



Rekonstrukce fylogeneze nejpočetnějšího motýlího rodu *Delias* (běláskovití) seskupila 131 analyzovaných taxonů do 14 druhových skupin. Použitelný fylogenetický signál nesl i barkódovací gen pro cytochromoxidázu. Druhová diverzifikace proběhla ještě před Pleistocénem i u velmi podobných (sibling) druhů žijících v sympatrii v horách Nové Guineje. Vzdálenější ostrovy byly kolonizovány v Miocénu. // Muller CJ,

### **Matos-Maravi PF**

, Beheregaray LB, 2013: Delving into *Delias* Hubner (Lepidoptera: Pieridae): fine-scale biogeography, phylogenetics and systematics of the world's largest butterfly genus.

[JOURNAL OF BIOGEOGRAPHY 40: 881-893](#)