

Studium diverzity hub může ve výsledku vést k mnoha významným objevům a závěrům. Molekulární genetika a konkrétně metody masivně paralelního sekvenování se používají ke studiu ekologie a diverzity hub čím dál tím častěji. Využívá se k tomu krátkých úseků DNA označovaných jako *barcode* markery. Nejčastěji používaným markerem je úsek jaderné ribozomální DNA zvaný ITS (*Internal Transcribed Spacer*). Vyskytuje se v genomu ve formě rozsáhlých repetice až 200 kopií, což značně zjednodušuje jeho namnožení z environmentálních vzorků. Zároveň to ale vzbuzuje také určité obavy kvůli výskytu vnitrodruhové a vnitrogenomové variability. Obě tyto variability mohou být zdrojem silného nadhodnocování odhadů diverzity. Použití alternativních, nízko-kopiových markerů, může zmíněný problém částečně vyřešit. V této studii byly porovnány tradičně používané markery ITS1 a ITS2 s protein-kódujícími geny *EF-1 α* a *RPB2*. Smícháním genomových DNA druhů z různých fylogenetických skupin bylo vytvořeno *in vitro* umělé společenstvo. To bylo následně sekvenováno pro všechny zmíněné markery a data byla vyhodnocena dle postupů běžně používaných v environmentálních studiích. Výsledky jednoznačně vyzdvihují ITS2 jako nejvhodnější marker pro studium environmentálních vzorků. Průměrný koeficient nadhodnocení lze očekávat kolem dvou pro ITS1, ITS2, ale i pro *RPB2*. *EF-1 α* vykázal značnou heterogenitu sekvencí a nelze ho tak pro environmentální studie doporučit.