

5. ČESKO-SLOVENSKÁ MYKOLOGICKÁ KONFERENCE BRNO 28.–30. 8. 2017 ABSTRAKTY PŘEDNÁŠEK

Hymenoscyphus fraxineus mitovirus 1 je efektivně přenášen sporami svého hostitele *Hymenoscyphus fraxineus*

VENDULA ČERMÁKOVÁ^{1*}, TOMÁŠ KUDLÁČEK¹, GABRIELA ROTKOVÁ², JIŘÍ ROZSYPÁLEK¹,
LETICIA BOTELLA¹

¹ Mendelova univerzita v Brně, Lesnická a dřevařská fakulta, Ústav ochrany lesů a myslivosti, Zemědělská 1,
613 00 Brno

² Masarykova univerzita, Přírodovědná fakulta, Ústav experimentální biologie, Kamenice 735/5, 625 00 Brno

*vendula.cermakova@mendelu.cz

Hymenoscyphus fraxineus mitovirus 1 (HfMV1) je považován za potencionální prostředek biologické kontroly devastujícího houbového patogena jasanových porostů *Hymenoscyphus fraxineus*. Přesný popis šíření mykovirů v rámci životního cyklu svého hostitele je důležitým parametrem v otázce jejich použitelnosti pro biologickou kontrolu. Jelikož výše zmíněný patogen se šíří především sporami, byl výskyt a přenos mykovirů sledován právě zde. Osm lapačů spor opatřených otočnými rotory bylo umístěno ve čtyřech ekologicky rozdílných stanovištích České republiky. Detekce a kvantifikace patogena stejně jako HfMV1 byla provedena extrakcí DNA a RNA z lapeného inokula a následně qPCR a reverzní transkripcí s qPCR pro mitovirus s použitím specifických primerů. HfMV1 byl detekován v 57 % inokula jeho hostitele a jeho výskyt byl statisticky významně závislý na výskytu patogena. Studovaná lokalita nebyla zásadním faktorem pro přítomnost viru ani *H. fraxineus*, avšak byl pozorován významný nárůst přítomnosti obou při teplotách od 18–19 °C a relativní vlhkosti 85–90 %. Tato shoda ekologických nároků naznačuje možnost dlouhého společného vývoje mitoviru a jeho hostitele. Zároveň bylo prokázáno, že mitovirus se úspěšně šíří v rámci životního cyklu hostitele do jeho pohlavních buněk, což naznačuje jeho přítomnost i v plodnicích patogena.

Biologická kontrola kořenovníku vrstevnatého v ČR

PETR SEDLÁK

Mendelova univerzita v Brně, Lesnická a dřevařská fakulta, Zemědělská 3, 61300, Brno
petr.sedlak@mendelu.cz

Cílem práce je introdukce biologické ochrany proti kořenovníku vrstevnatému do prostředí českého lesnictví. Kořenovník vrstevnatý patří mezi nejvýznamnější patogeny působící hniloby kořenového systému a kmene v jehličnatých lesích mírného pásu severní polokoule. Patogen se šíří do porostů přes řezné plochy pomocí vzduchem přenášených spor. Infekce sporami může být snížena pomocí aplikace chemické nebo biologické ochrany. Biologická ochrana je prováděna pomocí aplikace spor kornatce obrovského *Phlebiopsis gigantea* (PG) na řezné plochy na pařezech vzniklé při těžbě. Kornatec rychleji osídluje vzniklou řeznou plochu než kořenovník a tím zabraňuje průniku choroby do sousedních stromů přes kořenové náběhy.

V současnosti jsou v Evropě k dispozici komerční produkty – vždy připraveny z lokálních kmenů PG. Z území ČR (případně SR) jsou sbírány plodnice PG. Izolované kmene jsou následně

testovány na rychlost růstu na živném médiu, antagonistické schopnosti proti kořenovniku a produkci spor. Nejvhodnější kandidátní kmeny jsou poté testovány v napadených smrkových porostech. Jako nejvhodnější kmen bude vybrán ten, který nejlépe potlačí růst kořenovniku v dřevní hmotě. Ten pak bude navrhnout pro použití v přípravku pro praktickou ochranu lesa. Tyto metody byly použity při vývoji komerčních přípravků v zemích Skandinávie, Pobaltí, UK a USA. Existuje proto předpoklad, že domácí kmeny budou vykazovat lepší výsledky pro požadované použití, než zahraniční přípravky. Projekt je ve fázi testování dostupných kmenů, jejichž počet se neustále zvyšuje.

Patogeny rodu *Phytophthora* v ovocných výsadbách ČR

MARKÉTA HRABĚTOVÁ*, MARCELA MRÁZKOVÁ, LUDMILA HAVRDOVÁ, KAREL ČERNÝ

Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v.v.i., Květnové nám. 391, 252 43 Průhonice

*marketa.hrabetova@vukoz.cz

Oomycety, zejména pak druhy rodu *Phytophthora*, patří celosvětově mezi nejvýznamnější rostlinné patogeny způsobující závažná poškození kořenů, krčků, ale i nadzemních částí rostlin. Fytoftorová hniloba se navenek projevuje kromě viditelných nekrotických lézí na krčcích také obvykle nespecifickými symptomy, např. žloutnutím a zmenšením listů, prosycháním koruny, maloplodostí a obecně nižší plodností. V zahraničí byla druhům r. *Phytophthora* na ovocných dřevinách věnována pozornost už od 70. let minulého století. V ČR žádný systematický průzkum výskytu a epidemiologie těchto patogenů na ovocných dřevinách dosud proveden nebyl.

První cílené odběry v ovocných sadech probíhají od roku 2016, první nálezy však pocházejí již z let 2011 a 2012. Cílem je zmapování výskytu těchto patogenů na nejčastěji pěstovaných ovocných dřevinách a usnadnění správné identifikace oomycetů jako původců poškození kořenů a krčků ovocných dřevin. Informace o četnosti výskytu jednotlivých druhů umožní zhodnocení významu těchto patogenů v ovocnářství.

Dosud bylo z ovocných dřevin v ČR izolováno 9 druhů rodu *Phytophthora* (*P. cactorum*, *P. cambivora*, *P. cryptogea*, *P. gonapodyides*, *P. gregata*, *P. chlamydospora* × *amnicola*, *P. lacustris*, *P. plurivora*, *P. syringae*). Kromě druhů rodu *Phytophthora* bylo izolováno také několik druhů patřících původně do rodu *Pythium* (*Globisporangium heterothallicum*, *G. intermedium*, *Phytopythium citrinum*, *P. litorale*, *P. vexans*).

Běžný výskyt výše zmíněných, ale i přítomnost dosud nezjištěných dalších nebezpečných druhů na ovocných dřevinách v ČR lze s vysokou pravděpodobností předpokládat nejen na základě informací ze zahraniční literatury, ale také na základě dosavadních znalostí o jejich přítomnosti v ČR na jiných, více prozkoumaných, hostitelích – okrasných a lesních dřevinách.

Sbírka fytopatogenních oomycetů

MARCELA MRÁZKOVÁ*, KAREL ČERNÝ, MARKÉTA HEJNÁ

Odbor biologických rizik, Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v.v.i.,

Květnové nám. 391, 252 43 Průhonice

*mrazkova@vukoz.cz

Fytopatogenní oomycety, zejména druhy rodu *Phytophthora*, patří dlouhodobě a celosvětově mezi nejvýznamnější patogeny dřevin. Výzkum těchto patogenů je velmi intenzivní zejména v Severní Americe, Austrálii, jižní Africe a západní Evropě. Výzkum ve státech bývalého východního bloku byl výrazně opožděn, nicméně v některých státech (mezi něž patří i ČR) se významně

posunul dopředu. Jedním z důvodů je i založení České sbírky fytopatogenních oomycetů. Sbírkou byla založena v r. 2006 a dodnes do ní bylo uloženo více než 880 izolátů fytopatogenních oomycetů, z nichž je více než polovina ve veřejně dostupné části sbírky. Mezi druhy uložené ve sbírce patří jak invazní patogeny, např. *P. alni*, *P. plurivora*, *P. ramorum*, *P. cinnamomi*, *P. cambivora* apod., tak i méně významné, ale přesto velmi zajímavé druhy jako *P. gallica*, *P. gregata*, *P. lacustris* a mnohé další. Seznam uložených druhů a katalog jsou uloženy na webových stránkách sbírky: <http://www.vukoz.cz/index.php/en/collections/collection-of-phytopathogenic-oomycetes-of-rilog>.

Sbírkou zejména slouží jako zdroj srovnávacího a výzkumného materiálu pro mnohé vědce a specialisty v oboru a spolupracuje s řadou výzkumných pracovišť zejména v Evropě – např. ze Švýcarska, Německa, Finska, Irska, Litvy, Nizozemí, Polska, Slovenska, ale i např. z Mexika. Ročně je do zahraničí zasláno mezi jedním až dvěma sty položek. Spoluprací se zahraničím je sbírka rovněž obohacována o další materiál. Svým významem sbírka daleko přesahuje hranice ČR a lze ji považovat za nejkompletnější kolekci těchto organismů v rámci celé postkomunistické Evropy.

Faktory ovlivňující distribuci plísňe olšové v lesích ČR a její prediktivní modelování

KAREL ČERNÝ^{1*}, DUŠAN ROMPORTL¹, DANIEL ZAHRADNÍK¹, EVA CHUMANOVÁ¹,
LUDMILA HAVRDOVÁ¹, VÍTĚZSLAVA PEŠKOVÁ², ROMAN MODLINGER², MARCELA MRÁZKOVÁ¹,
MARKÉTA HRABĚTOVÁ¹, VERONIKA STRNADOVÁ¹

¹ Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, v.v.i., Květnové nám. 391, 252 43 Průhonice

² Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, v.v.i., Strnady 136, 252 02 Jíloviště

*cerny@vukoz.cz

Plíseň olšová (*Phytophthora alni* s. l.) je invazní organismus významně poškozujících lesní a břehové porosty s olší zejména v západní a střední Evropě. Analýza environmentálních a pěstebních faktorů ovlivňujících její distribuci a rozsah poškození porostů a prediktivní analýza distribuce jsou významné nástroje využitelné v managementu patogenu a choroby. V prezentované studii byla ve spolupráci s LČR analyzována distribuce choroby v 854 lesních porostech s olší v ČR s použitím statistických a geostatistických nástrojů.

Fytoftorová hniloba olše byla identifikována v 53 % zkoumaných porostů. Rozsah poškození byl průkazně ovlivněn celou řadou environmentálních a pěstebních charakteristik. Mezi vybrané faktory patří např. ekologická řada, přítomnost toku v porostu, teplota, nadmořská výška, podíl olší v porostu, rozloha porostu, věk, zásoba dřevní hmoty apod. Modely vytvořené pro jednotlivé ekologické řady vysvětlovaly 33–51 % variability dat. Vodní toky byly určeny jako hlavní faktor podmiňující šíření patogenu. Šíření spolu se sadebním materiálem je dosud v ČR méně významné.

Prediktivní model rozšíření choroby byl vytvořen pro databázi cca 120 000 polygonů (lesních porostů). Mapa byla vytvořena na základě modelu a polygony rozděleny do pěti tříd na základě rizika výskytu patogenu (choroby) od rizika velmi nízkého po velmi vysoké. Téměř 49 % rozlohy porostů s olší (255 476 ha) bylo zahrnuto do kategorie s rizikem nejvyšším. Tyto porosty jsou obvykle součástí větších lesních celků se zastoupením olše a nacházejí se nejčastěji v podmáčených nížinných oblastech a ve vrchovinných komplexech s vysokou hustotou sítě vodních toků. Naopak pouze 4 % (9 054 ha) plochy lesních porostů bylo predikováno v kategorii velmi nízkého rizika zavlečení – pro tyto porosty je charakteristická malá rozloha a izolovaná poloha. Plíseň olšová představuje dlouhodobé riziko pro pěstování olše v ČR a její význam bude dlouhodobě narůstat.

Diverzita a struktura společenstev hub na tlejících kmenech buku v pralesních rezervacích České republiky

JAN BĚŤÁK^{1*}, LUCIE ZÍBAROVÁ², MIROSLAV BERAN³, DANIEL DVOŘÁK⁴, LIBOR HORT¹

¹ Výzkumný ústav Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví, odd. ekologie lesa, Lidická 25/27, 602 00 Brno

² Resslova 26, 400 01 Ústí nad Labem

³ Jihočeské muzeum, Dukelská 1, 370 51 České Budějovice

⁴ Ústav botaniky a zoologie, Přírodovědecká fakulta Masarykovy Univerzity, Kotlářská 267/2, 611 37 Brno

*janek.betak@gmail.com

V roce 2015 jsme monitorovali mykofloru na 134 mohutných tlejících kmenech buku lesního (*Fagus sylvatica*) ve čtyřech modelových pralesních rezervacích v České Republice (NPR Kohoutov, PR Polom, NPR Žákova hora, NPR Žofínský prales) s různou délkou bezzásahového režimu (80–177 let). Během 4 návštěv (jaro, léto, podzim, pozdní podzim) jsme v klimaticky mimořádně nepříznivé sezóně zaznamenali celkově 7190 výskytů plodnic a zdokumentovali přítomnost více než 430 druhů makroskopických hub (od 207 do 264 na jednotlivých lokalitách a od 10 do 63 na jednotlivých studovaných kmenech). Překvapivě vysoký byl zaznamenaný počet vzácných druhů – 163 taxonů (36 % ze všech zaznamenaných) bylo nalezeno pouze na jediném ze studovaných kmenů.

Při terénních pracích byly rovněž detailně zaznamenávány parametry monitorovaných kmenů, jakož i mikrostanovištní poměry v místě růstu jednotlivých plodnic (poloha v rámci kmene, zakornění, pokryvnost mechorostů a lišejníků, apod.) za účelem upřesnění znalostí o ekologických nárocích nalezených druhů hub. Data o prostředí byla doplněna o údaje z opakovaných dendrometrických šetření na studovaných lokalitách.

V přednášce budou komentována získaná data s důrazem na ekologické faktory, které v přirozených bukových porostech klíčovým způsobem ovlivňují diverzitu a druhové složení společenstev dřevozijných hub na tlejících kmenech. Rovněž diskutovány budou metodické aspekty naší studie využitelné v ochranné praxi.

Pluteus fenzlii, krásná žlutá štítovka s prstenem – ekologie a rozšíření

JAN HOLEC^{1*}, VLADIMÍR KUNCA², HANA ŠEVČÍKOVÁ³, BÁLINT DIMA⁴, MARTIN KRÍŽ¹,
TOMÁŠ KUČERA⁵

¹ Národní muzeum, mykologické oddělení, Cirkusová 1740, CZ-193 00 Praha 9

² Technická univerzita vo Zvolene, fakulta ekológie a environmentalistiky, katedra aplikovanej ekológie, T.G. Masaryka 24, SK-960 53 Zvolen

³ Moravské zemské muzeum, botanické oddělení, Zelný trh 6, CZ-659 37 Brno

⁴ Eötvös Loránd University, Institute of Biology, Department of Plant Anatomy, Pázmány Péter sétány 1/c, H-1117 Budapest

⁵ Jihočeská univerzita, přírodovědecká fakulta, katedra biologie ekosystémů, Branišovská 1760, CZ-370 05 České Budějovice

*jan_holec@nm.cz

Druh *Pluteus fenzlii* (Schulzer) Corriol & P.-A. Moreau byl popsán v roce 1866 z území dnešního národního parku Fruška Gora v severozápadním Srbsku. Je to saprotrof rostoucí na padlých kmenech a větvích listnáčů. Vyznačuje se zářivě žlutým kloboukem a přítomností prstenu na třeni, což je v rámci rodu *Pluteus* neobvyklé. Dlouhou dobu byl opomíjen a do světové mykologie ho znovu uvedl až R. Singer v roce 1979, mimo jiné i s využitím sběru F. Kotlaby z jižního Slovenska,

následně uloženého do Fieldova muzea v Chicagu. Druh je dále znám z Francie, Polska, Maďarska, Ruska (z evropské i asijské části), Gruzie a Japonska; sběr z Austrálie se ITS sekvencí mírně liší.

Náš tým získal podrobné údaje o substrátech, lokalitách a biotopech druhu v Polsku, na Slovensku a v Maďarsku, přičemž Maďarsko a zejména Slovensko jsou státy s největším počtem doložených lokalit na světě. Údaje o biotopech jsme dokumentovali pomocí standardního snímkování vegetace a konfrontovali je s publikovanými údaji, především z Francie a Ruska. *Pluteus fenzlii* se vyskytuje především v kolinním stupni, na svazích kopců porostlých termofilními, méně často mezofilními listnatými lesy, člověkem více či méně ovlivněnými, vždy ale s výskytem dřevin, které jsou v dané oblasti původní. I fakt, že lokality *P. fenzlii* většinou leží v chráněných územích s více-méně zachovalou přirozenou vegetací, nasvědčuje tomu, že to je druh starých lesních komplexů („ancient forests“). Výskyt v rovinatém terénu je ojedinělý (Bělověžský prales, některé sibiřské lokality). Substrátové preference druhu se v jeho areálu mění, v podhůří Pyrenejí roste hlavně na jasanu, v Bělověžském pralese navíc na lípě, na jižním Slovensku především na dubu ceru, v evropské části Ruska na javoru mléči a lípě, na Sibiři výlučně na břízách. Je ale znám z celé řady dalších dřevin (např. habru, osiky, buku), přičemž je zajímavé, že nálezy z buku, hlavní evropské dřeviny, jsou velmi vzácné.

Přestože je druh rozšířen v celé Eurasii (přesněji řečeno v její temperátní části), má velmi disjunktivní charakter rozšíření – jeho lokality jsou soustředěny v nevelkém počtu oblastí (severní podhůří Pyrenejí, kopcovité oblasti jižního Slovenska a Maďarska) a doplněny některými izolovanými lokalitami (Bělověžský prales, Fruška Gora, jižní podhůří Kavkazu, biosférická rezervace Střední Volha, lokality na Sibiři, Japonsko). Časté současné nálezy na jižním Slovensku a v Maďarsku nasvědčují domněnce, že druh se tam šíří, možná i v souvislosti s globálním oteplováním.

Struktura společenstva ektomykorhizních hub na hranici lesa v Krkonoších

MARTINA VAŠUTOVÁ^{1,2*}, MAGDA EDWARDS-JONÁŠOVÁ², PETRA VESELÁ², PAVEL CUDLÍN²

¹ Katedra botaniky PřF JU, Branišovská 31, 370 05 České Budějovice

² Ústav výzkumu globální změny AV ČR, Lipová 1789/9, České Budějovice

*mvasutova@prf.jcu.cz

V České republice dosahují hranice lesa jen nejvyšší pohoří – Krkonoše, Jeseníky a Kralický Sněžník. V Krkonoších je tato hranice tvořena horskými smrčínami přecházejícími v klečové porosty. Houby se výrazně podílí na fungování těchto ekosystémů coby symbionti dřevin a rozkladači organické hmoty. Abychom zjistili, jaká je struktura společenstva ektomykorhizních hub, založili jsme tři série trvalých ploch (kruh 500 m²) na výškovém gradientu (1190–1404 m n. m.), kde byly sledovány plodnice hub (FRU), identifikovány ektomykorhizy (ECM) a pomocí masivně paralelního sekvenování zjišťováno složení hub v půdě (NGS). Nejméně druhů bylo zjištěno studiem ektomykorhiz (FRU: 84 druhů, ECM: 65 druhů, NGS: 82 druhů), pouze 22 druhů bylo zjištěno všemi metodami (VSE). Na nejnižší položených plochách dominovaly druhy *Tylospora fibrillosa* (ECM, NGS), *Clavulina cristata* (VSE), *Russula ochroleuca* (VSE) a *Cortinarius brunneus* (FRU), v klečových plochách *T. fibrillosa* (ECM, NGS), *Cortinarius flexipes* (FRU), *Lactarius rufus* (VSE) a *Suillus variegatus* (ECM, FRU).

Výskyt druhu *Rhizopogon salebrosus* v ČR a SR

SLAVOMÍR VALDA^{1*}, ONDŘEJ KOUKOL², JAN GAISLER³, VLADIMÍR KUNCA⁴

¹ Janova Ves 8, 277 23 Kokořín

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

³ Výzkumný ústav rostlinné výroby, výzkumná stanice Liberec, Rolnická 6, 460 11 Liberec 11

⁴ Technická univerzita vo Zvolene, Katedra aplikovanej ekológie, T. G. Masaryka 24, 960 53 Zvolen

*slavek.valda@nature.cz

Rhizopogon salebrosus se uvádí jako běžně nalézáný druh v západní části Severní Ameriky. Dosud nebyl publikován nález jeho plodnic z území Evropy, ačkoli zde již byla zjištěna jeho přítomnost na kořenech některých keřů a borovic. Poprvé je fruktifikace tohoto druhu na území Evropy doložena z několika lokalit v České a Slovenské republice, a to dokonce opakovaně.

Určení druhu *R. salebrosus* bylo nejprve provedeno na základě molekulárních dat. Po následném provedení podrobné morfologické studie i kritického srovnání literárních zdrojů bylo toto určení ověřeno. Analýza sekvencí ITS rDNA ukázala, že naše sběry se spolu s ostatními evropskými položkami *R. salebrosus* (izolovanými z kořenů dřevin) shodují se severoamerickými záznamy. Naše sběry ovšem tvoří dobře podpořenou oddělenou skupinu založenou na analýze genu pro druhou největší podjednotku RNA polymerázy II (RPB2). Tyto výsledky naznačují, že *R. salebrosus* nepředstavuje druh do Evropy zavlečený, ale poněkud přehlížený druh původní. Současně se ukázalo, že *R. salebrosus* je v Evropě vázán i na jiné druhy dřevin, než je obecně uváděno ze Severní Ameriky. Důvodem jeho dlouhodobého přehlížení je především jeho zaměňování s jinými druhy v některé současné literatuře, ale také nedostatečnost či obecnost typových popisů mnoha druhů v rámci rodu *Rhizopogon*.

Hyperakumulace stopových prvků v houbách: kadmium a arzén

JAN BOROVIČKA

Geologický ústav AV ČR, v.v.i., Rozvojová 269, 165 00 Praha 6

borovicka@gli.cas.cz

Akumulace kovů a polokovů v plodnicích hub je fenoménem zkoumaným od 70. let 20. století. Doposud však bylo objeveno jen nemnoho tzv. hyperakumulátorů, tedy hub s přibližně 100× vyšší schopností akumulace prvků oproti jiným druhům. Jedním z nově objevených hyperakumulátorů je zrnivka žraločí (*Cystoderma carcharias*), která vyniká schopností akumulovat kadmium. V kolekcích z okolí Příbrami byly naměřeny koncentrace kadmia až 604 mg/kg v sušině, což jsou nejvyšší hodnoty doposud zjištěné ve velkých houbách. Předběžné výsledky speciálních analýz naznačují, že kadmium je v plodnicích vázáno na proteiny, pravděpodobně metalothioneiny. Analýza izotopického složení C a N v plodnicích svědčí pro saprotrofní ekologii této zrnivky, přes opakované pokusy se nám ji však nepodařilo kultivovat *in vitro*.

Zatímco zrnivka žraločí patří mezi nejedlé druhy hub, plodnice jedlého hříbu modračky (*Cyanoboletus pulverulentus*) obsahují až 1300 mg/kg arzenu v sušině. Obsahy arzenu v modračkách kolísají v širokém rozmezí jednotek až stovek mg/kg, všechny analyzované sběry však pocházely z lokalit s normálními obsahy As v půdách a vysoké koncentrace tohoto polokovu v plodnicích tedy nejsou důsledkem environmentálního znečištění. Distribuce As v plodnicích je velmi nerovnoměrná a okolo 80 % celkového As je lokalizováno v hymenoforu. Z chemických forem arzenu se podařilo identifikovat jen kyselinu dimethyarsinovou (DMA) a v několika vzorcích ve stopovém množství i kyselinu methylarsonovou. DMA tedy prakticky tvořila 100 % z extrahovatelného množství As, anorganické formy As nebyly zjištěny. Navzdory relativně nízké

akutní toxicitě DMA však může konzumace hříbu modračky představovat zdravotní riziko, a tento druh by tedy nadále neměl být doporučovaný jako jedlý.

Maskované mykotoxíny

ELENA PIECKOVÁ*, RENÁTA LEHOTSKÁ

Lekárska fakulta, Slovenská zdravotnícka univerzita v Bratislave, Limbová 12, 833 03 Bratislava 37

*elena.pieckova@szu.sk

Sekundárne metabolity mikroskopických húb – mykotoxíny sú toxické pre teplokrvné zvieratá alebo ľudí, ale negatívne pôsobia aj na rastliny, na ktorých ich producenti parazitujú. Jedným z ochranných mechanizmov živých organizmov proti xenobiotikám je modifikácia ich chemickej štruktúry, čo vedie k zmenám v toxických účinkoch. V prípade mykotoxínov hovoríme potom o biologicky modifikovaných mykotoxínoch.

Fytopatogénne, ale aj saprofytické mikroskopické vlákňité huby produkujú škálu toxických látok, ktoré rastliny v procese sebaochrany metabolizujú. V prípade biologickej modifikácie mykotoxínov rastlinami sa vžilo označenie konjugovaných mykotoxínov ako „maskované mykotoxíny“. Príkladom maskovaných mykotoxínov je tvorba deoxynivalenol-3-glykozidu (DON-3-Glc) alebo zearalenón-14-glykozidu (ZEN-14-Glc). Okrem monoglykozilovaných konjugátov boli popísané aj di-, tri- a tetra-glykozidy mykotoxínov, ako aj rôzne disacharidy pôvodných mykotoxínov (deoxynivalenolu, T-2 a HT-2 toxínu, zearalenónu), či ich sulfonylované konjugáty. Maskované mykotoxíny ostávajú v rastline (napr. v obilninách) a spolu s ňou sledujú jej ďalší osud v potravinovom reťazci. V tomto procese sa môže modifikovaná forma metabolizovať späť na pôvodnú formu mykotoxínu, napr. hydrolýza monoglykozilovaných konjugátov na voľný mykotoxín v hrubom čreve živočíchov.

Problémom maskovaných mykotoxínov ostáva ich detekcia, keďže bežnými analytickými metódami používanými na detekciu nemodifikovaných foriem mykotoxínov ostávajú „maskované“, t. j. neidentifikované, chýbajú ich štandardy a pod. Metódou výberu pre identifikáciu a kvantitatívnu analýzu je LC-MS. So zvyšujúcim sa počtom objavených maskovaných mykotoxínov narastá potreba ďalších analytických a toxikologických štúdií na určenie výskytu modifikovaných foriem mykotoxínov v potravinách a krmivách a pre stanovenie ich vplyvu na zdravie. Ich implementácia do legislatívy mykotoxínov je na presných vedeckých štúdiách plne závislá.

Pět let studia houbových infekcí kůže v České republice

ADÉLA ČMOKOVÁ

Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy, Benátská 2, 128 01 Praha 2

cmokova@gmail.com

Jedny z nejběžnějších onemocnění kůže a kožních derivátů lidí a dalších obratlovců se nazývají dermatofytózy. Původci těchto onemocnění, takzvané dermatofyty – skupina hub z řádu *Onygenales*, byly podrobeny v nedávné minulosti taxonomické revizi. Starší studie zabývající se spektrem těchto patogenů mezi pacienty v České republice už proto nejsou aktuální a je potřeba studie nové, reflektující současný taxonomický stav. Kromě toho některé druhy dermatofyt jsou vzájemně fenotypově zaměnitelné, problematičtější jsou zejména izoláty morfologicky pozměněné proběhlou léčbou. Z tohoto důvodu bylo nutné v nové studii k identifikaci izolátů použít kromě morfologických a fyziologických také molekulárně genetické metody (RAPD, sekvenování DNA).

Pomocí těchto metod bylo ve spolupráci s šesti regionálními lékařskými pracovišti sesbíráno a určeno během let 2011–2015 přes 6 tisíc izolátů dermatofyt. Studie potvrdila dominantní postavení druhu *Trichophyton rubrum* (78 %) na našem území. Kromě tohoto druhu bylo objeveno dalších 22 druhů dermatofyt, z nichž některé byly doposud neznámé nebo opomíjené klinickými lékaři. Oproti minulosti nejvýznamnější změnou bylo vysoké zastoupení druhu *T. benhamiae*, dříve téměř neznámého patogena přenášeného morčaty. Tato v evropském kontextu ojedinělá studie kromě epidemiologického zhodnocení situace v ČR přináší celou řadu otázek, kterým bude třeba se v příštích letech věnovat.

Tento projekt byl podpořen granty AZV 17-31269A a GAUK 600217.

Výzkumné centrum rodu *Phytophthora* na Mendelově univerzitě v Brně

MICHAL TOMŠOVSKÝ

Lesnická a dřevařská fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 3, 613 00 Brno
tomsovsk@mendelu.cz

Mendelova univerzita v Brně zahájila koncem roku 2016 projekt v rámci operačního programu Výzkum, vývoj a vzdělávání s názvem Výzkumné centrum pro studium patogenů z rodu *Phytophthora* (reg. č. CZ.02.1.01/0.0/0.0/15_003/0000453). Na projektu budou pracovat pod vedením Dr. Thomase Junga kromě českých vědců a začínajících vědeckých pracovníků také excelentní vědci z Maďarska, Portugalska, Španělska, Srbska a USA. Cílem projektu je vytvoření středoevropské výzkumné platformy zaměřené na problematiku zdraví dřevin v Evropě i ve světě, kde řešená problematika patogenů dřevin z rodu *Phytophthora* bude hrát významnou roli. V Brně tak bude soustředěna špička evropského i světového výzkumu pro tuto oblast jako příležitost pro zapojení pregraduálních a postgraduálních studentů. Výstupem projektu bude rozvoj excelentních znalostí, získané poznatky budou poskytnuty subjektům v aplikační sféře k řešení praktické ochrany omezující šíření těchto patogenů v přírodních ekosystémech.

***Pluteus romellii* var. *luteoalbus*, nová varieta štitovky se žlutým kloboukem a jí podobné druhy**

HANA ŠEVČÍKOVÁ*, JAN BOROVIČKA

Moravské zemské muzeum, Botanické oddělení, Zelný trh 6, CZ-659 37 Brno-Vidlákov
Geologický ústav AV ČR, v.v.i., Rozvojová 269, CZ-165 00 Praha 6-Lysolaje
*hanyzka@mail.muni.cz

Bude představena nově popsána štitovka Romellova žlutobílá – *Pluteus romellii* var. *luteoalbus* Ševčíková et Borovička se žlutým kloboukem a bílým třeněm. Budou diskutovány její mikroskopické znaky, které ji odlišují od makroskopicky podobné štitovky žlutozelenavé – *Pluteus chrysophlebius* sensu Justo et al. = *P. chrysophaeus* sensu Vellinga. Dále bude nastíněna geografická a taxonomická problematika komplexu *Pluteus chrysophlebius/chrysophaeus* včetně *P. rugosidiscus*. Nakonec budou zmíněny další štitovky se žlutým kloboukem: *P. leoninus*, *P. fenzi* a *P. variabilicolor* s důrazem na jejich rozlišení od *Pluteus romellii* var. *luteoalbus*.

Molekulární charakteristika a taxonomie okruhu *Melanoleuca excissa* (Basidiomycota)

VLADIMÍR ANTONÍN¹, ONDREJ ĎURIŠKA², SOŇA JANČOVIČOVÁ³, MICHAL TOMŠOVSKÝ⁴

¹ Botanické oddělení, Moravské zemské muzeum, Zelný trh 6, 659 37 Brno; vantonin@mzm.cz

² Katedra farmakognosie a botaniky, Farmaceutická fakulta, Komenského univerzita v Bratislavě, Odbojárov 10, 832 32 Bratislava; duriska@fpharm.uniba.sk

³ Botanické oddělení, Přírodovědecká fakulta, Komenského univerzita v Bratislavě, Révová 39, 81102 Bratislava; sona.jancovicova@uniba.sk

⁴ Lesnická a dřevařská fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 3, 613 00 Brno; tomsovsk@mendelu.cz

Autoři přinášejí výsledky taxonomicko-fylogenetického studia sedmi druhů tmavobělek z okruhu *Melanoleuca excissa* (tmavobělka vykrojená). Jeden druh, *M. griseobrunnea* z Korejské republiky, byl popsán jako nový druh pro vědu. Byly také revidovány a sekvenovány typové položky druhů *M. cinerascens*, *M. diverticulata*, *M. kuehneri*, *M. meridionalis*, *M. subexcentrica*, *M. stepposa* a *M. tristis*. Výsledky revizí ukázaly, že *M. cinerascens*, *M. kuehneri* a *M. meridionalis* jsou totožné s *M. excissa* a *M. subexcentrica* je synonymem *M. diverticulata*. Autoři rovněž lektotypizovali a epitypifikovali *M. excissa* a neotypifikovali *M. rasilis*. Je také navržen klíč k určování druhů z tohoto okruhu.

Taxonomická revize druhů rodu *Ramariopsis* ve střední Evropě

JAN MATOUŠ

Katedra botaniky, Univerzita Karlova v Praze, Přírodovědecká fakulta, Benátská 2, 128 01 Praha 2
Národní muzeum, mykologické oddělení, Cirkusová 1740, 193 00 Praha 9

j.p.matous@seznam.cz

Rod *Ramariopsis* (Clavariaceae, Agaricales) zahrnuje v Evropě cca 15 druhů, které se vyskytují obvykle v lučních společenstvech nebo vzácněji na otevřených stanovištích v křovinách či listnatých lesích. V rámci studie bylo zkoumáno cca 100 sběrů z let 2000–2016, z nichž bylo získáno 65 sekvencí. Studium těchto hub je z taxonomického hlediska poměrně složité, existuje totiž jen malé množství znaků použitelných pro determinaci, přičemž některé z nich jsou v rámci druhu více či méně proměnlivé, zatímco mezidruhově jsou naopak rozdíly často malé. Z těchto důvodů je obvykle zapotřebí využít k určování širší kombinaci mikro a makromorfologických znaků, což ale u nejobtížněji určitelných druhů ani tak nemusí zaručit úspěšnou identifikaci druhu. Dalším problémem jsou v některých případech také nevyjasněné druhové koncepce. Taxonomická revize tohoto rodu je proto podpořena molekulárně-fylogenetickou studií (na základě genu 28S rDNA), jejíž výsledky mimo jiné ukazují, že v rámci rodu existuje relativně významný podíl skryté diverzity, i vyšší morfologická variabilita v určitých znacích, než jakou je možno odhalit pouze na základě morfologických analýz. Fylogenetická analýza ukázala 8 dobře morfologicky vymezitelných druhů a 5–7 kladů, jejichž přiřazení k některému z publikovaných jmen je podle materiálu, který jsem studoval, nejasné nebo nemožné. Mezi výsledky práce patří mimo jiné i popsání nového druhu *Ramariopsis robusta* a zjištění nového druhu pro území České republiky – *Ramariopsis rufipes*. Po dalším studiu bude pravděpodobně možné popsat několik dalších nových druhů tohoto rodu.

Když ribozomální DNA neříká pravdu: případ taxonomické pozice *Kurtia* sp. (*Hymenochaetales*), mykorrhizního symbionta erikoidních rostlin

MIROSLAV KOLAŘÍK^{1*}, MARTIN VOHNÍK²

¹ Laboratoř genetiky a metabolismu hub, Mikrobiologický ústav AV ČR, v.v.i., Vídeňská 1083, 142 20 Praha 4

² Oddělení mykorrhizních symbióz, Botanický ústav AV ČR, v.v.i., Zámek 1, 252 43 Průhonice

*mkolarik@biomed.cas.cz

Sekvence jaderné ribozomální DNA je u *Agaricomycetes* často používána pro identifikaci a studium fylogenetických vztahů. Nicméně tato fylogenetická pozice může být v rozporu se skutečnou fylogenetickou pozicí zjištěnou na základě alternativních markerů.

V naší studii jsme zjišťovali taxonomickou pozici stopkovýtusné houby, která tvoří nedávno objevený nový typ mykorrhizy s vřesovcovitými rostlinami. Sekvence rDNA této houby se liší od ostatních hub svojí nukleotidovou skladbou, délkou a sekundární strukturou. Fylogenetická pozice zjištěná na základě rDNA navíc nesouhlasí s pozicí zjištěnou na základě jiných genů a morfologie. Tato houba byla zařazena do příbuznosti druhu *Kurtia argillacea* (= *Hyphoderma argillaceum*) (*Basidiomycota: Hymenochaetales*). Bioinformatická analýza ukázala, že její rDNA není pseudogen či hluboký paralog, ale spíše úsek s relativně rychlejší substituční rychlostí, či nestandardní nukleotidovou skladbou. Tento fenomén může být u hub častější a je ho třeba brát v potaz, když je tento gen použit jako jediný zdroj informací o fylogenetické pozici. Tato houba je zároveň jediný potvrzený erikoidní symbiont mezi stopkovýtusnými houbami, který nepatří do řádu *Sebacinales*.

Desmazierella acicola sensu lato – kolik druhů a kolik populací?

ONDŘEJ KOUKOL*, IVANA KUŠAN, NEVEN MATOČEC

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

*ondrej.koukol@natur.cuni.cz

Desmazierella acicola Lib. s anamorfou *Verticicladium trifidum* Preuss. (Pezizales, Ascomycota) patří mezi významné druhy kolonizující opad různých druhů borovic. Teleomorfa se tvoří pouze za optimálních klimatických podmínek většinou na začátku jara, anamorfa je nicméně velmi častá. Molekulární analýza kmenů izolovaných z jehlic různých druhů borovic a smrků získaných v přirozeném areálu těchto dřevin i ve výsadbách prokázala několik dobře podpořených linií s částečnou vazbou na region nebo druh hostitelské dřeviny. Vzhledem k odlišné topologii stromů získaných z fylogenetických analýz genů pro ITS a LSU rDNA a fragmentů genů TEF-1 α , RPB2 a TUB je nutné většinu linií interpretovat jako odlišné populace v rámci jediného druhu. Nicméně některé vitální znaky na teleomorfě ukazují i na dobrou podporu pro existenci několika (kryptických) druhů.

Evoluční vztahy v rámci druhového komplexu *Phytophthora cactorum* v Evropě

MATĚJ PÁNEK^{1,2*}, MICHAL TOMŠOVSKÝ¹

¹ Ústav ochrany lesa a myslivosti, Lesnická a dřevařská fakulta Mendelovy univerzity v Brně,
Zemědělská 1/1665, 613 00 Brno

² Výzkumný ústav rostlinné výroby, v. v. i, Drnovská 507/73, 161 06 Praha 6 – Ruzyně

*matej.panek@seznam.cz

Druhový komplex *Phytophthora cactorum* v rámci Evropy sestává ze zástupců druhů *P. cactorum*, *P. hedraiaandra* a jejich křížence *P. ×serendipita*. Byla provedena analýza evolučních vztahů těchto druhů pomocí AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), v jejímž rámci byly analyzovány celkově 133 izoláty pocházejících z devatenácti zemí. Data z této analýzy byla doplněna daty z analýzy sekvencí tří lokusů DNA (jaderných – ITS oblast genu pro ribozomální RNA, gen pro dekarboxylázu fenolových kyselin, Pheca I. a mitochondriálních – gen pro cytochrom oxidázu, Cox I.), a dále daty z morfometrické analýzy a měření kardinálních teplot. V rámci analýzy byly vylišeny skupiny C1, C2, F a H. Vysoké procento klonálních genotypů, nízká úroveň toku genů mezi těmito skupinami a nízká úroveň jejich genové diverzity (D_{Nei}) potvrzují homotalický způsob pohlavního procesu zkoumaných skupin. Na druhou stranu, ze sekvenčních dat ITS, Pheca I a Cox I vyplývá, že mezi skupinami k přenosu genů – hybridizaci příležitostně dochází. Rozdělení do skupin pomocí Structure analýzy odhalilo dvě skupiny hybridního původu (skupiny C2 a F). Skupinu C1 lze považovat za typické zástupce *P. cactorum*, skupina H je spojena s druhem *P. hedraiaandra*. Zatímco skupinu C2 je možné považovat za jejich hybrid blízký druhu *P. ×serendipita*, druhá hybridní skupina F zahrnuje dominantně finské izoláty charakterizované rovněž vysokým podílem abortovaných oospor a významně pomalejším růstem ve srovnání s ostatními skupinami. Morfologické charakteristiky běžně užívané při identifikaci druhů rodu *Phytophthora* nejsou pro rozlišení jednotlivých genetických linií tohoto druhového komplexu dostatečným nástrojem. Ze zmíněných důvodů byl diskutován status *P. hedraiaandra* jako separátního druhu. Na základě výsledků provedené studie byla provedena také epitypifikace *P. cactorum*.

Program SEED: Zpracování a analýza houbových sekvencí snadno a rychle

TOMÁŠ VĚTROVSKÝ*, PETR BALDRIAN

Mikrobiologický ústav AV ČR, v.v.i., Vídeňská 1083, 142 20 Praha 4

*vetrovsky@biomed.cas.cz

Je mnoho zavedených programů na zpracování amplikonových dat z NGS, z nichž naprostá většina je založena na práci v příkazovém řádku, a proto je hůře stravitelná pro biology bez základních znalostí bioinformatiky. Program SEED (<http://www.biomed.cas.cz/mbu/lbwrf/seed/>) je volně dostupnou “okenní” aplikací pro zpracování amplikonových dat, vyvinutou pro 64-bitovou platformu Windows (1). Program byl vytvořen s cílem poskytnout intuitivní prostředí pro rychlou bioinformatickou analýzu amplikonových sekvencí odvozených od různých taxonomických markerů (houbových ITS oblastí, bakteriálních 16S rDNA, aj.) na stolním počítači. Může však být použit jako multifunkční nástroj pro práci s nukleovými sekvencemi obecně. SEED verze 2.0 je plně optimalizován pro zpracování amplikonových dat ze sekvenátoru Illumina a umožňuje pohodlnou práci s daty o velikosti okolo 8 milionů sekvencí (~4 GB) na běžném počítači s 8 GB RAM. Nová verze 2.0 má široké spektrum funkcí zahrnujících editaci sekvencí a jejich názvů, spojování “pair-end” sekvencí, filtrování podle kvality, třídění a seskupování sekvencí, “alignování” a klastrování sekvencí, tvorbu OTU tabulek, vyhledávání pomocí algoritmu BLAST, taxonomickou identifikaci, konstrukci a editaci fylogenetických stromů a mnoho dalších.

- (1) Větrovský, T. and P. Baldrian (2013). "Analysis of soil fungal communities by amplicon pyrosequencing: current approaches to data analysis and the introduction of the pipeline SEED." *Biology and Fertility of Soils* 49: 1027–1037.

Evolúcia a hostiteľská špecifita bryofilných húb rodu *Octospora*

LUKÁŠ JANOŠÍK

Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 01 Praha 2
luk.janosik@gmail.com

Kvapky (*Octospora*) predstavujú diverzifikovanú skupinu operkulátnych askomycétov špecializovaných na parazitizmus na živých machoch a pečeňovkách. V súčasnosti ich je aj zo strednej Európy známych niekoľko desiatok druhov. Medzi jednotlivými kvapkami je však až prekvapivo veľká variabilita v miere hostiteľskej špecifity, niektoré druhy sú známe len z jedného druhu machorastu, iné sa uvádzajú aj z hostiteľov z rôznych čeľadí zároveň. Na základe molekulárnych dát bola rekonštruovaná fylogénéza kvapiek z okruhu *O. humosa* a *O. wrightii*. U jednotlivých zberov bol identifikovaný hostiteľský druh machu a porovnané makroskopické a mikromorfologické znaky na čerstvých plodniciach. Výsledky ukazujú, že kvapky z jednotlivých hostiteľských druhov machov tvoria veľmi dobre podporené oddelené monofyletické línie. Mnohé z nich navyše pri detailnejšej analýze vykazujú aj morfologické odlišnosti. *Octospora humosa* a *O. wrightii* tak zjavne predstavujú komplexy niekoľkých blízkych, hostiteľsky úzko špecializovaných druhov a zdanlivo širšie hostiteľské spektrum niektorých druhov je len artefaktom dosiaľ nedostatočného poznania tejto skupiny húb. Porovnanie fylogenetického stromu kvapiek s hostiteľskými machmi navyše ukazuje, že medzi nimi zrejme dochádzalo aj ku koevolúcií.

Hvězdky v Panamě

PETR ZEHNÁLEK

Katedra botaniky PŘF UK, Benátská 2, 128 01 Praha 2
einstein092@seznam.cz

Primární tropické lesy Panamy náleží mezi jedno z tzv. ohnisek biodiverzity (Myers et al. 2000). Mykologický výzkum v této oblasti je stále ve svém začátku a pouze u ojedinělých taxonomických či ekologických skupin hub máme lepší představu o jejich diverzitě v Panamě. Hvězdkám zde byla doposud věnována malá pozornost a v současné době známe z Panamy 7–8 zástupců rodu *Geastrum* (Garner 1956, Gube & Piepenbring 2009). Cílem tohoto příspěvku je na základě vlastních sběrů z Panamy komentovat prvné zprávy pro tento středoamerický stát a potenciálně nové druhy pro vědu.

V letech 2015 a 2016 proběhly dva terénní výjezdy do blízkosti města David v provincii Chiriquí na hranicích s Kostarikou. Během nich se podařilo nashromáždit 51 čerstvých sběrů plodnic zástupců rodu *Geastrum*. Určení proběhlo na základě kombinace tradičních i molekulárně genetických znaků. Opětovně se podařilo potvrdit výskyt druhů *G. triplex*, *G. schweinitzii*, *G. saccatum* a *G. velutinum*, které byly současně nejběžnější. Nově byly pro Panamu doloženy druhy *G. inpaense*, *G. rusticum*, *G. morgani*, *G. lageniforme* a *G. hirsutum*. U řady z těchto druhů se ukazuje, že jde ve skutečnosti o monofyletické (*G. lageniforme*) i polyfyletické (*G. saccatum*) druhové komplexy. Problematika vymezení některých druhových komplexů v rámci rodu bude u vybraných případů podrobněji komentována.