

Nejvýznamnější práce – Petr Baldrian

Baldrian, P., 2006. Fungal laccases-occurrence and properties. FEMS Microbiology Reviews 30, 215-242.

Dosud nejrozsáhlejší analýza biochemických vlastností významné skupiny enzyme, oxidujících fenoly v přirozeném prostředí I v biotechnologickém kontextu. ISI Highly Cited Paper, celkem 1484 citací.

Baldrian, P., Kolařík, M., Štursová, M., Kopecký, J., Valášková, V., Větrovský, T., Žifčáková, L., Šnajdr, J., Rídl, J., Vlček, Č., Voříšková, J., 2012. Active and total microbial communities in forest soil are largely different and highly stratified during decomposition. ISME Journal 6, 248-258.

První práce, popisující metodu pro identifikaci aktivních mikroorganismů v životním prostředí na základě analýzy exprese ribosomálních genů a první práce, využívající metody high-throughput sekvenace pro analýzu vybraných enzymů v půdě. Práce položila metodický základ pro analýzu aktivity mikrobiálních komunit s využitím RNA markerů. ISI Highly Cited Paper, celkem 479 citací.

Voříšková, J., Baldrian, P., 2013. Fungal community on decomposing leaf litter undergoes rapid successional changes. ISME Journal 7, 477-486.

Publikace popisující dynamiku sukcesního vývoje komplexního společenstva hub, rozkládajícího rostlinný opad, která indikuje rychlou přeměnu složení společenstva i význam endofytických mikroorganismů pro rozklad organické hmoty rostlinného původu. ISI Highly Cited Paper, celkem 323 citací

Baldrian, P., 2017. Forest microbiome: Diversity, complexity and dynamics. FEMS Microbiology Reviews 41, 109-130.

Přehledný článek vymezující specifiku habitatů v prostředí lesního ekosystému z hlediska složení mikrobiomu – hub a bakterií. Ukazuje na komplexitu ekosystémů a na specifické nutriční a funkční aspekty jeho jednotlivých složek a popisuje aspekty jeho dynamiky na různých časových škálách. Jako první v literatuře uvádí koncept „ekosystémového mikrobiomu“. ISI Highly Cited Paper, celkem 176 citací.

Větrovský, T., Kohout, P., Kopecký, M., Machac, A., Man, M., Bahnmann, B.D., Brabcová, V., Choi, J., Meszárošová, L., Human, Z.R., Lepinay, C., Lladó, S., Lopez-Mondejar, R., Martinovic, T., Mašínová, T., Morais, D., Navrátilová, D., Odriozola, I., Štursová, M., Švec, K., Tláškal, V., Urbanová, M., Wan, J., Žifčáková, L., Howe, A., Ladau, J., Peay, K.G., Storch, D., Wild, J., Baldrian, P., 2019. A meta-analysis of global fungal distribution reveals climate-driven patterns. Nature Communications 10, 5142.

Rozsáhlá meta-analýza všech existujících prací, využívajících metod vysokokapacitní sekvenace pro složení společenstev hub. Na základě datasetu z několika tisíc půdních vzorků a desítek milionů sekvencí (<https://globalfungi.com>) bylo identifikováno, že zásadním faktorem, ovlivňujícím biogeografické rozšíření hub je klima a že symbiotické mykorhizní houby jsou vůči jeho změnám citlivější, než houby patogenní. Dosud 26 citací.