

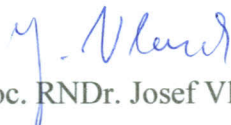
### **Výzkum chorošů se zaměřením na populační strukturu vybraných druhů**

Jiřího Kouta jsem poznal na přelomu let 2003/4, když mi začal vozit choroše z Česka i z tropů k určení. Velmi na mě zapůsobil zápal tohoto vystudovaného zoologa pro mykologii i jeho schopnost pořádat daleké cesty s ruksakem na zádech, vydržet jejich útrapy a ještě přinést spoustu velmi zajímavých vzorků. Jenom proto, že na mě udělal takový dojem, jsem o rok později váhavě souhlasil, že se stanu jeho školitelem v oboru mykologie resp. polyporologie. Mojí podmínkou bylo, že podstatné problémy práce budou řešeny metodami molekulární biologie, která je mým oborem, i když na rostlinných objektech, a navrhl jsem téma záměrně vzdálené systematice chorošů, založené na molekulárních markerech a populační genetice.

Doktorská práce byla vypracována v letech 2005 – 2009 na katedře Botaniky PFF, její laboratorní část v Ústavu molekulární biologie rostlin BC AVČR. Původně jsme řešili hlavně problémy, které jsem vytušil ve své předchozí polyporologické praxi, ale neměl jsem odvahu se do nich pustit sám: strukturu populací invazivního choroše *Trametes gibbosa* v USA a rychle mizejícího *Fomitopsis rosea* u nás a v Evropě. Oba druhy jsou velmi zajímavé: *Trametes gibbosa* je jediná běžná evropská outkovka, která se v USA podle příruček nevyskytuje, a přitom jsme ji tam od jisté doby hojně nacházeli; *F. rosea* rychle mizí všude v Evropě i když jeho blízký příbuzný se zdánlivě podobnou ekologií *F. pinicola* je stále všude hojný.

V případě *Trametes gibbosa* jsme použili klasickou, ale velmi pracnou metodu izolace monosporických mycelií a jejich křížení. Jiří se rychle naučil sterilní práci a projevil mimořádnou píli při pěstování, sterilním odběru a mikroskopování asi tisíce vzorků. Má rozhodující podíl na úspěšném dokončení experimentální práce, která vedla k publikaci. V případě *Fomitopsis rosea* jsme přešli na náročnější molekulární techniky, jako je izolace mikrosatelitů z genomové knihovny koloniovou hybridizací, jejich amplifikace z genomů jednotlivých vzorků a analýza PAGE nebo sekvenováním. I tyto nové metody Jiří bez problémů zvládl, i když mu asi k srdci nepřirostly, a myslím že nehrozí, že by je v budoucnu používal více než jako nezbytné nástroje k řešení ekologických a systematických problémů. Nicméně, jako první vyisoloval mikrosatelity z genomu choroše, které jsou použitelné při populačních studiích. Není jeho chybou, že struktura mikrosatelitů je tak neobvyklá, že jsme zatím nenašli vhodné statistické postupy ke kvalitnímu zpracování výsledků; množství informací obsažené v získaných sekvencích je pozoruhodné a na první pohled je zřejmé, že závěry budou velmi překvapivé.

Předpokládal jsem, že dvě zmíněná témata jsou dostatečnou náplní pro doktorskou práci, ale v průběhu studia mně Jiří pravidelně dodával koncepty dalších publikací, protože jeho zkušenosti z terénu, erudice v oboru a přehled po literatuře byly brzy lepší než moje. Nezbyvalo mi, než se přidat, protože styl jeho publikačních pokusů zprvu kulhal na obě nohy, a tak jsem za poslední dva roky vyprodukoval ve spolupráci s ním více publikací, než za předchozích 30 let, co se choroši zabývám. Za to jsem mu vděčný a mám obavy, jak sám dokončím několik dalších témat, která jsme v poslední době otevřeli. Díky těmto iniciativám získal mnoho zkušeností s psaním publikací, komunikací s redaktory, podáváním sekvencí do GenBank apod., protože většinu této práce jsem nechával na něm. Společně jsme napsali grant pro GAČR, který sice nebyl loni přijat, ale dostal vesměs výborné hodnocení a letos ho podává Jiří znovu, v přepracované verzi, sám. V oboru, kde pracuje na této úrovni hrstka lidí, že sehnat pár erudovaných oponentů je problém, se stal samostatným vědcem, a já jen lituji, že mu zdejší fakulta nebyla schopna zajistit odpovídající místo.

  
Doc. RNDr. Josef Vlasák, CSc