

Od popisu druhové bohatosti po hledání těch správných jmen u hub III.

Poslední díl seriálu by mohl mít v podtitulu „sekvence s mírou“, případně „trable s holotypy“, protože se podíváme podrobněji na rizika využití molekulárních dat v taxonomii hub. Získat sekvence různých úseků DNA, a dokonce celé genomy je totiž čím dál rychlejší a levnější. Spolu s tím roste i pokušení mykologů spolehnout se při popisu nových druhů takřka výhradně na molekulární data. Pravda, u některých skupin hub, hlavně těch mikroskopických, které žijí velmi skrytě, nedaří se je kultivovat anebo „nemají morfologii“, může být tento postup obhajitelný. Problémem je ale přílišné spoléhání se na molekulární data u hub obecně.



Historie ožívá

Znovu si připomeňme, že taxonomie je věda, která stojí z velké části na názoru a způsobu interpretace. Může využívat i testovatelná data, z nichž vycházejí statisticky (ne)podpořené výsledky, ale o jejich interpretaci nakonec rozhoduje sám taxonom. Před použitím molekulárních dat záleželo na tom, který fenotypový znak (nebo znaky) považoval daný mykolog za důležitý. Podle toho, jak se určité druhy v tomto znaku odlišovaly nebo shodovaly, popisovali taxonomové nové druhy. Podobně také mykologové slučovali (synonymizovali) již popsané druhy, u kterých považovali odlišné znaky za méně významné, a přisuzovali jim variabilitu na vnitrodruhové úrovni nebo převáděli druhy do jiných rodů, jež podle nich lépe postihovaly vzájemnou příbuznost (Živa 2023, 4: 167–170).

Při popisu nového druhu je pro taxonomy závazný nomenklatorický Kód, který

1 Slzivka opásaná (*Hebeloma mesophaeum*) je jedním z druhů vytvářejících poměrně velké plodnice, a tudíž fungářové položky obsahující celé plodnice nabízejí dostatek materiálu pro extrakci DNA. Foto L. Zíbarová

mimo jiné říká, že každé druhové jméno je vázané na holotyp, tedy jeden konkrétní vzorek uložený ve veřejně dostupné sbírce, v případě hub ve fungárii (více v Živě 2023, 3: 124–126). Právě holotypové položky nám umožňují po letech (někdy dokonce stoletích) ujasnit morfologické vymezení druhu (zejména díky mnohem vyspělejší optické mikroskopii) a v současnosti i fylogenetické postavení díky studiu houbové DNA. Extrahovat DNA lze totiž i z některých fungářových položek. U hub tvořících makroskopické plodnice nebývá problém s nedostatkem materiálu a postupně přibývá studií, v nichž byla z položek určitých rodů hub stopkovýtusných (Basidio-

mycota) nebo vřeckovýtusných (Ascomycota) extrahována DNA, byly namnoženy (amplifikovány) krátké úseky metodou polymerázové řetězové reakce (PCR) a jejich sekvence byly využity pro fylogenetické analýzy. V nedávno publikované sérii článků se týmu mykologů a mykoložek z Německa, Belgie a Velké Británie povedlo úspěšně osekvenovat alespoň část jednoho genetického markeru (ITS rDNA, viz dále) u několika stovek položek druhů rodu slzivka (*Hebeloma*, obr. 1) popsaných ze Severní Ameriky mezi lety 1870–1970. Díky tomu se podařilo interpretovat jejich druhové hranice a ve výsledku byla většina těchto druhů synonymizována s dříve popsanými druhy. Jak je to možné? Ukázalo se, že sekvence získané z holotypů různých druhů byly identické, nebo alespoň natolik podobné, že na fylogenetickém stromě tvořily společnou statisticky podpořenou linii. Autoři popisu těchto „historických“ druhů považovali určité morfologické rozdíly za druhově specifické, ale ve skutečnosti představovaly jen variabilitu uvnitř druhu. Mimochodem, jedním z autorů těchto „synonymních“ druhů byl Alexander H. Smith, který popsal stovky druhů stopkovýtusných hub, a řada z nich bude pravděpodobně časem synonymizována s již dříve popsanými. Analýza DNA je proto nesmírně důležitá, neboť pomáhá rozhodnout o taxonomické hodnotě konkrétních znaků fenotypu; bez molekulárních dat by šlo pořádkem pouze o názor na interpretaci těchto znaků. Není ani překvapivé, že řada synonymizovaných druhových jmen byla použita jen jednou, při popisu nového druhu (často založeném na jednom jediném sběru), a následně už nebyla prakticky používána ani zmiňována v literatuře. Můžeme dodat, že v českém prostředí podobně (nešťastně) mnohdy postupoval Josef Velenovský (1858–1949).

Kde Sanger nemůže, Illumina pomůže

Podíl úspěšných pokusů o amplifikaci molekulárních markerů u fungářových položek je bohužel stále dost vysoký (někdy až u 50 % z nich), takže nelze tento přístup považovat za rutinní. Zvláštní je, že nemusí jít jen o ty nejstarší položky, u kterých se PCR nepovede, a sami autoři ve studiích zmiňují, že přesně neznají příčiny, proč u některých studovaných položek byla reakce neúspěšná. Může to být např. nevhodný způsob usazení materiálu příliš vysokou teplotou nebo jeho následné chemické ošetření, kdy tyto postupy poškodily DNA. Z tohoto důvodu ani některé fungáře nedovolují odebrat část materiálu pro extrakci DNA z vypůjčené položky, protože takové množství je stále ještě výrazně větší než pro klasickou přípravu preparátu do optického mikroskopu.

Naštěstí i v případě analýz DNA platí okřídlené pořekadlo, že „pokrok se nedá zastavit“, a vyšší úspěšnost by mohly přinést metody označované jako sekvenování nové generace (viz Živa 2017, 3: 120 a LXXIII–LXXVI). V nedávné době byla využita jedna z těchto metod (Illumina sequencing) pro získání sekvencí ITS rDNA z fungářových položek z druhé poloviny 19. století. Vzhledem k ještě větší časové náročnosti této analýzy a poměrně vysoké ceně byly v obou studiích osekvenovány

jen ty nejcennější položky, tedy holotypy. V sérii studií (Forin a kol. 2018, 2020, 2021) se vědci zaměřili na sběry slavného italského mykologa Piera A. Saccarda (1845 až 1920), uchovávané v Botanické zahradě v italské Padově. Saccardův fungář obsahuje více než 70 tisíc položek, z čehož je přibližně 4 500 typových. Illumina byla většinou úspěšná i pro vzorky různých druhů hub rodu řasnatka (*Peziza*) a rážovka (*Nectria* v širším pojetí, obr. 2) sbírané v 70. letech 19. století. Získané sekvence krátkých úseků markeru ITS byly složeny a využity pro vyjasnění fylogenetické pozice příslušných druhů hub vřeckovýtusných i stopkovýtusných. Mimochodem, v tomto případě nejde o rekordní stáří, dosud nejstarší úspěšně osekvenovanou položkou houby je holotyp druhu štavnatka drvopleňová (*Hygrophorus cossus*), která byla stará 210 let (Larsson a Jacobsson 2004). O pouhý rok je starší položka rzi *Puccinia suaveolens*, sebraná r. 1811 a sekvenovaná v r. 2022 (Bradshaw a kol. 2022).

Někdy může být problém s extrakcí DNA i jiného rázu. Výše zmíněný významný český botanik a mykolog Josef Velenovský ukládal některé své sběry hub do fungáře v podobě plodnic v konzervační tekutině. Výhodou tohoto postupu, typického pro uchovávání živočišných vzorků, je, že se nedeformuje celkový tvar plodnice, mikroskopické struktury zůstávají zachovány a jediné, co se po letech změní, jsou barvy, které vyblednou. Za předpokladu, že nádoba je dobře uzavřená a tekutina se případně doplňuje, mají tyto preparáty stejnou trvanlivost jako sušené položky (obr. 3). Pro analýzy molekulárních dat je však (zatím) nelze použít, protože jednou ze složek konzervační tekutiny byl v případě Velenovského i formaldehyd – látka, která mimo jiné denaturuje DNA. Ta zůstává sice nezměněná, ale je fragmentovaná na krátké úseky. Tradiční metoda sekvenování (Sanger sequencing) proto neuspěje, řešením by mohla být opět Illumina, která umožňuje sekvenovat krátké fragmenty a posléze je skládat v delší úseky.

Dobrá sluha, ale zlý pán

Podívejme se nyní trochu podrobněji na nejčastější marker využívaný u hub a zmiňovaný už v předchozí kapitole. Jde o úsek ribozomální DNA, který se sice transkribuje, ale následně vystřihává, takže nekóduje ani protein, ani ribozomální RNA. Podle těchto vlastností dostal poněkud krkolomné označení vnitřní přepisovaný mezerník – v angličtině internal transcribed spacer, mnohem známější je ale pod zkratkou ITS rDNA, nebo ve vědeckém slangu jako „ítěska“. Úsek ITS byl a stále je velmi oblíbený mezi taxonometry, jelikož se snadno amplifikuje (v genomu hub je přítomen v mnoha kopiích, viz dále), a v počátcích taxonomických studií využívajících molekulární data byl druhým nejčastěji amplifikovaným markerem. Historicky prvním byl úsek pro 18S rDNA, který se ale brzy ukázal jako nevyhovující kvůli příliš nízké variabilitě. S tím, jak rostla obliba molekulárních dat v taxonomii, zvětšovalo se i množství sekvencí v databázi GenBank. V současnosti je nejvíce druhů hub reprezentováno právě úsekem ITS. Postupně se navíc ukázalo, že při vymezování druhů



vých hranic na základě fenotypových znaků a molekulárních markerů byl právě úsek ITS u většiny druhů hub „optimálně“ variabilní, aby byl víceméně shodný v rámci zástupců jednoho druhu a odlišný od nejbližší příbuzných druhů. Interpretace této podobnosti a z ní vyplývající i předpokládané (ne)příbuznosti mezi druhy může vycházet z pohledu na fylogenetický strom (fylogram), který je výsledkem fylogenetické analýzy.

Postupem času (z vlastní zkušenosti vidím tento trend především ve studiích z poslední dekády) se ale v taxonomii hub ujal i hodně zjednodušený pohled na druhové hranice, čistě na základě procentuální podobnosti úseku ITS mezi druhy v rámci našeho datasetu nebo s nejbližší sekvencí v databázi GenBank. Prakticky to vypadá tak, že mykologové při popisu nového druhu nezdůvodňují fenotypové rozdíly, které je vedou k tomu, že jejich sběry představují nový druh pro vědu, ale suše konstatují, že jimi navrhaný nový druh se od (předpokládaného) nejbližšího liší v určitém počtu bází (doplňte si libovolně jiné číslo vyšší než 0). Není asi třeba zdůrazňovat, že druhové hranice nemohou být určeny pouhým počtem odlišných bází v rámci jednoho krátkého

2 Rážovka rumělková (*Nectria cinnabarina*) tvoří shluky červených plodnic (peritecií) na tlejících větvičkách nejrůznějších listnáčů. Foto L. Zíbarová

3 Holotypová položka hříbu Fechtnerova (*Boletus fechtneri*) popsáno českým mykologem Josefem Velenovským.

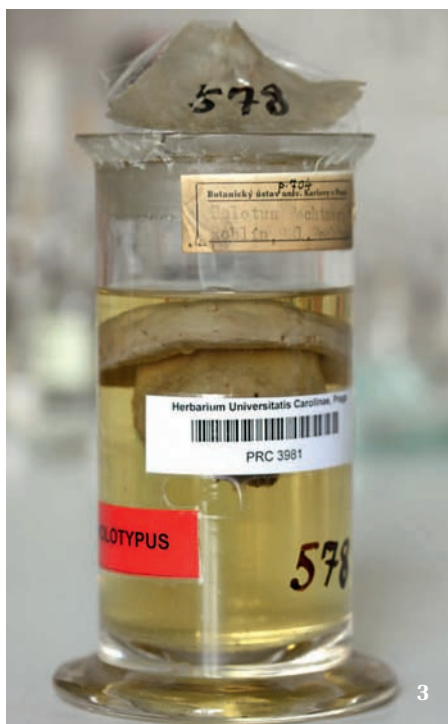
Na válci je kromě Velenovského původního štítku nahoře vidět i unikátní kód Herbáře Univerzity Karlovy a štítek označující, že jde o holotyp druhu.

4 Sírovec žlutooranžový (*Laetiporus sulphureus*) parazituje na různých druzích listnatých stromů, na jejichž kmenech tvoří nápadné trsnaté plodnice.

úseku DNA. Bohužel v poslední době jsou mykologové motivováni popsat co nejrychleji onu rozsáhlou a neznámou diverzitu hub (bližze v Živě 2023, 4: 167–170), soustředě se na poměrně snadno a levně získatelná molekulární data z jednoho či dvou úseků DNA a ve spěchu nebo v neznalosti přehlédnou v literatuře popis některého staršího druhu, nebo se ani nezdržují procházením dosud publikovaných popisů. Výsledkem je nové druhové jméno, které je sice platné (neboť vyhovělo všem náležitostem daným Kódem), ale není správné. Vědecké publikace však nelze smazat jako nevhodné příspěvky na diskuzních fórech – jednou publikované už zůstávají trvale k dispozici. Musí tak dojít k synonymizaci – ten, kdo odhalí nadbytečné mladší jméno pro již dříve popsany taxon, musí napsat nový článek, v němž zdůvodní nadbytečnost tohoto druhového jména, které označí za synonymum. I v tomto případě však platí, že synonymní jméno existuje dál a odnikud se nevymaže, ale nemělo by být mykology používáno.

Více ITS v genomu

Hlavní potíž s ITS je v tom, že houby (a pootažmo všechna Eukaryota, a dokonce i některá Prokaryota) obsahují ve svém genomu více kopií ribozomální DNA. To by ani tolik nevadilo, kdyby všechny tyto kopie byly identické, jenže ony nejsou! Sekvence jednotlivých kopií ribozomální DNA se mohou odlišovat, přičemž největší variabilita je známa právě u celkově velmi variabilního úseku ITS rDNA. Tato variabilita navíc může překonat pomyslnou hranici pro vymezení druhů. Poprvé na tento fenomén upozornili dva američtí mykologové (Lindner a Banik 2011), kteří pomocí klonování do bakteriálního vektoru odhalili





4

různé varianty ITS rDNA v genomu několika druhů rodu sírovec (*Laetiporus*, obr. 4). Jejich výsledky prakticky znamenaly to, že pokud by byly analyzovány samostatně jednotlivé varianty tohoto markeru, výsledkem by se staly fylogenetické stromy s „nepopsanými“ druhy. Přitom ale tyto varianty pocházely z genomu stejného „jedince“, šlo tedy o nadhodnocený počet druhů. Podle nedávno zveřejněné studie (Stadler a kol. 2020) obsahují i vřecovýtrusné houby z čeledi dřevomorovitě (Hypoxylaceae) ve svém genomu 3–19 různých kopií úseku ITS. Rekordmanem s nejvyšším počtem kopií je dřevomor červený (*Hypoxylon fragiforme*, obr. na 2. str. obálky). Odhalit variabilitu není snadné, protože při sekvenování Sangerovou metodou namnožíme a přečteme vždy jen jednu z variant.

I přes výše zmíněný polymorfismus je ITS rDNA stále velmi oblíbená a pro svou variabilitu oficiálně považovaná za univerzální houbový „barkód“. Tento do češtiny přejatý výraz z anglického barcode (čárový kód) označuje v přeneseném významu prostředek pro automatickou interpretaci dat. Čárových kódů je řada a používají se vesměs na výrobcích (obsahují informace o zemi původu, kategorii apod.) pro načtení ceny u pokladen, na průvodkách u lékařských vzorků a vyšetření, pro sledování a zaznamenání pohybu u výpůjček z knihovny, poštovních zásilek apod. V my-

kologii by měl čárový kód představovat snadno amplifikovatelný úsek DNA, jehož sekvence by po nahrání do on-line databáze vedla k rychlému a přesnému určení houby, ideálně do druhu. Skutečně, při určování např. hub v kultuře, které produkují pouze sterilní mycelium (a nemáme tudíž žádné znaky pro určení podle fenotypu), bývá sekvenování ITS rDNA první volbou a často vede k určení do druhu, nebo alespoň rodu. Na druhou stranu není tento barkód skutečně univerzální, u některých skupin hub není dostatečně variabilní pro odlišení jednotlivých druhů, např. u zástupců rodu kroupidlák (*Aspergillus*). Pro něj a další rody a druhy hub jsou doporučeny jako barkódy jiné markery.

Trable s holotypem

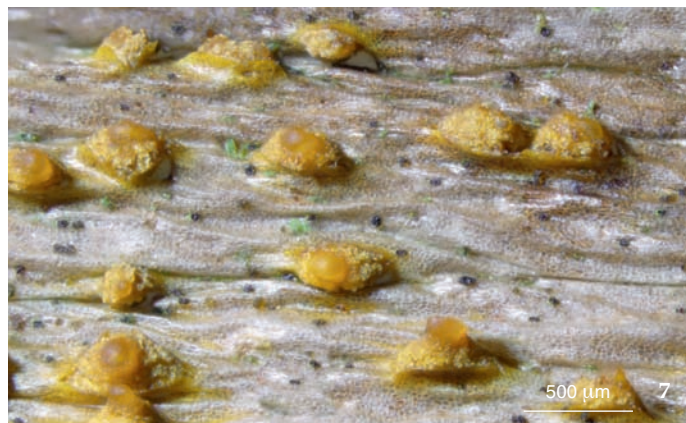
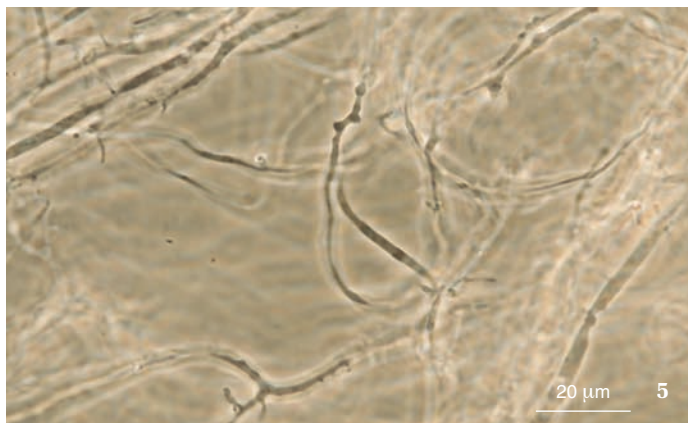
Pro dřívou většinu v současnosti známých druhů hub dává povinnost ustanovit holotyp smysl, ačkoli v případě některých skupin to může znamenat problém. Výrazně totiž omezuje popis nových druhů z oblasti a substrátů, u nichž se předpokládá ohromná skrytá diverzita – oficiální termín pro neprobádanou druhovou bohatost. Jediním z takových substrátů je půda, obrovský rezervoár, u něhož můžeme pouze odhadovat, kolik druhů dosud neznámých mikroskopických hub (ale i jiných mikroorganismů) se v něm skrývá. Mezi další zdroje skryté diverzity, o jejíž existenci víme na

základě unikátních houbových sekvencí z environmentální DNA získané z daných substrátů, patří pletiva rostlin s endofytními druhy hub (z celkové DNA ze substrátu je namnožena jen ta houbová specifickými primery, jadernou DNA houby tak izolujeme přímo z přírodního materiálu bez předchozí kultivace houby v čisté kultuře; více v Živě 2013, 1: 7–10; 2017, 5: 227–231), trávicí trakt živočichů (především bezobratlých, ale i býložravých obratlovců) nebo mořské sedimenty. Houby v těchto prostředích nevytvářejí nápadné struktury, většinou jde o sterilní mycelia či kvasinkovitá stadia, a často ani nevíme, jak vlastně vypadají, neboť nejsou kultivovatelné. Pokud nebudeme uvažovat mikromanipulaci jednotlivých hyf nebo kvasinkových buněk z uvedených substrátů (která patří spíše do oblasti sci-fi), vylučují tyto substráty prakticky možnost získat vzorek, který by mohl sloužit jako holotyp nového druhu.

Někteří vědci (a je jich opravdu jen několik) se pokusili interpretovat nomenklatrická pravidla po svém a zkusili, co všechno ještě může být považováno za holotyp. Jako nejkontroverznější se ukázal popis jednoho z druhů rodu *Piromyces*, který se řadí mezi tzv. bacherové houby (blíže Živa 2007, 2: 88–89). Jde o bazální linii hub a přísné symbionty v trávicí soustavě přežvýkavců a jiných skupin býložravých obratlovců. Svému stylu života přizpůsobily i morfologii a fyziologii, takže tvoří nepravidelné, nepřehrádkované mycelium (obr. 5) a zoospory pro šíření na natrávené kusy rostlin v rámci trávicí soustavy. Patří ke skupinám mikroskopických hub s dosud málo prozkoumanou diverzitou, jejíž odhalení komplikují specifické kultivační podmínky, za nichž je možné tyto houby uchovávat (teplota 35 °C, anaerobní atmosféra). Nově popsáný druh *P. cryptodigmaticus* byl vymezen od jiných příbuzných druhů tohoto rodu jediným úsekem sekvence ribozomální DNA. Jako holotyp byl uložen do fungáře v Královské botanické zahradě v Kew kousek vysušené natráveniny z bacheru. Bezpochyby byl v tom kousku tento druh přítomen, ale spolu s ním i spousta dalších druhů bacherových hub a jiných mikroorganismů, takže lze jen těžko hovořit o dokladovém materiálu. Uvedený druh, jehož popis byl tak prakticky založený pouze na sekvenci DNA, byl nakonec uznán jako platný poté, co byli autoři vyzváni nomenklatrickou komisí, aby popis upřesnili. Zajímavé je, že šlo o uložení reprezentativnější typové položky, ale o to, aby přesně specifikovali, které báze v sekvenci jsou odlišné od dřívě popsáných druhů rodu *Piromyces*. I tak nebyl vědeckou komunitou, která se zabývá anaerobními houbami (více na <https://anaerobicfungi.org/>), tento druh nikdy uznán.

Nepřekročitelný Rubikon

Na první pohled molekulární data nepodléhají konvergenci a měla by představovat naprosto nezpochybnitelné ukazatele vzájemné příbuznosti. Ve skutečnosti jsou ale stejně problematická jako každá jiná data. Velmi záleží na výběru vhodného markeru, počtu vzorků a z nich získaných sekvencí a jejich kvalitě a délce (kvalitou se rozumí čitelnost jednotlivých bází a je dobře patrná v chromatogramu), správně



provedeném zarovnání a zvolené metodě otestování podobnosti a odlišnosti mezi jednotlivými sekvencemi. V neposlední řadě je to opět subjektivní interpretace výsledku analýzy ve formě fylogenetického stromu nebo několika analýz, podle toho, jestli analyzujeme markery zvláště, nebo dohromady, a které algoritmy používáme.

Ohromná a dosud nepopsaná druhová diverzita hub ale nedává spát řadě mykologů. V r. 2016 proto významný britský mykolog a lichenolog David L. Hawksworth podal spolu se třemi dalšími kolegy oficiální návrh, aby byla v Kódu zakotvena možnost popsat nový druh i na základě sekvence jakožto holotypu, tedy bez fyzické položky. Ještě dříve, než se o tomto návrhu hlasovalo, ukázal se silný konzervativní názor zbylé mykologické komunity. Proti návrhu se vzepjala mohutná vlna nesouhlasu, která vyústila v publikaci s téměř 400 autory (Zamora a kol. 2018), v níž její první autor a hlavní iniciátor této vlny zdůvodnil, proč nelze tuto revoluci v pojetí Kódu povolit. Mimo jiné by se tím narušila prvotní úloha Kódu coby systému pravidel, zajišťujících jasné postupy při popisování nových druhů vázaných na konkrétní fyzický holotyp. Nemluvě o tom, že Kód by sice umožňoval použít sekvence DNA jako holotyp, ale už by nebylo upřesněné, o který úsek by mělo jít pro danou skupinu hub.

Nomen omen

Abychom ale nekončili pesimisticky, podívejme se závěrem na jeden příklad, který v sobě shrnuje na jedné straně důležitost vhodného pojmenování a na druhé straně význam určování na základě fenotypových i molekulárních dat. V součinnosti vede k tomu, že umožní nejen určení do druhu, ale i zařazení známého druhu do fylogenetického systému. Na začátku r. 2016 uhynulo několik desítek rostlin různých druhů láčkovek (*Nepenthes*) pěstovaných ve skleníku katedry experimentální biologie rostlin Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy. Situace se opakovala i následující roky a pokaždé se stejnými symptomy – rostliny odehnávaly od báze lodyhy a listů, vadly a nakonec zahynuly celé. Na mrtvých řapících prakticky všech rostlin se po čase hojně vytvářely drobné žluté bradavičky s oranžovou kapičkou (obr. 6). Po mikroskopování těchto kapiček se ukázalo, že jde o tyčinkovité konidie (nepohlavní spory), které byly ve velkém množství produkovány na pyknidách (uzavřených útvech někdy označovaných jako nepohlavní plodnice) vyrůstajících pod listovou epidermis



(obr. 7). Protože šlo s největší pravděpodobností o původce onemocnění, oslovení fytopatologové z Výzkumného ústavu Silva Taroucy pro krajinu a okrasné zahradnictví konidie této houby přenesli na agarové živné půdy a podařilo se jim získat její čistou kulturu. Následně osekvenovali dva úseky DNA, které ukázaly, že pracují zřejmě s novým druhem nedávno popsaného rodu *Microthia*. Nejbližší příbuzný, druh *M. havanensis*, je rovněž patogen zaznamenaný na Kubě a na Floridě, který tvoří na kmenech blahovičníků hnilobu a v napadených uhynulých pletivech produkuje pyknidy s jednobuněčnými oválnými konidii.

V tuto chvíli nic nebránilo popisu nového druhu v rodu *Microthia* napadajícího láčkovky. Přesto jsme se ještě pro jistotu podívali do databáze Index Fungorum, v níž jsou uvedena jména všech druhů hub (bez ohledu na to, zda jsou platně popsaná, správná, nebo v současnosti používaná), jestli náhodou v minulosti už nebyl popsán nějaký druh houby z láčkovky a nenese podle ní, jakožto hostitele, i své jméno. Při hledání podle druhového epitetu se nám podařilo najít dva druhy pojmenované podle láčkovky a jeden z nich, *Zythia nepenthis*, nás ihned zaujal, protože byl popsán z uhynulých jedinců láčkovky rostoucích ve skleníku botanické zahrady v Berlíně. Ačkoli byl popsán před více než 100 lety, stručný, ale výstižný popis symptomů na rostlinách a morfologie houby byly identické s našimi pozorováními. Všechny znaky

5 Mycelium bachorové houby neznámého druhu rodu *Piromyces* je charakteristické tvorbou nepravidelně ztloustlých a větvených hyf.

6 a 7 Žluté tečky na povrchu odumřelých listů láčkovek (*Nepenthes*, obr. 6) ukazují na infekci patogenní houbou. Při bližším pohledu je patrné, že tečky jsou vrcholky pyknid prorážející pokožku listů a vylučující velké množství nepohlavních spor (konidií, 7), které vytvářejí na vrcholu žlutou kapičku. Tyto symptomy jsou typické pro mikroskopickou věckovýtusnou houbu druhu *Microthia nepenthis*. Snímky O. Koukola, pokud není uvedeno jinak

fenotypu ukazovaly, že jsme našli identickou houbu, a tudíž jsme ani nepátrali, zda existuje holotypová položka. Nyní jsme tedy museli vyřešit konflikt v tom, že druh už je popsán v rodu *Zythia*, ale podle našich analýz DNA patří do rodu *Microthia*. V tomto případě jsme měli jednoduchou situaci, neboť rod *Zythia* byl jeden z velmi starých rodů popsaných již v první polovině 19. století Eliášem Magnusem Friesem a obsahoval zcela nepřibuzné houby. Spojovala je pouze tvorba drobných pyknid a jednobuněčných konidií, což jsou naprosto nereprezentativní znaky. Výsledkem naší práce proto byla nová kombinace *Microthia nepenthis* pro druh popsáný v minulosti, ale nyní s vyjasněnou fylogenetickou pozicí.

Z výše uvedených příkladů je zřejmé, že molekulárním datům se v moderní taxonomii nevyhneme. Jako doplňková data hrají nepostradatelnou úlohu při řešení složitých taxonomických skupin hub, které nemají příliš mnoho morfologických znaků, nebo jsou naopak příliš variabilní. Spoléhat se ale primárně na molekulární data je vyloženě nebezpečné, zvláště při popisu nových druhů hub, které vlastně zase až tak nové nejsou a jejichž formálním popisem přiděláváme práci současným nebo budoucím taxonomům, kteří musejí tyto chyby napravovat. Pokud někdy dojde k tomu, že bude možné popsat nový druh pro vědu i bez fyzické položky (holotypu), zjevně to urychlí proces odhalování skryté diverzity. Na druhou stranu je otázkou, jestli nevzroste neúměrně rychle i chybovost těchto popisů a obecná ignorace druhů popsáných v době „předmolekulární“.

Použitá literatura a doplňující obr. jsou uvedeny na webové stránce Živý.