these newly described species is neither restricted to the Czech Republic nor rodents. Additional isolates were obtained from

bats and other mammals, reptiles, and soils from Europe, North America, and Asia. Data mining showed that the genus has a diverse ecology, with some lineages occurring relatively frequently in soil, whereas others appeared to be rather closely associated with live animals, as we observed in *A. rodenticum*. Low numbers of sequence reads ascribed to *Arthroderma* in soil show that the genus is rare in this environment, which supports the hypothesis that *Arthroderma* spp. are not soil generalists but rather strongly associated with animals and keratin debris. This is the first study to utilise existing metabarcoding data to assess biogeographical, ecological, and diversity patterns in dermatophytes.

* * *

VÝSKYT KERATINOFILNÝCH HÚB V PÔDNOM PROSTREDÍ NA LOKALITE BANSKÁ ŠTIAVNICA – ŠOBOV

Sanja Nosajl¹, Roman Labuda^{2,3}, Alexandra Šimonovičová¹

¹ Katedra pedológie, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Komenského, Mlynská dolina B–2, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava, Slovenská republika; nosalova15@fns.uniba.sk

² Inštitút bezpečnosti potravín, Univerzita veterinárskeho lekárstva Viedeň (VetMed), Viedeň, Rakúsko

³ Výskumná platforma Bioaktívnych mikrobiálnych metabolitov (BiMM), Tulln, Rakúsko

Mikroskopické huby vyskytujúce sa na substráte, ktorý obsahuje keratín, označujeme ako keratinofilné. Patria sem druhy húb, ktoré keratín nedokážu rozkladať, a substrát obsahujúci keratín pre nich predstavuje iba prostredie vhodné pre rast. Ďalšou skupinou sú huby keratinolytické, ktoré keratín degradujú, a taktiež dermatofyty, ktoré vyvolávajú kožné ochorenia človeka a stavovcov. Prírodným prostredím geofilných dermatofytov je pôda, kde sa podieľajú na rozklade organických zvyškov s obsahom keratínu. Výskyt mikroskopických vláknitých húb v pôdnom prostredí ovplyvňuje široké spektrum faktorov. V súčasnosti sa však do pozornosti dostávajú najmä faktory, ako je napr. acidifikácia a kontaminácia potenciálne toxickými prvkami, ktoré v dôsledku antropickej činnosti negatívne ovplyvňujú diverzitu pôdnej mikrobioty. Lokalita Šobov predstavuje acidifikované územie, ktoré vzniklo v dôsledku banskej činnosti. V minulosti sa však táto oblasť využívala na pasenie dobytky a na poľnohospodárske účely, čo môže indikovať vhodné podmienky na výskyt keratinofilných druhov húb. Vzorok pôdy sme odoberali pozdĺž svahu acidifikovaného územia, z povrchového A-horizontu z hĺbky 0 až 15 cm, presušili ich na laboratórnej teplote 25 °C, rozdrvili a preosiali cez sito 2 mm a uschovali v chladničke pri teplote 5–7 °C v plastových vreckách. Izolácia húb bola modifikáciou bait-technique (na sterilných odmastených kónských vlasoch na pôdnych vzorkách), inkubácia prebiehala jeden mesiac pri laboratórnej teplote 25 °C. Izolované druhy sme identifikovali fenotypovo a tiež PCR metódou (ITS, LSU rDNA). Z kambizeme kultivovanej na lokalite Šobov sme izolovali 12 druhov húb. Najčastejšími zástupcami keratinofilných húb v pôdnych vzorkách pozdĺž celého územia lokality Šobov boli druhy *Purpu-*

reocillium lilacinum a *Keithomyces carneus*. Druh *Metapochonia bulbillosa* sa hojne vyskytoval takmer vo všetkých vzorkách. Nasledovali *Clonostachys rosea*, *Flavocilium bifurcatum*, *Gliomastix murorum*, *Pochonia chlamydosporia*, *Lecanicillium psalliotae*, *Metarhizium anisopliae*, *Tritirachium* sp. a nový druh *Metapochonia* „simonovicovae“ sp. nov. Všetky identifikované druhy sa vyskytovali prevažne v kyslom pôdnom prostredí. Keratinolytický druh *Trichophyton ajelloi* (= *Arthroderma uncinatum*) sa vyskytoval vo dvoch vzorkách, pri čom najväčšie zastúpenie týmto druhom sme pozorovali len vo vzorke s neutrálnou pôdnou reakciou. Nízke zastúpenie keratinolytických druhov húb môže indikovať inhibíciu rozkladných procesov v acidifikovaných pôdach, ako je územie na lokalite Šobov.

OCCURRENCE OF KERATINOPHILIC FUNGI IN THE SOIL ENVIRONMENT AT THE LOCALITY OF BANSKÁ ŠTIAVNICA – ŠOBOV

Sanja Nosajl¹, Roman Labuda^{2,3}, Alexandra Šimonovičová¹

¹ Department of Pedology, Faculty of Science, Comenius University, Mlynská dolina B-2, Ilkovičova 6, 842 15 Bratislava, Slovakia; nosalova15@fns.uniba.sk

² Institute of Food Safety, Food Technology and Veterinary Public Health,

University of Veterinary Medicine, Vienna, Veterinaerplatz 1, 1210 Vienna, Austria

³ Research Platform Bioactive Microbial Metabolites (BiMM), 3430 Tulln a.d. Donau, Austria

The locality of Šobov located near Banská Štiavnica (Slovakia) based on Dystric Cambisol is an acidified area (with ultra-acidic to neutral pH) caused by acid mine drainage. The aim of this study was to determine the presence of keratinophilic fungi from soil samples of this area using the horsehair-baiting technique. A total of 12 species of keratinophilic fungi were isolated and identified based on phenotype and molecular approach. Phylogenetically informative sequences were obtained from the internal transcribed spacer (ITS) region and the nuclear large subunit (LSU) rDNA. The most common keratinophilic fungi were *Purpureocillium lilacinum* and *Keithomyces carneus*. The most abundant species in all soil samples were *Metapochonia bulbillosa*, followed by *Clonostachys rosea*, *Flavocilium bifurcatum*, *Gliomastix murorum* and *Pochonia chlamydosporia*, while a minority of isolated fungi represented *Lecanicillium psalliotae*, *Metarhizium anisopliae* and *Tritirachium* sp. In addition, a new species of the genus *Metapochonia* was discovered (*Metapochonia* ‘simonovicovae’ sp. nov.), as well. All identified species were found predominantly in soil samples with a low pH. The keratinolytic fungus *sensu stricto*, *Trichophyton ajelloi* (= *Arthroderma uncinatum*) possessing the ability to decompose keratin, was present only in the soil sample with a neutral pH. The low diversity of keratinolytic fungi may indicate inhibition of decomposition processes in acidified soils, such as at the Šobov site.

This research was financially supported by project VEGA 1/0194/21.

* * *

**MIKROBIÁLNÍ KONTAMINACE STYXU V JESKYNI BARADLA –
PŘEKVAPIVÝ VÝSKYT MIKROSKOPICKÝCH HUB**

Alena Nováková

Laboratoř genetiky a metabolismu hub, Mikrobiologický ústav AV ČR, v. v. i.,
Václavská 1083, 142 20 Praha 4 – Krč, Česká republika; ANmicrofungi@seznam.cz

Jeskyň se vyznačují poměrně čistým prostředím, chudým na organickou hmotu, s výjimkou depozitů netopýřího guána v jeskyních osídlených netopýři nebo rostlinných zbytků dostávajících se do jeskynních prostor z povrchu jeskyně např. spadem komíny nebo splavením vodou po tání sněhu nebo přivalovými dešti. Veškeré aktivity obyvatel v okolí jeskyně jako intenzivní zemědělství, chov dobytka, divoké skládky, prosakující odpadní vody apod. však mohou kontaminovat jeskynní prostředí. Po kontaminaci podzemních prostor následuje rozvoj mikrobiální populace, která se projeví zvýšeným výskytem např. koliformních bakterií ve vodě i v jeskynním sedimentu v blízkosti toků či podzemních jezírek. V listopadu 2018 se v maďarské jeskyni Baradla objevilo výrazné zbarvení na turistické trase Hosszutúra (Baradla–Jósvafő). V tomto roce během velmi suchého léta došlo k téměř úplnému vysušení podzemního toku Styxu, došlo k obnažení dna v korytě toku a místy se vyskytovala voda ve zbytkových jezírcích. Ta byla s čirou vodou, ale od místa, kde přitéká do Styxu boční větví další podzemní tok, byla jezírka výrazně zbarvena – na dně jezírek, stejně tak místy i na povrchu vyschlého dna Styxu, se nacházelo sytě oranžové zbarvení a v některých jezírcích se na dně vyskytovala černě zbarvená vrstva připomínající dehet. Z odebraných vzorků byly izolovány bakterie indikující kontaminaci podzemní vody, ale velmi překvapivý byl hojný výskyt mikroskopických hub řádu *Mucorales* (*Mucoromycotina*). Tyto mikromycety patří z hlediska ekologie mezi tzv. cukerné houby, které představují první sukcesní stádium hub při osídlování různých substrátů v přírodě, využívají hlavně snadno rozložitelné cukerné látky, ale během předchozích studií nebyly téměř z jeskynního prostředí izolovány, stejně tak nebyly izolovány z kontrolních vzorků (nekontaminovaná voda a sediment). Zjištěné byly hlavně *Mucor hiemalis*, *M. circinelloides*, *M. piriformis*, *M. racemosus*, *M. moelleri*, *Rhizopus arrhizus*, *R. microsporus*, *R. stolonifer* a *Rhizomucor tauricus*, které využily pro svůj růst jak kontaminace vody, tak i odumřelé bakteriální nárosty, přičemž posledních pět druhů bylo zřejmě příčinou černého zbarvení biofilmu na dně jezírek vzhledem k existenci tmavě pigmentovaných stoloniforů, sporangií a azygosporangií. Příčinou znečištění byl průsak znečištěné vody z „jezírka“ v blízkosti vesnice Baradla. Při kontrolním odběru v roce 2019 nebylo zbarvení v celé délce toku Styxu zjištěno a tyto druhy již nebyly izolovány.

**MICROBIAL CONTAMINATION OF UNDERGROUND STREAM STYX
IN THE BARADLA CAVE – UNEXPECTED MICROFUNGAL OCCURRENCE**

Alena Nováková

Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology of the Czech
Academy of Sciences, Vídeňská 1083, 142 20 Prague 4, Czech Republic;
ANmicrofungi@seznam.cz

Caves are relatively pure environments, poor in organic material with the exception of deposits of bat guano in caves inhabited by bats or plant residues which enter caves through chimneys after snow melting and torrential rains. Human activity in the surroundings of caves such as intensive farming and pasturing, illegal waste dumps, seeping waste water, etc. may contaminate the cave environment. Consequently, a microbial population develops, which has an impact on the occurrence of coliform bacteria in underground water streams and pools and in sediments close to them. In November 2018, distinct discolouration of the Styx stream on Hosszutúra tourist trail from Baradla Cave to Jósvalfő Cave (Hungary) appeared. The year 2018 was characterised by a very dry summer and as the result of a long dry season, the water in underground stream Styx almost completely disappeared only residual water pools remained in some places. The water in these pools was at first clear, but other pools located close to a tributary stream running from the village of Aggtelek were discoloured – the bed of the pools was coloured orange and several pools contained a black biofilm on the bed resembling tar. A similar discolouration of residual pools and sediment on the bed of the underground stream was found at the end of Hosszutúra. The bacteria isolated from the collected samples indicated contamination of underground water and sediment in the surroundings of the underground stream, but the abundant occurrence of micromycetes of the order *Mucorales* (*Mucoromycotina* – *Mucor hiemalis*, *M. circinelloides*, *M. piriformis*, *M. racemosus*, *M. moelleri*, *Rhizopus arrhizus*, *R. microsporus*, *R. stolonifer*, *Rhizomucor tauricus*) was unexpected with regard to their practical absence in this cave system during previously studies. These microscopic fungi belong to ‘sugar fungi’ which represent the first stage of microfungus succession on organic substrates in nature, in this instance on organic material in seeping waste water which had originated from a small pool near the village of Aggtelek. The massive occurrence of microscopic fungi with pigmented sporophores, sporangia and azygosporangia (mainly *M. moelleri*, *Rhizopus arrhizus*, *R. microsporus*, *R. stolonifer* and *Rhizomucor tauricus*) was probably the main reason for the black coloured biofilm on the bed of residual pools. The following year, when control samplings were made in this cave, no discolouration was found in the Styx stream and the microfungus species did not occur in water or sediment.

* * *

VNITRODRUHOVÁ DIVERZITA *PHYTOPHTHORA ALNI*

Štěpán Pecka^{1,2}, Ondřej Koukol¹, Gabriela Šrámková¹, Karel Černý²

¹ Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Benátská 2,
128 00 Praha 2, Česká republika; pecka@vukoz.cz

² Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v.v.i.
Květnové náměstí 391, 252 43 Průhonice, Česká republika

Invazní patogen způsobující fytoftorovou hnilobu olší *Phytophthora alni* (plíseň olšová, *Peronosporomycetes: Stramenopila*) byl poprvé izolován z odumírajících porostů olší na jihu Velké Británie v roce 1993. V Česku je jeho výskyt potvrzen od roku 2001. V současné době se tento druh stále šíří Evropou a způsobuje významné škody zejména v břehových porostech olší, které byly např. v povodí Vltavy vyčísleny do miliard korun. V rámci druhového komplexu *Phytophthora alni* s. l. byly vylišeny tři poddruhy. Později se ukázalo, že vícero nezávislými hybridizacemi mezi dvěma z nich vznikl v Evropě v současnosti nejrozšířenější a nejvíce nebezpečný triploidní poddruh *Phytophthora alni* subsp. *alni* (*Phytophthora* × *alni*). Populační struktura *P. alni* subsp. *alni* se stále vyvíjí – analýzou mikrosatelitů byly odhaleny desítky genotypů. Populacím napříč Evropou ovšem dominuje genotyp jediný, označovaný jako Pxa-1, který tvoří zhruba 50 % izolátů. Většina ostatních genotypů je z něj odvozená, nejčastěji se liší pouze ztrátou heterozygoty. Různé genotypy se mezi sebou liší i virulencí a jako nejvíce agresivní byl prozatím potvrzen právě Pxa-1. Výsledky dvou dosavadních populačních studií se rozcházejí v tom, jestli se zastoupení dominantního genotypu v čase zvyšuje, či snižuje a tedy v tom, jakým směrem se evoluce v rámci taxonu a napadeného území vůbec vyvíjí. Cílem bylo ujasnit vývoj genetické struktury populací *P. alni* subsp. *alni* během invaze v povodí Vltavy za využití izolátů z České sbírky fytopatogenních oomycetů (ČSFO) sbíraných okolo roku 2006, kdy touto oblastí procházelo čelo invaze tohoto patogenu v Evropě a rozvoj epidemie fytoftorové hniloby olší zde byl největší, v porovnání s izoláty sbíranými recentně (kolem roku 2021) na identických lokalitách, které se však za posledních cca 15 let dostaly do fáze postepidemické, mimo jiné často spojené s razantním úbytkem olší. Patogen byl izolován z bázi kmenů olší, z přechodu nekrotizovaných a zdravých vodivých pletiv na selektivním agarovém médiu PARPNH (nově zatím 47 lokalit). U jednotlivých izolátů byly na základě analýzy 10 mikrosatelitů definovány genotypy a porovnány s jejich zastoupením v dřívějších studiích. Předběžné analýzy celkem 84 izolátů *P. alni* subsp. *alni* zatím odhalily 18 různých genotypů s tím, že oběma populacím (jak v epidemické, tak v postepidemické fázi) silně dominoval genotyp Pxa-1 a byl patrný mírný nárůst jeho zastoupení (ze 71 % na 85 %). Odvozené genotypy byly v drtivé většině případů jen mírně odlišné od Pxa-1 (nejčastěji ztrátou heterozygoty) a byly zastoupeny jedním, výjimečně dvěma izoláty (z různých lokalit). Oba soubory odvozených genotypů se zcela lišily – nebyl zde nalezen jediný identický genotyp, přežívající dlouhodobě na lokalitě původního výskytu, ani na lokalitě jiné. Vzhledem k počtu vzorků to však nemusí nutně znamenat, že dříve identifikované odvozené genotypy se v prostředí nevyskytují. Předběžné výsledky lze velmi pravděpodobně interpretovat násled-

dovně: 1) V triploidním taxonu *P. alni* subsp. *alni* probíhá intenzivní vývoj vyznačující se permanentním vyštěpováním dalších dosud neznámých genotypů. 2) Odvozené genotypy v prostředí pravděpodobně pouze omezeně přežívají z důvodu nízké fitness, příčinou může být např. nízká virulence nebo omezená schopnost šíření. 3) Populace dominantního genotypu v prostředí stabilně přežívá navzdory významnému poklesu populace hostitele pravděpodobně v důsledku výrazně vyšší fitness. Je ovšem také možné, že zatím uplynul příliš krátký čas na to, aby byly v populacích *P. alni* pozorovány významnější změny, nejsou ani detailně známé virulence všech odvozených genotypů.

INTRASPECIFIC DIVERSITY OF *PHYTOPHTHORA ALNI*

Štěpán Pecka^{1,2}, Ondřej Koukol¹, Gabriela Šrámková¹, Karel Černý²

¹ Department of Botany, Faculty of Science, Charles University, Benátská 2,
128 00 Prague 2, Czech Republic; pecka@vukoz.cz

² Silva Tarouca Research Institute for Landscape and Ornamental Gardening,
Květnové náměstí 391, 252 43 Průhonice, Czech Republic

Invasive pathogen *Phytophthora alni* (*Peronosporomycetes: Stramenopila*) causing root and collar rot in alders was initially discovered in 1993 in southern Britain. In the Czech Republic, *P. alni* was first isolated in 2001. At present, this invasive taxon is gradually spreading across Europe and causing significant environmental and economic losses especially along riverbanks. Three subspecies in species complex *Phytophthora alni* s. l. were found. Two of these subspecies hybridised multiple times and created a third, triploid subspecies called *Phytophthora alni* subsp. *alni* (*Phytophthora* × *alni*), which has become the most widespread and most aggressive of the three. The population structure of *P. alni* subsp. *alni* is still evolving – dozens of genotypes have been identified with the help of microsatellites. Pxa-1 is the genotype dominating across European *P. alni* subsp. *alni* populations (about 50% of isolates) but the time trend in incidence of this genotype differs between particular studies. Most of the other genotypes are closely related, usually differing only by loss of heterozygosity. Apparently, different genotypes have different rates of aggressiveness and the most aggressive is Pxa-1 genotype (although not all of them were tested). The aim of our work is to clarify the evolution of the genetic structure of *P. alni* subsp. *alni* populations during invasion by comparing isolates (older isolates from the Czech Collection of Phytopathogenic Oomycetes) collected in the Vltava basin around 2006, when the area was newly invaded (disease front), with recently obtained isolates from the same area (present postepidemic phase). The pathogen was isolated from conductive tissues of diseased alder trunks with the help of selective PARPNH agar (from 47 localities in postepidemic phase to this day). Genotypes were identified using 10 microsatellite markers and the results were compared with results from previous studies. Preliminary analysis of 84 *P. alni* subsp. *alni* isolates (both from old and new populations) detected 18 different genotypes, and Pxa-1 was dominant in both (71% in old and 85% in new populations). Derived

genotypes were mostly only slightly different from Pxa-1 (usually loss of heterozygosity) and were usually represented by just one or two isolates (from different areas). Of the derived genotypes, no new genotype were identical with any of the old ones. However, considering the small number of samples, it is not certain that the old genotypes have disappeared over time. Preliminary results can be interpreted the following ways. 1) Intensive evolution is taking place in the triploid taxon of *P. alni* subsp. *alni*, characterised by permanent formation of new, yet unknown genotypes. 2) Derived genotypes seem to have problems surviving in the environment probably because of low fitness (low virulence or poor ability to spread). 3) The population of the dominant genotype is constant over time, despite a decrease in host population density. Nevertheless, also the time to notice some significant differences between *P. alni* populations may have been too short. Moreover, for a better insight into its evolution, it would be beneficial to obtain more information about the virulence of a larger number of derived genotypes.

* * *

STUDIUM RŮSTU PLÍSNÍ NA STAVEBNÍCH MATERIÁLECH

Jana Jirešová¹, Zuzana Rácová^{1,2}, Vladimír Scholtz¹, Eliška Lokajová¹,
Kamila Zdeňková³, Josef Kahun¹

¹ Fakulta chemicko-inženýrská, VŠCHT v Praze, Technická 5, 166 28 Praha 6,
Česká republika

² Fakulta stavební, ČVUT v Praze, Thákurova 2077/7, 166 29 Praha 6, Česká republika;
zuzana.racova@fsv.cvut.cz

³ Fakulta potravinářské a biochemické technologie, VŠCHT v Praze, Technická 5,
166 28 Praha 6, Česká republika

Příspěvek je zaměřen na ošetření materiálu pro inhibici růstu mikroskopických vláknitých hub pomocí netermálního plazmatu. Tato metoda využívá stejnosměrný bipolární korónový výboj vznikající v elektroodovém systému hrot–prsteneček. Jako modelový organismus byl zvolen *Aspergillus brasiliensis* CCM 8222 (ATCC 16404). Inokulum (suspenze spór) bylo aplikováno do středu vzorku sádrokartonových destiček umístěných do Petriho misek na povrch agaru se sladovým extraktem, doba expozice plazmatu byla 10 minut. Byla sledována závislost rychlosti růstu na teplotě (kultivace při teplotách 5 °C, 23 °C, 27 °C a 37 °C) a vliv expozice plazmatu (expozice ihned po inokulaci, dva dny po inokulaci, při pozorovatelném prvotním nárůstu inokula a kontrola bez ošetření plazmatem). Výsledky prokázaly nejmasivnější nárůst *A. brasiliensis* na sádrokartonu při teplotě 37 °C, zatímco při 5 °C byl nárůst nulový. Sada kultivovaná při teplotě 23 °C vystavená expozici plazmatu vykazovala nejsilnější inhibiční efekt použitého ošetření vůči *A. brasiliensis* v případě, že vzorky byly exponovány plazmatu dva dny po inokulaci. Byl potvrzen inhibiční efekt plazmatu vůči *A. brasiliensis* při teplotě 23 °C v případě, že byly vzorky ošetřeny plazmatem po dobu deseti minut v čase dva dny po inokulaci. Metoda ošetření je podle tohoto experimentu potenciálně aplikovatelná jako

preventivní opatření proti růstu plísní při haváriích staveb a dočasné zvýšené vlhkosti konstrukcí provedených ze sádkartonu.

Příspěvek vznikl za podpory GAČR (projekt GA22–06621S „Inaktivace růstu plísní na povrchích stavebních materiálů pomocí nízkoteplotního atmosférického plazmatu“).

STUDY OF MOULD GROWTH ON BUILDING MATERIALS

Jana J i r e š o v á¹, Zuzana R á c o v á^{1,2}, Vladimír S c h o l t z¹, Eliška L o k a j o v á¹,
Kamila Z d e ň k o v á³, Josef K h u n¹

¹ Faculty of Chemical Engineering, University of Chemistry and Technology Prague,
Technická 5, 166 28 Prague 6, Czech Republic

² Faculty of Civil Engineering, Czech Technical University in Prague, Thákurova 2077/7,
166 29 Prague 6, Czech Republic; zuzana.racova@fsv.cvut.cz

³ Faculty of Food and Biochemical Technology, University of Chemistry and Technology
Prague, Technická 5, 166 28 Prague 6, Czech Republic

The paper deals with a method of treating material to inhibit the growth of moulds based on non-thermal plasma using a direct bipolar corona discharge generated in a point-to-ring electrode system. The exposure time of the samples to non-thermal plasma was 10 minutes. *Aspergillus brasiliensis* CCM 8222 (ATCC 16404) was used as a model organism. The experiment was performed on plasterboard samples situated in Petri dishes with malt extract agar, the inoculum (spore suspension) being applied to the centre of the sample. The dependence of growth rate on temperature (cultivation at temperatures of 5 °C, 23 °C, 27 °C and 37 °C), as well as the effect of exposure to non-thermal plasma (exposition immediately after inoculation, two days after inoculation, after an observable initial growth, and control without plasma exposition) were monitored. The results showed the most massive growth of *A. brasiliensis* on plasterboard at a temperature of 37 °C, while no growth was found at 5 °C. The strongest inhibitory effect was observed for the exposure two days after inoculation and cultivated at 23 °C. An inhibitory effect of non-thermal plasma against *A. brasiliensis* at 23 °C was confirmed when samples were treated with non-thermal plasma for ten minutes two days after inoculation. According to this experiment, the treatment is potentially applicable as a preventive method against mould growth in building disrepair and temporarily increased humidity of constructions made of plasterboard.

This work was supported by the Czech Science Foundation (GACR) project GA22-06621S Inactivation of mould growth on surfaces of construction materials using low temperature atmospheric plasma.

* * *

**REDUKCE POČTU DRUHŮ V SÉRIÍCH *VERSICOLORS*
A *NIGRI* RODU *ASPERGILLUS*****František Sklenář^{1,2}, Vít Hubka^{1,2}**

¹Department of Botany, Faculty of Science, Charles University, Benátská 2,
128 00 Prague 2, Czech Republic; frantisek.sklenar@natur.cuni.cz

²Institute of Microbiology AS CR, v.v.i., Vídeňská 1083, 142 20 Prague 4, Czech Republic

Aspergillus je významným rodem vláknitých hub, který zahrnuje více než 400 akceptovaných druhů a toto číslo každý rok narůstá. Série *Versicolores* a *Nigri* obsahují 17 a 14 druhů, z nichž mnoho je klinicky nebo ekonomicky významných. Počet druhů v těchto sériích v posledních letech výrazně vzrostl, což má za následek problémy při identifikaci těchto druhů i v případě použití molekulárních technik. Z toho důvodu byly provedeny revize těchto sekcí pomocí klasických taxonomických metod společně s moderními fylogenetickými metodami pro delimitaci druhů. Výsledkem této analýzy bylo zjištění, že počet druhů v obou sériích je výrazně nadhodnocen, a proto byla provedena redukce jejich počtu na čtyři v sérii *Versicolores* a šest v sérii *Nigri*. Identifikace na základě fenotypu přesto zůstává nadále obtížná, protože i nově vymezené „široké“ druhy obsahují velkou vnitrodruhovou variabilitu a mezi taxonomickými znaky u nich dochází k překryvu. Z toho je také zjevné, že rozsah vzorkování má zásadní vliv na výsledek taxonomických studií.

**REDUCTION OF SPECIES NUMBER IN *ASPERGILLUS* SERIES
VERSICOLORS AND *NIGRI*****František Sklenář^{1,2}, Vít Hubka^{1,2}**

¹Department of Botany, Faculty of Science, Charles University, Benátská 2,
128 00 Prague 2, Czech Republic; frantisek.sklenar@natur.cuni.cz

²Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology
of the Czech Academy of Sciences, Vídeňská 1083, 142 20 Prague 4, Czech Republic

Aspergillus is an important genus of filamentous fungi. The genus harbours more than 400 accepted species and this number is growing every year. Series *Versicolores* and *Nigri* contain 17 and 14 species, respectively, many of which are of clinical or economic significance. The number of accepted species in these series has risen rapidly in recent years and identification to the species level has become problematic even when using molecular methods. We performed a taxonomic revision of the series *Versicolores* and *Nigri* using a novel approach combining classic taxonomical procedures with modern phylogenetic species delimitation methods. Our analysis revealed an inflation of species in both sections and sup-

ported a substantial reduction in the number of species. Therefore, only four species remain in series *Versicolores* and six in series *Nigri*. Nevertheless, identification based solely on phenotype remains challenging due to the large amount of intraspecific variability which these species exhibit and the resulting overlap in taxonomic characters. This also demonstrates the importance of sampling in taxonomic studies.

* * *

75 LET OD ZALOŽENÍ ČESKÉ NÁRODNÍ SBÍRKY TYPOVÝCH KULTUR (CNCTC), HISTORIE A SOUČASNOST

Renáta Šafránková

Národní referenční laboratoř – Česká národní sbírka typových kultur (CNCTC),
Státní zdravotní ústav, Šrobárova 49/48, 100 00 Praha 10, Česká republika;
renata.safrankova@szu.cz

V letošním roce uplyne 75 let od založení České národní sbírky typových kultur (CNCTC), která působí v rámci Centra epidemiologie a mikrobiologie ve Státním zdravotním ústavu v Praze. CNCTC byla oficiálně ustanovena v roce 1947 jako centrální sbírka lokálních souborů kultur spravovaných jednotlivými národními referenčními laboratořemi, navázala na tradici sbírky kultur, založené v SZÚ na konci 20. let. Prvním kurátorem byl doc. Juraj Strauss, za jehož působení byly do sbírky zařazeny typové kmeny získané ze zahraničních sbírek, zavedena jednotná dokumentace a evidence kultur a byly uplatněny moderní metody konzervace kmenů (lyofilizace). Dalším významným vedoucím sbírky se stal dr. Jiří Šourek, který vedl sbírku přes 40 let a významně ji rozšířil až na 5000 kmenů. Pod jeho vedením byla sbírka už s akronymem CNCTC registrována ve Světové federaci sbírek kultur (WFCC) a v Evropské organizaci sbírek kultur (European Culture Collections Organisation – ECCO). Od roku 1999 vedla sbírku doc. Helena Žemličková, sbírka získala statut Národní referenční laboratoře (NRL) a byla provedena rozsáhlá revize sbírky především biochemickými metodami. V roce 2014 byla sbírka předána Dr. R. Šafránkové, která pokračuje v revizi sbírky pomocí nových metod – MALDI-TOF MS, sekvenační analýza 16S rRNA, celogenomová sekvenace (WGS/NGS). Hlavní náplní CNCTC je dlouhodobé uchování kultur včetně distribuce (prodej), zařazování nových kmenů, příprava okruhu EHK (Externí hodnocení kvality) – Bakteriologická diagnostika, lyofilizace kultur na zakázku, revizní a publikační činnost.

75th ANNIVERSARY OF THE CZECH NATIONAL COLLECTION OF TYPE CULTURES (CNCTC), BRIEF HISTORY AND RECENT ACTIVITIES

Renáta Šafránková

National Reference Laboratory – Czech National Collection of Type Cultures (CNCTC), National Institute of Public Health, Šrobárova 49/48, 100 00 Prague 10, Czech Republic; renata.safrankova@szu.cz

This year it is 75 years since the founding of the Czech National Collection of Type Cultures (CNCTC), which acts as a department of the Centre for Epidemiology and Microbiology of the National Institute of Public Health (NIPH) in Prague. The CNCTC was officially established in the year 1947 as the central collection of local cultures managed by particular national reference laboratories, following up the tradition of culture collection established at the NIPH in the late 1920s. The first curator, Assoc. Prof. Juraj Strauss, acquired type strains from foreign collections and introduced an integrated documentation system of deposits. He also applied new methods of culture conservation (freeze drying). Dr. Jiří Šourek, another important head of the Collection, worked in this function for more than 40 years, expanding the collection up to 5,000 strains. Under his leadership, the Collection was registered in the World Federation of Cultural Collections (WFCC) and the European Culture Collections Organisation (ECCO) under the acronym CNCTC. Assoc. Prof. Helena Žemličková managed the Collection from the year 1999 and it became a National Reference Laboratory (NRL) and thorough examination of deposits was carried out with biochemical methods. The collection was passed on to Dr. Renáta Šafránková in 2014; she continues the examination of deposits using new methods like MALDI-TOF MS, 16S rRNA sequence analysis, and whole genome sequencing (WGS/NGS). The main activities of CNCTC are long-time preservation of cultures, their deposition and distribution, setting and management of external quality assessment, bacteriological diagnostics, freeze drying on demand, auditing, and research publication activities.

* * *

POPULAČNÍ STRUKTURA KOMPLEXU DRUHŮ *TRICHOPHYTON INTERDIGITALE* / *T. MENTAGROPHYTES*Michaela Švarcová^{1,2}, Vít Hubka^{1,2}, Tomáš Větrovský²

¹ Katedra genetiky a mikrobiologie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova v Praze, Viničná 5, 128 44 Praha 2, Česká republika; svarcova.michaela92@gmail.com

² Mikrobiologický ústav Akademie Věd, Vídeňská 1083, 142 20 Praha 4 – Krč, Česká republika

Trichophyton interdigitale je jedním z nejčastějších původců onemocnění tinea pedis (mykóza chodidla) a onychomykózy (mykóza nehtů nohou) u člověka. Naproti tomu blízký

druh *T. mentagrophytes* primárně způsobuje povrchové mykózy u zvířat (např. u králíků, koček, psů), ale je také schopný způsobovat zoonotické infekce u člověka, což se projevuje mj. jako tinea corporis. Dle původního konceptu by měly být tyto druhy rozlišitelné na základě fenotypických rysů jako například makromorfologie kolonií, přítomnost makrokonidií a spirálních hyf. Bohužel je korelace mezi klinickým obrazem, fenotypem a genotypem podle recentních studií spíše nejasná. Kromě toho je také komplikovaná i genotypizace a určování druhu v rámci tohoto komplexu, protože nyní jsou druhy tohoto komplexu rozlišovány pouze několika substitucemi v ITS regionu. Získali jsme 120 izolátů identifikovaných jako *T. interdigitale* / *T. mentagrophytes* od pacientů s různým klinickým obrazem. Korelační analýza porovnávala morfologické znaky nebo klinický obraz s molekulární charakterizací ze třech lokusů – ITS, β -tubulin a TEF (translation elongation factor 1- α). Korelace byla nalezena mezi genotypovou linií *T. interdigitale* a klinickým obrazem (tinea pedis nebo onychomykóza), vyšším věkem pacienta a pomalejším růstem kolonií při 37 °C. Charakterizace křížících typů (dle MAT genů) prozradila, že genotypová linie *T. interdigitale* měla jen MAT-1-2-1 (HMG), přičemž genotypová linie *T. mentagrophytes* obsahovala MAT-1-2-1 (HMG) nebo MAT-1-1-1 alpha-box gen. Bohužel žádný z použitých přístupů nerozděluje druhy *T. interdigitale* a *T. mentagrophytes* spolehlivě. Nicméně výše jsou uvedeny parametry, které více korelují s genotypem *T. interdigitale*. Nyní probíhá studie, kde se zaměřujeme na větší pokrytí informací o genomu tohoto komplexu. Metoda ddRadSeq napoví více o rozložení struktury populací mezi těmito kmeny.

POPULATION STRUCTURE OF COMPLEX *TRICHOPHYTON INTERDIGITALE* / *T. MENTAGROPHYTES*

Michaela Švarcová^{1,2}, Vít Hubka^{1,2}, Tomáš Větrovský²

¹ Department of Genetics and Microbiology, Faculty of Science, Charles University, Viničná 5, 128 44 Prague 2, Czech Republic; svarcova.michaela92@gmail.com

² Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Vídeňská 1083, 142 20 Prague 4, Czech Republic

Trichophyton interdigitale is one of the most common agents of tinea pedis and onychomycosis in humans. The closely related species *T. mentagrophytes* is primarily the agent of superficial infections in animals (e.g. rabbits, cats and dogs), but it also commonly causes zoonotic infections in humans, especially tinea corporis. Based on the original concept, these species should be distinguishable by characteristic phenotypic features, including macro-morphology of colonies, and presence/absence of macroconidia and spiral hyphae. However, recent studies have indicated that the correlation between the clinical picture and phenotype and genotype of the pathogen is not so clear as expected. Due to this, the differentiation of these taxa mostly relies on a few substitutions in the internal transcribed spacer region.

A total of 120 isolates identified as *T. interdigitale* / *T. mentagrophytes* obtained from Czech patients with various clinical manifestations of dermatophytosis were studied. A cor-

relation analysis comparing morphological features or the clinical picture with molecular characterisation was performed using three loci, ITS, β -tubulin and translation elongation factor 1- α (TEF). Correlation was found between the genotypic lineage of *T. interdigitale* and factors like clinical manifestation, namely tinea pedis or onychomycosis, higher age of patient and slower growth at 37 °C. The mating-type genes were also characterised. The genotypic lineage of *T. interdigitale* consisted of MAT-1-2-1 (HMG) exclusively, whereas the genotypic lineage of *T. mentagrophytes* consisted of either the HMG mating type or the alpha-box gene. The results of several species delimitation approaches were compared. In conclusion, neither of these methods could distinguish between the species *T. interdigitale* and *T. mentagrophytes* reliably. However, a few parameters listed above can be correlated more to *T. interdigitale*. The next step is to focus more on covering the genome of this species complex. The ddRadSeq method will tell us more about the population structure distribution of these strains.

* * *

VYUŽITÍ „OMICS“ PŘÍSTUPŮ PŘI STUDIU HOUBOVÉHO SPOLEČENSTVA KŮROVCE *IPS TYPOGRAPHUS* I. A II.

Tereza Veselská¹, Karel Švec¹, Martin Kostovčík¹, Tian Cheng²,
Barbora Křížková¹, Václav Havlíček³, Miroslav Kolařík¹

¹Laboratoř genetiky a metabolismu hub, Mikrobiologický ústav Akademie věd, v.v.i.,
Videňská 1083, 142 00 Praha 4 – Krč, Česká republika; veselska.tereza@gmail.com,
karel.svec@biomed.cas.cz

²Helmholtzovo centrum pro výzkum infekčních onemocnění, Inhoffenstrasse 7,
38 124 Braunschweig, Německo

³Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Benátská 2,
128 01 Praha 2, Česká republika

Kůrovci jsou extrémně diverzifikovaná skupina hmyzu s globálním socio-ekonomickým dopadem, jelikož mezi nimi nalezneme významné škůdce lesních porostů a stavebního dřeva. Kůrovci vyvinuli rozličné potravní strategie. Nalezneme mezi nimi druhy živícími se semeny či lýkem rostlin i druhy, které si v dřevnatých částech rostlin pěstují symbiotické vláknité houby, které jim slouží jako výhradní zdroj potravy. I lýkožraví kůrovci bývají asociovaní s houbami a dalšími mikroorganismy. Tyto mikroorganismy slouží broukům jako přídavný zdroj živin, především pak dusíku, který je v rostlinných pletivech ve velmi nízkých koncentracích. Zároveň brouky pomocí antibiotik chrání proti patogenním mikroorganismům, uplatňují se ve vytváření feromonů sloužících broukům v komunikaci, degradují obranné toxické látky produkované stromem a v neposlední řadě umožňují adaptační odpověď na změny prostředí. Asociované mikroorganismy jsou na oplátku brouky přenášeny pod kůru nového stromu, kam by se jinak jen obtížně šířily, čímž se jim zpřístupní nové zdroje živin. I přes dlouhodobou snahu o pochopení vztahů mezi mikroorganismy, kůrovcem a rostlinou, stále

mnohé otázky zůstávají nezodpovězeny. Nové metody patřící do tzv. „omics“ (např. genomika a transkriptomika) umožňují mnohem detailnější studium struktury a funkce mikrobiálních společenstev. Právě tyto metody jsme použili pro studium mikrobiálního společenstva kůrovce *Ips typographus*, významného škůdce evropských smrkových lesů. Během jednoho roku zvládne *I. typographus* ukončit dva až tři životní cykly v závislosti na klimatických podmínkách. Tradičními kultivačními metodami bylo již dříve zjištěno, že je asociovaný s vláknitými houbami patřícími do rodů *Ophiostoma* (především pak *O. bicolor*), *Endoconidiophora* (*E. polonica*), *Pesotum*, *Grossmania* a *Rafaellea*. Nicméně detailnější analýza mikroorganismů společenstva chybí. *I. typographus* nemá žádné speciální struktury pro přenos asociovaných hub. Ty jsou buď přenášeny na jeho povrchu nebo uvnitř střeva. Naším předpokladem bylo, že *I. typographus* je vázaný na bohatou střevní mikrobiální komunitu, která významně ovlivňuje jeho fitness během celého jeho vývojového cyklu. Struktura střevního houbového společenstva *I. typographus* byla studována v průběhu celého vývojového cyklu kůrovce (parentální dospělci, larvy, kukly a mladí dospělci) během jarní a letní generace. Byly použity tři nezávislé metody: kultivace, sekvenování střevní mikrobioty pomocí DNA metabarcodingu (ITS marker) a sekvenace metatranskriptomu ze střeva kůrovce. Tyto metody byly doplněny ještě o přímé studium střevních epitelů kůrovce pomocí TEM mikroskopie. Všechny tyto metody ukázaly, že střevní mykobiom *I. typographus* je dominovaný kvasinkami (*Saccharomyces*), které tvoří více než 80 % všech přítomných druhů. Mezi nejčastější druhy patřily *Kuraishia molischiana*, *Nakazawaea ambrosiae*, *Wickerhamomyces bisporus* a *Ogataea ramenticola*. Po kvasinkách byly početné vláknité houby patřící do třídy *Sordariomycetes*, především pak již dříve zmiňované *Ophiostoma bicolor* a *Endoconidiophora polonica*. Mikrobiální společenstvo se významně neměnilo v průběhu vývojového cyklu *I. typographus*, ale bylo značně ovlivněné sezónou. Střevní houbová společenstva měla v obou sezónách obdobné druhové zastoupení, významně se ale lišily poměry dominantních druhů. Naši hypotézou bylo, že dominantní druhy kvasinek mají obdobnou funkci a jejich poměr je řízen aktuálními podmínkami prostředí. Z toho důvodu jsme přistoupili na celogenomovou sekvenaci vybraných izolátů dominantních kvasinek – *K. molischiana*, *N. ambrosiae*, *W. bisporus* a *O. ramenticola*. Funkční anotace genomů těchto druhů vskutku odhalila obdobnou genovou výbavu těchto druhů. Genomy těchto kvasinek obsahují dráhy potřebné k detoxifikaci a degradaci rostlinných pletiv. Tyto kvasinky zároveň dokáží syntetizovat všechny esenciální aminokyseliny a vitamín B6, což má zásadní význam pro výživu a fitness brouků. Předpokládáme, že houbový mikrobiom *I. typographus* je složen z hub, které mají v pozerku zastupitelnou roli a jejich dominance je určována aktuálními podmínkami prostředí.

THE USE OF OMICS APPROACHES IN THE STUDY OF THE FUNGAL COMMUNITY OF BARK BEETLES *IPS TYPOGRAPHUS* I AND II

Tereza Veselská¹, Karel Švec¹, Martin Kostovčík¹, Tian Cheng²,
Barbora Křížková¹, Václav Havlíček³, Miroslav Kolařík¹

¹Laboratory of Fungal Genetics and Metabolism, Institute of Microbiology of the Czech Academy of Sciences, Vídeňská 1083, 142 20 Prague 4, Czech Republic; veselska.tereza@gmail.com, karel.svec@biomed.cas.cz

²Helmholtz Centre for Infection Research, Inhoffenstrasse 7, 38124 Braunschweig, Germany

³Department of Botany, Faculty of Sciences, Charles University, Benátská 2, 128 01 Prague 2, Czech Republic

Bark beetles are an extremely diverse group of insects with a global socio-economic impact, as they are important pests of forests and timber. Bark beetles have evolved different feeding strategies. There are granivorous species, phloeophagous species and mycophagous specialists called ambrosia beetles which cultivate symbiotic filamentous fungi in the woody parts of plants. Fungal mycelium serves them as the sole food source. Even phloeophagous bark beetles are associated with fungi and other microorganisms. These microorganisms serve them as an additional source of nutrients, especially nitrogen, which is present in very low concentrations in plant tissues. At the same time, they protect beetles against pathogenic microorganisms by the production of antibiotics, and are involved in the pheromone production which beetles use for communication. They degrade defensive toxic metabolites of plants, and last but not least, they provide beetles with an adaptive response to environmental changes. The associated microorganisms can in turn be transported by the beetle at the end of their life cycle under the bark of a new tree and thus be spread to a new habitat with fresh nutrient sources. Despite long-standing efforts to understand the relationships between microorganisms, bark beetles and plants, many questions remain unanswered. Current methods belonging to the so-called “omics” (e.g. genomics and transcriptomics) allow us to study the structure and functions of microbial communities on a much finer scale. We have used these methods to study the microbial community of bark beetle *Ips typographus*, an important pest of European spruce forests. Within one year, *I. typographus* can complete two or three generations depending on weather conditions. Cultivation methods revealed filamentous fungi belonging to genera *Ophiostoma* (especially *O. bicolor*), *Endoconidiophora* (*E. polonica*), *Pesotum*, *Grossmania* and *Rafaellea* as frequent associates of *I. typographus*. However, a more detailed analysis of the entire microbial community is lacking. *I. typographus* has no specialised structures for the transmission of associated fungi. These are either transmitted on its body surface or in its gut. Our hypothesis was that *I. typographus* is associated with a rich microbial gut community significantly influencing its fitness throughout its life cycle. The structure of the fungal microbiome of *I. typographus* was studied throughout the bark beetle’s life cycle. Parental adults, larvae, pupae and juveniles were studied in the spring and summer genera-

tions. Three independent methods were used: cultivation, sequencing of the gut microbiota by DNA metabarcoding (ITS markers), and sequencing of the metatranscriptome from the bark beetle gut. These methods were complemented by a direct study of the beetle's intestinal epithelia by TEM microscopy. All these methods showed that the intestinal mycobiome of *I. typographus* is dominated by yeasts (*Saccharomyces*), which accounted for more than 80% of all species present. The most common species were *Kuraishia molischiana*, *Nakazawaea ambrosiae*, *Wickerhamomyces bisporus* and *Ogataea ramenticola*. The second most common are filamentous fungi belonging to class *Sordariomycetes*, especially the previously mentioned species *Ophiostoma bicolor* and *Endonidiophora polonica*. The microbial community did not change significantly throughout the life cycle of *I. typographus*, but was strongly influenced by the season. The intestinal fungal communities were similar in both seasons in species identity; however, they significantly differed in the proportion of dominant species. Our hypothesis was that the dominant yeast species have similar functions and their ratio is driven by current environmental conditions. Therefore, we proceeded to whole-genome sequencing of selected isolates of dominant yeasts *K. molischiana*, *N. ambrosiae*, *W. bisporus* and *O. ramenticola*. Functional annotation of the genomes revealed a similar genetic potential of these yeasts. The genomes contain pathways required for detoxification and degradation of plant tissues. At the same time, these yeasts can synthesise all essential amino acids and vitamin B6, which are essential for the nutrition and fitness of the beetle. We hypothesise that the fungal microbiome of *I. typographus* is composed of fungi which have similar functions and whose dominance is determined by environmental conditions.

* * *

CRYPTOSTROMA CORTICALE – PODCEŇOVANÝ NEOMYCET

Vladimír Z ý k a¹, Ondřej K o u k o l², Ivana B o r o v i č k o v á²,
Daniel Z a h r a d n í k¹, Veronika S t r n a d o v á¹, Dita Š e t i n o v á¹, Karel Č e r n ý¹

¹ Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v. v. i., Průhonice,
Česká republika; cerny@vukoz.cz

² Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Benátská 2,
128 00 Praha 2, Česká republika

Velká část neomycetů (nepůvodní druh houby zavlečený na území Evropy po r. 1492) byla na území ČR identifikována až v posledních desetiletích, přičemž se prakticky stoprocentně jedná o parazitické druhy. Významná část z nich představuje druhy invazní, přičemž cca 10–20 % z nich jsou druhy značně nebezpečné pro přírodní prostředí. Obvykle se jedná o organismy nápadně se projevující symptomy poškození hostitelů a jejich chřadnutím již krátce po jejich kolonizaci. Jedním z několika druhů, jejichž přítomnost naopak po dlouhou dobu může unikat pozornosti je *Coniosporium corticale* Ellis & Everhart 1889. Tento druh byl popsán v Kanadě jako saprofyt na kůře poražených kmenů javorů (pravděpodobně *A. sac-*

charum). V Evropě byl druh poprvé zjištěn s jistotou v Londýně, kde byl identifikován jako původce sazné nemoci kůry javorů (*A. pseudoplatanus*) a popsán pod novou kombinací *Cryptostroma corticale* (Ellis & Everhart) Gregory & Waller 1951. Patogen způsobil během několika let odumření desítek jedinců druhu a přes značné úsilí se jej nepodařilo eradikovat a v následujících desetiletích se dále šířil v Anglii a Walesu, onemocnění se však objevovalo spíše ve vlnách střídaných delšími fázemi bez významných projevů poškození. Brzy se potvrdilo, že organismus žije dlouhou dobu jako endofyt ve vnitřním xylému javorů a k parazitickému způsobu života přechází vždy po vlně veder, sucha a stresu hostitele. Tato vlastnost je typická pro některé zástupce rodu *Biscogniauxia* (*Xylariaceae*: *Sordariomycetes*) kam byl *C. corticale* nedávno rovněž zařazen. Do přelomu tisíciletí byl organismus znám z kontinentální Evropy pouze z několika údajů z okolí Paříže a nebyl mu přikládán prakticky žádný význam. Údajů o výskytu a škodlivosti však po roce 2000 zde začalo rychle přibývat – dnes je organismus udáván z 11 zemí včetně ČR. Hlavním hostitelem je *A. pseudoplatanus*, znám je i na dalších druzích, ty lze však považovat dílem za pochybné, dílem snad za nepříliš významné. Bohužel, zjištěné výskyty se neomezuji jen na městské výsadby, jak je v prvních fázích invazí mnohých neomycetů obvyklé, ale jsou běžně udávány i napadené chřadnoucí lesní porosty a je zjevné, že se patogen dokáže snadno spontánně šířit. Byla rovněž potvrzena vazba rozvoje choroby na stres, znečištění prostředí a charakteristiky reliéfu a spekuluje se o vlivu klimatické změny na rozvoj epidemie. To zjevně znamená, že patogen představuje nejen riziko pro městské a okrasné výsadby, kde je již latentně kolonizována cca 1/4 populace hostitele a patogen se běžně vyskytuje, ale že pravděpodobně představuje i značné riziko pro lesní porosty. V ČR je patogen znám prozatím v lesích jižních, středních a severních Čech, ale také severní a jižní Moravy, časová náročnost však neumožňuje získat rychle dostatečné množství dat pro identifikaci ohrožených oblastí a porostů. Recentní modelování vhodnosti prostředí pro *C. corticale* v ČR však jednoznačně ukazuje, že značná část lesních porostů v termofytiku a teplejších oblastech mezofytika je pro rozvoj *C. corticale* velmi vhodná – a mj. všechny známé výskyty patogenu v ČR jsou právě v těchto oblastech koncentrovány. *C. corticale* bezpochyby patří mezi další nebezpečné zdomácnělé invazní patogeny a představuje další z výzev lesnické fytopatologie.

CRYPTOSTROMA CORTICALE – UNDERESTIMATED NEOMYCETE

Vladimír Z ý k a¹, Ondřej K o u k o l², Ivana B o r o v i č k o v á²,
Daniel Z a h r a d n í k¹, Veronika S t r n a d o v á¹, Dita Š e t i n o v á¹, Karel Č e r n ý¹

¹ Silva Tarouca Research Institute for Landscape and Ornamental Gardening, Průhonice, Czech Republic; cerny@vukoz.cz

² Department of Botany, Faculty of Science, Charles University, Prague, Czech Republic

A large part of neomycetes (alien fungus or fungus-like species introduced to Europe after 1492) have been identified in the Czech Republic in recent decades, and most of them

are parasitic species. A significant part of them are invasive and about 10–20% pose an important risk to the environment. These species usually manifest themselves conspicuously by symptoms of damage to the hosts and their withering shortly after colonisation. One species, the presence of which may, on the contrary, escape attention for a long time, is *Coniosporium corticale* Ellis & Everhart 1889. The aim of this contribution is to introduce this dangerous, rapidly spreading species. It was described in Canada as a saprophyte on the bark of felled maple trunks (probably *A. saccharum*). In Europe, the species was first detected with certainty in London, where it was identified as the causative agent of sooty bark disease of maple (*A. pseudoplatanus*) and described under the new name *Cryptostroma corticale* (Ellis & Everhart) Gregory & Waller 1951. The pathogen caused the death of dozens of individuals of the species within a few years, and despite considerable efforts, it could not be eradicated and continued to spread in England and Wales in the following decades. However, the disease appeared rather in waves alternating with longer periods without significant manifestations of damage. It was soon confirmed that the organism lives for a long time as an endophyte in the inner xylem of maples and always switches to a parasitic way of life after a wave of heat, drought and stress of the host. This feature is typical of some representatives of the genus *Biscogniauxia* (*Xylariaceae*: *Sordariomycetes*), into which also *C. corticale* was recently included). Until the turn of the millennium, the organism was known from continental Europe only from a few places in the vicinity of Paris and practically no importance was ascribed to it. However, after the year 2000, data on its occurrence and harmfulness have increased rapidly and today the organism is reported from 11 countries, including the Czech Republic. The main host is *A. pseudoplatanus*, although the pathogen is also reported from other species, but these findings can be considered partly dubious, partly perhaps rather insignificant. Unfortunately, the detected occurrences are not limited to urban plantings or the cultural landscape, as is usual in the first stages of invasions by many neomycetes, but they are also commonly reported to infect withering forests, and it is obvious that the pathogen can easily spread spontaneously. The link between the development of the disease and stress, environmental pollution and relief characteristics has also been confirmed, and there is speculation about the impact of climate change on the development of the epidemic. This obviously means that the pathogen poses not only a risk to urban and ornamental plantings, where about 1/4 of the host population is already latently colonised and the pathogen is commonly found, but that it probably also poses a significant risk to forest stands. In the Czech Republic, the pathogen is currently known to occur in the forests of southern, central and northern Bohemia, but also in northern and southern Moravia. However, the investigation time required does not allow to quickly obtain a sufficient amount of data to identify reliably endangered areas and stands. However, recent modelling of the suitability of the environment for *C. corticale* in the Czech Republic clearly shows that a significant part of forest stands in the Thermophyticum and warm areas of the Mesophyticum is very suitable for the development of *C. corticale*. Moreover, all known occurrences of the pathogen in the Czech Republic are concentrated in these areas. *C. corticale* is undoubtedly another dangerous naturalised invasive pathogen, representing another challenge for forest pathology.

Fotografie na přední straně:

Pórnatka nádherná – *Ceriporia excelsa*. NPR Ve Studeném, padlý kmen buku, HR B000292, foto L. Zíbarová (k článku na str. 1).

MYKOLOGICKÉ LISTY č. 153 – Časopis České vědecké společnosti pro mykologii z. s., Praha. – Vycházejí 3× ročně v nepravidelných lhůtách a rozsahu. – Číslo sestavil a k tisku připravil dr. V. Antonín (Moravské zemské muzeum v Brně, botanické odd., Zelný trh 6, 659 37 Brno; vantonin@mzm.cz). Vyšlo v únoru 2023.

Redakční rada: dr. V. Antonín, CSc., Mgr. D. Dvořák, Mgr. art. V. Halasů, dr. J. Holec, dr. L. Marvanová, CSc., dr. D. Novotný, Ph.D., prom. biol. Z. Pouzar, CSc. a Mgr. J. Salaš.

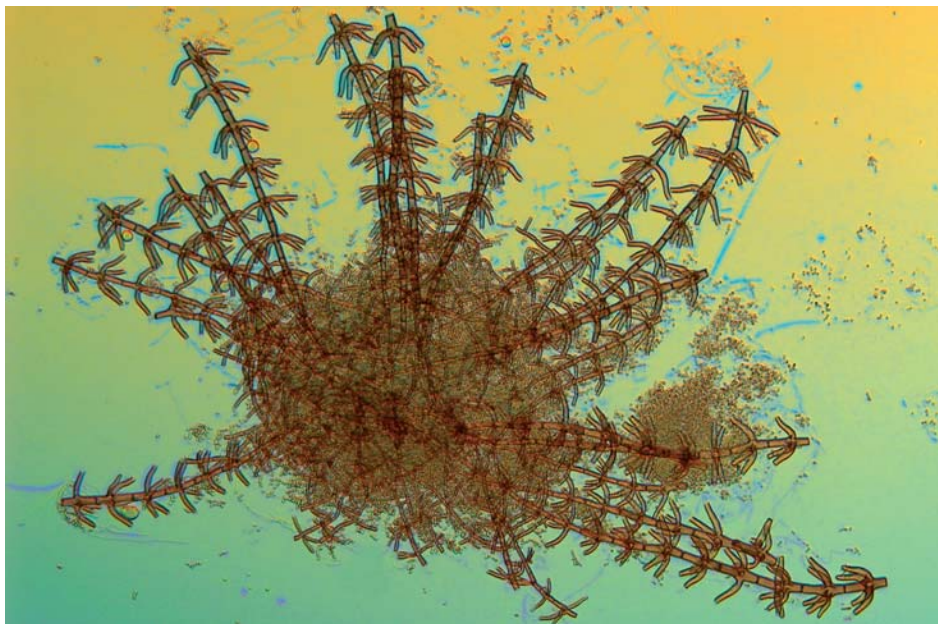
Internetová adresa: www.czechmycology.org/mykologicke-listy-content.php

Tisk: Moravské zemské muzeum, Zelný trh 6, 659 37 Brno

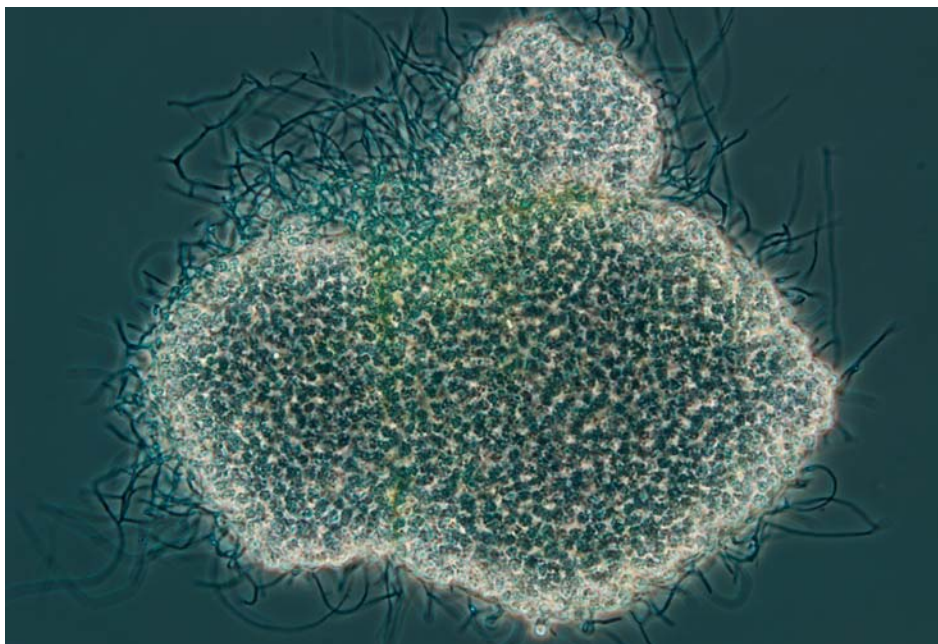
Administraci zajišťuje ČVSM, Knihovna botaniky, Univerzita Karlova, Benátská 2, 128 01 Praha 2; e-mail: cvsms@czechmycology.org – sem, prosím, hlase veškeré změny adresy, objednávky a záležitosti týkající se předplatného. Předplatné na rok 2023 je pro členy ČVSM zahrnuto v členském příspěvku; pro nečleny činí 300,- Kč.

Časopis je zapsán do evidence periodického tisku Ministerstva kultury ČR pod evidenčním číslem MK ČR E 20642 a je vydáván s finanční podporou Akademie věd ČR.

ISSN 1213-5887



Oncocladium flavum. Útvár připomínající plodnice s přívěšky, avšak vřevka s askosporami nebyla nikdy pozorována, foto A. Kubátová (k článku na str. 33).



Pseudogymnoascus alpinus. Plodnice s vřevky a askosporami, foto A. Kubátová (k článku na str. 33).