

lineage sorting, kde čas potřebný k diverzifikaci genů bývá u velkých populací velmi dlouhý a navíc mohou některé fenotypově důležité geny či znaky podléhat jiné rychlosti evoluce.

Jiří Malíček

Originální zdroj:

Boluda C. G., Rico V. J., Divakar P. K., Nadyeina O., Myllys L., McMullin R. T., Zamora J. C., Scheidegger C. & Hawksworth D. L. (2019): Evaluating methodologies for species delimitation: the mismatch between phenotypes and genotypes in lichenized fungi (*Bryoria* sect. *Implexae*, Parmeliaceae). – *Persoonia* 42: 75–100.

GEOGRAFICKÁ VZDÁLENOST PODPORUJE GENETICKOU IZOLOVANOST POPULACÍ SPECIALIZOVANÝCH LIŠEJNÍKŮ

Vůbec první publikovaná studie zabývající variabilitou genomů v rámci populací lišejníků byla recentně publikována v časopise *American Journal of Botany*. Modelovým organismem byl druh *Cetradonia linearis* z čeledi Cladoniaceae, který je endemitem Apalačského pohoří v USA a zároveň jeden z osmi lišejníků zapsaných na světovém Červeném seznamu IUCN. Asi nejzajímavějším výsledkem práce je zjištění poměrně značné genetické variability mezi populacemi. To ukazuje na velmi nízkou míru genového toku a izolovanost populací v závislosti na jejich vzájemné vzdálenosti. Výsledky jsou tedy v rozporu s teorií neomezeného šíření houbových organismů. V kontextu podobných studií, které se zabývaly populační variabilitou lišejníků včetně matečného systému (tzv. mating system), byla podobná izolovanost populací zjištěna také u druhu *Lobaria pulmonaria*. Naopak vysoká genetická variabilita v rámci populací a nízká mezi populacemi byla dokumentována u lišejníků *Parmelia carporrhizans* a *Xanthoria parietina*. Ve světle ekologické specializace a abundance všech čtyř zmíněných druhů tak výsledky naznačují, že u běžnějších lišejníků s širší ekologickou nikou dochází k značnému genomovému toku, zatímco u specializovaných druhů, kterými jsou právě *Cetradonia linearis* a *Lobaria pulmonaria*, je situace opačná. Tuto problematiku však autoři v článku bohužel nediskutují.

Jiří Malíček

Originální zdroj:

Allen J. L., McKenzie S. K., Sleith R. S. & Alter S. E. (2018): First genome-wide analysis of the endangered, endemic lichen *Cetradonia linearis* reveals isolation by distance and strong population structure. – *American Journal of Botany* 105: 1556–1567.