

Jak bude organismus vypadat, je definováno jeho DNA. Nejen informace obsažená v DNA, ale i samotná velikost genomu však může ovlivnit, jak daný organismus funguje. Narozdíl od mnoha údajů pro jiné skupiny organismů, u lišejníků (jejich mykobiontů) je známo jen velmi omezené množství velikostí genomů. Vzhledem k tomu bylo možné dosud jen spekulovat o možných spojitostech mezi velikostí genomu a ekologií lišejníků.

V rámci své práce jsem za použití průtokové cytometrie úspěšně změřila velikost genomu u 50 druhů lišejníků. Abych rozeznala vliv fylogenetických vztahů mezi druhy na velikost jejich genomu, udělala jsem molekulární fylogenetickou analýzu 141 druhů se známou velikostí genomu.

Fylogenetickou analýzu jsem založila na dvou genech – ITS a mtSSU. Statisticky jsem analyzovala dataset sestávající z údajů o naměřené velikosti genomu, ekologicky relevantních vlastností lišejníků a fylogenetického stromu, který jsem vytvořila.

Zjistila jsem možnou souvislost mezi velikostí genomu a substrátovou preferencí, vegetativním rozmnožováním a typem fotobionta lišejníku. Ve vhodném výběru druhů lišejníků pro srovnání lze nalézt spojení mezi velikostí genomu a životní strategií druhu. Druhy s velkými genomy častěji spadají do kategorie K-stratégů, druhy s menšími genomy jsou spíše r-strategické.

Nově jsem určila velikost genomu pro mnoho druhů zkoumaných lišejníků, za použití průtokové cytometrie (FCM), která je pro lichenologii relativně novou metodou. Tato práce představuje jednu z prvních studií zabývajících se efektem velikosti genomu u lišejníků.