

Druhové hranice v čeledi *Aspergillaceae*

FRANTIŠEK SKLENÁŘ^{1,2}, VÍT HUBKA^{1,2}

¹Laboratoř genetiky a metabolismu hub, Mikrobiologický ústav AV ČR, Vídeňská 1083, 142 00 Praha 4

²Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Benátská 2, 128 00 Praha 2

frantisek.sklenar@natur.cuni.cz, hubka@biomed.cas.cz

Čeď *Aspergillaceae* zahrnuje 3 významné rody vláknitých hub, *Penicillium* (598 druhů), *Aspergillus* (465 druhů) a *Talaromyces* (236 druhů). Řada zástupců těchto rodů je ekonomicky, klinicky nebo biotechnologicky významná. Přesné vymezení druhů je nezbytné pro pochopení jejich evoluční historie, možností biotechnologických aplikací, patogenního potenciálu, klinických diagnóz a terapeutických strategií. Z důvodu vysokého počtu přijatých druhů jsou rody dále rozděleny do podrodů, sekcí a (v případě rodů *Penicillium* a *Aspergillus*) sérií.

Klasifikace všech rodů prošla komplikovaným obdobím s mnoha změnami po nástupu molekulárních dat a zavedení pravidla „one fungus, one name“. V současnosti už je klasifikace na úrovni sekcí a podrodů relativně stabilizovaná, ale na úrovni druhů stále dochází k výrazným změnám (v posledních letech bývá popsáno více než 100 nových druhů čeledi *Aspergillaceae* za rok). Standardem pro rozlišení a popis nových druhů je polyfázický druhový koncept, který spočívá ve shromáždění co největšího množství dat různých typů (genetických, morfologických, fyziologických, ekologických atd.) a jejich následném kombinovaném vyhodnocení. V praxi ale hrají dominantní roli při rozhodování o druhových hranicích molekulární data (nejčastěji DNA sekvence několika genů). V našich studiích zpracováváme molekulární data pomocí metod pro delimitaci druhů, které zvyšují robustnost taxonomických rozhodnutí a mají potenciál standardizovat definici druhu. Touto metodikou jsme již revidovali několik sekcí a sérií, což vedlo jak k popisu nových druhů, tak také ke snížení počtu akceptovaných druhů v některých intenzivně studovaných skupinách rodu *Aspergillus*. Tyto výsledky otevírají debatu o taxonomické inflaci u vláknitých hub. Výzvou pro další studie v následujících letech je začlenění celogenomových dat do procesu delimitace druhů, čímž se opět zvyšuje riziko taxonomické inflace a je tedy nutné správně vyhodnotit rozsah vnitrodruhové variability.