**Specificita basidiomycetních kvasinek v rámci lišejníků**

Známých příkladů symbiózy je v dnešní době nespočet. Od parazitického jmelí, které svými kořeny haustorii vysává hostitelskou dřevinu, přes komenzální bakterie střevní mikroflóry, živící se zbytky potravy a neovlivňující hostitele, až po oboustraně výhodný mutualismus mravenců s mšicemi nebo akáciemi. Prvním popsaným příkladem symbiózy byly ale lišejníky (Honegger, 2000). Houbový partner (mykobiont) zajišťuje optimální podmínky fotosyntetizující řase nebo sinici, která jí na oplátku poskytuje cukerné alkoholy či glukózu (v případě sinic). Přestože je tento vztah známý již přes 150 let, některé detaily interakce mezi symbionty jsou stále neznámé (Spribille et al., 2016).

Definice a pojetí lišejníků se v průběhu posledních let vyvíjely, jelikož byly s příchodem molekulárních metod objevovány další organismy, které stélku lišejníku obývají (Pankratov et al., 2017; Lücking et al., 2021). Definice, která aktuálně lišejník popisuje jako ekosystém tyto organismy zahrnuje. Patří mezi ně, viry a archea, bakterie, prvoci, lichenikolní houby nebo drobní bezobratlí (Hawksworth & Grube, 2020; Grimm et al., 2021) a basidiomycetní kvasinky, které byly z lišejníků popsány relativně nedávno (Spribille et al., 2016).

Basidiomycetní kvasinky se v lišejnících vyskytují běžně a obývají převážně jejich povrch a kůru (Spribille et al., 2016). Přítomnost kvasinek v lišejnících byla dlouho přehlížena. Při světelném mikroskopování nejsou snadno rozlišitelné od struktur mykobionta a při metagenomové analýze lišejníkových vzorků je k jejich zaznamenání potřebná dostatečná hloubka sekvenování (Tagirdzhanova et al., 2021). Někteří autoři dále tvrdí, že jejich nepřítomnost ve výsledcích některých sekvenování může být důsledkem zpracování vzorků, kdy před analýzou byly lišejníky povrchově sterilizovány (Černajová & Škaloud, 2019).

Ve výsledcích prací, které se zabývají kvasinkami, se objevují značné rozpory, přičemž některé se zdají být zapříčiněny zvolenou metodikou. Již zaznamenání kvasinek může být významně ovlivněno přípravou vzorku nebo již zmíněnou hloubkou sekvenování (Tagirdzhanova et al., 2021). Rozpory ve výsledcích prací, které sledují specificitu, se naproti tomu zdají být z důvodu nedostatku dat.

Práce, které se na specificitu basidiomycetních kvasinek zaměřovaly, se soustředily především na vazbu kvasinek k vybraným druhům (či vyšším taxonomickým jednotkám) a nebo na rozdíly v diverzitě basidiomycetních kvasinek ve vybraných druzích lišejníků v rámci jejich geografického areálu. Klíčová otázka, zda-li jsou v lišejnících nalézané basidiomycetní kvasinky skutečně pro lišejníky specifické, zůstávala dosud opomíjena.

Cílem tohoto projektu je určit, do jaké míry preferují basidiomycetní kvasinky lišejníky oproti okolnímu substrátu porovnáním diverzity basidiomycetních kvasinek v lišejnících a v substrátu pomocí barcode sekvenování. V rámci projektu bude sekvenováno více druhů lišejníků v různých nadmořských výškách, což zároveň přinese další znalosti o diverzitě a ekologii basidiomycetních kvasinek. Dále budou prováděny pilotní testy pro určení optimální hloubky sekvenování a optimalizace zpracování vzorků pro zaznamenání basidiomycetních kvasinek ve směsném vzorku. Součástí projektu bude také sterilizační experiment, který zodpoví otázky ohledně kolonizace a možné sukcese kvasinkových společenstev v rámci kůry lišejníku.

Tento projekt by měl v první řadě přispět k zodpovězení otázky o specificitě kvasinek v rámci lišejníkové symbiózy, otestovat účinnost stávajících metod zkoumání basidiomycetních kvasinek, a případně přinést nové, kterými by lišejníkové kvasinky mohly být studovány.

Černajová I. & Škaloud P. 2019. The first survey of Cystobasidiomycete yeasts in the lichen genus *Cladonia*; with the description of *Lichenozyma pisutiana* gen. nov., sp. nov. Fungal Biol. **123**: 625–637.

Grimm M., Grube M., Schiefelbein U., Zühlke D., Bernhardt J. & Riedel K. 2021. The lichens’ microbiota, still a mystery? Front. Microbiol. **12**: 714.

Hawksworth D.L. & Grube M. 2020. Lichens redefined as complex ecosystems. New Phytol. **227**: 1281–1283.

Honegger 2000. Simon Schwendener (1829-1919) and the dual hypothesis of lichens. The Bryologist. **103**: 307–313.

Lücking R., Leavitt S.D. & Hawksworth D.L. 2021. Species in lichen-forming fungi: balancing between conceptual and practical considerations, and between phenotype and phylogenomics. Fungal Divers. **109**: 99–154.

Pankratov T.A., Kachalkin A.V., Korchikov E.S. & Dobrovol’skaya T.G. 2017. Microbial communities of lichens. Microbiology. **86**: 293–309.

Spribille T., Tuovinen V., Resl P., Vanderpool D., Wolinski H., Aime M.C., Schneider K., Stabentheiner E., Toome-Heller M., Thor G., Mayrhofer H., Johannesson H. & McCutcheon J.P. 2016. Basidiomycete yeasts in the cortex of ascomycete macrolichens. Science. **353**: 488–492.

Tagirdzhanova G., Saary P., Tingley J.P., Díaz-Escandón D., Abbott D.W., Finn R.D. & Spribille T. 2021. Predicted Input of uncultured fungal symbionts to a lichen symbiosis from metagenome-assembled genomes. Genome Biol. Evol. **13**: evab047.