

Fylogeneze a evoluční mechanismy homoplasii modelových skupin tříd *Sordariomycetes* a *Dothideomycetes*

PATRIK MLČOCH

Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc, Česká republika
patrik.mlcoch@upol.cz

Cílem práce je studium morfologických znaků a analýza fylogenetických vztahů vybraných modelových skupin vřeckovýtrusných hub (především z řádů *Pleosporales*, *Diaporthales* a *Xylariales*) dříve souhrnně klasifikovaných do umělé třídy *Pyrenomycetes*. Základní myšlenkou studie je analyzovat homoplasie (především v morfologii konidií a askospor, ale také stromat aj.) těchto vybraných modelových skupin v kontextu jejich evoluční historie průnikem klasických morfologických, molekulárních a statistických metod a stanovit hypotézu, vysvětlující příčinu jejich nezávislého vzniku v jednotlivých fylogenetických liniích. Neboť hlavními analyzovanými kontextově-kausálními faktory konvergence znaků budou klimatologické a environmentální proměnné, pro svou celoroční stabilitu a širokou biotopovou amplitudu byla pro analýzu vybrána geografická modelová oblast Makaronésie, i když pro lepší srovnání budou použita také data sbíraná v dalších oblastech světa. Vyřešení tohoto problému by mohlo pomoci pochopit evoluční historii těchto hub a jejich fylogenezi, která právě díky přítomnosti velkého množství homoplasii znesnadňuje morfologické definování charakteristických znaků jednotlivých větví. Vedlejším přínosem této studie je rovněž popis taxonomických novinek. Materiál sbíraný v přírodních ekosystémech rovněž zahrnuje velké množství endofytických druhů, které budou zahrnuty do projektu QL24010008 Endofytické mikroorganismy pro ekologizaci moderního zemědělství. V tomto příspěvku budou představeny první publikované i nepublikované výsledky tohoto výzkumu, zaměřené zatím převážně na taxonomii, fylogenezi a druhovou diverzitu studovaných ekosystémů.