

# *Pseudocoprotus* gen. nov. – eine neue Gattung für *Cheilymenia catenipila* J. Moravec (*Pezizales*)

Uwe LINDEMANN  
Bernd FELLMANN  
José Antonio CASTILLO

*Ascomycete.org*, 11 (1): 17–24

Mise en ligne le 16/02/2019

 10.25664/ART-0253



**Zusammenfassung:** Die genetische und morphologische Analyse des neuseeländischen Typus von *Cheilymenia catenipila* sowie dreier rezenter europäischer Kollektionen bestätigt die außergewöhnliche Stellung dieses Taxons. Die 28S rDNA-tef1-rpb2-Genanalyse siedelt *C. catenipila* in der Familie der *Ascodesmiaceae* an, während die Gattung *Cheilymenia* in der Familie der *Pyronemataceae* s. str. liegt. Die morphologische Untersuchung bestätigt das Ergebnis der genetischen Analyse. Auch hier unterscheidet sich *C. catenipila* signifikant von typischen Vertretern der Gattung *Cheilymenia*. Der genetische und morphologische Vergleich mit anderen Gattungen wie *Pseudombrophila* oder *Coprotus* zeigt ebenfalls die isolierte Stellung der Art. Aus diesem Grund wird für *C. catenipila* die neue Gattung *Pseudocoprotus* vorgeschlagen.

**Schlagnote:** *Ascodesmiaceae*, *Ascomycota*, Morphologie, Ökologie, Taxonomie.

***Pseudocoprotus* gen. nov. – a new genus for *Cheilymenia catenipila* J. Moravec (*Pezizales*)**

**Abstract:** The genetical and morphological analyses of the type collection of *Cheilymenia catenipila* from New Zealand as well as of three recent collections from Europe confirm the separate position of this species. The phylogenetic analysis of three loci (28S rDNA, tef1, rpb2) places *C. catenipila* in the family of *Ascodesmiaceae* whereas the genus *Cheilymenia* belongs to *Pyronemataceae* s. str. The morphological examination confirms the result of the phylogenetic analysis. *C. catenipila* differs significantly from the typical species of *Cheilymenia*. Also, the comparison with morphologically similar genera such as *Pseudombrophila* or *Coprotus* reveals the distinctiveness of *C. catenipila*. The new genus *Pseudocoprotus* is therefore proposed to accommodate it.

**Keywords:** *Ascodesmiaceae*, *Ascomycota*, ecology, morphology, rDNA, taxonomy.

## Einleitung

Auf Basis einer neuseeländischen Aufsammlung beschrieb der tschechische Mykologe Jiří Moravec 2003 eine neue *Cheilymenia*-Art. Er nannte sie *Cheilymenia catenipila* J. Moravec aufgrund des einzigartigen Haartyps, bestehend aus einer Kette von runden Zellen, die apikal in ein bis drei längliche Zellen ausliefen (MORAVEC, 2003: 48)<sup>1</sup>. Für mehr als ein Jahrzehnt wurden keine weiteren Funde der Art bekannt. 2014 berichteten dann Enrique Rubio und Michel Delpont von drei weiteren Kollektionen aus dem südwestlichen Europa (2 × Spanien, 1 × Frankreich). Schon bei RUBIO & DELPONT (2014) wurde die generische Zuordnung von *C. catenipila* zu *Cheilymenia* in Frage gestellt, gab es doch in morphologischer Hinsicht auch Ähnlichkeiten mit Arten aus anderen Gattungen, insbesondere *Pseudombrophila* Boud. Zwei Jahre später wurde überdies ein türkischer Fund der Art publiziert. Er stammte aus einer Gebirgsregion in der südöstlichen Türkei (KAYA *et al.*, 2016).

In den letzten drei Jahren wurden drei weitere Kollektionen von *C. catenipila* entdeckt: eine weitere aus Frankreich aus der Nähe des französischen Erstfunds in den Pyrenäen sowie zwei Kollektionen aus den nördlichen Alpen. Die neuen Funde boten einerseits die Möglichkeit, die Variationsbreite von *C. catenipila* im Frischzustand weiter zu erforschen. Andererseits wurde die Gelegenheit genutzt, um Sequenzen von der Art zu gewinnen.

Um die Identität der europäischen Funde mit der neuseeländischen Typusaufsammlung zu überprüfen, wurde diese ausgeliehen und untersucht. Zudem gelang es, den Typus zu sequenzieren. Die morphologische Untersuchung und die genetische Analyse des Typus bestätigten die Identität der neuseeländischen Aufsammlung mit den rezenten europäischen Kollektionen.

Auch die aktuellen Funde untermauern einmal mehr die besondere Stellung von *C. catenipila* in morphologischer Hinsicht. Zwar gibt es andere Gattungen mit ähnlichen Merkmalen, doch keine passt hundertprozentig. Die phylogenetische Analyse stützt dieses Ergebnis. Hier bildet *C. catenipila* eine separate Abstammungslinie in der Familie der *Ascodesmiaceae* J. Schröt. (s. unter „Ergebnisse“).

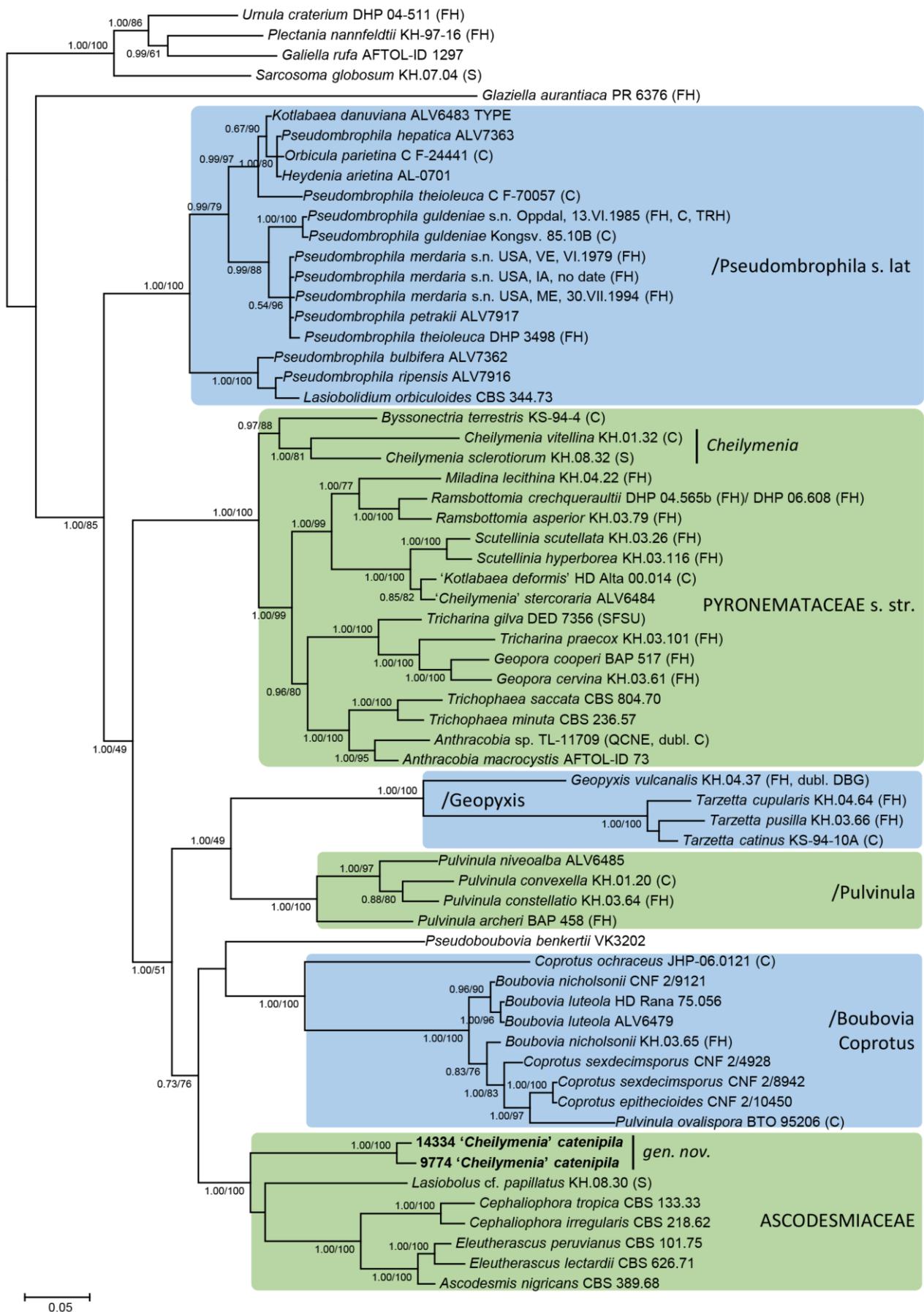
## Material und Methoden

**Morphologische Untersuchungen** – Die Aufsammlungen wurden in frischem und in rehydriertem Zustand in Leitungswasser oder in KOH 3% untersucht. Die Jodreaktion wurde mit Lugolscher Lösung (IKI) getestet. Um mögliche Sporenornamente lichtmikroskopisch sichtbar zu machen, wurde sowohl beim Frischmaterial als auch bei den rehydrierten Exsikkaten Baumwollblau in Milchsäure zur Anfärbung der Ascosporen benutzt. Messungen wurden an lebenden Zellen durchgeführt.

**DNA Extraktion, Amplifikation und Sequenzierung** – Die DNA wurde aus Exsikkaten extrahiert mittels einer auf MURRAY & THOMPSON (1980) basierenden, modifizierten Verfahrensweise. Für die PCR-Amplifikation wurden folgende Primer verwendet: für die ITS-Region ITS1F und ITS4 (WHITE *et al.*, 1990; GARDES & BRUNS, 1993), für die 28S nLSU-Region LR0R und LR5 (VILGALYS & HESTER, 1990; CUBETA *et al.*, 1991), für das Gen, das den Translation Elongationsfaktor 1-alpha (tef1) kodiert EF1-983F und EF1-1567R (REHNER & BUCKLEY, 2005) und für die RNA-Polymerase II second largest subunit, rpb2 bRPB2-6F und fRPB2-7cR (LIU *et al.*, 1999; MATHENY, 2005). Die PCR-Reaktionen wurden auf folgende Weise durchgeführt: zu Beginn mit einem Temperaturprogramm bei 95 °C für 5 min., dann 35 Zyklen bei 94 °C, 54 °C und 72 °C (jeweils 45, 30 und 45 Sekunden) und zuletzt bei 72 °C für 10 min. Die PCR-Produkte wurden in 1% Agarose-Gel geprüft, und die positiven Reaktionen wurden mit einem oder beiden Primern sequenziert. Die Chromatogramme wurden auf mögliche Lesefehler geprüft und entsprechend korrigiert.

**Phylogenetische Analyse** – Mit Hilfe von BLAST (ALTSCHUL *et al.*, 1997) wurden die nahestehendsten Sequenzen aus den öffentlichen INSD-Datenbanken ermittelt. Sie entstammen hauptsächlich den Studien von PERRY *et al.* (2007), HANSEN *et al.* (2005, 2013), LINDEMANN & ALVARADO (2017) und KUŠAN *et al.* (2018). Die für diesen Artikel neugewonnenen Sequenzen sowie die ermittelten Sequenzen aus den Datenbanken wurden mit der Clustal-W-Anwendung der Software MEGA 5.0 aligniert (TAMURA *et al.*, 2011) und anschließend manuell korrigiert. Das finale Alignment beinhaltete 291/736 (28S rDNA), 333/606 (rpb2) und 343/867 (tef1) variable Positionen

<sup>1</sup> Das Epithet leitet sich von lateinisch „catena“ (Kette) und „pilus“ (einzelnes Haar) ab.



**Fig. 1** – 28S rDNA-tef1-rpb2-Konsensusphylogramm nach der einfachen Mehrheitsregel (50 %) für die Gattung *Cheilymenia* und verwandte Taxa und Gattungen, ermittelt mit MrBayes auf Basis von 1350 möglichen phylogenetischen Bäumen. Bei statistisch signifikanten Knoten werden der Bayesianische PP-Wert (PP größer als 0,95) (links) und/oder der ML BP-Wert (BP größer als 70 %) (rechts) angegeben. Fett hervorgehobene Namen kennzeichnen für diese Arbeit neu gewonnene Sequenzen.

**Tabelle 1** – Für diesen Artikel sequenzierte Kollektionen mit GenBank-Zugangsnummer. Die Kürzel bei den Herbarnummern stehen für das New Zealand Fungarium (= PDD) sowie das private Herbar von Uwe Lindemann (= U.L.); die Zahlen mit dem Kürzel ALV in eckigen Klammern stehen für die den Proben im Labor ALVALAB zugewiesenen laufenden Nummern. (Genauere Funddaten finden sich unter „Untersuchte Aufsammlungen“).

Art	Herbar-Nr. [Labor-Nr.]	geographische Herkunft, Jahr, Sammler	28S rDNA	ITS	rpb2
<i>Cheilymenia catenipila</i> [Holotypus]	PDD 73217 [ALV16570]	Neuseeland, 1970, Ann Bell	–	MH846262	–
<i>Pseudocoprotus catenipilus</i>	U.L. 322 [ALV9774]	Österreich, 2016, Georg Dünzel	MH846258	MH846260	MH844626
<i>Pseudocoprotus catenipilus</i>	U.L. 313 [ALV14334]	Frankreich, 2017, José Antonio Castillo	MH846259	MH846261	–

(„sites“). Die alignierten Loci wurden in PAUP \* 4.0b10 (SWOFFORD, 2001) geladen und MrModeltest 2.3 (NYLANDER, 2004) angewendet. Das Modell GTR+G+I wurde gewählt und für jede Partition in MrBayes 3.1 (RONQUIST & HUELSENBECK, 2003) implementiert. Es wurde eine Bayesianische Analyse durchgeführt (Daten partitioniert, zwei simultane Durchläufe, sechs Markow-Ketten, „temperature“ auf 0,2 gesetzt, Stichprobenentnahme jede 100ste Generation), bis die Konvergenzparameter nach 180 000 Generationen erfüllt waren und die Standardabweichung unter 0,01 sank. Zum Schluss wurde eine volle Suche („full search“) nach dem am besten bewerteten Maximum-Likelihood-Baum mit RAxML (STAMATAKIS, 2006) unter Verwendung des Standardsuchalgorithmus (Daten partitioniert, 2000 Bootstrap-Wiederholungen) durchgeführt. Die Signifikanzschwelle wurde auf größer als 0,95 für die A-posteriori-Wahrscheinlichkeit („posterior probability“ = PP) und auf 70% für die Bootstrapwerte („bootstrap proportions“ = BP) gesetzt.

## Ergebnisse

Die 28S rDNA-tef1-rpb2-Analyse (Fig.1) ergab acht hauptsächliche Clades: die Familien der *Pyronemataceae* s. str. und *Ascodesmiaceae* sowie die Abstammungslinien von *Glaziella*, *Pseudombrophila* s. lat., *Geopyxis*, *Pulvinula*, *Boubovia/Coprotus* sowie *Pseudoboubovia*. Dies steht im Einklang mit den früheren Studien von HANSEN *et al.* (2013), LINDEMANN & ALVARADO (2017) und KUŠAN *et al.* (2018).

*Glaziella* stellt die basale Abstammungslinie dar, während sich alle anderen signifikant näher stehen. Die evolutionäre Beziehung zwischen den Clades konnte jedoch nur teilweise, d.h. entweder nur durch die Maximum-Likelihood- (ML) oder durch die Bayesianische Abschätzung bestätigt werden, nicht aber gleichzeitig. Aus diesem Grund müssen die Ergebnisse vorsichtig gedeutet werden, da lediglich in der ML-Abschätzung eine statistisch signifikante Beziehung zwischen der Familie der *Ascodesmiaceae* und *Boubovia* ermittelt wurde. Auch dies steht im Einklang mit den Ergebnissen in HANSEN *et al.* (2013).

Die Sequenzen von *Cheilymenia catenipila* sind in der Familie der *Ascodesmiaceae* angesiedelt. Demgegenüber liegt die Hauptabstammungslinie der Gattung *Cheilymenia* in der Familie der *Pyronemataceae*. In genetischer Hinsicht kann *C. catenipila* daher nicht zu *Cheilymenia* s. str. gehören und sollte in eine andere Gattung überführt werden.

Darüber hinaus konnten vollständige ITS-Sequenzen zweier rezenter Kollektionen von *C. catenipila* gewonnen werden (U.L. 313, U.L. 322) sowie eine Teilsequenz der ITS1-Region (155 Basenpaare) der Holotypus-Kollektion (PDD 73217). Diese drei Sequenzen sind nahezu identisch. Sie weisen lediglich 3 unterschiedliche Basenpaare auf, sieht man von vereinzelt ambigen Leseergebnissen ab, die bei der Sequenzierung entstanden sind. Der Vergleich der ITS-Sequenzen (nicht dargestellt) bestätigt somit die genetische Identität der rezenter europäischen Aufsammlungen mit der neuseeländischen Typuskollektion.

## Taxonomie

Fundbeschreibung (basierend auf drei rezenter Funden aus Deutschland, Frankreich und Österreich)

### Makroskopische Merkmale

**Apothezien** einzeln bis gesellig auf (Rinder- bzw. Hirsch-)Dung wachsend. Fruchtkörper auf Grund der Randhärchen feinst gezähnt. Durchmesser der Apothezien recht variabel: 0,8–1,5 (2) mm (Coll. Dünzel), 1–2,5 mm (Coll. Rößl), 4–7 mm (Coll. Castillo), zunächst kugelig, dann zunehmend ausgebreitet, zum Schluss scheibenförmig, leicht vertieft und mehr oder minder gewellt ohne verdickten Rand, breit auf dem Substrat angewachsen. Hymenium blass beige-gelblich bis sehr blass rosafarben. Farbe des Apotheziums an den Flanken und gegen die Basis identisch. An der Fruchtkörperbasis zahlreiche feine Ankerhyphen.

### Mikroskopische Merkmale

**Asci** 100–140 × 9–11 µm, zylindrisch, 8-sporig, operculat, mit (allerdings sehr schwierig zu entdeckenden) Haken, inamyloid. **Ascosporen** uniseriat, glatt, hyalin, eguttulat, einkernig, zylindrisch-ellipsoid, dünnwandig, mit einer hyalinen Schleimhülle, 11–14 × 5,2–6,5 (7) µm; Q = 1,9–2,4 (Durchschnitt: 12 × 5,5 µm, Qm = 2,1). **Paraphysen** filiform, septiert, 2–2,5 µm breit, apikal verdickt, 3–6 µm breit, gefüllt mit farblosen, lichtbrechenden, runden oder länglichen Vakuolen. Die Vakuolen lösen sich in KOH auf. **Exzipulum** zweischichtig; **ektales E.** als *Textura globulosa*, bestehend aus 2–3 Schichten von runden Zellen (Ø 13–35 µm); **medulläres E.**, davon deutlich abgegrenzt, ebenfalls als *T. globulosa*, jedoch aus deutlich kleineren Zellen (Ø 10–15 µm), durchmischt mit länglichen Zellen (20–25 × 5–7 µm) und dünnwandigen Hyphen (bis 6,5 µm breit). **Rand- und Flankenhaare** hyalin, dünnwandig, Zellen wie auf einer Kette aufgereiht, an der Basis 3–5 runde Zellen (Ø 9–12 µm), apikal 3–5 längliche Zellen (7–10 × 4–6 µm). Die letzte Zelle ist oft leicht keulig verdickt. Gesamtlänge der Haare: 50–70 (100) µm.

### Untersuchte Aufsammlungen

DEUTSCHLAND, Bayern, oberhalb Adlgaß bei Inzell, MTB 8142-223, 13. Juli 2018, 47°46'40,5" N 12°48'58,8" E, 885 m ü. NN., leg. Inge Rößl, det. Bernd Fellmann, conf. Uwe Lindemann, auf Rinderdung, vermutlich von Jungrindern beim Almbetrieb vom Oktober 2017, auf einem geschotterten und grasigen Ruderalplatz (Lichtung, Weg) neben einem Bach und einer Feuchtwiese (Herb.-Nr. U.L. 323). FRANKREICH, Nouvelle-Aquitaine, Pyrénées-Atlantiques, Lourdiès-Ichère, nahe Osse-en-Aspe, 8. Sept. 2017, 43°01'22,7" N 0°41'26,9" W, 660 m ü. NN., leg. José Antonio Castillo, det. Uwe Lindemann, auf Rinderdung in einem Fichtenwald (Herb.-Nr. U.L. 313). ÖSTERREICH, Tirol, Schwaz, Fügenberg, Finsingbach-Tal, Schlagwald, Hölderalmstr., Aufstieg zum Dürrjoch, 15. Sept. 2016, 47°18'21,9" N 11°49'03,3" E, 1230 m ü. NN., verm. auf Hirschdung in einem montanen Fichtenwald (Nordhang), leg. Georg Dünzel, det. Bernd Fellmann (Herb.-Nr. U.L. 322). Neuseeland, District of Wellington, Orongorongo Valley,

Rimutaka Forest Park, 6. Nov. 1970, *leg./det.* Ann Bell [als *Coprobia granulata* (Bull.) Boud.], rev. J. Moravec, auf Rinderdung (Holotypus: PDD 73217).

### Weitere Fundmeldung

SPANIEN, Baskenland, Amezketta, Ondarreko langa, 20. Okt. 2016, 43°01'45,9" N 2°04'00,9" W, 650 m ü.NN., *leg./det.* Ibai Olariaga, auf Rinderdung. Der Beleg ist hinterlegt im Herbar in San Sebastián (ARAN-Fungi 4731).

### Bemerkung zur Typuskollektion PDD 73217

Die während der Nachuntersuchung des Typus von *C. catenipila* durch den Erstautor beobachteten morphologischen Merkmale entsprechen weitgehend denen der Erstbeschreibung (MORAVEC, 2003: 48). Allerdings konnten keine Fruchtkörper gefunden werden, die auch nur annähernd an die Größe heranreichen, die Moravec angibt, nämlich bis 3,5 mm, während die rehydrierten Apothezien des Typus bei der Nachuntersuchung max. 1 mm maßen. Im Frischzustand können die Apothezien von *C. catenipila* sogar einen Durchmesser von fast einem Zentimeter erreichen (RUBIO & DELPONT, 2014; KAYA *et al.*, 2016).

## Diskussion

Morphologisch unterscheidet sich *Cheilymenia catenipila* eindeutig von den typischen Vertretern von *Cheilymenia* Boud. (MORAVEC, 2005: 14f.). *C. catenipila* besitzt grundlegend anders aufgebaute Haare. Zudem fehlen Karotinoide in den Paraphysen und im Fleisch. Der gelbe lichtbrechende Inhalt in reifen Ascosporen nach der Zugabe von Baumwollblau in Milchsäure konnte ebenfalls nicht beobachtet werden; nur manchmal weisen reife Ascosporen einen leichten Gelbton auf. Die phylogenetische Analyse bestätigt, dass *C. catenipila* nicht bei *Cheilymenia* eingeordnet werden kann.

MORAVEC (2003: 49) weist darauf hin, dass *C. catenipila* ein Verbindungsglied zwischen den Gattungen *Cheilymenia* und *Pseudobrophila* darstellen könnte. RUBIO & DELPONT (2014) nehmen diese Diskussion auf, weisen jedoch auf wichtige Unterscheidungsmerkmale zwischen beiden Gattungen hin, insbesondere auf das Fehlen des braunen, für *Pseudobrophila*-Arten typischen intrazellulären Pigments in Zellen und Paraphysen bei *C. catenipila* (zur Gattungscharakteristik von *Pseudobrophila* vgl. BRUMMELEN, 1995). Die phylogenetische Analyse bestätigt den morphologischen Befund. Auch *Pseudobrophila* kann *C. catenipila* nicht zugeordnet werden.

Genetisch am nächsten steht *C. catenipila* der koprophilen Gattung *Lasiobolus* Sacc., die ebenfalls zur Familie der *Ascodesmiaceae* gehört (HANSEN *et al.*, 2013; KUŠAN *et al.*, 2018). Sieht man von den glatten, ellipsoiden, hyalinen Sporen ab, bestehen allerdings nur wenige morphologische Ähnlichkeiten mit dieser Gattung. Eine Zuordnung von *C. catenipila* zu *Lasiobolus* (BEZERRA & KIMBROUGH, 1975) wäre daher nicht plausibel vertretbar.

Im Gegensatz zur guten Abgrenzbarkeit zu *Cheilymenia*, *Pseudobrophila* und *Lasiobolus* teilt *C. catenipila* viele Merkmale mit der Gattung *Coprotus* Korf & Kimbrough. Die Arten dieser Gattung sind gleichfalls obligat koprophil, haben inamyloide Asci, keine setosen Haare, glatte eguttulate Ascosporen, die im Frischzustand von einer dicken Schleimhülle umgeben sind (KIMBROUGH & KORF, 1967; KIMBROUGH *et al.*, 1972; KUŠAN *et al.*, 2018). Andere Merkmale sind bei *Coprotus* dagegen recht variabel: die Form der Asci, die Sporenanzahl (8–256), Form und Inhalt der Paraphysen, ebenso wie der makroskopische Habitus, der von discoid bis pulvinat reicht. Einige wenige Arten besitzen sogar haarähnliche Auswüchse an der Margo, so *Coprotus arduennensis* J.R. De Sloover, *C. dhofarensis* Gené, El Shafie & Guarro und *C. marginatus* Kimbr., Luck-Allen & Cain (vgl. die informativen Übersichtstabellen in KUŠAN *et al.*, 2018: 34ff.).

Jüngste genetische Untersuchungen haben ergeben, dass die Gattung *Coprotus* polyphyletisch ist. Es gibt offenbar zwei Abstammungslinien: die eine wird gemeinsam mit Arten aus der nicht-koprophilen Gattung *Boubovia* Svrček gebildet. In dieser Linie ist die

Typusart *Coprotus sexdecimsporus* (P. Crouan & H. Crouan) Kimbr. & Korf angesiedelt (KUŠAN *et al.*, 2018). Eine zweite, davon unabhängige Linie besteht aus *C. ochraceus* (P. Crouan & H. Crouan) J. Moravec und *C. granuliformis* (P. Crouan & H. Crouan) Kimbr. (eigene noch unpubl. Daten). Angesichts der Variabilität der morphologischen Merkmale war die Polyphyly von *Coprotus* zwar erwartbar. Die enge genetische Verwandtschaft mit *Boubovia* aber — eine Gattung, die völlig andere morphologische Merkmale und ökologische Ansprüche hat (vgl. KRISTIANSEN, 2016) — überrascht doch sehr.

Trotz grundlegender morphologischer Übereinstimmungen mit *Coprotus* lässt sich *Cheilymenia catenipila* jedoch auch dieser Gattung nicht zuordnen. Abweichend sind die Form der Randhaare sowie die voll entwickelte Margo, die bei *Coprotus*-Arten in der Regel stark reduziert ist. Hinzu kommt, dass die Apothezien von *C. catenipila* um ein Vielfaches größer sind als die von *Coprotus*-Arten. Während die größten *Coprotus*-Taxa einen Durchmesser von max. 1,8 mm erreichen (oft sind sie aber viel kleiner, die meisten Arten werden max. 0,5–0,8 mm groß), kann *C. catenipila* im Frischzustand einen Durchmesser von fast einem Zentimeter erreichen. Bedenkt man zudem das Resultat der phylogenetischen Analyse, lässt sich die Einordnung von *C. catenipila* in *Coprotus* ebenfalls nicht rechtfertigen.

Fasst man die Ergebnisse der Sequenzierung, die morphologischen Analysen und taxonomischen Erwägungen zusammen, ist zu konstatieren, dass *C. catenipila* keiner bestehenden Gattung zugeordnet werden kann. Aus diesem Grund wird für *C. catenipila* eine neue Gattung vorgeschlagen:

***Pseudocoprotus*** U. Lindemann, Fellmann & J.A. Castillo, *gen. nov.*  
– MB 827801

Diagnosis: Differs from the species of *Coprotus sensu* Korf & Kimbrough by its marginal hairs composed of globose and elongate cells in chains, its fully developed marginal tissue, its much bigger size, and the rDNA analysis.

Type species: *Pseudocoprotus catenipilus* (J. Moravec) U. Lindemann, Fellmann & J.A. Castillo

Etymology: From Greek „pseudos“, meaning „lie“ or „falsity“; „*Coprotus*“ refers to the most similar genus in regard to morphology and ecology.

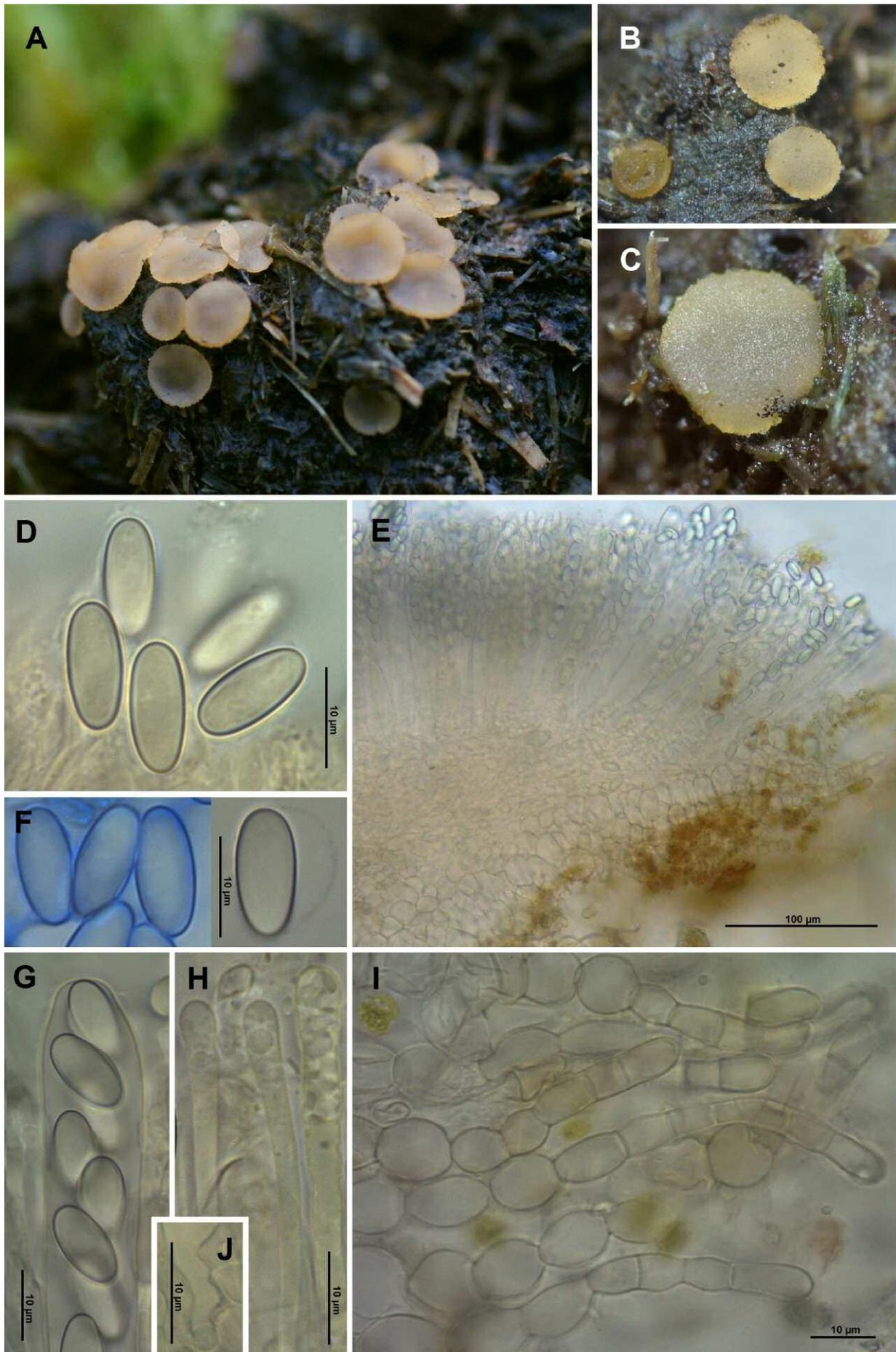
***Pseudocoprotus catenipilus*** (J. Moravec) U. Lindemann, Fellmann & J.A. Castillo, *comb. nov.* – MB 827803

Basionym: *Cheilymenia catenipila* J. Moravec, *Acta Musei Moraviae, Sci. biolog.*, 88 (1/2): 48 (2003).

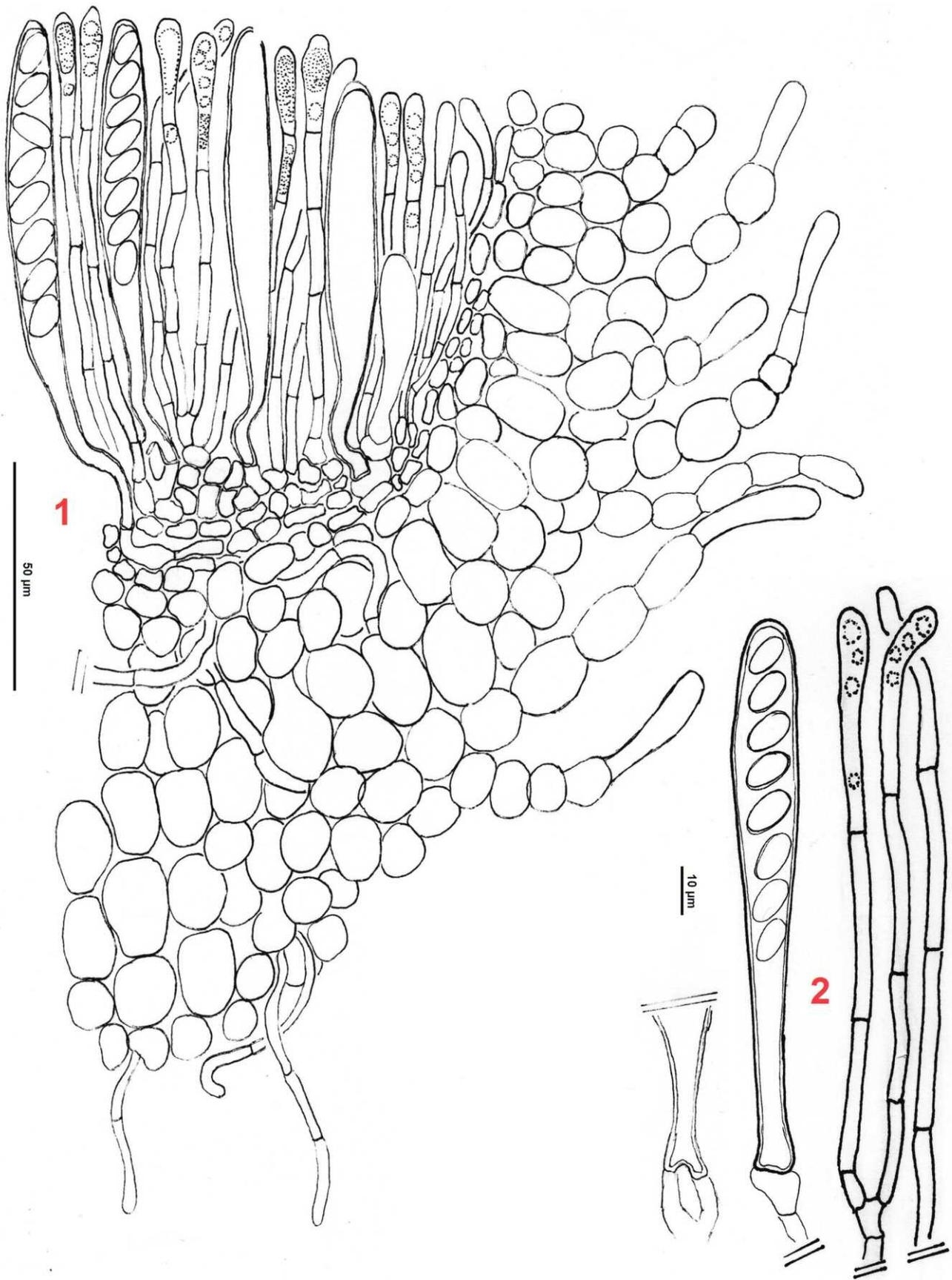
### Ökologie und Phänologie

Sieht man von einer Kollektion ab, die vermutlich auf Hirschdung vorkam (Coll. Dünzel), stammen alle anderen bisherigen Kollektionen von *Pseudocoprotus catenipilus* von Rinderdung (*Bos taurus*). Wiederum mit einer Ausnahme (vgl. RUBIO & DELPONT, 2014) wurden alle Funde in submontanen bis montanen Regionen (600–1250 m) gemacht, oft an schattigen Standorten im Wald. Was die Erscheinungszeit betrifft, wurde die Art bisher hauptsächlich im September/Oktober gesammelt. Allerdings legen der türkische Fund (KAYA *et al.*, 2016) sowie der erste deutsche Fund von Inge Rößl nahe, dass *P. catenipilus* auch deutlich früher fruktifizieren kann (April bzw. Juni) und dass die Fruktifikationsphase, wie Rößl beobachtet hat, über mehrere Monate (in diesem Fall Juni–September) andauern kann.

RUBIO & DELPONT (2014: 15) schreiben, dass bei ihren Funden die Art immer nur einzeln auf Dung vorkam ohne andere pilzliche Begleiter. Diese Beobachtung können wir bei den von uns untersuchten Kollektionen nicht bestätigen. Im Typus konnte eine nicht näher bestimmte *Sporomiella*-Art nachgewiesen werden. Bei der hier untersuchten Kollektion von Rößl wuchsen unmittelbar neben *P. catenipilus* *Saccobolus minimus* Vel. und *Coprotus leucopocillum* Kimbr., Luck-Allen & Cain. In weiteren Aufsammlungen vom selben Standort konnte Rößl zudem folgende Discomyceten nachweisen: *Cheilymenia coprinaria* (Cooke) Boud., *C. stercorea* (Pers.) Boud. und



**Tafel 1** – *Pseudocoprotus catenipilus* (A von Coll. Castillo, B + E von Coll. Dünzel, C, F–J von Coll. Röβl). A–C: Apothecien im Frischzustand; D: Ascosporen der Typuskollektion PDD 73217; E: vertikaler Schnitt durch einen Fruchtkörper (Coll. Dünzel); F: Ascosporen in Baumwollblau (links), Ascospore mit Schleimhülle (rechts); G: Ascusspitze (vital); H: Paraphysen mit lichtbrechenden Vakuolen (vital); I: Haare des Exzipulums; J: Ascusbasis. Fotos: J.A. Castillo (A), B. Fellmann (B + E), U. Lindemann (C, F–J).



**Tafel 2** – *Pseudocoprotus catenipilus*. 1) Vertikaler Schnitt durch das Apothezium, 2) Elemente des Hymeniums (Asci, Paraphysen). Zeichnung: B. Fellmann.



**Tafel 3** – Fundorte der europäischen Kollektionen (oben) und der türkischen Kollektion (unten) von *Pseudocoprotus catenipilus* auf Basis der bisher bekannten Fundmeldungen: Coll. Castillo (FR), Coll. Dünzel (AU) sowie Coll. Rößl (DE) (Beschreibungen in diesem Artikel) sowie Coll. Rubio (1) + (2) (ES) sowie Coll. Rodríguez (FR) aus RUBIO & DELPONT (2014). Coll. Olariaga (ES, pers. Mitt.). Daten der türkischen Kollektion aus KAYA et al. (2016).

*Pseudombrophila equina* (Graddon) Brumm. (13. Juni 2018) sowie *Trichophaea gregaria* (Rehm) Boud. (9. Sept. 2018).

Da von *P. catenipilus* mittlerweile Funde aus weit voneinander entfernten Regionen (Süd- und Mitteleuropa, vorderer Orient und Neuseeland) bekannt sind, ist es wahrscheinlich, dass die Art nicht an eine bestimmte geografische Region gebunden ist, sondern dass sie über ihr Substrat verbreitet wurde und wird. Trifft dies zu, sind

in absehbarer Zeit weitere Kollektionen auch von anderen Kontinenten zu erwarten.

## Dank

Wir möchten folgenden Personen herzlich danken: Inge Rößl, Georg Dünzel und Ibai Olariaga für die Zusendung von Funden,

Fotos und Informationen, Mahajabeen Padamsee und Adrienne Stanton vom New Zealand Fungarium (PDD, Auckland, Neuseeland) für die Möglichkeit, den Typus von *Cheilymenia catenipila* nachuntersuchen und sequenzieren zu dürfen, Pablo Alvarado für die Sequenzierung, die Erstellung des phylogenetischen Baumes und die phylogenetische Analyse sowie Ascomycete.org für die finanzielle Unterstützung. Unser besonderer Dank gilt Norbert Heine und Klaus Siepe, die den Artikel revidiert haben.

## Literatur

- ALTSCHUL S.F., GISH W., MILLER W., MYERS E.W. & LIPMAN D.J. 1990. — Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215 (3): 403–410.
- BEZERRA J.L. & KIMBROUGH J.W. 1975. — The genus *Lasiobolus* (Pezizales, Ascomycetes). *Canadian Journal of Botany*, 53 (12): 1206–1229. doi: [10.1139/b75-146](https://doi.org/10.1139/b75-146)
- BRUMMELEN J. (VAN) 1995. — *A world-monograph of the genus Pseudombrophila* (Pezizales, Ascomycotina). Libri Botanici 14. Eching, IHW Verlag.
- CUBETA M.A., ECHANDI E., ABERNETHY T. & VILGALYS R. 1991. — Characterization of anastomosis groups of binucleate *Rhizoctonia* species using restriction analysis of an amplified ribosomal RNA gene. *Phytopathology*, 81 (11): 1395–1400.
- GARDES M. & BRUNS T.D. 1993. — ITS primers with enhanced specificity for Basidiomycetes—application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology*, 2 (2): 113–118. doi: [10.1094/Phyto-81-1395](https://doi.org/10.1094/Phyto-81-1395)
- HANSEN K., PERRY B.A., DRANGINIS A.W. & PFISTER D.H. 2013. — A phylogeny of the highly diverse cup-fungus family *Pyronemataceae* (Pezizomycetes, Ascomycota) clarifies relationships and evolution of selected life history traits. *Phylogenetics and Evolution*, 67 (2): 311–335. doi: [10.1016/j.ympev.2013.01.014](https://doi.org/10.1016/j.ympev.2013.01.014)
- HANSEN K., PERRY B.A. & PFISTER D.H. 2005. — Phylogenetic origins of two cleistothecial fungi, *Orbicula parietina* and *Lasiobolium orbiculoides*, within the operculate discomycetes. *Mycologia*, 97 (5): 1023–1033. doi: [10.1080/15572536.2006.11832752](https://doi.org/10.1080/15572536.2006.11832752)
- KAYA A., UZUN Y., KARACAN I.H. & YAKAR S. 2016. — Contributions to Turkish *Pyronemataceae* from Gaziantep Province. *Turkish Journal of Botany*, 40: 298–307. doi: [10.3906/bot-1508-4](https://doi.org/10.3906/bot-1508-4)
- KIMBROUGH J.W. & KORF R.P. 1967. — A synopsis of the genera and species of the tribe *Theleboleae* (= *Pseudoascoboleae*). *American Journal of Botany*, 54 (1): 9–23. doi: [10.2307/2440883](https://doi.org/10.2307/2440883)
- KIMBROUGH J.W. 1970. — Segregates of *Ascophanus*, *Coprotus* vs. *Leporina* (Thelebolaceae, Pezizales). *Taxon*, 19 (5): 779–781. doi: [10.2307/1219291](https://doi.org/10.2307/1219291)
- KIMBROUGH J.W., LUCK-ALLEN E.R. & CAIN R.F. 1972. — North American species of *Coprotus* (Thelebolaceae: Pezizales). *Canadian Journal of Botany*, 50 (5): 957–971. doi: [10.1139/b72-116](https://doi.org/10.1139/b72-116)
- KRISTIANSEN R. 2016. — The genus *Boubovia* (Velen.) Svrček in Norway. *Agarica*, 37: 51–65.
- KUŠAN I., MATOČEC N., JADAN M., TKALČEC Z. & MEŠIČAN A. 2018. — An overview of the genus *Coprotus* (Pezizales, Ascomycota) with notes on the type species and description of *C. epithecioides* sp. nov. *Mycologia*, 29: 15–47. doi: [10.3897/mycokeys.29.22978](https://doi.org/10.3897/mycokeys.29.22978)
- LINDEMANN U. & ALVARADO P. 2017. — Revision der Gattung *Kotlabaea*, Teil 2: *K. aurantiaca*, *K. carestiae*, *K. danuviana* und *K. trondii* nebst taxonomischen Bemerkungen zu *Boubovia vermiphila*, *Cheilymenia stercoraria* und zur Gattung *Pseudombrophila*. *Zeitschrift für Mykologie*, 83 (1): 103–126.
- LIU Y.J., WHELEN S. & HALL B.D. 1999. — Phylogenetic Relationships among Ascomycetes: Evidence from an RNA Polymerase II Subunit. *Molecular Biology and Evolution*, 16 (12): 1799–1808.
- MATHNEY P.B. 2005. — Improving phylogenetic inference of mushrooms with RPB1 and RPB2 nucleotide sequences (*Inocybe*; *Agaricales*). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 35: 1–20. doi: [10.1016/j.ympev.2004.11.014](https://doi.org/10.1016/j.ympev.2004.11.014)
- MORAVEC J. 2003. — A taxonomic revision of the genus *Cheilymenia* Boud. – 9. The sections *Villosae* and *Obtusipilosae*, and a revision of the genus *Pseudoaleuria* Lusk (Pezizales, Pyronemataceae). *Acta Musei Moraviae, Scientiae biologicae*, 88: 37–73.
- MORAVEC J. 2005. — *A World Monograph of the genus Cheilymenia*. Libri Botanici 21. Eching, IHW Verlag.
- MURRAY M.G. & THOMPSON W.F. 1980. — Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research*, 8 (19): 4321–4325.
- NYLANDER J.A.A. 2004. — MrModeltest v2. Program distributed by the author. Uppsala, Evolutionary Biology Centre, Uppsala University.
- PERRY B.A., HANSEN K. & PFISTER D.H. 2007. — A phylogenetic overview of the family *Pyronemataceae* (Ascomycota, Pezizales). *Mycological Research*, 111 (5): 549–571. doi: [10.1016/j.mycres.2007.03.014](https://doi.org/10.1016/j.mycres.2007.03.014)
- REHNER S.A. & BUCKLEY E. 2005. — A *Beauveria* phylogeny inferred from nuclear ITS and EF1- $\alpha$  sequences: evidence for cryptic diversification and links to *Cordyceps* teleomorphs. *Mycologia*, 97 (1): 84–98. doi: [10.1080/15572536.2006.11832842](https://doi.org/10.1080/15572536.2006.11832842)
- RONQUIST F. & HUELSENBECK J.P. 2003. — MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19: 1572–1574.
- RUBIO E. & DELPONT M. 2014. — *Cheilymenia catenipila* J. Moravec (Pezizales). Un rare discomycète coprophile découvert en Espagne et en France. *Ascomycete.org*, 6 (1): 11–16. doi: [10.25664/art-0094](https://doi.org/10.25664/art-0094)
- STAMATAKIS A. 2006. — RAxML-VI-HPC: maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models. *Bioinformatics*, 22 (21): 2688–2690. doi: [10.1093/bioinformatics/btl446](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btl446)
- SWOFFORD D.L. 2001. — PAUP\*4.0b10: phylogenetic analysis using parsimony (and other methods). Sunderland, Sinauer Associates.
- TAMURA K., PETERSON D., PETERSON N., STECHER G., NEI M. & KUMAR S. 2011. — MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28 (10): 2731–2739. doi: [10.1093/molbev/msr121](https://doi.org/10.1093/molbev/msr121)
- VILGALYS R. & HESTER M. 1990. — Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of Bacteriology*, 172 (8): 4238–4246.
- WHITE T.J., BRUNS T.D., LEE S. & TAYLOR J.W. 1990. — Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS M.A., GELFAND D.H., SNINSKY J. & WHITE T.J. (eds.): *PCR protocols: a guide to methods and applications*. New York, Academic Press: 315–322.



1: U. Lindemann – Pflügerstrasse 62, 12047 Berlin, Deutschland – [uwe.lindemann0907@gmail.com](mailto:uwe.lindemann0907@gmail.com)

2: B. Fellmann – Alfred-Döblin-Str. 9, 81737 München, Deutschland – [alberos@freenet.de](mailto:alberos@freenet.de)

3: J.A. Castillo – c/ Leonardo da Vinci 19, 43850 Cambrils, Spanien – [joseba.castillo@gmail.com](mailto:joseba.castillo@gmail.com)