

## **Abstrakty prednášok z Biosystematického stretnutia – Skalica, rekreačná oblasť Zlatnícka dolina, 11. 11. – 13. 11. 2022**

MIROSLAV CABOŇ (editor)

Laboratórium molekulárnej ekológie a mykológie, Botanický ústav, Centrum biológie rastlín a biodiverzity, Slovenská akadémia vied, Dúbravská cesta 9, 845 23 Bratislava, [miroslav.cabon@savba.sk](mailto:miroslav.cabon@savba.sk)

Cieľom každoročného Biosystematického stretnutia je prezentácia študentských prác zameraných na botaniku a príbuzné odbory, ktoré sú riešené na vedeckých inštitúciách v Českej a Slovenskej republike. Podujatie sa každoročne koná pod záštitou jednej z účastníckych inštitúcií, hosťiteľskou inštitúciou v roku 2022 bolo Centrum biológie rastlín a biodiverzity, Slovenská akadémia vied. Stretnutie sa uskutočnilo v dňoch 11. 11. – 13. 11. v rekreačnej oblasti Zlatnícka dolina pri Skalici a celkovo sa ho zúčastnilo 39 účastníkov zo siedmich vedeckých inštitúcií. V úvodnom dni boli tradične predstavené pracoviská jednotlivých účastníkov, ich štruktúra a vedecké zameranie. V tomto roku bolo spolu prezentovaných 17 študentských prác a 7 prezentácií pracovísk. Študentské práce sa predniesli v slovenskom, českom aj anglickom jazyku a tak sú uvedené aj abstrakty prednášok.

### **Prezentované vedecké pracoviská**

- Centrum biológie rastlín a biodiverzity, Slovenská akadémia vied (Miroslav Caboň)
- Katedra botaniky, Prírodovedecká fakulta, Univerzita P. J. Šafárika, Košice (Vladislav Kolarčík)
- Katedra botaniky, Prírodovedecká fakulta, Jihočeská univerzita, České Budějovice (Petr Koutecký)
- Katedra botaniky, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Karlova, Praha (Marek Slovák)
- Katedra botaniky, Prírodovedecká fakulta, Univerzita Palackého, Olomouc (Michal Hroneš)
- Katedra fytoľógie, Lesnícka fakulta, Technická univerzita vo Zvolene (Kristína Pulišová)
- Ústav botaniky a zoologie, Prírodovedecká fakulta, Masarykova univerzita, Brno (František Zedek)

## Abstrakty príspevkov

### Self-compatibility and level of heterozygosity in *Cirsium*

MAHADURA ASHINI DIAS, JAKUB Šmerda & PETR BUREŠ

Plant Biosystematics Group, Department of Botany and Zoology, Faculty of Science, Masaryk University, Kotlářská 2, Brno 62500, Czech Republic

Three breeding systems can be recognized in Central European *Cirsium*: dioecy, hermaphroditism and gynodioecy. Female frequencies differ substantially in the gynodioecious species based on our field data from 1903 populations representing 78250 individuals. Using RAD-Seq and pollination experiments, we are going to investigate how self-compatibility is related to the type of breeding system, female frequency in gynodioecious species, and heterozygosity. Self-compatibility is absence or breakdown of genetic mechanisms by which the maternal plant can recognize and reject pollen grains expressing alleles in common with the maternal genotype. Therefore, self-compatibility should result in low levels of heterozygosity. Our preliminary results show that gynodioecious *Cirsium heterophyllum* with high female frequency and hermaphroditic *C. canum* are both self-compatible with low level of seed production.

### Karyological variability of three relict *Daphne* species

ZUZANA GAJDOŠOVÁ<sup>1</sup>, JAROMÍR KUČERA<sup>1</sup>, VLADISLAV KOLARČIK<sup>2</sup>  
& MAREK SLOVÁK<sup>1, 3</sup>

1 Institute of Botany, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 9, SK-845 23 Bratislava, Slovak Republic

2 Institute of Biology and Ecology, Faculty of Science, P. J. Šafárik University, Mánésova 23, SK-041 54, Košice, Slovak Republic

3 Department of Botany, Charles University, Benátská 2, CZ-128 01 Praha, Czech Republic

Intricate evolutionary histories, long-term isolation or wide ecological niche are factors that might contribute to the karyological and genetic variability of plant species. We aimed to study the karyological variability of three rare relict *Daphne* species (Thymelaeaceae) using flow cytometry (absolute and relative genome size). We analyzed 11 populations of endemic *Daphne arbuscula*, in which we did not observe any variability. *Daphne cneorum* is widespread in most of Europe where it grows in different habitats with diverse types of bedrock, from the lowlands to the subalpine level. However, we found only

a very low level of karyological variability among 28 populations in part of its area (Carpathians, Pannonian Basin). The endemic subspecies *D. cneorum* subsp. *arbusculoides* occurring on silicate bedrock within a small area in SW Hungary did not differ in genome size from *D. cneorum*. In the studied species, we confirmed the diploid number of chromosomes characteristic of the genus *Daphne* ( $n = 9$ ;  $2n = 18$ ). Interesting was the independent cases of five probably triploid individuals of *D. cneorum*, in four populations with different types of substrate originating from different parts of the studied area. Triploid individuals are not sterile, although their pollen viability was lower than that of diploid individuals. In the next work, we will focus on examining the genetic variability between the studied species and populations. This study was supported by the project VEGA 2/0098/22 and the Grant Programme for SAS PhD students (project no. APP0267).

### **Molecular revision of tomentelloid fungi from the species complex *Tomentella sublilacina***

ALEŠ JIRSA

Department of Botany, Faculty of Science, University of South Bohemia, Na Zlaté stoce 1, 370 05 České Budějovice, Czech Republic

*Tomentella sublilacina* is a taxon from the order Thelephorales (Basidiomycota) which is reported to be a very common ectomycorrhizal fungus in almost all kinds of forests. However, the great morphological and ecological variability of this taxon indicates a potential cryptic inner diversity. The aim of this work was to reveal the cryptic species inside the species complex *T. sublilacina* through sequencing ITS region and find any possible morphological and ecological differences between delimited entities. 50 specimens from the species complex *T. sublilacina* collected in South Bohemia during the period 2020–2021 were selected for sequencing their ITS region. Microscopic characters of each collection were studied and the quantitative characters were analysed using PCA and CDA. As a result, ten entities were delimited by ITS sequences, six of them created a core *Tomentella sublilacina* group whereas the others were more phylogenetically distant and more morphologically distinct. In the core group, the entities were mostly distinguishable by their mean length of spines on basidiospores and their ecological aspects.

## **Birth of polyploids amidst the majority diploid cytotype: which mechanisms make it possible?**

ADAM KANTOR

Institute of Botany, Plant Science and Biodiversity Centre, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 9, SK-845 23 Bratislava, Slovak Republic  
Department of Botany, Faculty of Science, Charles University, Benátská 2, CZ-128 01 Praha, Czech Republic

Polyploidy is a common evolutionary phenomenon, especially in vascular plants. Newly formed polyploids in their early phase must face numerous challenges and high extinction risk, mainly due to minority cytotype exclusion. On the other hand, established polyploids are widespread among extant vascular plants, suggesting that they may have specific traits that help them outperform their diploid progenitors in specific conditions or environments. In our project, we aim to learn more by comparing diploids with their synthetically induced autotetraploid derivatives, which may imitate polyploids in their earliest stages after emerging, excluding selection and other evolutionary processes playing role in established natural polyploids. First, we did a review of studies that used polyploidy induction and compared any reproductive traits between the diploid and autopolyploid entity. In the second part, we produced autotetraploid plants of *Arabidopsis arenosa* and compared their performance with their diploid progenitors in several experiments. We used a combination of methods to observe their stress tolerance, floral morphology differentiation and attractiveness to flower visitors. This work is supported by the project Start/SCI/098 provided by Charles University - Grant Schemes at CU (reg. no. CZ.02.2.69/0.0/0.0/19\_073/0016935).

## **Phytochemical analysis of selected species of the genus *Sorbus* in Stredné Pohornádie - phytogeographical district**

ZUZANA KOŠTURIKOVÁ

Katedra botaniky, Ústav biologických a ekologických vied, Prírodovedecká fakulta UPJŠ, Mánesova 23, 04154 Košice, Slovenská republika

The genus *Sorbus*, which mainly inhabits the northern hemisphere, contains approximately 250 species of trees and shrubs. Morphology-based systematics of *Sorbus* has limited resolution because of frequent hybridization and polyploidization. Any other complementary characteristics, expensive molecular markers or relatively cheap phenetic traits, may help to improve species identi-

fications. The present work focuses on the determination of individual species of the genus *Sorbus* using chemosystematic classification. Our preliminary analyses found significant differences in the content of total phenols among the five investigated species, *Sorbus aria*, *S. danubialis*, *S. dolomiticola*, *S. hornadensis*, and *S. torminalis*. Total flavonols and anthocyanins were variable as well, but the differences were not statistically significant. For further research, we plan to focus on specific types of flavonols and we expect that their content will considerably contribute to species identification. The chemosystematic research perspective can be possibly useful to solve the taxonomy of problematic genera such as the genus *Sorbus* or similar plant groups.

### **Distribuce a variabilita vybraných biologických znaků druhu *Stellaria palustris* ve střední a severní Evropě**

ELIŠKA KRTOLOVÁ

Department of Botany, Charles University, Benátská 2, CZ-128 01 Praha, Czech Republic

*Stellaria palustris* je vytrvalý, polyploidní, klonálně rostoucí, vlhkomilný druh z čeledi *Caryophyllaceae*. Druh se přirozeně vyskytuje v Eurasii, jeho distribuce ale není uniformní a početnost směrem na jih ubývá, přičemž v centrální Evropě je jeho výskyt spíše raritní. Informace o druhu jsou obecně nedostatečné, zejména pak ve střední Evropě. Cílem studie je zmapování distribuce druhu ve střední Evropě a zhodnocení variability vybraných biologických znaků s primárním zaměřením na vysokou polyploidii a její asociaci se sexuálními polymorfismy a sexuální reprodukcí. Průměrná relativní velikost genomu získaná měřením pomocí průtokové cytometrie (barvení DAPI), která se ukázala být výrazně vyšší u populací ze střední Evropy v porovnání s populacemi ze Skandinávie, naznačuje, že druh se na studovaném území vyskytuje v různých ploidních úrovních. U druhu byla pozorována přítomnost hermafroditních a samičích jedinců, což ukazuje na možnou přítomnost gynodioecie. Vedle dvou definovaných pohlaví byly pozorovány také přechodné květy s částečně vyvinutými tyčinkami. Frekvence takových květů se napříč populacemi ze všech zmapovaných oblastí výrazně nelišila. Jedinou výjimkou byla populace ze Slovenska, která v přirozených podmínkách sestávala z výhradně samičích jedinců, na druhou stranu ale v experimentálních podmínkách vykazovala nejvyšší míru lability (změny na přechodné květy s částečně vyvinutými tyčinkami). Pro testování možné hybridizace s blízce příbuzným druhem *Stellaria graminea* byly provedeny také hybridizační experimenty.

## Co je slovenská *Dactylorhiza elodes*?

FRANTIŠEK LAMLA

Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého Olomouc, Šlechtitelů 27, 78371 Olomouc, Česká republika

Ze slovenského území je v literatuře udáváno 6 taxonů z okruhu *Dactylorhiza maculata* (L.) Soó, z nichž jedním je i *D. maculata* subsp. *elodes* (Griseb.) Soó s výskytem v okolí Oravské přehradní nádrže (Dítě 2002, Vlčko et al. 2003). Locus classicus tohoto poddruhu se nachází na pomezí hranic Německa a Nizozemska, rostliny z těchto populací jsou navíc nápadně morfologicky odlišné od rostlin ze Slovenska a Polska spojovaných s tímto jménem. Proto bylo provedeno morfologické a karyologické srovnání populací ze slovensko-polského pohraničí s populacemi z locus classicus, které mezi nimi odhalilo významné morfologické rozdíly. Jako nejzásadnější pro determinaci se jeví kvantitativní znaky měřené na spodním okvětním lístku květu (pysku) a také tvar vrcholu prvního a druhého listu rostliny, který je u oravských populací více zaoblený. Počtem chromozomů se jedinci z obou oblastí nelišili (n=40), signifikantní rozdíl byl však zjištěn u velikosti genomu, která byly vyšší u slovensko-polských populací. V blízké době by bylo vhodné popsat rostliny z okolí Oravské přehradní nádrže jako nový poddruh prstnatce plamatého (*D. maculata*). Během sběru dat byly na lokalitách zaznamenány také rostliny intermediárního vzhledu a fenologie oproti zkoumanému taxonu a *D. majalis*, u nichž byl metodou průtokové cytometrie potvrzen jejich hybridní původ.

## Phylogeny of the agaricoid genus *Camarophyllopsis* (Clavariaceae)

SUSANNA VILLA-LASCHUETZA

Laboratory of Molecular Ecology and Mycology, Institute of Botany, Plant Science and Biodiversity Centre, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 9, SK-845 23 Bratislava, Slovak Republic

*Camarophyllopsis* is a genus of grassland basidiomycetous fungi within family Clavariaceae. Members of this genus form typical agaricoid fruitbodies with distinct mostly brownish pilei, decurrent lamellae and well-distinguished stem. Opposite to morphologically similar genus *Hodophilus*, species estimations within *Camarophyllopsis* and intra-generic phylogenetic relationships are not still resolved. Initial phylogenetic studies of Clavariaceae family included only restricted number of *Camarophyllopsis* collections, however members of this genus are already listed as indicators of natural and highly-

-conserved grassland habitats. Presented contribution summarise known information about ecology, phylogeny and nomenclature of this genus and provide insight into discrepancies between widely-accepted species estimations and species-level reports recognized by ecological studies. Scholarship of S.V. Laschuetza was supported by ERASMUS+ scheme, study was supported by VEGA 20/0050/22.

### **Is centromere drive reflected in chromosome size?**

KLÁRA PLAČKOVÁ, FRANTIŠEK ZEDEK & PETR BUREŠ

Plant Biosystematics Group, Department of Botany and Zoology, Faculty of Science, Masaryk University, Kotlářská 2, Brno 62500, Czech Republic

Previous studies have shown that the total centromere/kinetochore size per nucleus strongly correlates with the genome size across eukaryotes. Since centromere drive mediates variability of kinetochore size in seed plants and animals where only one of four products of female meiosis survives (asymmetric female meiosis), it could also be responsible for the higher chromosome size variation in these lineages compared to bryophytes, lycophytes, ferns, and fungi with symmetric female meiosis. We analyzed how the adaptive evolution of kinetochore protein CenH3 is related to chromosome size variation within groups (12 symmetric and 23 asymmetric) and within karyotypes (41 symmetric and 246 asymmetric). Symmetric groups/karyotypes had lower adaptive evolution of CenH3 and less diverged chromosome size than asymmetric. Therefore, we can confirm that centromere drive can affect the evolution of chromosome size in eukaryotes.

### **Carpathian corymbflower tansy (*Tanacetum corymbosum* group): karyological and morphological variability**

KRISTÍNA PULIŠOVÁ

Department of Phytology, Faculty of Forestry, Technical University in Zvolen, T. G. Masaryka 24, 960 01, Zvolen, Slovak Republic

The Carpathians, as the centre of European biodiversity, provides an overlapped area for two representants of polyploid complex *Tanacetum corymbosum* (*Asteraceae*). They are diploid *T. clusii* ( $2n=2x=18$ ) and tetraploid *T. corymbosum* ( $2n=4x=36$ ). We obtained answers about morphological and karyological diversity of populations between three Carpathian regions and

their foothills (Slovak part of the Western, Romanian part of the Southern and Eastern Carpathians as well as Hungarian Pilis and Mátra Mts, together 77 populations). Analyses revealed the existence of predominant 2x and 4x cytotypes in Slovakia and Romania, and 4x in Hungary. There are also minority 3x and 5x cytotypes. 2x and 4x are statistically significantly different in absolute genome size. Morphologically, *T. corymbosum* with general wider ecological amplitude and distribution is more variable. Especially, the Romanian populations are mostly different from the Slovak ones and look more like Slovak populations of *T. chusii*, while montaneous *T. chusii* is morphologically not so variable and looks similar like those in Slovakia. Thanks to: Internal Project Agency of the TU in Zvolen (IPA grant no. 12/2022), Scientific Grant Agency VEGA (grant no. 2/01616/21 and 1/0029/20), and Doc. RNDr. Judita Kochjarová, CSc., Mgr. Vladislav Kolarčík, Phd., RNDr. Katarína Skokanová, PhD., RNDr. Barbora Šingliarová, PhD.

### Searching for alternative barcodes in fungal metabarcoding

VASILII SHAPKIN

Laboratory of Molecular Ecology and Mycology, Institute of Botany, Plant Science and Biodiversity Centre, Slovak Academy of Sciences, Dúbravská cesta 9, SK-845 23 Bratislava, Slovak Republic

High-throughput next generation sequencing of PCR amplified short DNA regions (barcode markers) is currently the most frequently used technique for large-scale taxonomic identification of fungal communities in complex environmental DNA samples (metabarcoding). The Internal Transcribed Spacer (ITS) region of nuclear ribosomal DNA has been accepted as the universal barcode marker for general fungal assemblages, but it has its limitations due to unequal sequence length and polymorphism. This study seeks to evaluate and identify viable alternative barcoding markers to the standard ITS marker in fungal metabarcoding. The objective of this research is to test performance of two multicopy regions of nrDNA (ITS1, ITS2) and two low copy regions of nuclear DNA (*rpb2*, *tef1*) on different fungal groups. We prepared three mock communities from genomic DNA of three unrelated agaric (Agaricomycotina) lineages of closely related species (genera *Hodophilus*, *Dermoloma* and *Russula*). Each mock community was amplified with four sets of primers (i.e. ITS1, ITS2, *rpb2* and *tef1*) and sequenced on Illumina MiSeq platform. The amplicon data were clustered using most common types of bioinformatics tools and compared with species hypotheses resulting from phylogenetic analyses of Sanger sequencing of fruiting bodies of individual species.



## Biosystematická studie *Poa* sect. *Bolbophorum* ve střední Evropě

VERONIKA VALOVÁ

Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci, Šlechtitelů 27, 78371 Olomouc, Czech Republic

Lipnice sekce *Bolbophorum* jsou vysoce polyploidní skupinou se značnou diverzitou reprodukčních systémů (apomixie, cizosprašnost, pseudoviviparie). Tato sekce je taxonomicky problematická, což kromě polyploidie a apomixie dále způsobuje velká morfologická plasticita a nedostatek morfologických znaků. Skupina zahrnuje v širší střední Evropě dle různých autorů až šest druhů, z nichž se tato práce nejvíce zaměřuje na *Poa crassipes*, u které není jasné, zda se jedná o samostatný druh. Vyskytuje se pouze na dvou lokalitách, první je Kotouč (CZ), druhou pak Vršatecké bradlá (SK). Morfometrika byla provedena u 25 populací (celkem 170 jedinců pěti taxonů) a zahrnovala 15 znaků (11 kvantitativních, 4 kvalitativní). Pomocí morfometriky se od sebe podařilo na základě kvantitativních znaků morfologicky odlišit jednotlivé druhy. Pomocí průtokové cytometrie byla určena absolutní a relativní velikost genomu. V rámci absolutní velikosti genomu byly mezi druhy signifikantní rozdíly a bylo zjištěno, že *Poa crassipes* se liší od ostatních studovaných druhů. *Poa badensis* a *P. molinerii* jsou pravděpodobně diploidní, *P. crassipes* a *P. pumila* tetraploidní, u *P. alpina* pak bylo pozorováno více ploidií (4x, 5x, 6x, 8x, 12x). Dále bylo zjištěno, že česká a slovenská populace *P. crassipes* se od sebe neliší.