JAN SUDA
ANOTACE 5 NEJVÝZNAMNĚJŠÍCH PUBLIKACÍ

1. Doležel J., Greilhuber J. & **Suda J**., eds. (2007): *Flow Cytometry with Plant Cells. Analysis of Genes, Chromosomes and Genomes*. Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA, Weinheim, xxiv+455 pp. ISBN-10: 3-527-31487-3, ISBN-13: 978-3-527-31487-4.

První monografie věnovaná využití průtokové cytometrie v biologii rostlin. Kniha pokrývá celkové spektrum současných aplikací – od molekulární úrovně (např. sledování exprese genů), přes analýzy chromozómů, jader, protoplastů a celých buněk (vč. jejich třídění) až po biosystematické a populační studie cévnatých i bezcévných rostlin a monitoring ekosystémových změn. Pro každou tematickou oblast jsou vždy nastíněny perspektivní směry dalšího vývoje. Publikace vyplňuje mezeru v oblasti průtokové cytometrie (všechny doposud vyšlé knižní monografie se zabývaly jejím využitím v humánní medicíně a klinické praxi) a je zamýšlena jako základní referenční příručka pro pracovníky, kteří používají tuto techniku ke studiu rostlinného materiálu (jak v základním, tak v aplikovaném výzkumu).

2. Doležel J., Greilhuber J. & **Suda J.** (2007): Estimation of nuclear DNA content in plants using flow cytometry. *Nature Protocols* **2/9**: 2233–2244.

   (IF_{2011} = 9,924; celkový počet citací na $WoS_{1.5.2013}$ = 124)

Metodický článek shrnující optimální postupy pro dvě nejčastější cytometrické aplikace, a to stanovení ploidního stupně a velikosti jaderného genomu u rostlinných vzorků. Představeny jsou výhody a limitace průtokové cytometrie, fyzikální základy analýz a specifika rostlinného materiálu. Základ tvoří detailní popis jednotlivých kroků každého protokolu (vč. různých modifikací), důraz je kladen na kritické fáze a zdroje možných chyb. Součástí jsou též způsoby řešení problémů a správná prezentace cytometrických výsledků v odborných publikacích. Celkově si článek klade za cíl nastavit metodické standardy rostlinných cytometrických studií a omezit publikování nekritických dat.

3. Kron P., **Suda J**. & Husband B.C. (2007): Applications of flow cytometry to evolutionary and population biology. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* **38**: 847–876.

   (IF_{2011} = 14,373; celkový počet citací na $WoS_{1.5.2013}$ = 58)

Přehled aplikací průtokové cytometrie používaných při studiu populační biologie, evoluce a ekologie rostlin a živočichů (okrajově jsou zmíněny i další skupiny organismů). Jednotlivé části se věnují diverzitě, dynamice a evolučním důsledkům genomové duplikace, otázkám změn ve velikosti jaderného genomu i variabilitě ve způsobech reprodukce a možnostem jejich detekce pomocí DNA cytometrie. Zdůrazněny jsou nové možnosti, které průtoková cytometrie nabízí oproti konvenčním karyologickým postupům a podrobně představeny jsou oblasti, kde tato metoda významně posunula či změnila naše někdejší znalosti.

4. **Suda J.** & Trávníček P. (2006): Reliable DNA ploidy determination in dehydrated tissues of vascular plants by DAPI flow cytometry: new prospects for plant research. *Cytometry Part A* **69A/4**: 273–280.

   (IF_{2011} = 3,729; celkový počet citací na $WoS_{1.5.2013}$ = 44)

Článek představuje metodický postup, kterým lze spolehlivě stanovit ploidní stupeň (relativní obsah jaderné DNA) u dehydratovaného rostlinného materiálu, např. u silikagelových vzorků nebo herbářových položek. Zatímco dosavadní publikace analyzovaly pouze čerstvý materiál či používaly komplikovanou chemickou fixaci pro jeho krátkodobé uchovávání, uvedený protokol dovoluje provádět cytometrická měření i u vzorků starých několik let. Otevírají se tak nové možnosti pro rozsáhlé cytotaxonomické studie v geograficky odlehlých oblastech nebo pro zpětné určení ploidie u materiálu původně sbíraného pro účely molekulárních analýz.

5. **Suda J.**, Kyncl T. & Wildová R. (2003): Nuclear DNA amount in Macaronesian angiosperms. *Annals of Botany* **92/1**: 153–164.

   (IF_{2011} = 4,030; celkový počet citací na $WoS_{1.5.2013}$ = 42)

První podrobná studie zabývající se diferenciací velikosti genomu ve vztahu k adaptivní radiaci na ostrovních biotopech. Díky monofyletickému původu většiny skupin i pestrosti ekologických podmínek bylo možné provést kritické testování hypotéz týkajících se ekologických důsledků rozdílného obsahu jaderné DNA. Makaronézská flóra v současné době představuje nejlépe zdokumentovaný soubor rostlin z hlediska velikosti genomu a je využívána jako model pro další srovnávací studie zaměřené na poznání funkčních aspektů obsahu jaderné DNA.

V Praze 1. 5. 2013

Jan Suda