

# **Diversität tropischer Mikropilze von menschlichen Haut- und Nagelläsionen im Westen Panamas**

## **Dissertation**

zur Erlangung des Doktorgrades der Naturwissenschaften

vorgelegt beim Fachbereich für Biowissenschaften  
der Johann Wolfgang Goethe-Universität  
in Frankfurt am Main

von **Jascha L.F. Weisenborn**  
aus Oberzeuzheim

Frankfurt am Main

2016

(D30)

vom Fachbereich Biowissenschaften  
der Johann Wolfgang Goethe-Universität als Dissertation angenommen.

**Dekanin**

Prof. Dr. Meike Piepenbring

**Gutachter**

Prof. Dr. Meike Piepenbring

Prof. Dr. Roland Kirschner

**Datum der Disputation**

31.08.2016

# Inhaltsverzeichnis

<b>Inhaltsverzeichnis .....</b>	<b>I-VI</b>
<b>Abkürzungsverzeichnis .....</b>	<b>VII</b>
<b>Abbildungsverzeichnis .....</b>	<b>IX</b>
<b>Tabellenverzeichnis .....</b>	<b>XIII</b>
<b>1 Einleitung .....</b>	<b>1</b>
1.1 Humanpathogene Pilze .....	1
1.1.1 Myzetismus.....	1
1.1.2 Mykotoxikosen .....	2
1.1.3 Mykoallergien.....	2
1.1.4 Mykosen .....	3
1.1.5 Nomenklatur der Mykosen .....	3
1.2 D-H-S System nach Rieth (1967).....	4
1.2.1 Dermatophyten .....	5
1.2.2 Hefen .....	6
1.2.3 Schimmelpilze .....	7
1.3 Taxonomische Gruppen humanpathogener Pilze .....	8
1.3.1 Zygomycota .....	8
Incertae sedis, Mucoromycotina.....	9
Incertae sedis, Entomophthoromycotina .....	9
1.3.2 Ascomycota .....	10
Taphrinomycotina.....	10
Saccharomycotina.....	10
Pezizomycotina.....	11
Dothideomycetes .....	11
Botryosphaeriales .....	12
Capnodiales .....	12
Dothideales .....	12
Pleosporales .....	13
Venturiales.....	13
Eurotiomycetes .....	14
Chaetothyriales .....	14

Eurotiales .....	15
Onygenales .....	15
Sordariomycetes .....	16
Hypocreales .....	16
Microascales .....	17
Sordariales .....	17
1.3.3 Basidiomycota .....	18
Agaricomycotina .....	18
Tremellomycetes .....	19
Tremellales .....	19
Pucciniomycotina .....	20
Ustilaginomycotina.....	20
1.4 Medizinische Mykologie in Panama und dokumentierte humanpathogene Pilze .....	21
<b>2 Material und Methoden .....</b>	<b>27</b>
2.1 Proben.....	27
2.1.1 Probennahme .....	32
2.2 Kultivierung.....	33
2.2.1 Primärkulturen .....	34
2.2.2 Subkulturen.....	34
2.2.3 Flüssigkulturen .....	34
2.2.4 Stammkulturen .....	35
2.2.5 Haarperforationstest nach Ajello .....	35
2.3 Verwendete Nährmedien .....	35
2.3.1 Fertigmedien.....	39
2.4 Mikroskopie.....	39
2.4.1 Verwendete Einbettungsmedien und Färbemittel.....	39
2.4.2 Präparationsmethoden .....	40
2.4.3 Mikroskopie von Probenmaterial .....	41
2.4.4 Lichtmikroskopie und graphische Dokumentation.....	41
2.5 Rasterelektronenmikroskopie (REM).....	41
2.5.1 Probenvorbereitung .....	41
2.5.2 Elektronenmikroskopie.....	42
2.6 Molekulare Methoden.....	42

2.6.1	Verwendete Chemikalien und Lösungen.....	42
2.6.2	DNA-Isolation .....	43
2.6.3	Amplifizierung (PCR) der ITS-Region und der D1/D2 Domäne.....	44
2.6.4	Sequenzierung .....	44
2.6.5	PCR-fingerprinting (RAPD).....	44
2.6.6	Barcoding/Blast-Search .....	45
2.6.7	Analyse der Sequenzdaten.....	45
<b>3</b>	<b>Ergebnisse .....</b>	<b>46</b>
3.1	Proben und isolierte Stämme.....	46
3.2	Klassifizierung der Isolate nach dem D-H-S System (Rieth).....	48
3.3	Taxonomische Klassifizierung .....	50
3.4	Detaillierte Darstellung ausgewählter Pilzisolate.....	70
3.4.1	Dothideomycetes O. E. Erikss. & Winka .....	70
	Botryosphaeriales C.L. Schoch, Crous & Shoemaker.....	71
	<i>Neoscytalidium</i> Crous & Slippers .....	71
	<i>Neoscytalidium dimidiatum</i> (Penz.) Crous & Slippers .....	72
	Capnodiales Woron. ....	81
	<i>Cladosporium</i> Link ex Fr. ....	81
	<i>Cladosporium sphaerospermum</i> Penz. ....	83
	<i>Cladosporium tenuissimum</i> Cooke .....	92
	<i>Hortaea</i> Nishim. & Miyaji .....	100
	<i>Hortaea werneckii</i> (Horta) Nishimura & Miyaji .....	101
	Pleosporales Luttr. ex M.E. Barr .....	108
	<i>Curvularia</i> Boedijn.....	108
	<i>Curvularia geniculata</i> (Tracy & Earle) Boedijn .....	109
	<i>Curvularia lunata</i> (Wakker) Boedijn .....	117
	Venturiales Yin, Zhang & K.D. Hyde .....	126
	<i>Scolecobasidium</i> Abbott.....	126
	<i>Scolecobasidium</i> sp. (JW050p3) .....	128
	<i>Fusicladium</i> Bonord. ....	140
	cf. <i>Fusicladium</i> sp. (JW044p4) .....	142
	Dothideomycetidae, Incertae sedis .....	153
	<i>Rhexothecium</i> Samson & Mouch. ....	153
	cf. <i>Rhexothecium</i> sp. (JW058p2) .....	154

3.4.2 Eurotiomycetes O. E. Erikss. & Winka .....	168
Chaetothyriales M.E. Barr .....	168
<i>Fonsecaea</i> Negroni .....	168
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (Brumpt) Negroni .....	170
<i>Knufia</i> Hutchison & Unter .....	177
cf. <i>Knufia</i> sp. (JW080p1) .....	178
Eurotiales G.W. Martin ex Benny & Kimbr. ....	191
<i>Aspergillus</i> P. Micheli ex Haller ex Fr. ....	191
<i>Aspergillus awamori</i> Nakaz. ....	194
<i>Aspergillus clavatus</i> Desm. ....	195
<i>Aspergillus flavus</i> Link .....	195
<i>Aspergillus giganteus</i> Wehmer .....	198
<i>Aspergillus heteromorphus</i> Bat. & H. Maia .....	198
<i>Aspergillus niger</i> Tiegh. ....	198
<i>Aspergillus ochraceus</i> K. Wilh. ....	199
<i>Aspergillus sclerotiorum</i> G.A. Huber .....	200
<i>Aspergillus</i> cf. <i>versicolor</i> (Vuill.) Tirab. ....	200
Onygenales Cif. ex Benny & Kimbr. ....	203
<i>Trichophyton</i> Malmsten .....	203
Phylogenetische Analyse ausgewählter Arten der Gattung <i>Trichophyton</i> ...	205
PCR-fingerprinting (RAPD) ausgewählter Stämme der Arten <i>Trichophyton</i>	
<i>interdigitale</i> und <i>T. rubrum</i> .....	208
<i>Trichophyton interdigitale</i> Priestley .....	210
<i>Trichophyton rubrum</i> (Castell.) Sabour. ....	247
<i>Chrysosporium</i> Corda .....	281
<i>Chrysosporium tuberculatum</i> (Kuehn) Dominik .....	283
3.4.3 Saccharomycetes O. E. Erikss. & Winka .....	290
Saccharomycetales Kudrjanzev .....	290
<i>Candida</i> Berkhout .....	290
<i>Candida albicans</i> (C.P. Robin) Berkhout .....	293
<i>Candida duobushaemulonii</i> E. Cendejas-Bueno et al. ....	308
3.4.4 Sordariomycetes O. E. Erikss. & Winka .....	315
Hypocreales Lindau .....	315
<i>Acremonium</i> Link ex Fr. ....	315

<i>Acremonium</i> sp.2 .....	317
Sordariomycetidae, Incertae sedis .....	330
<i>Acremonium collariferum</i> Weisenb. & R. Kirschner .....	330
<i>Verticillium</i> Nees .....	334
<i>Verticillium</i> cf. <i>epiphytum</i> Hansf. ....	335
Microascales Luttr. ex Benny & Kimbr. ....	343
<i>Lophotrichus</i> R.K. Benj.....	343
<i>Lophotrichus bartlettii</i> (Massee & E.S. Salmon) Malloch & Cain .....	344
Phylogenetische Analyse ausgewählter Gattungen der Microascaceae .....	352
<i>Microascus</i> Zukal .....	356
<i>Microascus cinereus</i> Curzi .....	357
<i>Scopulariopsis</i> Bainier.....	367
<i>Scopulariopsis carbonaria</i> F.J. Morton & G. Sm. ....	368
<i>Scopulariopsis croci</i> J.F.H. Beyma .....	377
<i>Wardomyopsis</i> Udagawa & Furuya .....	387
<i>Wardomyopsis litoralis</i> Silvera, Gené, Cano & Guarro .....	388
Sordariales Chadeff. ex D. Hawksw. & O.E. Erikss.....	398
<i>Chalara</i> (Corda) Rabenh. ....	398
Phylogenetische Analysen der Isolate JW074p5 und JW076p5 .....	400
aff. <i>Chalara</i> sp. (JW074p5) .....	403
indet. Stamm JW076p5 .....	412
<i>Chaetomium</i> Kunze ex Fr. ....	423
<i>Chaetomium globosum</i> Kunze ex Fr. ....	424
3.4.5 Tremellomycetes Doweld.....	434
Trichosporonales Boekhout & Fell.....	434
<i>Trichosporon</i> Behrend.....	434
Phylogenetische Analyse ausgewählter Arten der Gattung <i>Trichosporon</i> ...	436
<i>Trichosporon asahii</i> Akagi ex Sugita, A. Nishikawa & Shinoda .....	438
<i>Trichosporon japonicum</i> Sugita & Nakase .....	445
<b>4 Diskussion.....</b>	<b>451</b>
4.1 Klinik der untersuchten Läsionen.....	451
4.2 Erregerspektrum .....	453
4.3 Systematische Stellung der von Haut- und Nagelläsionen isolierten Pilze..	460
4.4 Erstnachweise für Panama und neue Arten .....	461

<b>5</b>	<b>Zusammenfassung .....</b>	<b>464</b>
<b>6</b>	<b>Literaturverzeichnis .....</b>	<b>466</b>
<b>7</b>	<b>Anhang.....</b>	<b>522</b>
	Protokolle .....	522
	DNA-Isolation mit CTAB nach Talbot 2001 (modifiziert durch Weisenborn) ...	522
	Kryo-Kulturen nach Homolka et al. 2007 (modifiziert durch Weisenborn) .....	523
	Tabellen .....	523
	DNA-Primer .....	523
	Verwendete PCR-Programme .....	524
	DNA-Sequenzen.....	525
	<b>Danksagung.....</b>	<b>576</b>



## Abkürzungsverzeichnis

°C	Grad Celcius
µl	Mikroliter
µm	Mikrometer
Abb.	Abbildung
aff.	species affinis (Zugehörigkeit zu)
bidest.	doppelt destilliert
bp	Basenpaare
bzw.	beziehungsweise
ca.	circa (etwa)
cf.	confer (lat.: conferre) (vergleiche mit)
CIA	Chloroform Isoamylalkohol Gemisch
cm	Zentimeter
cm <sup>2</sup>	Quadratcentimeter
CMA	Cornmeal Agar (Maismehl Agar)
CTAB	Cetyltrimethylammoniumbromid
CzA	Czapek Agar
d	day (Tag)
ddH <sub>2</sub> O	doppelt destilliertes Wasser
dest.	destilliert
D-H-S	Dermatophyten-Hefen-Schimmelpilze
DNA	Deoxyribonucleic acid (Desoxyribonukleinsäure)
EDTA	Ethylendiamintetraessigsäure
et al.	und andere
evtl.	eventuell
FeSO <sub>4</sub>	Eisen(II)-sulfat
g	Gramm
G	Gravitation
H <sub>2</sub> O	Dihydrogenoxid (Wasser)
ICBN	International Code of Botanical Nomenclature
ITS	internal-transcribed-spacer
K <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub>	Dikaliumhydrogenphosphat
KCl	Kaliumchlorid
KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub>	Kaliumdihydrogenphosphat

KOH .....	Kaliumhydroxid
kV .....	Kilovolt
LSU.....	large subunit, große ribosomale Untereinheit
M .....	Molar
mg.....	Milligramm
MgSO <sub>4</sub> .....	Magnesiumsulfat
min.....	Minute
ml.....	Milliliter
mm.....	Millimeter
mM .....	Millimolar
MYP .....	Malz-Hefe-Pepton Agar
n .....	Anzahl
NaCl.....	Natriumchlorid
NaNO <sub>3</sub> .....	Natriumnitrat
nrDNA .....	nukleäre-ribosomale DNA
OA .....	Oatflakes agar (Haferflocken Agar)
OTU.....	Operational taxonomic unit (Taxonomische Einheit, meist basierend auf DNA Sequenzdaten)
PCR.....	Polymerase chain reaction (Polymerasekettenreaktion)
PDA .....	Potato Dextrose Agar (Kartoffel-Glukose Agar)
pH ...	negativer dekadischer Logarithmus der Wasserstoffionen-Konzentration, Maßzahl für den sauren oder basischen Charakter einer wässrigen Lösung
RAPD .....	Randomly-amplified-DNA (Zufällig amplifizierte DNA Fragmente)
REM .....	Rasterelektronenmikroskop
rpm.....	Rounds per minute (Umdrehungen pro Minute)
RT.....	Standarraumtemperatur (20 °C)
s.l. ....	sensu lato (im weiteren Sinne)
s.str.....	senso stricto (im engeren Sinne)
sec .....	Sekunde
SGA .....	Sabouraud Glukose Agar
sp.....	Species (Art)
spp.....	Species (Arten)
Syn.....	Synonym
Tab.....	Tabelle

TBE.....	Tris-Borat-EDTA Puffer
Tris.....	Tris(hydroxymethyl)-aminomethan
UA .....	Urease Agar nach Philot
var. ....	Varietät
z.B.....	zum Beispiel

## **Abkürzungen mykologischer Kultursammlungen**

ATCC .....	American Type Culture Collection, Manassas, Virginia, USA
BCCM .....	Belgian Co-ordinated Collections of Microorganisms, Brüssel, Belgien
BCRC .....	Bioresource Collection and research Center (Taiwan), Hsinchu, Taiwan
CBS .....	Centraalbureau voor Schimmelcultures, Utrecht, Niederlande
CCF .....	Culture Collection of Fungi, Charles University, Prag, Tschechische Republik
DAOM.....	Plant Research Institute, Department of Agriculture (Mycology), Ottawa, Kanada
HSAUP.....	Herbarium of Shandong Agricultural University: Plant Pathology, Shandong, China
ICMP.....	International Collection of Microorganisms from Plants, Lincoln, Neuseeland
IFM....	Research Center for Pathogenic Fungi and Microbial Toxicoses, Chiba University, Japan
IHEM.....	Institute of Hygiene and Epidemiology-Mycology Laboratory, Brüssel, Belgien
IMI .....	CABI Bioscience, Eggham, Großbritannien
MUCL .....	Mycothèque de l'Université catholique de Louvain, Louvain-la-Neuve, Belgien
NCCPF .....	National Culture Collection of Pathogenic Fungi, Neu Delhi, Indien
NOMH.....	Laboratories Branch, Ontario Ministry of Health, Toronto, Kanada
PYCC .....	Portuguese Yeast Culture Collection, Caparica, Portugal
UAMH.....	University of Alberta Mold Herbarium and Culture Collection, Edmonton, Kanada
UOA/HCPF .....	University of Athens/ Hellenic Collection of Pathogenic Fungi, Griechenland
UTHSC.....	University of Texas Health Science Center, Houston, Texas
UWFP.....	University of Washington Fungal Project, Washington, USA
WM .....	Sammlung Wieland Meyer, Sydney, Australien

## **Abbildungsverzeichnis**

Abbildung 1: Sammelorte in Panama .....	27
Abbildung 2: Beispiele untersuchter Haut- und Nagelläsionen. ....	33
Abbildung 3: Primerkarte .....	44
Abbildung 4: Übersicht der im Rahmen dieser Studie untersuchten Läsionstypen. ....	47
Abbildung 5: Gruppierung der Isolate nach dem D-H-S System (Rieth).....	49

Abbildung 6: Gruppierung der Proben in Relation zu den isolierten D-H-S Gruppen. .	49
Abbildung 7: Anzahl isolierter Arten pro Klasse .....	51
Abbildung 8: Anzahl isolierter Arten pro Gattung.....	62
Abbildung 9: Kulturen von <i>Neoscytalidium dimidiatum</i> .....	78
Abbildung 10: Mikromorphologische Strukturen von <i>Neoscytalidium dimidiatum</i> .....	79
Abbildung 11: <i>Neoscytalidium dimidiatum</i> .....	80
Abbildung 12: Kulturen von <i>Cladosporium sphaerospermum</i> .....	89
Abbildung 13: Mikromorphologische Strukturen <i>Cladosporium sphaerospermum</i> .....	90
Abbildung 14: <i>Cladosporium sphaerospermum</i> .....	91
Abbildung 15: Kulturen von <i>Cladosporium tenuissimum</i> .....	97
Abbildung 16: Mikromorphologische Strukturen von <i>Cladosporium tenuissimum</i> .....	98
Abbildung 17: <i>Cladosporium tenuissimum</i> .....	99
Abbildung 18: Kulturen von <i>Hortaea werneckii</i> .....	105
Abbildung 19: Mikromorphologische Strukturen von <i>Hortaea werneckii</i> .....	106
Abbildung 20: <i>Hortaea werneckii</i> .....	107
Abbildung 21: Kulturen von <i>Curvularia geniculata</i> .....	114
Abbildung 22: Mikromorphologische Strukturen von <i>Curvularia geniculata</i> .....	115
Abbildung 23: <i>Curvularia geniculata</i> .....	116
Abbildung 24: Kulturen von <i>Curvularia lunata</i> .....	123
Abbildung 25: Mikromorphologische Strukturen von <i>Curvularia lunata</i> .....	124
Abbildung 26: <i>Curvularia lunata</i> .....	125
Abbildung 27: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW050p3. ....	133
Abbildung 28: Kulturen von <i>Scolecobasidium</i> sp. (JW050p3).....	137
Abbildung 29: Mikromorphologische Strukturen von <i>Scolecobasidium</i> sp.....	138
Abbildung 30: <i>Scolecobasidium</i> sp. auf Keratin-haltigem Material. ....	138
Abbildung 31: <i>Scolecobasidium</i> sp. ....	139
Abbildung 32: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW044p4 .....	145
Abbildung 33: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW044p4 (ITS).....	147
Abbildung 34: Kulturen von cf. <i>Fusicladium</i> (JW044p4).....	150
Abbildung 35: Mikromorphologische Merkmale des Isolates JW044p4.....	151
Abbildung 36: cf. <i>Fusicladium</i> (JW044p4).....	152
Abbildung 37: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW058p2 .....	159
Abbildung 38: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW058p2 .....	160
Abbildung 39: Kulturen von cf. <i>Rhexothecium</i> sp. (JW058p2) .....	163

Abbildung 40: Mikromorphologische Strukturen von cf. <i>Rhexothecium</i> sp.....	164
Abbildung 41: Mikromorphologische Strukturen von cf. <i>Rhexothecium</i> sp.....	165
Abbildung 42: REM-Aufnahmen von cf. <i>Rhexothecium</i> sp. (JW058p2).....	166
Abbildung 43: cf. <i>Rhexothecium</i> sp.....	167
Abbildung 44: Kulturen von <i>Fonsecaea pedrosoi</i> .....	174
Abbildung 45: Mikromorphologische Strukturen von <i>Fonsecaea pedrosoi</i> .....	175
Abbildung 46: <i>Fonsecaea pedrosoi</i> .....	176
Abbildung 47: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW080p1 .....	184
Abbildung 48: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW080p1 (ITS).....	185
Abbildung 49: Kulturen von cf. <i>Knufia</i> sp. (JW080p1) .....	188
Abbildung 50: Mikromorphologische Strukturen von cf. <i>Knufia</i> sp.....	189
Abbildung 51: cf. <i>Knufia</i> sp. (JW080p1) .....	190
Abbildung 52: Kulturen von <i>Aspergillus</i> spp.....	202
Abbildung 53: Phylogenetischer Stammbaum Dermatophyten .....	207
Abbildung 54: (GACA) <sub>4</sub> -RAPD PCR-Fragmente isolierter Dermatophyten .....	209
Abbildung 55: Alignment ITS nrDNA Sequenzen <i>Trichophyton interdigitale</i> (1) .....	231
Abbildung 56: Alignment ITS nrDNA Sequenzen <i>Trichophyton interdigitale</i> (2) .....	232
Abbildung 57: Kulturen von <i>Trichophyton interdigitale</i> Typ I.....	238
Abbildung 58: Kulturen von <i>Trichophyton interdigitale</i> Typ I.....	239
Abbildung 59: Kulturen von <i>Trichophyton interdigitale</i> Typ II .....	240
Abbildung 60: Mikromorphologische Strukturen <i>Trichophyton interdigitale</i> Typ I ...	241
Abbildung 61: Mikromorphologische Strukturen <i>Trichophyton interdigitale</i> Typ I ...	242
Abbildung 62: Mikromorphologische Strukturen <i>Trichophyton interdigitale</i> Typ II..	243
Abbildung 63: Mikromorphologische Strukturen <i>Trichophyton interdigitale</i> Typ II..	244
Abbildung 64: <i>Trichophyton interdigitale</i> (Typ I) .....	245
Abbildung 65: <i>Trichophyton interdigitale</i> (Typ II).....	246
Abbildung 66: Kulturen von <i>Trichophyton rubrum</i> .....	275
Abbildung 67: Kulturen von <i>Trichophyton rubrum</i> .....	276
Abbildung 68: Kulturen von <i>Trichophyton rubrum</i> .....	277
Abbildung 69: Mikromorphologische Strukturen von <i>Trichophyton rubrum</i> .....	278
Abbildung 70: Mikromorphologische Strukturen von <i>Trichophyton rubrum</i> .....	278
Abbildung 71: Mikromorphologische Strukturen von <i>Trichophyton rubrum</i> .....	279
Abbildung 72: <i>Trichophyton rubrum</i> (JW044p3, JW074p7) .....	280
Abbildung 73: Kulturen von <i>Chrysosporium tuberculatum</i> .....	287

Abbildung 74: Mikromorphologische Strukturen von <i>Chrysosporium tuberculatum</i> .	288
Abbildung 75: <i>Chrysosporium tuberculatum</i> .....	289
Abbildung 76: Kulturen von <i>Candida albicans</i> .....	305
Abbildung 77: Mikromorphologische Strukturen von <i>Candida albicans</i> .....	306
Abbildung 78: <i>Candida albicans</i> .....	307
Abbildung 79: Kulturen von <i>Candida duobushaemulonii</i> .....	314
Abbildung 80: <i>Candida duobushaemulonii</i> .....	314
Abbildung 81: Phylogenetischer Stammbaum <i>Acremonium</i> (ITS).....	323
Abbildung 82: Kulturen von <i>Acremonium</i> sp.2.....	327
Abbildung 83: Mikromorphologische Strukturen von <i>Acremonium</i> sp.2 .....	328
Abbildung 84: <i>Acremonium</i> sp.2 .....	329
Abbildung 85: Mikromorphologische Strukturen von <i>Acremonium collariferum</i> .....	333
Abbildung 86: Kulturen von <i>Verticillium</i> cf. <i>epiphytum</i> .....	340
Abbildung 87: Mikromorphologische Strukturen von <i>Verticillium</i> cf. <i>epiphytum</i> . ....	341
Abbildung 88: <i>Verticillium</i> cf. <i>epiphytum</i> .....	342
Abbildung 89: Kulturen von <i>Lophotrichus bartlettii</i> . .....	349
Abbildung 90: Mikromorphologische Strukturen von <i>Lophotrichus bartlettii</i> .....	350
Abbildung 91: <i>Lophotrichus bartlettii</i> .....	351
Abbildung 92: Phylogenetischer Stammbaum Microascaceae (ITS).....	353
Abbildung 93: Phylogenetischer Stammbaum Miroascaceae (LSU).....	355
Abbildung 94: Kulturen von <i>Microascus cinereus</i> .....	364
Abbildung 95: Mikromorphologische Strukturen von <i>Microascus cinereus</i> .....	365
Abbildung 96: <i>Microascus cinereus</i> .....	366
Abbildung 97: Kulturen von <i>Scopulariopsis carbonaria</i> .....	374
Abbildung 98: Mikromorphologische Strukturen von <i>Scopulariopsis carbonaria</i> ....	375
Abbildung 99: <i>Scopulariopsis carbonaria</i> .....	376
Abbildung 100: Kulturen von <i>Scopulariopsis croci</i> .....	383
Abbildung 101: Mikromorphologische Strukturen von <i>Scopulariopsis croci</i> .....	384
Abbildung 102: REM-Aufnahmen <i>Scopulariopsis croci</i> .....	385
Abbildung 103: <i>Scopulariopsis croci</i> .....	386
Abbildung 104: Kulturen von <i>Wardomycopsis litoralis</i> .....	394
Abbildung 105: Mikromorphologische Strukturen von <i>Wardomycopsis litoralis</i> .....	395
Abbildung 106: REM-Aufnahmen <i>Wardomycopsis litoralis</i> .....	396
Abbildung 107: Keratin-haltige Materialien inkubiert mit <i>Wardomycopsis litoralis</i> ..	396

Abbildung 108: <i>Wardomyces litoralis</i> .....	397
Abbildung 109: Phylogenetischer Stammbaum aff. <i>Chalara</i> (ITS).....	401
Abbildung 110: Phylogenetischer Stammbaum aff. <i>Chalara</i> (LSU).....	402
Abbildung 111: Kulturen von aff. <i>Chalara</i> sp. (JW074p5).....	408
Abbildung 112: Mikromorphologische Strukturen von aff. <i>Chalara</i> sp.....	409
Abbildung 113: REM-Aufnahmen aff. <i>Chalara</i> sp.....	410
Abbildung 114: aff. <i>Chalara</i> sp.....	411
Abbildung 115: Kulturen von JW076p5.....	419
Abbildung 116: Mikromorphologische Strukturen von JW076p5.....	420
Abbildung 117: REM-Aufnahmen des Isolates JW076p5.....	421
Abbildung 118: Stamm JW076p5.....	422
Abbildung 119: Kulturen von <i>Chaetomium globosum</i> .....	431
Abbildung 120: Mikromorphologische Strukturen von <i>Chaetomium globosum</i> .....	432
Abbildung 121: <i>Chaetomium globosum</i> .....	433
Abbildung 122: Phylogenetischer Stammbaum <i>Trichosporon</i> .....	437
Abbildung 123: Kulturen von <i>Trichosporon asahii</i> .....	443
Abbildung 124: Mikromorphologische Strukturen von <i>Trichosporon asahii</i> .....	444
Abbildung 125: <i>Trichosporon asahii</i> .....	444
Abbildung 126: Kulturen von <i>Trichosporon japonicum</i> .....	449
Abbildung 127: Mikromorphologische Strukturen von <i>Trichosporon japonicum</i> .....	450
Abbildung 128: <i>Trichosporon japonicum</i> .....	450

## Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Durch Dermatophyten hervorgerufene, untersuchte Erkrankungen.....	4
Tabelle 2: Durch Schimmelpilze hervorgerufene, untersuchte Erkrankungen.....	4
Tabelle 3: Übersicht der Charakterisierung nach dem D-H-S System (Rieth).....	5
Tabelle 4: Übersicht der taxonomischen Gruppen innerhalb des Reiches Fungi.....	8
Tabelle 5: In Panama dokumentierte humanpathogene Pilzarten.....	22
Tabelle 6: Untersuchte Personen und gesammeltes Probenmaterial.....	27
Tabelle 7: Zur molekularen Charakterisierung genutzte Datenbanken.....	45
Tabelle 8: Übersicht der im Rahmen der Studie untersuchten Läsionstypen.....	47
Tabelle 9: Übersicht der im Rahmen der Studie pro Proband isolierten Pilzstämmen....	52
Tabelle 10: Taxonomische Klassifizierung isolierter Pilzstämmen.....	62

Tabelle 11: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p10 (ITS) (GenBank) .....	75
Tabelle 12: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p10 (LSU) (GenBank).....	75
Tabelle 13: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p10 (ITS) (MycoBank) .....	75
Tabelle 14: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p10 (LSU) (MycoBank).....	76
Tabelle 15: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p5 (ITS) (GenBank) .....	86
Tabelle 16: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p5 (LSU) (GenBank).....	86
Tabelle 17: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p5 (ITS) (MycoBank) .....	86
Tabelle 18: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p5 (LSU) (MycoBank).....	86
Tabelle 19: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW066p3 (ITS) (GenBank) .....	94
Tabelle 20: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW066p3 (LSU) (GenBank).....	94
Tabelle 21: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW066p3 (ITS) (MycoBank) .....	94
Tabelle 22: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW066p3 (LSU) (MycoBank).....	95
Tabelle 23: BlastSearch Ergebnisse des Stammes JW034p4 (LSU) (GenBank) .....	103
Tabelle 24: BlastSearch Ergebnisse des Stammes JW034p4 (LSU) (MycoBank) .....	103
Tabelle 25: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p11 (ITS) (GenBank).....	112
Tabelle 26: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p11 (ITS) (MycoBank) .....	112
Tabelle 27: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p9 (ITS) (GenBank) .....	120
Tabelle 28: BlastSearch Ergebnisse des Isolates 62p9 (LSU) (Genbank).....	120
Tabelle 29: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p9 (ITS) (MycoBank).....	120
Tabelle 30: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p9 (LSU) (MycoBank).....	120
Tabelle 31: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW050p3 (ITS) (GenBank) .....	130
Tabelle 32: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW050p3 (LSU) (GenBank).....	130
Tabelle 33: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW050p3 (ITS) (MycoBank) .....	131
Tabelle 34: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW050p3 (LSU) (MycoBank).....	131
Tabelle 35: Molekulare Distanzen JW050p3 .....	131
Tabelle 36: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p4 (ITS) (GenBank) .....	144
Tabelle 37: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p4 (LSU) (GenBank).....	144
Tabelle 38: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p4 (ITS) (MycoBank) .....	144
Tabelle 39: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p4 (LSU) (MycoBank).....	144
Tabelle 40: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW058p2 (ITS) (GenBank) .....	157
Tabelle 41: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW058p2 (ITS) (MycoBank) .....	157
Tabelle 42: Molekulare Distanzen JW058p2 .....	157
Tabelle 43: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW049p1 (ITS) (GenBank) .....	172
Tabelle 44: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW049p1 (ITS) (MycoBank) .....	173



Tabelle 45: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW080p1 (ITS) (GenBank) .....	180
Tabelle 46: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW080p1 (LSU) (GenBank).....	181
Tabelle 47: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW080p1 (ITS) (MycoBank) .....	181
Tabelle 48: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW080p1 (LSU) (MycoBank).....	181
Tabelle 49: Molekulare Distanzen JW080p1 .....	182
Tabelle 50: (GACA) <sub>4</sub> -RAPD PCR-Fragmente isolierter Dermatophyten.....	210
Tabelle 51: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p8 (ITS) (GenBank) .....	216
Tabelle 52: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p8 (ITS) (MycoBank) .....	217
Tabelle 53: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p4 (ITS) (GenBank) .....	217
Tabelle 54: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p4 (LSU) (GenBank).....	217
Tabelle 55: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p4 (ITS) (MycoBank) .....	217
Tabelle 56: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p4 (LSU) (MycoBank).....	218
Tabelle 57: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p5 (ITS) (GenBank) .....	218
Tabelle 58: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p5 (LSU) (GenBank).....	218
Tabelle 59: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p5 (ITS) (MycoBank) .....	218
Tabelle 60: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p5 (LSU) (MycoBank).....	218
Tabelle 61: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p6 (ITS) (GenBank) .....	219
Tabelle 62: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p6 (LSU) (GenBank).....	219
Tabelle 63: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p6 (ITS) (MycoBank) .....	219
Tabelle 64: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p6 (LSU) (MycoBank).....	219
Tabelle 65: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p7 (ITS) (GenBank) .....	219
Tabelle 66: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW063p7 (ITS) (MycoBank) .....	220
Tabelle 67: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p2 (ITS) (GenBank) .....	220
Tabelle 68: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p2 (LSU) (GenBank).....	220
Tabelle 69: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p2 (ITS) (MycoBank) .....	220
Tabelle 70: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p2 (LSU) (MycoBank).....	220
Tabelle 71: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p3 (ITS) (GenBank) .....	221
Tabelle 72: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p3 (ITS) (MycoBank) .....	221
Tabelle 73: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p7 (ITS) (GenBank) .....	221
Tabelle 74: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p7 (LSU) (GenBank).....	221
Tabelle 75: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p7 (ITS) (MycoBank) .....	221
Tabelle 76: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p7 (LSU) (MycoBank).....	222
Tabelle 77: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p8 (ITS) (GenBank) .....	222
Tabelle 78: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p8 (LSU) (GenBank).....	222

Tabelle 79: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p8 (ITS) (MycoBank) .....	222
Tabelle 80: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p8 (LSU) (MycoBank).....	223
Tabelle 81: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p1 (ITS) (GenBank) .....	223
Tabelle 82: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p1 (LSU) (GenBank).....	223
Tabelle 83: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p1 (ITS) (MycoBank) .....	223
Tabelle 84: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p1 (LSU) (MycoBank).....	224
Tabelle 85: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p2 (ITS) (GenBank) .....	224
Tabelle 86: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p2 (LSU) (GenBank).....	224
Tabelle 87: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p2 (ITS) (MycoBank) .....	224
Tabelle 88: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p2 (LSU) (MycoBank).....	225
Tabelle 89: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p3 (ITS) (GenBank) .....	225
Tabelle 90: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p3 (LSU) (GenBank).....	225
Tabelle 91: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p3 (ITS) (MycoBank) .....	225
Tabelle 92: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p3 (LSU) (MycoBank).....	226
Tabelle 93: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p4 (ITS) (GenBank) .....	226
Tabelle 94: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p4 (LSU) (GenBank).....	226
Tabelle 95: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p4 (ITS) (MycoBank) .....	226
Tabelle 96: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p4 (LSU) (MycoBank).....	227
Tabelle 97: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p5 (ITS) (GenBank) .....	227
Tabelle 98: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p5 (LSU) (GenBank).....	227
Tabelle 99: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p5 (ITS) (MycoBank) .....	227
Tabelle 100: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p5 (LSU) (MycoBank).....	228
Tabelle 101: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p6 (ITS) (GenBank) .....	228
Tabelle 102: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p6 (LSU) (GenBank).....	228
Tabelle 103: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p6 (ITS) (MycoBank) .....	228
Tabelle 104: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW075p6 (LSU) (MycoBank).....	228
Tabelle 105: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW081p4 (ITS) (GenBank) .....	229
Tabelle 106: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW081p4 (LSU) (GenBank).....	229
Tabelle 107: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW081p4 (ITS) (MycoBank) .....	229
Tabelle 108: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW081p4 (LSU) (MycoBank).....	229
Tabelle 109: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW035p2 (ITS) (GenBank) .....	253
Tabelle 110: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW035p2 (LSU) (GenBank).....	254
Tabelle 111: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW035p2 (ITS) (MycoBank) .....	254
Tabelle 112: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW035p2 (LSU) (MycoBank).....	254

Tabelle 113: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW039p2 (ITS) (GenBank) .....	254
Tabelle 114: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW039p2 (LSU) (GenBank).....	254
Tabelle 115: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW039p2 (ITS) (MycoBank) .....	255
Tabelle 116: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW039p2 (LSU) (MycoBank).....	255
Tabelle 117: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW041p2 (ITS) (GenBank) .....	255
Tabelle 118: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW041p2 (LSU) (GenBank).....	255
Tabelle 119: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW041p2 (ITS) (MycoBank) .....	255
Tabelle 120: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW041p2 (LSU) (MycoBank).....	256
Tabelle 121: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW041p7 (ITS) (GenBank) .....	256
Tabelle 122: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW041p7 (ITS) (MycoBank) .....	256
Tabelle 123: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW041p11 (ITS) (GenBank) .....	256
Tabelle 124: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW041p11 (LSU) (GenBank).....	256
Tabelle 125: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW041p11 (ITS) (MycoBank) .....	257
Tabelle 126: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW041p11 (LSU) (MycoBank).....	257
Tabelle 127: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p1 (ITS) (GenBank) .....	257
Tabelle 128: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p1 (LSU) (GenBank).....	257
Tabelle 129: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p1 (ITS) (MycoBank) .....	257
Tabelle 130: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p1 (LSU) (MycoBank).....	258
Tabelle 131: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p3 (ITS) (GenBank) .....	258
Tabelle 132: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p3 (LSU) (GenBank).....	258
Tabelle 133: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p3 (ITS) (MycoBank) .....	258
Tabelle 134: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p3 (LSU) (MycoBank).....	258
Tabelle 135: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW045p2 (ITS) (GenBank) .....	259
Tabelle 136: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW045p2 (LSU) (GenBank).....	259
Tabelle 137: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW045p2 (ITS) (MycoBank) .....	259
Tabelle 138: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW045p2 (LSU) (MycoBank).....	259
Tabelle 139: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p3 (ITS) (GenBank) .....	259
Tabelle 140: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p3 (LSU) (GenBank).....	260
Tabelle 141: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p3 (ITS) (MycoBank) .....	260
Tabelle 142: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p3 (LSU) (MycoBank).....	260
Tabelle 143: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p4 (ITS) (GenBank) .....	260
Tabelle 144: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p4 (LSU) (GenBank).....	260
Tabelle 145: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p4 (ITS) (MycoBank) .....	261
Tabelle 146: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p4 (LSU) (MycoBank).....	261

Tabelle 147: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p6 (ITS) (GenBank) .....	261
Tabelle 148: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p6 (LSU) (GenBank).....	261
Tabelle 149: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p6 (ITS) (MycoBank) .....	261
Tabelle 150: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW051p6 (LSU) (MycoBank).....	262
Tabelle 151: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW056p4 (ITS) (GenBank) .....	262
Tabelle 152: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW056p4 (LSU) (GenBank).....	262
Tabelle 153: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW056p4 (ITS) (MycoBank) .....	262
Tabelle 154: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW056p4 (LSU) (MycoBank).....	262
Tabelle 155: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW057p1 (ITS) (GenBank) .....	263
Tabelle 156: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW057p1 (LSU) (GenBank).....	263
Tabelle 157: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW057p1 (ITS) (MycoBank) .....	263
Tabelle 158: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW057p1 (LSU) (MycoBank).....	263
Tabelle 159: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW057p2 (ITS) (GenBank) .....	263
Tabelle 160: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW057p2 (LSU) (GenBank).....	264
Tabelle 161: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW057p2 (ITS) (MycoBank) .....	264
Tabelle 162: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW057p2 (LSU) (MycoBank).....	264
Tabelle 163: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p3 (ITS) (GenBank) .....	264
Tabelle 164: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p3 (ITS) (MycoBank) .....	264
Tabelle 165: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p4 (ITS) (GenBank) .....	265
Tabelle 166: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p4 (LSU) (GenBank).....	265
Tabelle 167: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p4 (ITS) (MycoBank) .....	265
Tabelle 168: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p4 (LSU) (MycoBank).....	265
Tabelle 169: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p12 (LSU) (GenBank).....	265
Tabelle 170: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW061p12 (LSU) (MycoBank).....	266
Tabelle 171: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p4 (LSU) (GenBank).....	266
Tabelle 172: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p4 (LSU) (MycoBank).....	266
Tabelle 173: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p12 (ITS) (GenBank) .....	266
Tabelle 174: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p12 (ITS) (MycoBank) .....	266
Tabelle 175: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p14 (ITS) (GenBank) .....	267
Tabelle 176: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p14 (LSU) (GenBank).....	267
Tabelle 177: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p14 (ITS) (MycoBank) .....	267
Tabelle 178: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p14 (LSU) (MycoBank).....	267
Tabelle 179: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW064p1 (ITS) (GenBank) .....	267
Tabelle 180: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW064p1 (ITS) (MycoBank) .....	268

Tabelle 181: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p1 (ITS) (GenBank) .....	268
Tabelle 182: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p1 (ITS) (MycoBank) .....	268
Tabelle 183: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p6 (ITS) (GenBank) .....	268
Tabelle 184: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p6 (LSU) (GenBank).....	268
Tabelle 185: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p6 (ITS) (MycoBank) .....	269
Tabelle 186: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW067p6 (LSU) (MycoBank).....	269
Tabelle 187: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW070p3 (ITS) (GenBank) .....	269
Tabelle 188: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW070p3 (LSU) (GenBank).....	269
Tabelle 189: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW070p3 (ITS) (MycoBank) .....	269
Tabelle 190: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW070p3 (LSU) (MycoBank).....	270
Tabelle 191: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW070p4 (ITS) (GenBank) .....	270
Tabelle 192: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW070p4 (ITS) (MycoBank) .....	270
Tabelle 193: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p4 (ITS) (GenBank) .....	270
Tabelle 194: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p4 (ITS) (MycoBank) .....	270
Tabelle 195: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p7 (ITS) (GenBank) .....	271
Tabelle 196: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p7 (LSU) (GenBank).....	271
Tabelle 197: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p7 (ITS) (MycoBank) .....	271
Tabelle 198: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p7 (LSU) (MycoBank).....	271
Tabelle 199: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p6 (ITS) (GenBank) .....	285
Tabelle 200: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p6 (LSU) (GenBank).....	285
Tabelle 201: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p6 (ITS) (MycoBank) .....	285
Tabelle 202: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW044p6 (LSU) (MycoBank).....	286
Tabelle 203: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW071p7 (ITS) (GenBank) .....	302
Tabelle 204: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW071p7 (LSU) (GenBank).....	302
Tabelle 205: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW071p7 (ITS) (MycoBank) .....	302
Tabelle 206: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW071p7 (LSU) (MycoBank).....	303
Tabelle 207: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW048p2 (ITS) (GenBank) .....	309
Tabelle 208: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW048p2 (LSU) (GenBank).....	310
Tabelle 209: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW048p2 (ITS) (MycoBank) .....	310
Tabelle 210: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW048p2 (LSU) (MycoBank).....	310
Tabelle 211: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW048p3 (ITS) (GenBank) .....	310
Tabelle 212: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW048p3 (LSU) (GenBank).....	310
Tabelle 213: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW048p3 (ITS) (MycoBank) .....	311
Tabelle 214: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW048p3 (LSU) (MycoBank).....	311

Tabelle 215: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW073p1 (ITS) (GenBank) .....	311
Tabelle 216: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW073p1 (LSU) (GenBank).....	311
Tabelle 217: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW073p1 (ITS) (MycoBank) .....	311
Tabelle 218: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW073p1 (LSU) (MycoBank).....	312
Tabelle 219: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW076p2 (ITS) (GenBank) .....	312
Tabelle 220: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW076p2 (LSU) (GenBank).....	312
Tabelle 221: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW076p2 (ITS) (MycoBank) .....	312
Tabelle 222: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW076p2 (LSU) (MycoBank).....	312
Tabelle 223: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW081p11 (ITS) (GenBank) .....	320
Tabelle 224: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW081p11 (LSU) (GenBank).....	320
Tabelle 225: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW081p11 (ITS) (MycoBank) .....	320
Tabelle 226: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW081p11 (LSU) (MycoBank).....	320
Tabelle 227: Molekulare Distanzen <i>Acremonium</i> .....	321
Tabelle 228: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p6 (ITS) (GenBank) .....	337
Tabelle 229: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p6 (LSU) (GenBank).....	338
Tabelle 230: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p6 (ITS) (MycoBank) .....	338
Tabelle 231: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW062p6 (LSU) (MycoBank).....	338
Tabelle 232: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW076p6 (LSU) (GenBank).....	346
Tabelle 233: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW076p6 (LSU) (MycoBank).....	347
Tabelle 234: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW034p1 (ITS) (GenBank) .....	360
Tabelle 235: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW034p1 (LSU) (GenBank).....	360
Tabelle 236: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW034p1 (ITS) (MycoBank) .....	361
Tabelle 237: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW034p1 (LSU) (MycoBank).....	361
Tabelle 238: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW035p1 (ITS) (GenBank) .....	371
Tabelle 239: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW035p1 (LSU) (GenBank).....	371
Tabelle 240: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW035p1 (ITS) (MycoBank) .....	371
Tabelle 241: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW035p1 (LSU) (MycoBank).....	371
Tabelle 242: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p1 (ITS) (GenBank) .....	379
Tabelle 243: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p1 (LSU) (GenBank).....	379
Tabelle 244: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p1 (ITS) (MycoBank) .....	379
Tabelle 245: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p1 (LSU) (MycoBank).....	380
Tabelle 246: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW037p1 (ITS) (GenBank) .....	391
Tabelle 247: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW037p1 (LSU) (GenBank).....	391
Tabelle 248: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW037p1 (ITS) (MycoBank) .....	391

Tabelle 249: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW037p1 (LSU) (MycoBank).....	392
Tabelle 250: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p5 (ITS) (GenBank) .....	405
Tabelle 251: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p5 (LSU) (GenBank).....	405
Tabelle 252: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p5 (ITS) (MycoBank) .....	405
Tabelle 253: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW074p5 (LSU) (MycoBank).....	406
Tabelle 254: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW076p5 (ITS) (GenBank) .....	414
Tabelle 255: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW076p5 (LSU) (GenBank).....	414
Tabelle 256: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW076p5 (ITS) (MycoBank) .....	414
Tabelle 257: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW076p5 (LSU) (MycoBank).....	415
Tabelle 258: Molekulare Distanzen aff. <i>Chalara</i> (ITS). .....	415
Tabelle 259: Molekulare Distanzen aff. <i>Chalara</i> (LSU).....	416
Tabelle 260: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW039p4 (LSU) (GenBank).....	428
Tabelle 261: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW039p4 (LSU) (GenBank).....	428
Tabelle 262: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW039p4 (ITS) (MycoBank) .....	428
Tabelle 263: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW039p4 (LSU) (MycoBank).....	428
Tabelle 264: Molekulare Distanzen <i>Chaetomium globosum</i> und <i>C. murorum</i> .....	429
Tabelle 265: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW059p2 (ITS) (GenBank) .....	440
Tabelle 266: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW059p2 (LSU) (GenBank).....	440
Tabelle 267: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW059p2 (ITS) (MycoBank) .....	441
Tabelle 268: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW059p2 (LSU) (MycoBank).....	441
Tabelle 269: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW034p2 (ITS) (GenBank) .....	446
Tabelle 270: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW034p2 (LSU) (GenBank).....	447
Tabelle 271: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW034p2 (ITS) (MycoBank) .....	447
Tabelle 272: BlastSearch Ergebnisse des Isolates JW034p2 (LSU) (MycoBank).....	447
Tabelle 273: Verwendete DNA-Primer .....	523
Tabelle 274: Verwendete Primerkombinationen und amplifizierte DNA-Regionen ...	523
Tabelle 275: PCR-Programm Touch60 .....	524
Tabelle 276: PCR-Programm KappaHifi .....	524
Tabelle 277: PCR-Programm Hifi60 .....	524
Tabelle 278: PCR-Programm rDNA .....	525
Tabelle 279: PCR-Programm GACA .....	525
Tabelle 280: Sequenzdaten aus GenBank. ....	525
Tabelle 281: Sequenzierte nrDNA Abschnitte. ....	547

# 1 Einleitung

## 1.1 Humanpathogene Pilze

Pilze sind eukaryotische, ubiquitär verbreitete, heterotrophe Organismen mit einer saprotrophen, mutualistischen oder parasitischen Lebensweise, häufig mit einer asexuellen und sexuellen Vermehrungsform und einer weltweiten Verbreitung (Domsch et al. 2007; Schwantes 1996). Morphologisch sind Pilze charakterisiert durch eine einzellige oder mehrzellige, meist filamentöse Grundstruktur mit Zellwänden auf der Basis von Chitin als molekularem Grundgerüst und weiteren anderen Polysacchariden als zusätzliche, quervernetzende Elemente und der Bildung von einfachen Hyphengeflechten oder Spossmyzelien bis zu Thallus-artigen Hyphengeflechten mit geringerem oder höherem Differenzierungsgrad (Schwantes 1996). Insgesamt wurden bisher etwa 100.000 taxonomisch beschriebene Arten von unterschiedlichen organischen Substraten, wie verrotten pflanzlichen Materialien aller Art, Exkrementen, tierischen Substanzen wie Horn oder Federn, von Kadavern unterschiedlicher Tiergruppen, aus Erde, Luft oder Wasser isoliert oder als symbiotische Organismen, Kommensalen und Parasiten an lebenden Pflanzen, Tieren und anderen Pilzen dokumentiert (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Guarro et al. 2012; Piepenbring 2015; Schwantes 1996). Die Gesamtzahl aller existierenden Pilzarten wird auf etwa 800.000 bis 5,1 Millionen Arten geschätzt (Blackwell 2011; Hawksworth 2001; Mora et al. 2011; O'Brien et al. 2005; Schmit und Mueller 2007; Tedersoo et al. 2014). Etwa 250 der bisher beschriebenen Pilzarten wurden als Verursacher von Erkrankungen des Menschen oder verschiedener Tiere dokumentiert (Casadevall und Pirofski 2006; Graeme 2014; Nolting und Fegeler 1993), wobei die durch Pilze hervorgerufenen Erkrankungen in vier Kategorien untergliedert werden (Nolting und Fegeler 1993; Schwantes 1996).

### 1.1.1 Myzetismus

Als Myzetismus werden Erkrankungen bezeichnet, die auf den Verzehr von giftigen Pilzen zurückgeführt werden können. In diesem Zusammenhang sind im Wesentlichen verschiedene Arten der Basidiomycota, wie *Amanita phalloides* (Fr.) Link, *Amanita virosa* Bertill., *Galerina marginata* (Batsch) Kühner und Arten der Gattung *Lepiota* (Pers.) Gray von Bedeutung und führen weltweit jedes Jahr zu schweren Erkrankungen mit Organschäden und zu Todesfolgen (Alves et al. 2001; Cappell und Hassan 1992;



Enjalbert et al. 2004; Graeme 2014; Hamer et al. 2015; Lima et al. 2012; Nolting und Fegeler 1993; Santi et al. 2012; Schwantes 1996; Smith und Davis 2015; Vanooteghem et al. 2014).

### **1.1.2 Mykotoxikosen**

Mykotoxine sind sekundäre Metabolite die von Arten verschiedener Pilzgattungen gebildet werden und durch den Verzehr von stark belasteten Lebens- oder Futtermitteln unterschiedliche, als Mykotoxikosen bezeichnete Erkrankungsformen hervorrufen können (Pitt 2000). Das Spektrum dieser Erkrankungen erstreckt sich von Organschäden über Erkrankungen des Magen-Darm Traktes, Induzierung von Krebserkrankungen, Schädigungen des Zentralnervensystems, bis hin zu Todesfällen (Cole 1986; Gardiner und Oldroyd 1965; Lee et al. 2015; Kocube et al. 2013; Mngqawa et al. 2015; Mulder et al. 2015; Peraica et al. 2014; Robens und Richard 1992; Robinson et al. 2000; Scott et al. 2012; Wannop 1961; Yunus et al. 2011). Dabei sind verschiedene Arten der Gattungen *Alternaria* Nees, *Aspergillus* P. Micheli ex Haller, *Fusarium* Link, *Penicillium* Link, *Stachybotrys* Corda und *Trichothecium* Link als Mykotoxin-bildende Organismen und die Mykotoxine aus der Gruppe der Aflatoxine auf Grund ihrer weiten Verbreitung und gesundheitsrelevanten Bedeutung von besonderer Wichtigkeit (Mulder et al. 2015; Peraica et al. 2014; Robens und Richard 1992; Robinson et al. 2000).

### **1.1.3 Mykoallergien**

Erkrankungen wie Asthma bronchiale, Rhinitis oder andere Erkrankungen der Atemwege die auf einen andauernden Kontakt mit Pilzsporen oder Pilzfragmenten in der Luft und eine entsprechende Sensibilisierung des Immunsystems zurück zu führen sind, stellen klassische Formen der Mykoallergien dar (Hof 2003; Horner et al. 1995). Von besonderer Bedeutung sind hier verschiedene Arten der Gattungen *Alternaria*, *Aspergillus*, *Cladosporium* Link, *Neurospora* Shear & B.O. Dodge, *Penicillium*, *Ulocladium* Preuss und andere stark sporulierende Pilzarten (Delfino et al. 1997; Denning et al. 2006; Horner et al. 1995). Allerdings können auch allergische Reaktionen gegenüber verschiedenen Speisepilzen, Hefen und aus Pilzen gewonnenen Substanzen auftreten (Hof 2003; Schwantes 1996).

#### **1.1.4 Mykosen**

Erkrankungen, die durch eine aktive Besiedlung und Schädigung von Geweben durch pathogene Pilze und der dauerhaften Etablierung von Pilzelementen im oder am befallenen Subjekt charakterisiert sind, werden als Mykosen bezeichnet (Hof 2003; Nolting und Fegeler 1993; Schwantes 1996; Seebacher und Blaschke-Hellmessen 1990; Seeliger und Heymer 1981). Neben der mechanischen und enzymatischen Schädigung des Wirtsgewebes kann durch die Produktion von Mykotoxinen und deren Diffusion in das infizierte Gewebe sowie durch möglicherweise auftretende allergische Reaktionen eine Verschlimmerung des Krankheitsbildes und eine zusätzliche Beeinträchtigung des Wirtsorganismus erfolgen (Degreef 2008; de Hoog et al. 2000, 2014; Hof 2003; Schwantes 1996). Von den bisher beschriebenen 100.000 Pilzarten sind etwa 100 bis 150 verschiedene Arten als Verursacher von Mykosen oder opportunistischen Infektionen des Menschen und anderer Tiere dokumentiert worden (Casadevall und Pirofski 2006; de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993), wobei allerdings jeder Pilz der bei 37°C wachsen kann, theoretisch in der Lage ist Infektionen bei immunsupprimierten oder anderweitig prädisponierten Individuen zu verursachen (Reiss et al. 2009).

#### **1.1.5 Nomenklatur der Mykosen**

Mykosen werden allgemein in Erkrankungen der Haut (Dermatomykosen) und innere Organe betreffende Erkrankungen (Endomykosen und systemische Mykosen) untergliedert (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993, 1987; Reiss et al. 2009; Seeliger und Heymer 1981). Dermatomykosen werden in oberflächliche, kutane und subkutane Mykosen unterteilt (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993; Reiss et al. 2009). Kutane Infektionen durch Dermatophyten werden als Dermatophytosis und das entsprechende Krankheitsbild als Tinea bezeichnet (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993).

**Tabelle 1: Spezifische medizinische Bezeichnung durch Dermatophyten hervorgerufener Erkrankungen, die im Rahmen dieser Arbeit untersucht wurden.**

Tinea interdigitalis	Infektionen der Zehenzwischenräume
Tinea pedis	Infektionen der Fußsohle
Tinea manum	Infektionen der Handfläche und der Finger
Tinea unguium oder Onychomykose	Infektionen des Nagels und der Nagelplatte der Zehen- oder Fingernägel

Durch Schimmelpilze verursachte Mykosen weisen keine einheitlichen Bezeichnungen auf und werden in der Regel nach dem verursachenden Organismus benannt (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993), wobei verschiedene der durch Schimmelpilze hervorgerufenen Mykosen unter einem allgemeinen pathologischen Erscheinungsbild zusammengefasst werden (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993; Reiss et al. 2009).

**Tabelle 2: Spezifische medizinische Bezeichnung verschiedener durch Schimmelpilze hervorgerufener Erkrankungen, die im Rahmen dieser Arbeit untersucht wurden.**

Chromomykose (Chromoblastomykose)	Meist kutane bis subkutane Infektionen durch Arten der Gattungen <i>Cladophialophora</i> , <i>Cladosporium</i> , <i>Fonsecaea</i> und <i>Phialophora</i> nach traumatischen Implantationen
Tinea nigra	Kutane Infektionen durch den opportunistischen Pilz <i>Hortaea werneckii</i>
Onychomykose	Infektionen der Nagelmatrix durch pathogene und opportunistische Schimmelpilze

## 1.2 D-H-S System nach Rieth (1967)

Das D-H-S System (Rieth) soll als Diagnostik-Methode helfen schnell und einfach eine zur Behandlung ausreichende Klassifizierung isolierter Pilzstämmen zu ermöglichen. Innerhalb des D-H-S Systems (Rieth) erfolgt keine Klassifizierung der Pilzisolat nach taxonomischen Gesichtspunkten, statt dessen werden die Isolate in Abhängigkeit von der untersuchten Läsion überwiegend basierend auf makromorphologischen Merkmalen, wie Koloniemorphologie, Pigmentierung und Wachstumsgeschwindigkeit in die drei Erregergruppen Dermatophyten, Hefen und Schimmelpilze untergliedert. Eine Klassifizierung der Pilzisolat nach dem D-H-S System (Rieth) ermöglicht eine Zuord-

nung der Pilze in ein existierendes Behandlungsschema auch ohne eine eindeutige taxonomische Bestimmung und damit eine schnellere Therapie des Patienten (Nolting und Fegeler 1993; Rieth 1967). Detailliertere epidemiologische und ökologische Fragestellungen lassen sich aber ohne eine eindeutige Kenntnis der involvierten Arten kaum oder nur in einem sehr begrenztem Rahmen diskutieren und untypische Isolate mit einer veränderten Koloniemorphologie können zu falschen Befunden und damit zu erfolglosen Behandlungen führen.

**Tabelle 3: Tabellarische Übersicht der zur Charakterisierung nach dem D-H-S System (Rieth) verwendeten Merkmale der unterschiedlichen Gruppen (de Hoog et al. 2000; 2014; Hof 2003; Nolting und Fegeler 1993).**

<b>Gruppe</b>	<b>charakteristische Merkmale</b>
Dermatophyten	Langsames bis moderates Wachstum, überwiegend weiße bis pastellfarbene Kolonien; Infektionen der Haut und ihrer Anhangsgebilde, wie Haare und Nägel, fakultativ pathogene Pilze und saprotrophe Organismen
Hefen	Rasches, aber begrenztes Wachstum, schmierige bis schleimige, weiche Kolonien ohne Luftmyzel; Infektionen der Haut und ihrer Anhangsgebilde, Schleimhäute oder feuchter Körperbereiche, wie z.B. Hautfalten, systemische Erkrankungen und Mykosen innerer Organe, opportunistische Erreger
Schimmelpilze	In der Regel schnelles Wachstum, überwiegend kräftig gefärbte Kolonien; Infektionen der Haut und Nägel, systemische und invasive Mykosen unterschiedlicher Organe und Körperregionen überwiegend bei immunsupprimierten Individuen, Verletzungsmykosen

### **1.2.1 Dermatophyten**

Als Dermatophyten werden im allgemeinen die Arten der Gattungen *Epidermophyton* Sabour., *Microsporum* Gruby und *Trichophyton* Malmsten bezeichnet und damit Pilze, die Keratin als Substrat nutzen und charakteristische Infektionen der oberen Hautschicht, Haare und Nägel bei gesunden Menschen und Tieren verursachen können (Nolting und Fegeler 1993; de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009; Weitzman und Summerbell 1995). Entsprechend ihrer ökologischen Nische und damit nach dem primären Infektionsreservoir werden Dermatophyten in anthropophile, zoophile und geophile Arten unterteilt (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009; Weitzman und Summerbell 1995). Anthropophile Dermatophyten haben ihr Hauptverbreitungsgebiet innerhalb der menschlichen Population und werden in der Regel durch den Kontakt mit infektiösem

Material, wie Sporen, Myzelfragmenten oder kolonisierten Haut- und Nagelpartikeln weiterverbreitet (de Hoog et al. 2014; Effendy 2007; Hammer et al. 2011; Nolting und Fegeler 1987; Reiss et al. 2009; Weitzman und Summerbell 1995). Zoophile Dermatophyten finden sich bevorzugt in Tierpopulationen, wobei eine deutliche Wirtsspezifität für verschiedene Tiergruppen und -arten beobachtet werden kann (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993; Reiss et al. 2009; Weitzman und Summerbell 1995). Zoophile Dermatophyten sind überwiegend Verursacher von mykotischen Erkrankungen bei Tieren, können aber ebenso Infektionen des Menschen hervorrufen, wobei diese meistens durch eine stärkere inflammatorische Reaktion charakterisiert sind (de Hoog et al. 2014; Weitzman und Summerbell 1995). Geophile Dermatophyten sind auf Keratinhaltigen Materialien, wie Federn, Haaren, Fellresten, Hufen oder Hörnern wachsende, im Erdboden oder allgemein in der Umwelt verbreitete Organismen und werden häufig von Federn asymptomatischer Wildvögel isoliert (Mandee et al. 2011; Weitzman und Summerbell 1995). Geophile Dermatophyten verursachen selten Erkrankungen bei gesunden Menschen oder Tieren, können aber bei immunsupprimierten Personen oder bei Kontakt mit vorgeschädigten Hautbereichen ebenfalls zu Infektionen führen (Bohacz und Kornilowicz-Kowalska 2012; Chabasse et al. 1989; de Hoog et al. 2014; Otcenášek und Dvorák 1975).

### **1.2.2 Hefen**

Als Hefen werden alle pilzlichen Organismen zusammengefasst, die durch einzellige Wachstumsstadien, die Vermehrung durch knospende Zellen, Arthrokonidien oder durch Zellteilung und der Bildung von Sproßmyzel oder echten Myzelien und schleimigen, wachsigen oder weichen und überwiegend amorphen Kolonien ohne Luftmyzel charakterisiert sind (de Hoog et al. 2014; Krause und Ulbricht 2000; Reiss et al. 2009; Schwantes 1996). Hefe-artige Organismen sind eine polyphyletische Formgruppe und finden sich überwiegend in den Abteilungen Ascomycota und Basidiomycota, wobei auch einige Vertreter der Mucoromycotina unter speziellen Bedingungen Hefe-artige Entwicklungsstadien zeigen (de Hoog et al. 2014; Gauthier 2015; Nolting und Fegeler 1993; Reiss et al. 2009). Hefen können ein breites Spektrum unterschiedlicher Mykosen, von Infektionen der Haut und der Schleimhäute, der Haare und Nägel, bis hin zu systemischen Infektionen verursachen, wobei in der Regel eine gesundheitliche Beeinträchtigung des Wirtes, eine Veränderung der lokalen mikrobiellen Flora oder eine

Schädigung des befallenen Organs bzw. Körperteils vorliegt (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993; Reiss et al. 2009). Die wichtigsten Vertreter pathogener Hefen und Hefe-artiger Organismen stellen Arten der Gattungen *Candida* Berkhout, *Cryptococcus* Vuill., *Geotrichum* Link und *Trichosporon* Behrend dar, wobei weitere Arten anderer Gattungen ebenfalls als gelegentliche Erreger von Infektionen des Menschen dokumentiert sind (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993; Reiss et al. 2009).

### 1.2.3 Schimmelpilze

Als Schimmelpilze werden diejenigen Pilze bezeichnet, die durch ein überwiegend filamentöses Wachstumsstadium, einem aus Myzelgeflecht bestehendem Thallus, einer vorwiegend asexuellen Vermehrung oder der Bildung von sehr kleinen sexuellen Fortpflanzungsstadien und moderat bis rasch wachsenden Kolonien mit einem in der Regel gut ausgeprägten Luftmyzel charakterisiert sind (Nolting und Fegeler 1993; Schwantes 1996). Schimmelpilze sind saprotrophe oder zu saprotropher Lebensweise befähigte, überwiegend ubiquitär in der Umwelt verbreitete Organismen mit den meisten Vertretern innerhalb der Ascomycota und Mucoromycotina (Schwantes 1996). Schimmelpilze sind meist als opportunistische Erreger, als Verursacher von Verletzungsmykosen oder als Auslöser von allergischen Erkrankungen von medizinischer Relevanz, allerdings sind auch verschiedene Arten als pathogene Organismen und Verursacher von Erkrankungen bei sonst gesunden Menschen dokumentiert (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009). Das Spektrum der Erkrankungen erstreckt sich von lokalen, oberflächlichen Haut- und Nagelmykosen, über subkutane und invasive Erkrankungen bis zu systemischen und invasiven Mykosen unterschiedlicher Organe und Körperbereiche (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993; Reiss et al. 2009; Schwantes 1996; Seeliger und Heymer 1981). Wichtige Vertreter dieser Gruppe innerhalb der Ascomycota sind Arten der Gattungen *Acremonium* Link, *Aspergillus*, *Blastomyces* Costantin & Rolland, *Coccidioides* G.W. Stiles, *Fonsecaea* Negroni, *Fusarium* Link, *Histoplasma* Darling, *Neoscytalidium* Crous & Slippers, *Phialophora* Medlar, *Scopulariopsis* Bainier und weitere nur gelegentlich als Krankheitserreger auftretende Vertreter anderer Gattungen. Innerhalb der früher systematisch genutzten Abteilung Zygomycota sind Vertreter der Unterabteilungen Entomophthoromycotina und Mucoromycotina mit Arten der Gattungen *Conidiobolus* Bref., *Mucor* Fresen., *Rhizopus* Ehrenb. und *Lichtheimia* Vuill. von

medizinischer Bedeutung (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993; Reiss et al. 2009; Seeliger und Heymer 1981).

### 1.3 Taxonomische Gruppen humanpathogener Pilze

Entsprechend der Klassifizierung des Reiches Fungi nach Hibbett et al. (2007) werden die meisten und wichtigsten Gattungen und Arten humanpathogener Pilze taxonomisch in das Unterreich Dikarya, mit den Abteilungen Ascomycota und Basidiomycota, sowie in die separaten Unterabteilungen Mucoromycotina und Entomophthoromycotina innerhalb der Zygomycota eingeordnet (Hibbett et al. 2007; de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009). Die verschiedenen Gruppen innerhalb des Reiches Fungi werden, einer hierarchischen Gliederung der taxonomischen Klassifizierung der Lebewesen nach Linné folgend, entsprechend den Vorgaben des „International Code of Botanical Nomenclature (ICBN)“ in sieben Ränge unterteilt und mit spezifischen Endungen bezeichnet (Hibbett et al. 2007).

**Tabelle 4: Übersicht der taxonomischen Gruppen innerhalb des Reiches Fungi in absteigender Rangfolge und deren spezifische nomenklatorische Endung.**

<b>Taxonomische Gruppe</b>	<b>spezifische Endung</b>
Abteilung	-mycota
Unterabteilung	-mycotina
Klasse	-mycetes
Unterklasse	-mycetidae
Ordnung	-ales
Familie	-aceae
Gattung	--

#### 1.3.1 Zygomycota

Die Zygomycota sind eine ungültig benannte, polyphyletische Gruppe basaler Pilzarten (Hibbett et al. 2007; James et al. 2006), die durch die Bildung einer charakteristischen sexuellen Fortpflanzungsstruktur und coenocytische Hyphen charakterisiert sind (Esser 2000; Hibbett et al. 2007). Die Zygomycota wurden basierend auf phylogenetischen Analysen von Hibbett et al. (2007) in mehrere monophyletischen Gruppen entsprechende Unterabteilungen aufgelöst und beinhalten zehn Ordnungen, 27 Familien und mehr

als 1.000 beschriebene Gattungen (Hibbett et al. 2007; Kirk und Ainsworth 2011; Kwon-Chung 2012).

### **Incertae sedis, Mucoromycotina**

Die Unterabteilung beinhaltet die klassischen Vertreter der ursprünglichen Abteilung Zygomycota, Organismen die durch kaum septierte, coenocytische Hyphen, die Bildung von Konidien in Sporangien als asexuelle Verbreitungsform und durch die Verschmelzung von zwei Gametangien gebildete Zygosporen als sexuelles Stadium charakterisiert sind (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Reiss et al. 2009; Schwantes 1996). Arten der Gruppe sind coprophile und saprotrophe Organismen auf verschiedenen organischen Substraten mit einem hohen Wassergehalt, opportunistische Erreger von invasiven kutanen, subkutanen und mit den Atemwegen assoziierten Infektionen und Verursacher von Verletzungsmykosen bei großflächigen, oberflächlichen Hautverletzungen (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Reiss et al. 2009). Die Mucoromycotina beinhalten drei Ordnungen und 61 Gattungen, wobei die Vertreter der Ordnungen Mucorales und Mortieriales die wichtigsten Erreger unterschiedlicher Mykosen des Menschen innerhalb dieser Gruppe darstellen (de Hoog et al. 2014; Kirk und Ainsworth 2011; Reiss et al. 2009).

### **Incertae sedis, Entomophthoromycotina**

Die Entomophthoromycotina sind eine Gruppe verschiedener zoopathogener und saprotropher, überwiegend in tropischen Regionen verbreiteter Pilze und wurden ebenfalls als Verursacher von Mykosen am Menschen dokumentiert (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007). Arten der Gruppe sind durch einfache Konidien die durch einen aktiven Turgor-basierenden Mechanismus abgeschleudert werden und interkalar gebildete Zygosporen charakterisiert (de Hoog et al. 2014; Kwon-Chung 2012). Die Entomophthoromycotina enthalten eine Ordnung mit fünf Familien und 23 Gattungen (Kirk und Ainsworth 2011). Die wichtigsten humanpathogenen Organismen dieser Abteilung und Verursacher von opportunistischen kutanen, subkutanen und systemischen Infektionen sind Arten der Gattungen *Basidiobolus* Eidam und *Conidiobolus* Bref. (de Hoog et al. 2014).



### **1.3.2 Ascomycota**

Die Ascomycota stellen mit ca. 64.000 beschriebenen Arten und etwa 65 Prozent aller bisher bekannten Pilzarten die größte Gruppe innerhalb des Reiches Fungi dar und beinhalten die wichtigsten Vertreter humanpathogener Pilze (de Hoog et al. 2014; Kirk und Ainsworth 2011; Reiss et al. 2009). Ascomyceten sind durch zweischichtige Zellwände, septierte Hyphen oder einzellige Wachstumsstadien (Hefen) mit einfachen Poren und die Ausbildung einer sackförmigen sporogenen Zelle mit endogener Sporenbildung als sexuelles Stadium charakterisiert (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009; Schwantes 1996). Viele Vertreter der Abteilung zeigen allerdings kein sexuelles Stadium, sondern verbreiten sich vegetativ über durch Abschnürung, Knospung oder Sprossung gebildete Sporen (Konidien) (de Hoog et al. 2014; Piepenbring 2015; Reiss et al. 2009; Schwantes 1996). Innerhalb jeder der drei Unterabteilungen der Ascomycota finden sich medizinisch relevante Organismen, wobei die Pezizomycotina und die Saccharomycotina die wichtigsten und meisten Vertreter beinhalten (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009).

#### **Taphrinomycotina**

Die Taphrinomycotina stellen eine basale Linie Hefe-artiger Organismen innerhalb der Ascomycota dar und beinhalten ausschließlich in der Ordnung Pneumocystidales und in der einzigen Gattung *Pneumocystis* P. Delanoë & Delanoë verschiedene biotrophe, als opportunistisch pathogene Pilze dokumentierte Arten (Guarro et al. 1999; de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009). Die Taphrinomycotina sind in eine Klasse mit einer Ordnung, zwei Familien und acht Gattungen untergliedert (Kirk und Ainsworth 2011).

#### **Saccharomycotina**

Die Unterabteilung Saccharomycotina, die Gruppe der Echten Hefen, beinhaltet in der einzigen Ordnung Saccharomycetales, der Familie Saccharomycetaceae und der Gattung *Candida* wichtige, als pathogene Organismen und opportunistische Erreger dokumentierte Arten, wie z.B. *Candida albicans* Berkhout, *C. glabrata* (H.W. Anderson) S.A. Mey. & Yarrow und *C. tropicalis* (Castell.) Berkhout (de Hoog et al. 2014; Diezmann et al. 2004; Reiss et al. 2009). Arten dieser Gruppe sind definiert durch eine überwiegend auf Knospung basierende vegetative Vermehrung, Sprossmyzelien und

einfache, nicht in Fruchtkörpern gebildete Asci mit meist vier Ascosporen (Reiss et al. 2009) und sind taxonomisch in eine Ordnung mit 13 Familien und 95 Gattungen untergliedert (Kirk und Ainsworth 2011).

### **Pezizomycotina**

Die Pezizomycotina, die Gruppe der Echten Schlauchpilze, sind eine ökologisch und morphologisch heterogene Abteilung, einschließlich saprotropher, parasitischer und lichenisierter Vertreter und stellen innerhalb der Ascomycota mit etwa 50.000 beschriebenen Arten die größte Organismengruppe dar (Kendrick 2000; Kirk und Ainsworth 2011; Piepenbring 2015; Spatafora et al. 2007). Die Unterabteilung beinhaltet die wichtigsten und zahlreichsten humanpathogenen Pilzarten und opportunistischen Erreger (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009). Arten der Pezizomycotina sind durch filamentöses Wachstum verzweigter und septierter Hyphen mit Poren, die bei Arten verschiedener Gruppen durch Woronin Körperchen verschlossen werden können, sexuelle Stadien mit Ascomata, Asci und Ascosporen, sowie anamorphe Entwicklungsformen mit in Konidiomata oder direkt an exponierten differenzierten, generativen Zellen gebildeten Konidien charakterisiert (Piepenbring 2015; Reiss et al. 2009; Spatafora et al. 2007). Die Unterabteilung ist in neun Klassen mit 35 anerkannten Ordnungen und mehr als 90 Familien untergliedert, wobei für viele Familien und Gattungen oft keine oder nicht ausreichende DNA Sequenzdaten der entsprechenden Arten vorhanden sind, um eine gesicherte und eindeutige taxonomische Zuordnung dieser Gruppen zu ermöglichen (Kirk und Ainsworth 2011; Seifert et al. 2011; Spatafora et al. 2007).

### **Dothideomycetes**

Die Dothideomycetes sind eine diverse Gruppe überwiegend pigmentierter, filamentöser oder Hefe-artiger Ascomyceten deren teleomorphe Stadien durch bitunicate Asci charakterisiert sind (Hyde et al. 2013; Piepenbring 2015). Arten der Dothideomycetes sind saprotrophe, endophytische, epiphytische oder lichenisierte Pilze und beinhalten verschiedene als Parasiten an Pflanzen, Pilzen und Tieren, einschließlich des Menschen, dokumentierte Organismen (de Hoog et al. 2014; Hyde et al. 2013; Piepenbring 2015; Reiss et al. 2009). Arten dieser Klasse sind weltweit verbreitet und wurden in terrestrischen Habitaten, sowie in Süß- und Salzwasser nachgewiesen (Hyde et al. 2013; Pie-

penbring 2015). Die Dothideomycetes beinhalten 105 anerkannte Familien in 22 verschiedenen Ordnungen mit mehr als 1.300 beschriebenen Gattungen und wichtige medizinisch relevante Pilzarten (de Hoog et al. 2014; Hyde et al. 2013; Kirk und Ainsworth 2011).

### **Botryosphaeriales**

Die Ordnung wurde 2009 von Schoch et al. (2009) basierend auf molekularen Daten aufgestellt und beinhaltet aktuell etwa 1.600 Arten in 26 Gattungen und sechs Familien (Kirk und Ainsworth 2011; Schoch et al. 2006; Slippers et al. 2013). Arten der Ordnung sind saprotrophe oder parasitische Organismen auf verrottenden, pflanzlichen Materialien oder holzigen Pflanzen (Slippers et al. 2013). Die Art *Neoscytalidium dimidiatum* ist neben anderen rein opportunistischen Erregern der wichtigste humanpathogene Vertreter innerhalb der Botryosphaeriales (de Hoog et al. 2014; Revankar und Sutton 2010).

### **Capnodiales**

Die Ordnung Capnodiales wurde 1925 durch Woronichin eingeführt und beinhaltet verschiedene Arten saprotropher, humanpathogener, pflanzenparasitischer, lichenisierter und epiphytischer Pilze und etwa 7.200 beschriebene Arten in 150 Gattungen und acht anerkannten Familien (Crous et al. 2009b; Hyde et al. 2013; Kirk und Ainsworth 2011). Die wichtigsten Gruppen humanpathogener Vertreter innerhalb der Capnodiales sind die Cladosporiaceae mit Arten der Gattung *Cladosporium* Link als seltene opportunistische Erreger von kutanen Mykosen und die Teratosphaeriaceae mit der Gattung *Hortaea* Nishim. & Miyaji und der opportunistisch pathogenen Art *H. werneckii* (Horta) Nishim. & Miyaji als Verursacher von Tinea nigra (de Hoog et al. 2014; Revankar und Sutton 2010).

### **Dothideales**

Die Dothideales wurden 1897 durch Lindau für Isolate der Familie Dothideaceae aufgestellt und beinhalten aktuell zwei anerkannte Familien mit 57 Gattungen und etwa 350 Arten (Hyde et al. 2013; Kirk und Ainsworth 2011; Thambugala et al. 2014). Arten der Ordnung sind saprotrophe oder biotrophe Organismen und sind charakterisiert durch die

Bildung von kleinen Ascomata ohne Paraphysen und der Existenz eines anamorphen Coelomyceten- oder Hyphomyceten-Stadiums (Schoch et al. 2006). Die einzige opportunistisch pathogene Art innerhalb der Dothideales ist *Aureobasidium pullulans* (de Barry) G. Arnaud, ein ubiquitär verbreiteter, extremophiler und dimorpher Pilz der Aurobasidiaceae (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009; Thambugala et al. 2014).

### **Pleosporales**

Die Ordnung Pleosporales wurde 1955 durch Luttrell ohne eine lateinische Diagnose basierend auf der Familie Pleosporaceae und der Art *Pleospora herbarum* (Pers.) Rabenh. eingeführt (Luttrell 1955) und von Barr (1987) validiert. Die Pleosporales stellen die größte Ordnung innerhalb der Dothideomycetes dar und beinhalten derzeit 41 Familien, mehr als 330 Gattungen und etwa 4.700 Arten (Hyde et al. 2013; Kirk und Ainsworth 2011). Arten dieser Gruppe sind pigmentierte, saprotrophe, endophytische oder schwach pflanzenparasitische und opportunistische humanpathogene Pilze und sind durch schwarze, schnell wachsende, haarige und zottige Kolonien, Perithezien als Ascomata und anamorphe Stadien mit großen mehrzelligen, an Poren gebildeten Konidien charakterisiert (Reiss et al. 2009; Zhang et al. 2009). Wichtige humanpathogene Vertreter dieser Gruppe und Verursacher von Infektionen der oberen Atemwege und kutanen Infektionen vorwiegend nach traumatischen Inokulationen sind Arten der Gattungen *Alternaria* Nees, *Bipolaris* Shoemaker, *Curvularia* Boedijn und *Exserohilum* K.J. Leonard & Suggs (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009).

### **Venturiales**

Die ursprünglich den Pleosporales zugehörige Familie Venturiaceae wurde durch Zhang et al. (2011) basierend auf phylogenetischen Analysen als eigene Ordnung aufgestellt, die nun zwei Familien, 11 Gattungen und ca. 300 Arten beinhaltet (Kirk und Ainsworth 2011; Zhang et al. 2011). Arten der Venturiales sind saprotrophe oder pflanzenparasitische Organismen auf Blättern und Ästen dikotyledoner Pflanzen und sind charakterisiert durch Ascomata mit zylindrischen Ascis und zweizellige Ascosporen und verschiedene anamorphe Gattungen mit blastischer Konidiogenese (Zhang et al. 2011). Humanpathogene Vertreter und Verursacher von Infektionen bei Menschen und Tieren innerhalb dieser Ordnung sind verschiedene Arten der Familie Sympoventuriaceae und der Gat-

tung *Scolecobasidium* Abbott (Syn: *Ochroconis* de Hoog & Arx), wobei die meisten dieser Organismen opportunistische Erreger darstellen (de Hoog et al. 2014; Samerpitak et al. 2014).

### **Eurotiomycetes**

Die Klasse Eurotiomycetes ist eine Gruppe überwiegend rein filamentöser Ascomyceten, deren teleomorphe Stadien durch geschlossene Fruchtkörper charakterisiert sind und die verschiedene, wichtige und weitverbreitete Vertreter asexueller Gattungen beinhaltet (Piepenbring 2015; Reiss et al. 2009). Arten der Eurotiomycetes sind saprotrophe, lichenisierte, Mykorrhiza-bildende oder parasitische Organismen mit einer weltweiten Verbreitung, einem weiten Substratspektrum und wurden in terrestrischen und aquatischen Habitaten nachgewiesen und beinhalten verschiedene als Parasiten an Pilzen und Tieren, einschließlich des Menschen dokumentierte Arten (Battaglia et al. 2011; de Hoog et al. 2014; Piepenbring 2015; Reiss et al. 2009). Die Klasse besteht aus drei Unterklassen und enthält aktuell neun Ordnungen, 25 Familien, mehr als 280 Gattungen und ca. 3.400 Arten sowie die wichtigsten humanpathogenen Pilze (de Hoog et al. 2014; Geiser et al. 2007; Hibbett et al. 2007; Kirk und Ainsworth 2011; Piepenbring 2015; Reiss et al. 2009).

### **Chaetothyriales**

Die Ordnung Chaetothyriales wurde 1987 von Barr aufgestellt und ist eine Gruppe pigmentierter, saprotropher, parasitischer oder lichenisierter Pilze, die durch Peritheciens-artige Ascomata, bitunicate und vergängliche Asci mit Ascosporen von variabler Gestalt, sowie asexuelle Stadien mit filamentösen oder Hefe-artigen Wachstumsstadien und phialidische oder annellidische Konidiogenese charakterisiert sind (Geiser et al. 2007; Piepenbring 2015; Reiss et al. 2009). Die Chaetothyriales beinhalten etwa 200 Arten in 37 Gattungen und drei Familien sowie wichtige Vertreter der Formgruppe der „Schwarzen Hefen“, Hefe-artige, dimorphe Organismen, und verschiedene pigmentierte, anamorphe Pilzarten (Geiser et al. 2007; Kirk und Ainsworth 2011; Piepenbring 2015; Reiss et al. 2009). Wichtige humanpathogene Pilze und Verursacher von kutanen Infektionen in dieser Gruppe sind Vertreter der Herpotrichiellaceae mit Arten der Gattungen *Cladophialophora* Borelli, *Exophiala* J.W. Carmich., *Fonsecaea* Negroni, *Phia-*

*lophora* Medlar, *Ramichloridium* Stahel ex de Hoog und *Rhinocladiella* Nannf. (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009).

### **Eurotiales**

Die Ordnung Eurotiales wurde 1941 von G.W. Martin ohne eine lateinische Diagnose aufgestellt und durch Benny und Kimbrough (1980) validiert. Die Ordnung beinhaltet aktuell zwei Familien, 49 Gattungen und ca. 930 Arten (Battaglia et al. 2011; Kirk und Ainsworth 2011; Samson et al. 2014). Arten der Eurotiales sind saprotrophe, parasitische oder Mykorrhiza-bildende Organismen und durch teleomorphe Stadien mit geschlossenen Ascomata, wie Kleistothecien und Gymnothecien, kugelförmige Asci und häufig ornamentierte und scheibenförmige Ascosporen sowie verschiedene anamorphe Gattungen mit phialidischer Konidiogenese charakterisiert, wobei 80-90 Prozent der bisher bekannten Arten der Ordnung vorwiegend anamorphe Stadien ausbilden (Battaglia et al. 2011; Piepenbring 2015). Wichtige Vertreter dieser Gruppe im medizinischen Kontext sind Arten der Gattungen *Aspergillus* und *Penicillium* als Verursacher eines breiten Spektrums verschiedener opportunistischer Mykosen, Mykoallergien und Mycotoxikosen (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993; Reiss et al. 2009; Schwantes 1996).

### **Onygenales**

Die Onygenales wurden 1957 durch Ciferri ohne eine lateinische Diagnose aufgestellt und durch Benny und Kimbrough (1980) validiert. Die Ordnung beinhaltet ca. 270 Arten Cellulose und Keratin abbauender Organismen in mehr als 50 Gattungen und fünf Familien sowie die wichtigsten humanpathogenen Erreger (de Hoog et al. 2014; Kirk und Ainsworth 2011; Reiss et al. 2009; Untereiner et al. 2004). Arten der Onygenales sind charakterisiert durch Kleistothecien als Ascomata mit einzelligen Ascosporen in vergänglichen, unitunicaten Asci und anamorphe Stadien mit Aleurio- und/oder Arthrokonidien (Untereiner et al. 2004). Mitglieder der Familien Arthrodermataceae und Onygenaceae sind keratinolytische Pilze und Verursacher von kutanen Läsionen an Menschen und Tieren (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009). Bedeutende humanpathogene Organismen innerhalb der Arthrodermataceae sind die Gruppe der Dermatophyten mit Arten der Gattungen *Epidermophyton* Sabour., *Microsporum* Gruby und

*Trichophyton* Malmsten sowie Mitglieder der polyphyletischen Gattung *Chrysosporium* Corda (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009; Untereiner et al. 2004). Vertreter der Gymnoascaceae und Myxotrichiaceae stellen cellulolytische und überwiegend apathogene Arten dar (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009; Untereiner et al. 2004). Die Familie Ajellomycetaceae beinhaltet ebenfalls keine keratinolytischen Arten, allerdings verschiedene wichtige Erreger subkutaner und systemischer Mykosen, wie *Blastomyces dermatitidis* Gilchrist & W.R. Stokes, *Coccidioides immitis* G.W. Stiles, *Emmonsia parva* (C.W. Emmons & Ashburn) Cif. & Montemart., *E. crescens* C.W. Emmons & Jellison, *Histoplasma capsulatum* Darling und *Paracoccidioides brasiliensis* (Splend.) F.P. Almeida (Reiss et al. 2009; Untereiner et al. 2004).

### **Sordariomycetes**

Die Klasse Sordariomycetes ist eine der größten Gruppen innerhalb der Ascomycota und beinhaltet filamentöse Pilze deren teleomorphe Stadien durch Perithezien und in einigen Gruppen Kleistothecien als Ascomata und unitunicate Asci charakterisiert sind (Lumbsch 2000). Arten der Sordariomycetes sind saprotrophe oder parasitische Organismen mit einem weiten Substratspektrum, einer weltweiten Verbreitung und beinhalten verschiedene wichtige coprophile, phytopathogene, mykoparasitische, tier- oder humanpathogene Arten (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009; Tang et al. 2007; Zhang et al. 2006). Die Sordariomycetes beinhalten derzeit 51 Familien in 17 Ordnungen und mehr als 600 Gattungen mit etwa 3.000 beschriebenen Arten (Tang et al. 2007; Zhang et al. 2006).

### **Hypocreales**

Die Hypocreales wurden 1897 von Lindau aufgestellt und beinhalten aktuell fünf Familien und 237 Gattungen mit mehr als 2.600 Arten (Kirk und Ainsworth 2011; Rossman 1999; Rossman et al. 2013). Arten der Hypocreales sind charakterisiert durch teleomorphe Stadien häufig mit weiß, gelb, rot oder orange gefärbten Perithezien und anamorphe Formen mit phialidischer Konidiogenese (Piepenbring 2015; Reiss et al. 2009). Arten der Hypocreales sind saprotrophe, endophytische oder parasitische Organismen mit einer weltweiten Verbreitung und beinhalten wichtige pflanzenparasitische, entomopathogene oder humanpathogene Vertreter und Verursacher von kutanen und lokal invasi-

ven Mykosen und Mykotoxikosen (Antonissen et al. 2014; D’Mello et al. 1999; de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1993; Reiss et al. 2009; Seeliger und Heymer 1981). Medizinisch relevante Vertreter dieser Gruppe sind Arten der Gattungen *Acremonium*, *Fusarium* und *Trichoderma* Pers. (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009).

### **Microascales**

Die Ordnung Microascales wurde von Luttrell (1951) als nomen nudum publiziert und von Benny und Kimbrough (1980) validiert und besteht aktuell aus vier anerkannten Familien und 92 Gattungen mit ca. 400 Arten (Kirk und Ainsworth 2011; Réblová et al. 2011a). Arten innerhalb dieser Ordnung sind charakterisiert durch braune bis schwarze Perithezien oder in einigen Fällen Kleistothecien als teleomorphe Stadien mit obovoiden bis kugelförmigen und unitunicaten Asci mit acht, hellen und einzelligen Ascosporen mit ein oder zwei Keimporen und asexuellen Stadien mit blastischer und überwiegend annellidischer Konidiogenese (Arx 1975; Guarro et al. 1999; Morton und Smith 1963). Mitglieder der Microascales sind saprotrophe, coprophile oder parasitische Organismen mit einer weltweiten Verbreitung und enthalten verschiedene pflanzenparasitische oder humanpathogene Pilze (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Guarro et al. 1999; Guarro et al. 2012; Morton und Smith 1963; Reiss et al. 2009). Im medizinischen Kontext wichtige Vertreter dieser Gruppe sind Arten der Gattungen *Microascus* Zukai, *Pseudallescheria* Negroni & I. Fisch., *Scedosporium* Sacc. ex Castell. & Chalm. und *Scopulariopsis* Bainier als Verursacher von kutanen Läsionen und Onychomykosen (de Hoog et al. 2014; Guarro et al. 1999; Morton und Smith 1963; Reiss et al. 2009). Arten der Gattungen *Ceratocystis* Ellis & Halst. und *Thielaviopsis* Went sind wichtige phytopathogene Organismen (Guarro et al. 1999; Wilken et al. 2013; Zhang et al. 2006).

### **Sordariales**

Die Sordariales wurden von Chadeffaud als Ordnung aufgestellt und von Hawksworth und Eriksson (1986) validiert. Die Ordnung beinhaltet derzeit ca. 850 Arten in fünf anerkannten Familien und 97 Gattungen (Kirk und Ainsworth 2011; Huhndorf et al. 2004; Seifert et al. 2011). Arten der Sordariales sind durch typische Ascomata- und Ascien-Entwicklung, dunkel gefärbte Perithezien, unitunicate Asci mit acht meist dunkel pigmentierten Ascosporen und verschiedene anamorphe Stadien charakterisiert (Huhndorf



et al. 2004; Piepenbring 2015; Zhang et al. 2006). Arten dieser Ordnung sind saprotrophe, parasitische oder endophytische, coprophile, lignicole oder cellulolytische Organismen mit einer weltweiten Verbreitung (Huhndorf et al. 2004; Piepenbring 2015; Seifert et al. 2011; Tedersoo et al. 2009; Zhang et al. 2006). Medizinisch relevante Vertreter innerhalb der Sordariales sind Arten der Gattungen *Chaetomium* Kunze, *Chrysonilia* Arx, *Lecythophora* Nannf., *Madurella* Brumpt und *Phialemonium* W. Gams & McGinnis als Verursacher von kutanen und subkutanen Mykosen, opportunistischen Infektionen und asthmatischen Erkrankungen (de Hoog et al. 2014; Francuz et al. 2010).

### **1.3.3 Basidiomycota**

Die Basidiomycota sind die Schwestergruppe der Ascomycota innerhalb der Dikarya und mit etwa 31.000 beschriebenen Arten die zweitgrößte Gruppe innerhalb des Reichs Fungi (Hibbett et al. 2007; Kirk und Ainsworth 2011). Basidiomyceten sind charakterisiert durch septierte Hyphen mit charakteristischen Poren, dikaryotisches Myzel mit Schnallen und eine typische sporogene Zelle mit exogener Meiosporenbildung, die Basidie (Schwantes 1996). Innerhalb der Basidiomycota bilden nur wenige Arten unterschiedlicher Gattungen ein deutlich differenziertes Konidienstadium aus (Schwantes 1996). Arten der Basidiomycota sind saprotrophe, parasitische, lichenisierte oder Mykorrhiza-bildende Pilze mit einer weltweiten Verbreitung. Humanpathogene Organismen finden sich innerhalb der Basidiomycota in allen Unterabteilungen, wobei die Agaricomycotina und Ustilagomycotina die wichtigsten und meisten Vertreter beinhalten (de Hoog et al. 2014; Piepenbring 2015; Reiss et al. 2009; Schell et al. 2011).

#### **Agaricomycotina**

Die Agaricomycotina sind eine morphologisch heterogene und mit etwa 20.000 beschriebenen Arten die größte Gruppe innerhalb der Basidiomycota (Hibbett 2006; Kirk und Ainsworth 2011). Die Unterabteilung beinhaltet die klassischen Vertreter der Ständerpilze mit wichtigen Speise- und Giftpilzen, Hefe-artige und gelatinöse Fruchtkörper bildende Organismen und als Verursacher von Mykoallergien sowie kutanen oder subkutanen Mykosen dokumentierte Arten (de Hoog et al. 2014; Hibbett 2006; Piepenbring 2015). Die 1.147 Gattungen innerhalb der Agaricomycotina sind in 100 Familien, 17

Ordnungen und fünf Klassen untergliedert (Hibbett 2006; Kirk und Ainsworth 2011; Matheny et al. 2007; Zhao et al. 2008). Humanpathogene Vertreter innerhalb der Agaricomycotina und überwiegend Verursacher von opportunistischen kutanen oder subkutanen und systemischen Mykosen sind verschiedene Arten der Agaricomycetes, Tremellomycetes und Wallemiomycetes (de Hoog et al. 2014; Hibbett 2006; Zalar et al. 2005). Die Agaricomycetes beinhalten in den Ordnungen Agaricales, Hymenochaetales und Polyporales überwiegend opportunistische Erreger kutaner sowie subkutaner Infektionen und Onychomykosen, mit *Schizophyllum commune* Fr. als die wichtigste und am häufigsten dokumentierte Art (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009). Arten der Klasse Tremellomycetes sind wichtige humanpathogene Organismen und Verursacher von kutanen, subkutanen und systemischen Infektionen sowie Onychomykosen (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009). Die im medizinischen Kontext wichtigsten Arten der Klasse sind Organismen der Ordnungen Tremellales und Filobasidiales (de Hoog et al. 2014; Hibbett 2006).

### **Tremellomycetes**

Die Tremellomycetes sind eine diverse und polyphyletische Gruppe überwiegend dimorpher Pilze und Arten mit längs-septierten Basidien, Doliporen mit oder ohne sackförmigen Parenthosomen und weichen, gelatinösen Basidiomata (Millanes et al. 2011; Piepenbring 2015). Vertreter der Klasse sind saprotrophe, fungicole, fakultativ parasitische und lichenisierte Organismen sowie zoopathogene Arten, einschließlich verschiedener humanpathogener Erreger (de Hoog et al. 2014; Millanes et al. 2011; Reiss et al. 2009). Die Klasse beinhaltet derzeit 377 Arten in 50 Gattungen, 11 Familien und drei Ordnungen (Kirk und Ainsworth 2011).

### **Tremellales**

Die Ordnung Tremellales wurde von Fries (1821) aufgestellt und beinhaltet verschiedene Arten saprotropher, mykoparasitischer, lichenisierter sowie humanpathogener Pilze und 341 beschriebene Arten in neun Familien und 38 Gattungen (Kirk und Ainsworth 2011; Millanes et al. 2011; Piepenbring 2015). Wichtige humanpathogene Organismen in dieser Gruppe sind die Filobasidiaceae mit Arten der Gattung *Cryptococcus* Vuill.

und die Trichosporonaceae mit Vertretern der Gattung *Trichosporon* Behrend (de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009).

### **Pucciniomycotina**

Die Pucciniomycotina sind eine basale Gruppe innerhalb der Basidiomycota und beinhalten wichtige pflanzenparasitische, entomopathogene und mykoparasitische Organismen, sowie verschiedene saprotrophe und opportunistisch humanpathogene Vertreter wie *Tritirachium oryzae* (Vincens) de Hoog, Arten der Gattungen *Sporobolomyces* Kluver & C.B. Niel sowie *Rhodotorula* F.C. Harrison (Aime et al. 2007; Bergman und Kauffman 1984; de Hoog et al. 2014; Hazen 1995; Schell et al. 2011). Arten der Pucciniomycotina sind durch filamentöse, Hefe-artige und dimorphe Wachstums- und Entwicklungsstadien, sowie einfache Septenporen ohne Membrankappen und Mannose als Hauptzellwandbestandteil charakterisiert (Aime et al. 2007; Bauer et al. 2006). Die Gruppe beinhaltet etwa 8.000 Arten untergliedert in acht Klassen, 18 Ordnungen und 36 Familien (Aime et al. 2007; Bauer et al. 2006; Kirk und Ainsworth 2011).

### **Ustilaginomycotina**

Die Unterabteilung Ustilaginomycotina ist eine Gruppe überwiegend pflanzenparasitischer, dimorpher Organismen, häufig mit einem saprotrophen, Hefe-artigen anamorphen Entwicklungsstadium und beinhaltet ebenfalls verschiedene Vertreter opportunistischer Erreger, wie Arten der Gattungen *Malassezia* Baill. und *Tilletiopsis* Derx (Begerow et al. 2007; de Hoog et al. 2014). Arten der Ustilaginomycotina sind unter anderem durch Septenporen die auf beiden Seiten mit Membrankappen bedeckt sind und Zellwände die Glukose sowie Xylose als Hauptbestandteile enthalten charakterisiert (Begerow et al. 2007). Die Ustilaginomycotina beinhalten etwa 1.200 Arten die in drei Klassen, 11 Ordnungen, 12 Familien und 62 Gattungen untergliedert sind (Begerow et al. 2007; Kirk und Ainsworth 2011).

#### **1.4 Medizinische Mykologie in Panama und dokumentierte humanpathogene Pilze**

Während Haut- und Nagelmykosen verursachende Mikropilze in vielen Ländern relativ gut dokumentiert sind (Alvarez et al. 2004; Barua et al. 2007; Bhartiya et al. 2007; Brilhante et al. 2005; Chabasse und Pihet 2014; Chun et al. 2004; Hwang et al. 2012; Kim et al. 2013; Ngwogu und Otokunefor 2007; Maraki et al. 2007; Mügge et al. 2006; Perdomo et al. 2011a; Romano et al. 1998; Sabadin et al. 2011; Seebacher et al. 2008; Simonetti et al. 2004; Weitzman et al. 1998), liegen für Panama nur wenige Studien vor, in denen Mykosen sowohl aus medizinischer als auch mykologisch-systematischer Sicht im Detail analysiert wurden (Ajello 1954; Allen und Taplin 1974; Calero 1948; Calero und Tapia 1962; Piepenbring et al. 2007; Sifuentes-Osornio et al. 2012; Sinski und Flouras 1984; Tapia et al. 1978). Die wissenschaftlich dokumentierte Erforschung medizinisch relevanter Pilze in Panama konzentriert sich seit der Beschreibung der Art *Histoplasma capsulatum* durch Darling (1906) überwiegend auf die Dokumentation von Fallberichten oder die Untersuchung einzelner mykologischer Erkrankungen, wobei ein Großteil dieser Arbeiten auf die Untersuchung ökologischer und epidemiologischer Aspekte der Art *Histoplasma capsulatum* ausgerichtet ist und Infektionen durch andere humanpathogene Pilzarten, deren Verbreitung in der menschlichen Population und Umwelt nur durch wenige Berichte belegt sind (Tab. 5). Für den Zeitraum von 1906 bis 2012 wurden für Panama insgesamt 32 Gattungen und 42 verschiedene Arten von mit Erkrankungen des Menschen assoziierten Pilzarten nachweislich dokumentiert, hiervon wurden 23 Nachweise in wissenschaftlichen Veröffentlichungen, Tagungsbeiträgen oder öffentlichen Krankenhausberichten publiziert, während 26 weitere Arten bzw. Gattungen im Rahmen von Hochschul-Abschlussarbeiten nachgewiesen wurden (Tab. 5).

**Tabelle 5: Tabellarische Übersicht der bis einschließlich des Jahres 2012 in Panama dokumentierten humanpathogenen Pilzarten, einschließlich verschiedener von Haut- und Nagelläsionen isolierter saprotropher Organismen. Die dokumentierten Isolate wurden entsprechend dem D-H-S System angeordnet, in Ascomyceten und Basidiomyceten untergliedert und in alphabetischer Reihenfolge des Artnamens unter Nennung weiterer Daten, wie ökologische Eigenschaften, dem in der Literatur dokumentierten Krankheitsbild (de Hoog et al. 2014), der Isolationsquelle und dem Ort (Provinz) aufgelistet.**

Art	Ökologie	Krankheitsbild	Substrat	Region (Provinz)
<b>Dermatophyten</b>				
<i>Microsporum gypseum</i> (E. Bodin) Guiart & Grigoraki  Referenz: Taylor et al. (1962)	geophil, keratinolytisch	kutane Mykosen	Erde	„Kanalzone“, Panama
<i>Trichophyton interdigitale</i> Priestley [als <i>Trichophyton mentagrophytes</i> ]  Referenz: Cáceres (2005), Weisenborn (2008)	anthropophil, keratinolytisch	kutane Mykosen, Onychomykose	<i>Homo sapiens</i> (Haut, Nagel)	Chiriquí
<i>Trichophyton rubrum</i> (Castell.) Sabour.  Referenz: Allen und Taplin (1974), Cáceres (2005), Weisenborn (2008), Weisenborn et al. (2010a), Weisenborn et al. (2010b)	anthropophil, keratinolytisch	kutane Mykosen, Onychomykose	<i>Homo sapiens</i> (Haut, Nagel)	Chiriquí, Ost-Panama
<i>Trichophyton tonsurans</i> Malmsten  Referenz: Cáceres (2005)	anthropophil, keratinolytisch	Tinea capitis und andere kutane Mykosen	<i>Homo sapiens</i> (Haut, Nagel)	Chiriquí
<b>Hefen (Ascomycota)</b>				
<i>Candida acidothermophilum</i> Masuda, Kato, Takayama, Kida & Nakan. [als <i>Candida parakrusei</i> ]  Referenz: de Martín und de Talavera (1990)	saprotroph, opportunistischer Erreger	Infektionen der Schleimhäute	<i>Homo sapiens</i> (Auge)	Panama
<i>Candida albicans</i> (C.P. Robin) Berkhout  Referenz: de Martín und de Talavera (1990)	saprotroph, opportunistischer Erreger	systemische Mykosen, Mykosen der Haut und Schleimhäute, Onychomykose	<i>Homo sapiens</i> (Auge)	Panama
<i>Candida duobushaemulonii</i> E. Cendejas-Bueno et al. [als <i>Candida haemulonii</i> Typ II]  Referenz: Weisenborn (2008)	saprotroph, opportunistischer Erreger	systemische Mykosen und kutane Infektionen	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Chiriquí
<i>Candida parapsilosis</i> (Ashford) Langeron & Talice  Referenz: Weisenborn (2008)	saprotroph, opportunistischer Erreger	systemische Mykosen und kutane Infektionen	<i>Homo sapiens</i> (Nagel)	Chiriquí

Art	Ökologie	Krankheitsbild	Substrat	Region (Provinz)
<b>Candida spp.</b>	saprotroph, opportunistische Erreger	--	<i>Homo sapiens</i> (Haut, Nagel)	Chiriquí
Referenz: Cáceres (2005), Weisenborn (2008)				
<b>Kodomaea ohmeri</b> (Etchells & T.A. Bell) Y. Yamada, Tom. Suzuki, M. Matsuda & Mikata	saprotroph, opportunistischer Erreger	systemische Mykosen und kutane Infektionen	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Panama
Referenz: Toala (2010)				
<b>Hefen (Basidiomycota)</b>				
<b>Cryptococcus neoformans</b> (San Felice) Vuill.	saprotroph, humanpathogen	Cryptococcosse	Vogelkot, Erde, <i>Homo sapiens</i> (Haut, tiefere Gewebeschichten)	--
Referenz: Takos und Elton (1953), Lasso (1954), Gonzáles et al. (2012)				
<b>Malassezia sp.</b>	saprotroph, opportunistischer Erreger	Pityriasis versicolor	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Chiriquí
Referenz: Weisenborn (2008)				
<b>Trichosporon beigelii</b> (Küchenm. & Rabenh.) Vuill.	saprotroph, humanpathogen, Kommensalen bei Tieren	kutane Mykosen	Erde, <i>Homo sapiens</i> (Haut)	Panama
Referenz: Toala (2010)				
<b>Trichosporon cutaneum</b> (Berm., Gougerot & Vaucher bis) M. Ota	saprotroph, humanpathogen, Kommensalen bei Tieren	kutane Mykosen, Verursacher von „White Piedra“	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	(?), Chiriquí
Referenz: Benson (1983), Cáceres (2005)				
<b>Trichosporon mucoides</b> E. Guého & M.T. Sm.	saprotroph, humanpathogen	kutane Mykosen, Verursacher von „White Piedra“	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Chiriquí
Referenz: Weisenborn (2008)				
<b>Trichosporon sp.</b>	saprotroph, opportunistischer Erreger	--	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Chiriquí
Referenz: Weisenborn (2008)				
<b>Schimmelpilze und dimorphe Organismen (Ascomycota)</b>				
<b>Acremonium collariferum</b> Weisenb. & R. Kirschner	saprotroph, keratolytisch, opportunistischer Erreger (?)	--	<i>Homo sapiens</i> (Haut, Nagel)	Chiriquí
Referenz: Weisenborn et al. (2010b)				
<b>Acremonium sp.</b>	saprotroph, opportunistischer Erreger (?)	--	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Chiriquí
Referenz: Weisenborn (2008)				
<b>Aspergillus nidulans</b> (Eidam) G. Winter	saprotroph, opportunistischer Erreger	kutane und systemische Mykosen, Onychomykose	<i>Homo sapiens</i> (Nagel)	Chiriquí
Referenz: Weisenborn (2008)				

Art	Ökologie	Krankheitsbild	Substrat	Region (Provinz)
<i>Aspergillus spp.</i>  Referenz: Cáceres (2005), de Martín und de Talavera (1990), Weisenborn (2008)	saprotroph, opportunistische Erreger	kutane und systemische Mykosen, Onychomykose	<i>Homo sapiens</i> (Auge, Haut, Nagel)	Panama, Chiriquí
<i>Chaetomium funicola</i> Cooke  Referenz: Piepenbring et al. (2007), Weisenborn (2008)	saprotroph, opportunistischer Erreger	kutane Infektionen	<i>Homo sapiens</i> (Haut, tiefere Gewebeschichten)	Chiriquí
<i>Chrysosporium tuberculatum</i> (Kuehn) Dominik  Referenz: Carmichael (1962)	geophil, keratinolytisch	kutane Mykosen, Onychomykosen	<i>Homo sapiens</i> (Haut, Nagel)	--
<i>Colletotrichum gloeosporioides</i> (Penz.) Penz. & Sacc.  Referenz: Cáceres (2005)	saprotroph	kutane Mykosen	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Chiriquí
<i>Curvularia geniculata</i> (Tracy & Earle) Boedijn  Referenz: Cáceres (2005)	saprotroph, opportunistischer Erreger	Sinusitis oder andere Erkrankungen des Atemtrakts, Chromomykosen und andere traumatische Infektionen der Haut	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Chiriquí
<i>Curvularia pallescens</i> Boedijn  Referenz: Weisenborn (2008)	saprotroph, opportunistischer Erreger	Sinusitis oder andere Erkrankungen des Atemtrakts	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Chiriquí
<i>Exophiala salmonis</i> Carmich.  Referenz: Weisenborn (2008)	saprotroph, opportunistischer Erreger	Verursacher von Phaeohyphomykosen bei Fischen, kutane Infektionen	<i>Homo sapiens</i> (Nagel)	Chiriquí
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (Brumpt) Negróni (Syn: <i>Fonsecaea compacta</i> )  Referenz: Calero (1946; 1948), Weisenborn (2008), Pan American Health Organization (1970)	saprotroph, humanpathogen	Erreger von Chromomykosen	Erde, Pflanzenmaterial; <i>Homo sapiens</i> (Haut, tiefere Gewebeschichten)	Chiriquí, Los Santos, Herrera, Veraguas
<i>Fusarium lichenicola</i> C. Masal.  Referenz: Cáceres 2005	saprotroph, opportunistischer Erreger	kutane und systemische Mykosen, Onychomykose	<i>Homo sapiens</i> (Haut und Nagel)	Chiriquí
<i>Fusarium solani</i> (Mart.) Sacc.  Referenz: Cáceres (2005)	saprotroph, opportunistischer Erreger	kutane und systemische Mykosen, Onychomykose	<i>Homo sapiens</i> (Haut und Nagel)	Chiriquí
<i>Fusarium sp.</i>  Referenz: de Martín und de Talavera (1990)	saprotroph, opportunistischer Erreger	okulare Mykose	<i>Homo sapiens</i> (Auge)	Panama

Art	Ökologie	Krankheitsbild	Substrat	Region (Provinz)
<i>Fusarium subglutinans</i> (Wol- lenw. & Reinking) P.E. Nelson  Referenz: Cáceres (2005)	saprotroph, opportu- nistischer Erreger	kutane und systemi- sche Mykosen	<i>Homo sapiens</i> (Nagel)	Chiriquí
<i>Geotrichum candidum</i> Link  Referenz: Cáceres (2005)	saprotroph, opportu- nistischer Erreger	Besiedler des Intesti- naltraktes, Verursa- cher von kutanen, bronchialen und pulmonalen Infektio- nen	<i>Homo sapiens</i> (Nagel)	Chiriquí
<i>Histoplasma capsulatum</i> Darling  Referenzen: Abildgaard und Taylor (1962), Ajello (1954), Darling (1906), Diercks et al. (1965), Draheim et al. (1951), Gu- tierrez et al. (2005), Gutierrez et al. (2008), Hasenclever et al. (1967), Hoff und Bigler (1981), Kauffman (2007), Klite (1965), Larrabee et al. (1978), Portillo et al. (2011), Shacklette et al. (1967), Shacklette und Hasenclever (1969), Sifuentes- Osornio et al. (2012), Taylor (1962), Taylor und Shacklette (1962), Taylor et al. (1962), Toala (2010), Tucker et al. (1951)	saprotroph, humanpa- thogen	Histoplasmose (sys- temische Mykosen)	Fledermauskot, Erde, <i>Homo sapi- ens</i> , Fledermäuse, verschiedene Säuge- tiere (?)	„Kanalzone“, Panama
<i>Hortaea werneckii</i> (Horta) Nishim. & Miyaji [als <i>Clad- osporium werneckii</i> ]  Referenz: Tapia (1965), Walsh (1948)	saprotroph, opportu- nistischer Erreger, halophiler Organis- mus	Tinea nigra	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	„Kanalzone“, Panama
<i>Loboa lobo</i> (Fonseca & Leão) Cif., P.C. Azevedo, Campos & Carneiro  Referenz: Tapia et al. (1978)	humanpathogen, opportunistischer Erreger (?), bisher nicht kultiviert	Lobomykose (kutane bis subkutane Myko- sen)	<i>Homo sapiens</i> , <i>Tursiops</i> spp. (Fla- schennasen- delphine)	Chiriquí
<i>Neoscytalidium dimidiatum</i> (Penz.) Crous & Slippers [als <i>Scytalidium dimidiatum</i> ]  Referenz: Cáceres (2005)	saprotroph, human- und phytopathogen	Onychomykosen, kutane Mykosen	<i>Homo sapiens</i> (Haut, Nagel)	Chiriquí
<i>Nigrospora sphaerica</i> (Sacc.) E.W. Mason  Referenz: Cáceres (2005)	saprotroph, opportu- nistischer Erreger	kutane Mykosen	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Chiriquí
<i>Paracoccidioides brasiliensis</i> (Splend.) F.P. Almeida  Referenzen: de Martín und de López (1989), de Martín und Suárez (1989), Sifuentes-Osornio et al. (2012)	saprotroph, parasi- tisch, opportunisti- scher Erreger	Paracoccidiomykose (subkutane und sys- temische Mykosen)	Erde, <i>Homo sapiens</i>	Coclé, Veragu- as
<i>Penicillium griseofulvum</i> Dierckx Referenz: Weisenborn (2008)	saprotroph, opportu- nistischer Erreger	pulmonale Infektion	<i>Homo sapiens</i>	Chiriquí
<i>Penicillium</i> spp.  Referenzen: Cáceres (2005), Toala (2010), Weisenborn (2008)	saprotroph, opportu- nistische Erreger	kutane und systemi- sche Mykosen	<i>Homo sapiens</i> (Haut, Nagel)	Panama, Chi- riquí



Art	Ökologie	Krankheitsbild	Substrat	Region (Provinz)
<i>Pestalotiopsis</i> cf. <i>tecomicola</i> Nag Raj  Referenz: Cáceres (2005)	saprotroph, phytopathogen	--	<i>Homo sapiens</i> (Nagel)	Chiriquí
<i>Purpureocillium lilacinum</i> (Thom) Luangsa-ard, Houbra- ken, Hywel-Jones & Samson [als <i>Paecilomyces lilacinus</i> ]  Referenz: Cáceres (2005)	saprotroph, opportunistischer Erreger	kutane Mykosen, Onychomykose	<i>Homo sapiens</i> (Nagel)	Chiriquí
<i>Scopulariopsis brevicaulis</i> (Sacc.) Bainier  Referenzen: Cáceres (2005), Weisenborn (2008)	saprotroph, opportunistischer Erreger	kutane Mykosen, Onychomykose	<i>Homo sapiens</i> (Haut, Nagel)	Chiriquí
<i>Scopulariopsis koningii</i> (Oudem.) Vuill  Referenz: Weisenborn et al. 2010b	saprotroph, opportunistischer Erreger	kutane Mykosen, Onychomykose	<i>Homo sapiens</i> (Nagel)	Chiriquí
<i>Scopulariopsis</i> sp.  Referenz: Weisenborn (2008)	saprotroph, opportunistischer Erreger	--	<i>Homo sapiens</i> (Nagel)	Chiriquí
<i>Sporothrix schenckii</i> Hektoen & C.F. Perkins  Referenzen: Cáceres (2005), Calero und Tapia (1962), Pan American Health Organization (1970)	saprotroph, humanpathogen, opportunistischer Erreger	Sporotrichiose, kutane und subkutane Mykosen	feuchtes Holz, Pflanzenmaterial, <i>Homo sapiens</i> (Haut, tiefere Gewebeschichten)	Chiriquí, Veraguas
<i>Talaromyces indigoticus</i> Takada & Udagawa  Referenz: Weisenborn et al. (2010a)	saprotroph, opportunistischer Erreger, schwach keratinolytisch	--	<i>Homo sapiens</i> (Diabetiker) (Nagel)	Chiriquí
<i>Tetraploa aristata</i> Berk. & Broome  Referenz: Weisenborn (2008)	saprotroph	--	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Chiriquí
<b>Schimmelpilze (Basidiomycota)</b>				
<i>Hormographiella verticillata</i> Guarro, Gené & E. Guého  Referenz: Cáceres et al. (2006)	saprotroph, opportunistischer Erreger	kutane (?) und systemische Mykosen	<i>Homo sapiens</i> (Haut)	Chiriquí
<i>Tritirachium oryzae</i> (Vincens) de Hoog  Referenz: Cáceres (2005)	saprotroph, opportunistischer Erreger	kutane Mykosen, Onychomykose	<i>Homo sapiens</i> (Nagel)	Chiriquí

## 2 Material und Methoden

### 2.1 Proben

Die untersuchten Proben wurden in den Jahren 2009 und 2010 an zehn Orten in verschiedenen Provinzen im Westen Panamas von insgesamt 51 Personen mit klinischen Symptomen einer Haut- oder Nagelmykose gesammelt (Tab. 6). Die Probanden wurden auf der Straße bzw. im Bekanntenkreis von Studierenden angesprochen und nach Symptomen von mykologischen Erkrankungen wie Verfärbungen und Läsionen von Haut und Nägeln befragt. Bei potentiell von Pilzen verursachten Krankheitsbildern wurde mit dem Einverständnis der entsprechenden Person, Probenmaterial entnommen. Die Studienteilnehmer wurden unter Nennung der Symptomatik des Krankheitsbildes, persönlicher Daten, wie Alter, Geschlecht und weiterer Krankheiten anonymisiert unter der entsprechenden Sammelnummer aufgeführt. Die Benennung der Läsionen beruht auf den nomenklatorischen Angaben in Nolting und Fegeler (1993) sowie de Hoog et al. (2014).



Abbildung 1: Sammelorte in Panama (Details siehe Tab. 6).

(<http://babel.hathitrust.org/cgi/pt?id=pur1.32754073482774;seq=1>; ©Public Domain).

Tabelle 6: Untersuchte Personen und gesammeltes Probenmaterial.

Probennummer	Geschlecht	Alter (Jahre)	Sammelort (Wohnort)	Symptomatik	Probenmaterial	Sammeldatum
JW033P	weiblich	45	Puerto Armuelles, Chiriquí	leicht gerötete, oberflächliche Hautläsion an der linken Wade	Hautschuppen	06.09.2009

Probennummer	Geschlecht	Alter (Jahre)	Sammelort (Wohnort)	Symptomatik	Probenmaterial	Sammeldatum
JW034P	männlich	47	Puerto Armuelles, Chiriquí	dunkel gefärbte, oberflächliche Hautverfärbung (Tinea nigra) an der rechten Wade und Läsion des linken kleinen Zehennagels	Hautschuppen (Wade) und Nagelmaterial	06.09.2009
JW035P	weiblich	52	Puerto Armuelles, Chiriquí	Läsion (Onychomykose) des rechten großen Zehennagels und Tinea pedis des rechten Fußes	Hautschuppen und Nagelmaterial	06.09.2009
JW036P	weiblich	89	Puerto Armuelles, Chiriquí	Läsionen der Haut und der Zehennägel beider Füße	Hautschuppen und Nagelmaterial	06.09.2009
JW037P	weiblich	39	Puerto Armuelles, Chiriquí	Hautläsion, rechter Fuß	Hautschuppen	06.09.2009
JW038P	männlich	29	Volcán, Chiriquí	Tinea pedis beider Füße sowie totale dystrophische Onychomykose beider großer Zehennägel	Hautschuppen und Nagelmaterial	06.09.2009
JW039P	männlich	39	Bugaba, Chiriquí	Tinea pedis und Onychomykose, rechter Fuß	Haut- und Nagelmaterial	15.09.2009
JW040P	männlich	45	Bugaba, Chiriquí	Tinea pedis und Onychomykose des großen Zehennagels, rechter Fuß	Hautmaterial	15.09.2009
JW041P	männlich	65	Bugaba, Chiriquí	Tinea pedis und Onychomykose des großen Zehennagels, rechter Fuß	Haut- und Nagelmaterial	15.09.2009
JW042P	männlich	41	Bugaba, Chiriquí	Tinea pedis und Onychomykose, rechter Fuß	Haut- und Nagelmaterial	15.09.2009
JW043P	weiblich	42	Bugaba, Chiriquí	Mykose des Daumennagels, rechte Hand	Nagelmaterial	15.09.2009
JW044P	weiblich	40	Bugaba, Chiriquí	Tinea pedis, Tinea interdigitalis und Onychomykose, rechter Fuß	Haut- und Nagelmaterial	15.09.2009

Probennummer	Geschlecht	Alter (Jahre)	Sammelort (Wohnort)	Symptomatik	Probenmaterial	Sammeldatum
JW045P	männlich	47	David, Chiriquí	Tinea pedis und Onychomykose, rechter Fuß; Mykose des Daumennagels, rechte Hand	Nagelmaterial	16.09.2009
JW046P	männlich	59	David, Chiriquí	Onychomykose des großen Zehennagels, linker Fuß	Nagelmaterial	16.09.2009
JW047P	weiblich	26	David, Chiriquí	leicht gerötete, schuppige Hautläsion, rechter Unterarm	Hautmaterial	16.09.2009
JW048P	weiblich	59	David, Chiriquí	schuppig, trockene Hautläsionen des Spans (Dermatitis), beide Füße	Hautmaterial	16.09.2009
JW049P	männlich	Alter unbekannt	David, Chiriquí	Chromomykose, Rücken	Hautmaterial	08.01.2010, gesammelt durch M. Piepenbring
JW050P	männlich	45	David, Chiriquí	Onychomykose des großen Zehennagels, rechter Fuß	Nagelmaterial	17.01.2011
JW051P	männlich	25	David, Chiriquí	Tinea pedis, rechter Fuß	Hautmaterial	17.01.2011
JW052P	weiblich	48	David, Chiriquí	Onychomykose des kleinen Zehennagels, linker Fuß	Nagelmaterial	17.01.2011
JW053P	männlich	50	David, Chiriquí	Onychomykose und Tinea pedis, rechter Fuß	Hautschuppen und Nagelmaterial	17.01.2011
JW054P	weiblich	39	David, Chiriquí	Onychomykose des kleinen Zehennagels, linker Fuß	Nagelmaterial	17.01.2011
JW055P	weiblich	72	David, Chiriquí	Onychomykose des 3. Zehennagels, linker Fuß	Nagelmaterial	17.01.2011
JW056P	männlich	89	David, Chiriquí	Onychomykose des großen Zehennagels, rechter Fuß	Nagelmaterial	17.01.2011
JW057P	weiblich	87	David, Chiriquí	Onychomykose des großen Zehennagels, rechter Fuß	Nagelmaterial	17.01.2011
JW058P	männlich	43	La Villa de Los Santos, Los Santos	Dermatomykose, linker Fuß	Hautmaterial	20.01.2011
JW059P	weiblich	59	La Villa de Los Santos, Los Santos	Onychomykose des großen Zehennagels, linker Fuß	Nagelmaterial	20.01.2011

Probennummer	Geschlecht	Alter (Jahre)	Sammelort (Wohnort)	Symptomatik	Probenmaterial	Sammeldatum
JW060P	weiblich	60	Anton, Coclé	Onychomykose des Mittelfingernagels, linke Hand	Nagelmaterial	21.01.2011
JW061P	weiblich	35	Anton, Coclé	Tinea pedis und Onychomykose des großen Zehennagels, rechter Fuß	Haut- und Nagelmaterial	21.01.2011
JW062P	weiblich	55	Anton, Coclé	Tinea pedis und Nagelmykose des kleinen Zehennagels, rechter Fuß	Haut- und Nagelmaterial	21.01.2011
JW063P	weiblich	77	Anton, Coclé (Panama City, Panama)	Tinea interdigitalis und Nagelmykose des kleinen Zehennagels, linker Fuß	Hautmaterial	21.01.2011
JW064P	weiblich	27	Anton, Coclé	Onychomykose des großen Zehennagels, linker Fuß	Nagelmaterial	22.01.2011
JW065P	weiblich	30	Anton, Coclé	Oberflächliche Läsion/Verfärbung des großen Zehennagels, linker Fuß	Nagelmaterial	26.01.2011
JW066P	weiblich	79	San Felix, Chiriquí	erhabene, dunkel gefärbte, schuppige Hautveränderung (Chromomykose), Span beider Füße und unteres Schienbein	Hautmaterial	26.01.2011
JW067P	männlich	34	Puerto Armuelles, Chiriquí	Tinea pedis und Onychomykose des großen Zehennagels, rechter Fuß	Hautmaterial	26.01.2011
JW068P	männlich	60	Puerto Armuelles, Chiriquí	Onychomykose des großen und kleinen Zehennagels, rechter Fuß	Nagelmaterial	26.01.2011
JW069P	weiblich	58	Puerto Armuelles, Chiriquí	Läsionen Daumennagel, linke Hand	Nagelmaterial	26.01.2011
JW070P	männlich	40	Puerto Armuelles, Chiriquí	totale dystrophische Onychomykose des großen Zehennagels, rechter Fuß	Nagelmaterial	26.01.2011
JW071P	weiblich	80	David, Chiriquí	Onychomykose des Daumennagels, rechte Hand	Haut- und Nagelmaterial	28.01.2011

Probennummer	Geschlecht	Alter (Jahre)	Sammelort (Wohnort)	Symptomatik	Probenmaterial	Sammeldatum
JW072P	weiblich	87	Bugaba, Chiriquí	Onychomykose des großen Zehennagels, linker Fuß	Nagelmaterial	28.01.2011
JW073P	weiblich	40	Bugaba, Chiriquí	Onychomykose des zweiten Zehennagels, rechter Fuß	Nagelmaterial	28.01.2011
JW074P	weiblich	40	Bugaba, Chiriquí	Tinea pedis und Onychomykose des großen Zehennagels, rechter Fuß	Haut- und Nagelmaterial	28.01.2011
JW075P	weiblich	38	Bugaba, Chiriquí	Tinea pedis und totale dystrophische Onychomykose aller Zehennägel, rechter Fuß	Hautmaterial	28.01.2011
JW076P	männlich	41	Bugaba, Chiriquí	Tinea pedis und totale dystrophische Onychomykose beider großer Zehennägel, rechter Fuß	Nagelmaterial	28.01.2011
JW077P	weiblich	80	Bugaba, Chiriquí	Tinea pedis und distale Onychomykose des großen Zehennagels, linker Fuß	Haut- und Nagelmaterial	28.01.2011
JW078P	männlich	15	Bugaba, Chiriquí	Tinea interdigitalis, rechter Fuß	Hautmaterial	28.01.2011
JW079P	männlich	16	Bugaba, Chiriquí	Tinea interdigitalis, rechter Fuß	Hautmaterial	28.01.2011
JW080P	männlich	35	Bugaba, Chiriquí	Tinea pedis und frontale und distale Läsionen des großen Zehennagels, rechter Fuß	Hautmaterial	28.01.2011
JW081P	männlich	62	Bugaba, Chiriquí	dystrophische Onychomykose des großen Zehennagels, rechter Fuß	Nagelmaterial	28.01.2011
JW082P	weiblich	26	Bugaba, Chiriquí	Onychomykose des großen Zehennagels, rechter Fuß	Nagelmaterial	28.01.2011
JW083P	weiblich	74	Los Algarrobos, Chiriquí	Hautläsionen und klinische Veränderung der Zehennägel, linker Fuß	Haut- und Nagelmaterial	01.02.2011

### **2.1.1 Probennahme**

Die Gewinnung von Untersuchungsmaterial wurde entsprechend publizierter Empfehlungen durchgeführt (de Hoog et al. 2000; Nolting und Fegeler 1987; Seebacher und Blaschke-Hellmessen 1990; Seeliger und Heymer 1981). Die zu untersuchenden Körperbereiche wurden vor Beginn der Probenahme unter Verwendung einer Pumpsprühflasche mit 70 % Ethanol gereinigt, um eine Reduktion der bakteriellen Begleitflora sowie der Anzahl luftgetragener Pilzsporen zu erreichen. Bei Hautläsionen wurde Material, wie Schüppchen oder Krusten, möglichst vom Rand der Läsion unter Verwendung einer Pinzette entnommen. Bei Nagelläsionen wurden vor der Entnahme der Probe ältere Nagelfragmente entfernt und von der so freigelegten Fläche Material mit dem stumpfen Ende einer Skalpellklinge entnommen und unter Verwendung eines Glasstrichters und sterilen Kryoröhrchen (VWR) aufgefangen. Bei fortgeschrittenem Befall wurde überwiegend Material aus dem Bereich zwischen Hornplatte und Nagelbett entnommen. Das gesammelte Material wurde zur späteren Bearbeitung bei 8 °C aufbewahrt.



**Abbildung 2: Beispiele untersuchter Haut- und Nagelläsionen.**

## **2.2 Kultivierung**

Die für die Isolation und Vermehrung der Pilzkulturen notwendigen Arbeitsschritte wurden in einem Labor der entsprechenden Sicherheitsstufe unter Verwendung einer Sicherheitswerkbank Model S 1200 (BDK) in Frankfurt am Main durchgeführt. Für die Kultivierung der Pilze wurden Petrischalen mit Nocken in den Größen 92 × 16 mm und 60 × 15 mm verwendet. Die Inkubation der beimpften Kulturmedien erfolgte in einem Klimaschrank Model APT.Line KBW (Binder) bei 25 °C im Dunklen. Um weitere zur Bestimmung der Arten notwendige Merkmale zu erfassen, wurden in einigen Fällen hiervon abweichende Kulturbedingungen gewählt und entsprechend aufgeführt. Die Inkubation von Kulturen bei höheren Temperaturen erfolgte in separaten Wärmeschränken. Für Inkubationstemperaturen bis 40 °C wurde ein Inkubator „Heratherm“ (Ther-



moFischer) und für Temperaturen oberhalb von 40 °C ein Inkubator „Incubat“ (Melag) verwendet. Die fotografische Dokumentation der Pilzkulturen erfolgte mit einer Panasonic Lumix DMC-FZ38 und einer Nikon D5100 mit einem „AF-S Micro NIKKOR 85 mm“ Objektiv. Leichte Tonwertkorrekturen und eine Anpassung der Bildgröße der Aufnahmen wurden mit Adobe Photoshop CS Version 5.1 durchgeführt und die entsprechenden Bilder anschließend als Abbildungstafeln zusammengestellt.

### **2.2.1 Primärkulturen**

Zur Isolation der Pilze aus den Haut- und Nagelproben wurde das Material auf Nährmedium mit Cycloheximid (0,5 g/l; AppliChem) und Chloramphenicol (0,2 g/l; AppliChem) und auf Medium mit Chloramphenicol (0,2 g/l) aufgebracht und über eine Inkubationszeit von vier Wochen unter Verwendung eines Binokulares (Nikon SMZ 1000) mehrmals wöchentlich auf auswachsende Pilzelemente überprüft.

### **2.2.2 Subkulturen**

Die in den Primärkulturen ausgewachsenen Pilzzellen wurden mit einer zuvor ausgeglühten Impfnadel auf Nährmedien ohne Antibiotika übertragen. Wenn möglich wurde von jeder der in den Primärkulturen gewachsenen Kolonien eine Isolation und Subkultivierung durchgeführt.

### **2.2.3 Flüssigkulturen**

Um die Isolation von genetischem Material, insbesondere von Pilzen mit submersem Wachstum oder festen und zähen Kolonien zu erleichtern, wurden Kulturen in 50 ml Erlenmeyerkolben mit flüssigem Nährmedium angelegt. Die Kolben wurden auf einem Horizontalschüttler (Born, Model RSU-310R) bei 80 rpm und 20 °C in diffusem Tageslicht inkubiert. Von den gewachsenen Myzelien wurde nach 14 Tagen Material entnommen und für die weitere Bearbeitung in 1,5 ml Eppendorf-Röhrchen bei -20 °C aufbewahrt.

### 2.2.4 Stammkulturen

Zur Erhaltung der Pilzstämme wurden von den Isolaten Dauerkulturen in Kryoröhrchen (VWR) angelegt und bei -80 °C in einer Tiefkühltruhe (New Brunswick Scientific, Model C340-86) aufbewahrt.

### 2.2.5 Haarperforationstest nach Ajello

Einige blonde, mit Aceton entfettete Haare wurden mit sterilem, entmineralisiertem Wasser und drei Tropfen 10 % Hefeextraktlösung in eine sterile Petrischale gegeben und mit Pilzmaterial inokuliert.

Die Art der Besiedlung von Haaren kann als Merkmal bei der Differenzierung verschiedener Dermatophyten und als Nachweis für die Fähigkeit Keratin-haltige Materialien als Nährsubstrat zu nutzen verwendet werden (Ajello und Georg 1957; Salkin et al. 1985).

## 2.3 Verwendete Nährmedien

Die Angaben über die Zusammensetzung der Nährmedien stammen, soweit keine anderen Angaben vorliegen, aus de Hoog et al. (2000). Alle Angaben beziehen sich auf die Zugabe von einem Liter entmineralisiertem Wasser. Die verwendeten Substanzen wurden, soweit keine anderen Bezugsadressen angegeben wurden, von der Firma Carl Roth bezogen. Die Nährlösungen wurden in einem Autoklaven (Systec, Modell VE 55) bei 121 °C für 15 min autoklaviert. Hiervon abweichende Autoklavierparameter sowie Mengenangaben werden bei den entsprechenden Medien mit aufgeführt. Die in Petrischalen gegossenen Medien wurden bis zur Verwendung bei 8 °C im Dunklen aufbewahrt.

### Czapek Agar (CzA)

NaNO <sub>3</sub>	3 g
K <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub>	1 g
KCl	0,5 g
MgSO <sub>4</sub> • 7×H <sub>2</sub> O	0,5 g
FeSO <sub>4</sub> • 7×H <sub>2</sub> O	0,01 g
Saccharose	30 g

Agar 15 g

Standardmedium zur morphologischen Charakterisierung von Arten der Gattungen *Aspergillus* und *Penicillium* nach Pitt (1979).

#### **Sabouraud Glukose Agar (SGA)**

Glukose	40 g
Bakteriologisches Pepton (Oxoid)	10 g
Agar	15 g

Autoklaviert bei 110 °C für 10 min.

Standardmedium zur Isolation und Differenzierung von Dermatophyten. Pilzkulturen auf diesem Medium zeigen auf Grund der hohen Konzentration an Glukose ein rascheres Koloniewachstum und eine deutlichere Koloniefärbung als auf anderen Medien. Allerdings bedingt die einseitige Nährstoffzusammensetzung oft eine Degenerierung der morphologischen Strukturen und eine Reduzierung der Vitalität der kultivierten Stämme, so dass sich dieses Nährmedium nicht zur Stammerhaltung von Pilzkulturen verwenden lässt.

#### **Hafermehl Agar (OA)**

Grobe Haferflocken (handelsüblich)	40 g
Agar	15 g

Die Haferflocken wurden in einem halben Liter VE Wasser bei mittlerer Hitze für 30 min geköchelt und anschließend durch ein grobes Sieb passiert. Das resultierende Extrakt wurde mit 15 g Agar versetzt, auf einen Liter aufgefüllt und anschließend bei 110 °C für 10 min autoklaviert.

Häufig für die Kultivierung und Stammerhaltung verschiedener Pilze verwendetes Nährmedium und zusätzlich ermöglicht die breite Zusammensetzung an verschiedenen Nährstoffen ein stabiles Kulturwachstum und eine Stimulierung der Konidienbildung bei Dermatophyten (Marchionini und Götz 2014; Jessup et al. 2000).

### **Kartoffel-Glukose Agar (PDA)**

Rohe, geschälte Kartoffel (handelsüblich)	200 g
Glukose	20 g
Agar	15 g

Die Kartoffel wurde geschält, in kleine Stücke geschnitten und in einem halben Liter entmineralisiertem Wasser bei mittlerer Hitze für 60 min geköchelt und anschließend durch ein grobes Sieb gefiltert. Das resultierende Extrakt wurde mit Agar versetzt, auf einen Liter aufgefüllt und anschließend bei 110 °C für 10 min autoklaviert.

Als Standardmedium zur Kultivierung unterschiedlicher Pilzarten oder als Grundlage zur Herstellung weitere Nährmedien verwendet. Der hohe Anteil an Glukose und anderen leicht verfügbaren Kohlenhydraten ermöglicht ein rasches Wachstum und führt häufig zu einer Stimulierung der Pigmentbildung verschiedener Pilzstämmen und dient der Induzierung der charakteristischen Pigmentbildung bei *Trichophyton rubrum* (Seeliger und Heymer 1981; Tietz und Ulbricht 1999).

### **Glukose-Hefe-Pepton Agar (GYP)**

Glukose	20 g
Pepton, pflanzlichen Ursprungs (Soja)	10 g
Hefeextrakt	2 g
Agar	15 g

Dieses Nährmedium wurde zur Isolation von Pilzen aus Probenmaterial und ohne Zusatz von Agar als Flüssigmedium verwendet. Die Nährstoffzusammensetzung ermöglicht ein konstantes und rasches Wachstum und unterstützt die charakteristische Pigmentbildung bei *Trichophyton rubrum* und anderen Pilzarten.

### **Malz Agar (MEA)**

Malzextrakt (Oxoid)	20 g
Agar	15 g

Autoklaviert bei 110 °C für 10 min.

Standardmedium zur Isolation und Kultivierung verschiedener Pilze. Aufgrund der geringen Nährstoffkonzentration zeigen verschiedene Pilze auf diesem Medium oft ein

spärlicheres Koloniewachstum und eine reduzierte Konidiogenese.

### **Malz-Hefe-Pepton Agar (MYP)**

Malzextrakt	7 g
Hefeextrakt	0,5 g
Pepton, pflanzlichen Ursprungs (Soja)	1 g
Agar	15 g

Dieses Nährmedium wurde zur Kultivierung und Induzierung der Sporenbildung verschiedener Imperfekter Pilze verwendet.

### **Urease Agar nach Philot (UA)**

Glukose	5 g
Pepton	1 g
NaCl	5 g
KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub>	2 g
Agar	15 g
Phenolrot (2 % in Ethanol)	6 ml

Dieses Nährmedium dient dem Nachweis des Abbaus von Harnstoff. Dieses Charakteristikum kann innerhalb der Dermatophyten verwendet werden, um morphologisch sehr ähnliche Arten physiologisch zu unterscheiden.

### **Kryomedium nach Weisenborn**

Grobe Haferflocken (handelsüblich)	40 g
Glukose	25 ml
Glycerin	20 g

Die Haferflocken wurden in einem halben Liter entmineralisiertem Wasser bei mittlerer Hitze für 30 min geköchelt und anschließend mit einem groben Sieb gefiltert. Das resultierende Extrakt wurde mit Glukose und Glycerin vermischt, auf einen halben Liter aufgefüllt und anschließend bei 110 °C für 10 min autoklaviert.

Diese Nährlösung wurde mit Vermiculit als Trägersubstanz, zur Herstellung von Gefrierkulturen verwendet (ein ausführliches Protokoll befindet sich im Anhang).

### 2.3.1 Fertigmedien

#### **Kimmig Agar (Kimmig)**

Glukose	19 g
Pepton	15 g
NaCl	1 g
Agar	15 g
Glycerin	5 ml

Der verwendete Kimmig Agar wurde als Fertignährboden von der Firma Oxoid bezogen und den Herstellerangaben entsprechend angefertigt.

Kimmig Agar ist ein weiteres in der medizinischen Mykologie verwendetes Standardnährmedium. Pilzkolonien zeigen auf diesem Nährmedium häufig eine deutliche Färbung und ein dichtes Wachstum. Auf Grund der höheren Nährstoffkonzentrationen werden Pleomorphismus-Erscheinungen oft länger unterdrückt und das Nährmedium kann zur temporären Stammerhaltung genutzt werden.

## 2.4 Mikroskopie

### 2.4.1 Verwendete Einbettungsmedien und Färbemittel

Mikroskopische Präparate wurden überwiegend mit 5 % KOH angefertigt, bei stark sporulierenden Stämmen wurde das Präparat zuvor mit 70 % Ethanol gespült und anschließend in 5 % KOH suspendiert. Die Färbung pigmentierter Strukturen wurde in Präparaten mit Wasser als Einbettungsmittel ermittelt, da in Präparationen mit KOH oft eine Änderung der Farbe sowie der Farbintensität beobachtet werden kann. Hyaline Pilzelemente wurden überwiegend mit 1 % Phloxin-Lösung gefärbt, um eine bessere Betrachtung der morphologischen Strukturen zu ermöglichen.

#### **Lactophenol-Lösung**

Aqua dest.	20 ml
Milchsäure	20 ml
Glycerin	10 ml
kristallines Phenol	20 g

Lactophenol-Lösung dient als Einbettungsmedium zur Erstellung von Semidauerpräparaten, zudem verringert die hohe Viskosität der Lösung das Auftreten von thermodynamischen Effekten beim Mikroskopieren des Präparates. Zur Kontrastierung von Pilzelementen kann der Lösung Wasserblau als Färbemittel zugesetzt werden (Erb und Matheis 1983).

#### **Phloxin-Lösung, 1 %**

Aqua dest.	100 ml
Cyanosin	1 g

Diese Lösung dient dem Anfärben von Pilzelementen, wobei nur das Zytoplasma lebender Pilzzellen gefärbt wird (Erb und Matheis 1983).

#### **Melzers-Reagenz**

Jod	0,5 g
Kaliumjodid	1,5 g
Aqua dest.	20 ml
Chloralhydrat	20 ml

Diese Lösung dient dem Nachweis amyloider bzw. dextrinoide Pilzstrukturen (Erb und Matheis 1983).

### **2.4.2 Präparationsmethoden**

#### **Zupfpräparat**

Mit einer Impfnadel wurde etwas Material von einer Pilzkultur entnommen, in einem Tropfen Flüssigkeit suspendiert und mit einem Deckgläschen abgedeckt.

#### **Abrisspräparat**

Mit einem Streifen eines transparenten Klebebandes (Tesa<sup>®</sup>, kristallklar) wurde Pilzmaterial aus einer Kultur entnommen und auf einem Objektträger aufgebracht.

## **Semidünnschnitte**

Um den Aufbau größerer Strukturen, wie Fruchtkörper oder das Wachstum von Pilzhyphen in inokuliertem Hornmaterial zu untersuchen, wurden Semidünnschnitte von zuvor in Glutaraldehyd-fixiertem Material mit Schnittstärken von 10 µm und 15 µm angefertigt und in Lactophenol-Lösung eingebettet.

### **2.4.3 Mikroskopie von Probenmaterial**

Die Proben wurden, wenn ausreichend Material gesammelt werden konnte, mikroskopisch auf die Präsenz von pilzlichen Elementen, wie Hyphen oder Hefezellen überprüft. Hierzu wurde Probenmaterial auf einem Objektträger in 25 % KOH-Lösung mazeriert und anschließend mit einem Mikroskop bei einer Vergrößerung von 400× unter Verwendung des Phasenkontrastes betrachtet.

### **2.4.4 Lichtmikroskopie und graphische Dokumentation**

Die von den Pilzen angefertigten mikroskopischen Präparate wurden mit einem Mikroskop der Firma Nikon Model 50i Eclipse betrachtet. Von jeder als relevant betrachteten morphologischen Struktur wurden 25 unterschiedliche Messungen durchgeführt, wobei horizontal und vertikal immer die voneinander am weitesten entfernten Punkte einer Struktur gemessen wurden. Die erhaltenen Messwerte wurden als Mittelwert ± Standardabweichung angegeben, nicht im Intervall enthaltene Extremwerte wurden in Klammern mit aufgeführt. Zeichnungen der morphologischen Strukturen wurden unter Verwendung eines Okularmikrometers und eines Zeichenrasters maßstabsgerecht angefertigt, mit Tuschestiften auf Transparentpapier übertragen und anschließend digitalisiert. Fotos mikroskopischer Präparate wurden mit einer Mikroskopkamera Model Leica EC3 (Leica) aufgenommen. Die entsprechenden Dateien wurden in Photoshop CS Version 5.1 abschließend bearbeitet und als Bildtafeln zusammengestellt.

## **2.5 Rasterelektronenmikroskopie (REM)**

### **2.5.1 Probenvorbereitung**

Die Fixierung des Probenmaterials erfolgte mit 2 % Glutaraldehydlösung (Roth) in 0,1 M Cocodylat-Phosphatbuffer bei Zimmertemperatur für ein bis zwei Tage unter leicht-



tem Unterdruck in einem Exsikkator. Die fixierte Probe wurde in 0,1 M Cocodylat-Phosphatbuffer gespült und anschließend in Ethanol mit aufsteigender Konzentration (10 % bis 90 %) für jeweils 15 min gewaschen und abschließend bis zur endgültigen Trocknung in 98 % Ethanol (reinst.) im Dunklen bei 8 °C gelagert.

Entwässertes Probenmaterial wurde mit einem „Kritischen-Punkt-Trockner“ der Firma Bal-Tec Model CPD 030 oder durch die Verwendung von Silan abschließend getrocknet und mit Kohlekleber (Plano) auf Aluminium-Probenteller aufgebracht. Um Aufladungseffekte zu reduzieren, wurden die Proben zweimal für jeweils 60 Sekunden in einem „Agar Sputter Coater“ (Agar Scientific) mit Gold beschichtet.

## **2.5.2 Elektronenmikroskopie**

Die elektronenmikroskopischen Aufnahmen wurden mit einem Feld-Emissions-Kathoden Elektronenmikroskop (Hitachi, Model S 4500) bei einer Kathodenspannung von 5 kV und unter Verwendung des unteren Detektors unter technischer Leitung von Manfred Ruppel angefertigt. Die Dokumentation der Aufnahmen erfolgte mit dem integrierten digitalen Fotosystem und dem Programm Digital Image Scanning System 5 (Point Electronic, Halle).

## **2.6 Molekulare Methoden**

### **2.6.1 Verwendete Chemikalien und Lösungen**

Die Chemikalien wurden, soweit keine anderen Angaben gemacht werden, bei der Firma Carl Roth bezogen.

β-Mercaptoethanol

Chloroform-Isoamylalkohol (24:1) (Amresco)

Ethanol, vergällt (Sigma-Aldrich)

Ethanol, reinst (Chemikalienbezugsstelle, Goethe Universität)

Isopropanol (Applichem)

### **Tris-Borat-EDTA Puffer (TBE)**

TBE-Puffer wurde als Flüssigkomponente bei der Herstellung von Agarosegelen und als Elektrophoresepuffer verwendet. Angesetzt wurde der Puffer als 5-fach konzentrierte Stammlösung.

### **5× TBE, pH 8,0**

Tris	54 g
Borsäure	27,5 g
0,5 M EDTA	20 ml

Zugabe von einem halben Liter Aqua bidest., nach Lösen der Substanzen wurde der pH-Wert mit 37 % HCl auf pH 8 eingestellt und mit Aqua bidest. auf einen Liter aufgefüllt (Mülhardt 2009).

### **Tris (hydroxymethyl)-aminomethan Puffer (Tris)**

1 M Tris, pH 7,2

Tris	60,57 g
------	---------

Zugabe von 300 ml Aqua bidest., nach Lösen des Salzes wurde mit 37 % Salzsäure der pH-Wert auf 7,2 eingestellt, die Lösung mit Aqua bidest. auf einen halben Liter aufgefüllt und anschließend bei 121 °C und 1 bar autoklaviert.

Der Puffer wurde als 1 M Stammlösung angesetzt und mit einer Konzentration von 10 mM als Aufbewahrungslösung für genomische DNA verwendet.

### **Cetyltrimethylammoniumbromid Puffer (CTAB) nach Talbot**

CTAB	10 g
Tris	6,06 g
EDTA	1,46 g
NaCl	20,5 g

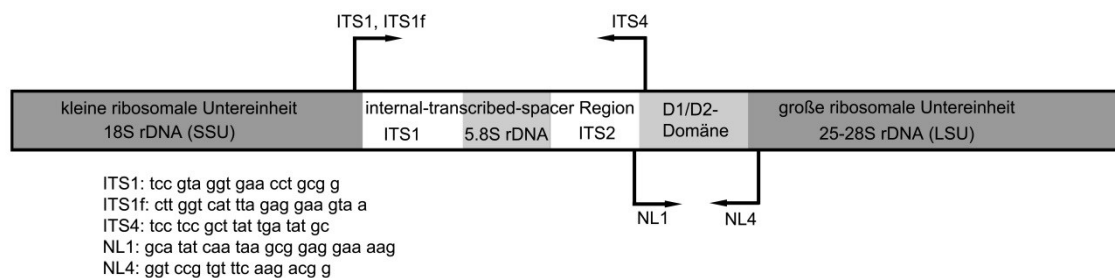
Das Gemisch wurde mit Aqua bidest. auf 500 ml aufgefüllt und bei Raumtemperatur gelagert. CTAB-Puffer wurde zur Extraktion von DNA verwendet (Talbot 2001).

## **2.6.2 DNA-Isolation**

Die Isolation von genomischer DNA erfolgte unter Verwendung eines modifizierten CTAB Protokolls. Ein Protokoll befindet sich im Anhang.

### 2.6.3 Amplifizierung (PCR) der ITS-Region und der D1/D2 Domäne

Die Amplifizierung von DNA Fragmenten der ITS-Region und der D1/D2 Domäne wurde unter Verwendung von Taq-Polymerase (Peqlab) oder KappaHifi-Polymerase (Peqlab) und der entsprechenden Protokolle und Primer in einem Thermocycler (Primus 25 advanced oder Peqstar 2x Gradient, Peqlab) durchgeführt. Eine Auflistung der genutzten Primer und PCR-Programme befindet sich im Anhang (Tab. 273-279). Erfolgreich amplifizierte DNA-Fragmente wurden unter Verwendung eines „peq-Gold Cycle Pure Kit“ (PeqLab, Deutschland) entsprechend der Herstellerangaben aufgereinigt.



**Abbildung 3: Schematische Übersicht des rDNA Operons einschließlich der Binderegionen und Sequenzabfolge der im Rahmen dieser Arbeit verwendeten Primer.**

### 2.6.4 Sequenzierung

Die Sequenzierung der amplifizierten DNA Fragmente der ITS-Region und der D1/D2 Domäne wurde als „double-read“ vom Sequenzierlabor des BiK-F Forschungsinstitut in Frankfurt am Main durchgeführt.

Die resultierenden Rohdaten wurden mit CodonCode Aligner Version 4.6 (CodonCode Corporation) aligniert und editiert. Alle Sequenzen wurden auf Alignierungsfehler und fehlinterpretierte Basenpositionen überprüft und wenn nötig manuell korrigiert. Die ermittelten Sequenzen werden im Anhang aufgeführt (Tab. 281).

### 2.6.5 PCR-fingerprinting (RAPD)

Als weiteres Merkmal zur Artabgrenzung und zur Differenzierung innerhalb der Dermatomythen wurden in PCR Reaktionen unter Verwendung der repetitiven Sequenzabfolge (GACA)<sub>4</sub> als Primer erzeugte Fragment-Polymorphismen der nrDNA genutzt (Shehata et al. 2008; Meyer und Mitchell 1995). Hierzu wurde ein ca. 1.400 bp großer Abschnitt der nrDNA bestehend aus der ITS Region und der D1/D2-Domäne der großen ribosomalen Untereinheit (LSU) unter Verwendung der Primer ITS1f und NL4 amplifiziert

und als Template verwendet. Die PCR Reaktion wurde entsprechend der aufgelisteten Parameter durchgeführt (Tab. 279). Die resultierenden DNA Fragmente wurden mit einem 1,5 % Agarosegel elektrophoretisch aufgetrennt und mit einem Gel-Doc XR+ Imaging System (Bio-Rad) dokumentiert. Als Referenzorganismen wurden Stämme der Arten *Trichophyton interdigitale* (R1: *Trichophyton interdigitale* var. *nodulare* F4c, R5: *Trichophyton interdigitale* F3d), *Trichophyton mentagrophytes* (R2: *Trichophyton mentagrophytes*, R3: *Trichophyton mentagrophytes* var. *asteroides* F3b) und *Trichophyton rubrum* (R5: *Trichophyton rubrum* var. *nigricans* F2d) verwendet. Die entsprechenden Stämme wurden freundlicherweise von Herrn Dr. H. P. Seidl (Klinikum-rechts-der-Isar, München) zur Verfügung gestellt.

### 2.6.6 Barcoding/Blast-Search

Zur Unterstützung der morphologischen Bestimmung der Pilzisolate wurden die Genbereiche des „Internal Transcribed Spacers“ (ITS) und der D1-D2 Domäne der großen ribosomalen Untereinheit (LSU) des ribosomalen Operons (nrDNA) mit Sequenzdaten aus öffentlich zugänglichen Datenbanken verglichen.

**Tabelle 7: Zur molekularen Charakterisierung genutzte Datenbanken**

Datenbank	
MycoBank	<a href="http://www.mycobank.org">www.mycobank.org</a>
ISHAM ITS Datenbank	<a href="http://its.mycologylab.org">http://its.mycologylab.org</a>
GenBank	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov">http://www.ncbi.nlm.nih.gov</a>

### 2.6.7 Analyse der Sequenzdaten

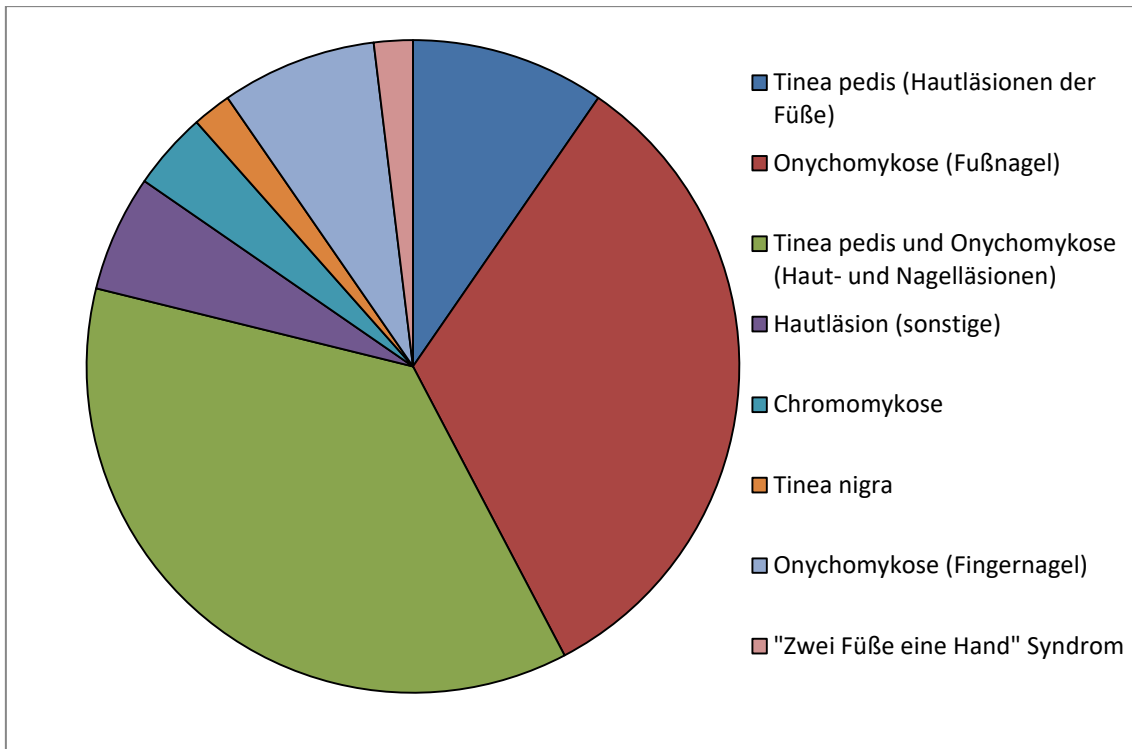
Phylogenetische Berechnungen wurden mit MEGA Version 6.06 durchgeführt (Tamura et al. 2013). Die für die Berechnungen verwendeten DNA Sequenzen wurden anhand von Blast Search Ergebnissen (Zhang et al. 2000) und systematischen Kriterien basierend auf morphologischen Merkmalen der untersuchten Isolate ausgewählt. Das Alignment der DNA-Sequenzen wurde mit MAFFT Version 7.12b unter Verwendung der „G-INS-i Strategie“ erstellt (Kato und Standley 2013) und abschließend mit Gblocks Version 0.91b bearbeitet, wobei die minimale Länge eines informativen DNA Abschnitts auf vier Basenpositionen festgelegt wurde (Castresana 2000). Eine Auflistung der aus

GenBank heruntergeladenen Sequenzen (Tab. 280) und der im Rahmen dieser Arbeit sequenzierten DNA Abschnitte (Tab. 281) befindet sich im Anhang.

### **3 Ergebnisse**

#### **3.1 Proben und isolierte Stämme**

Von den 51 an der Untersuchung beteiligten Personen wurde Probenmaterial von insgesamt 52 vermutlich durch Pilzinfektionen hervorgerufenen Läsionen bzw. klinischen Veränderungen des Haut- oder Nagelbildes gesammelt. Bei einem Großteil der untersuchten Läsionen handelte es sich um chronische, seit mehreren Jahren bestehende Veränderungen des Haut- und Nagelbildes (Abb. 2). Insgesamt wurden Proben von fünf Personen (9,6 %) mit Dermatomykosen der Füße, meist unter Beteiligung der Fußsohle sowie der Zehenzwischenräume (*Tinea pedis* und *Tinea interdigitalis*), von 21 Personen mit Onychomykosen (40,4 %), hiervon 17 (32,7 %) an Fuß- und vier (7,7 %) an Fingernägeln, von 19 Probanden mit *Tinea pedis* und einem Befall von einem oder mehreren Fußnägeln (36,5 %), von einer Person mit *Tinea pedis*, Onychomykosen der Fußnägel, einem Befall der Handfläche und des rechten Daumens („Zwei Füße eine Hand“ Syndrom) (1,9 %), von drei Personen mit oberflächlichen, trocken-schuppigen bis schuppig-wunden Hautläsionen (5,8 %) und Probenmaterial von zwei Chromomykosen (3,8 %), und einer *Tinea nigra* gesammelt (1,9 %) (Abb. 4, Tab. 8).



**Abbildung 4: Übersicht der im Rahmen dieser Studie untersuchten Läsionstypen.**

Von den 52 Proben konnten in 39 Fällen aus dem inkubierten Probenmaterial Pilzstämmen kultiviert werden, während bei 13 Proben kein Wachstum von Pilzen in Kultur beobachtet wurde (Tab. 8). Aus dem Material der 39 Probanden mit einem positiven Kultivierungsergebnis konnten insgesamt 201 Pilzstämmen isoliert und subkultiviert werden (Tab. 9). Die Organismen wurden basierend auf dem D-H-S System (Rieth) und nach morphologisch-taxonomischen Kriterien klassifiziert und entsprechend publizierter Empfehlungen und vorhandener Daten in Bezug auf die Relevanz als potentieller Erreger der untersuchten Läsion beurteilt.

**Tabelle 8: Übersicht der im Rahmen der Studie untersuchten Läsionstypen. Die Anzahl der Läsionen mit einem positiven Kultivierungsergebnis ist fett markiert.**

Lokalisation	Läsionstyp	Anzahl der untersuchten Läsionen
Hände und Füße	Dermatomykosen der Füße, einschließlich Tinea pedis und Tinea interdigitalis	5 ( <b>3</b> )
	Onychomykose (Fuß)	17 ( <b>12</b> )
	Dermatomykose der Füße und Onychomykose	19 ( <b>17</b> )
	Onychomykose (Hand)	4 ( <b>2</b> )

Lokalisation	Läsionstyp	Anzahl der untersuchten Läsionen
	Tinea pedis, Onychomykose und Dermatomykose der Handfläche („Two feet-one hand“ Syndrom)	1
sonstige Körperbereiche	Chromomykose (Wade)	1
	Chromomykose (Rücken)	1
	Tinea nigra (Wade)	1
	Hautläsion (sonstige)	3 (1)

### 3.2 Klassifizierung der Isolate nach dem D-H-S System (Rieth)

Von den 201 isolierten Pilzen wurden 50 Isolate (24,9 %) als Dermatophyten, 24 Stämme als Hefen (11,9 %) und 127 Isolate (63,2 %) als Schimmelpilze klassifiziert (Abb. 5). Von den 39 Proben mit einem positiven Kultivierungsergebnis konnten bei 19 Probanden (48,7 %) Dermatophyten im Probenmaterial nachgewiesen werden. Hiervon wurden bei 4 Probanden (21 %) nur Dermatophyten aus dem Probenmaterial isoliert, während bei 12 Probanden (58 %) neben Dermatophyten ebenfalls andere Pilzstämme kultiviert werden konnten und bei drei Probanden (21 %) wurden unterschiedliche Dermatophyten-Arten, sowie Pilzstämme weiterer Gruppen des D-H-S Systems isoliert. Bei zwei Läsionen (5,1 %) wurden aus dem inkubierten Probenmaterial nur Hefestämme kultiviert, wobei es sich hierbei einmal um die Isolation einer schwarzen Hefe, also eines dimorphen Pilzes handelte. In dem Material acht weiterer Proben (20,5 %) wurden Schimmelpilze und Hefestämme nachgewiesen und bei zehn Probanden (25,6 %) konnten aus dem Probenmaterial nur Schimmelpilze isoliert werden (Abb. 6).

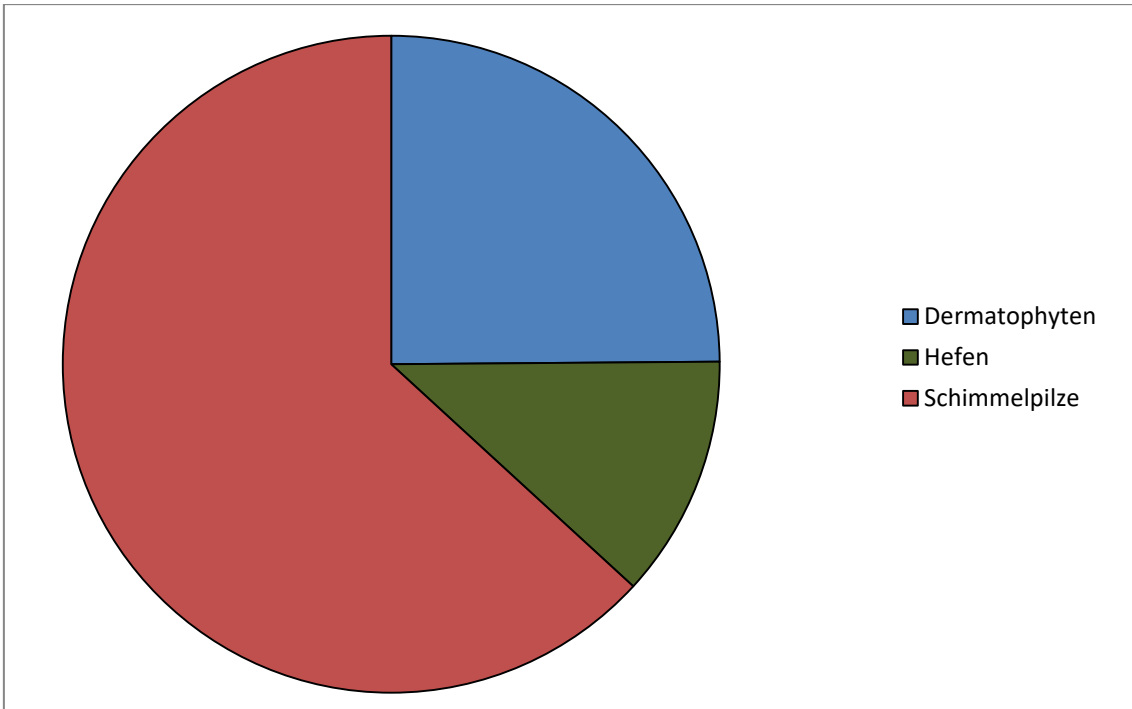


Abbildung 5: Gruppierung der Isolate basierend auf der Klassifizierung nach dem D-H-S System (Rieth).

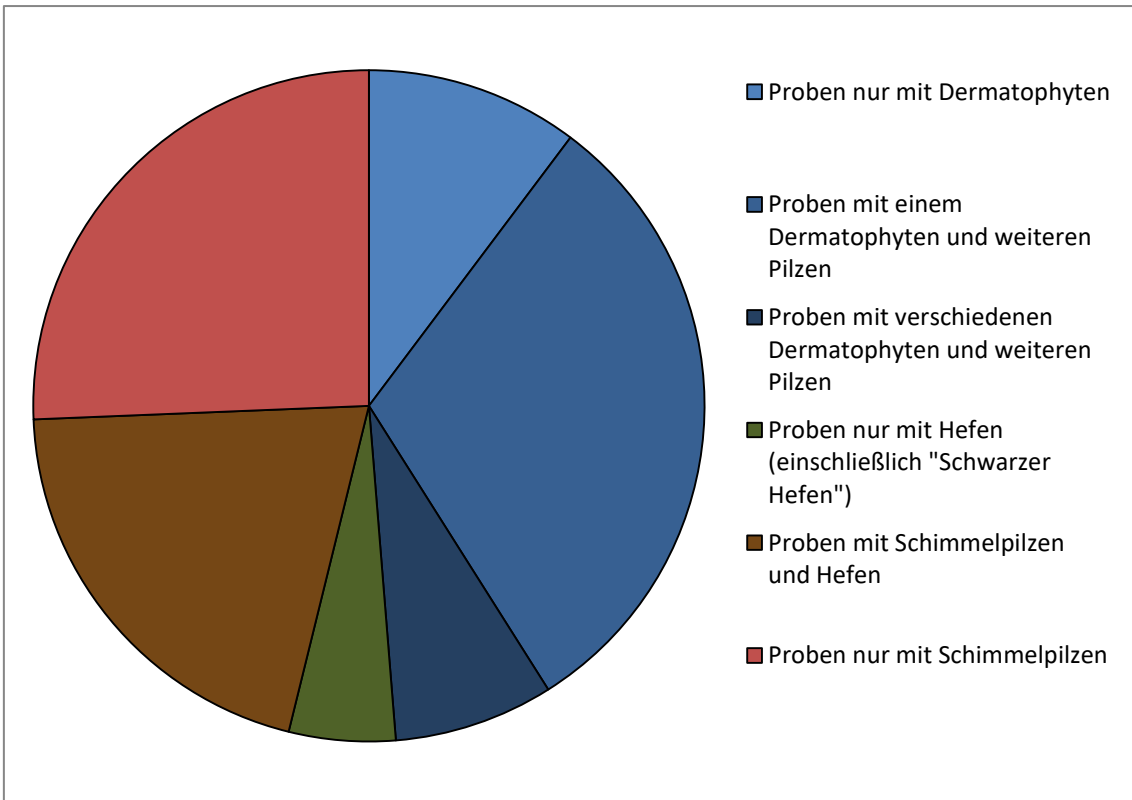


Abbildung 6: Gruppierung der Proben mit positiven Kultivierungsergebnissen in Relation zu den isolierten D-H-S Gruppen.

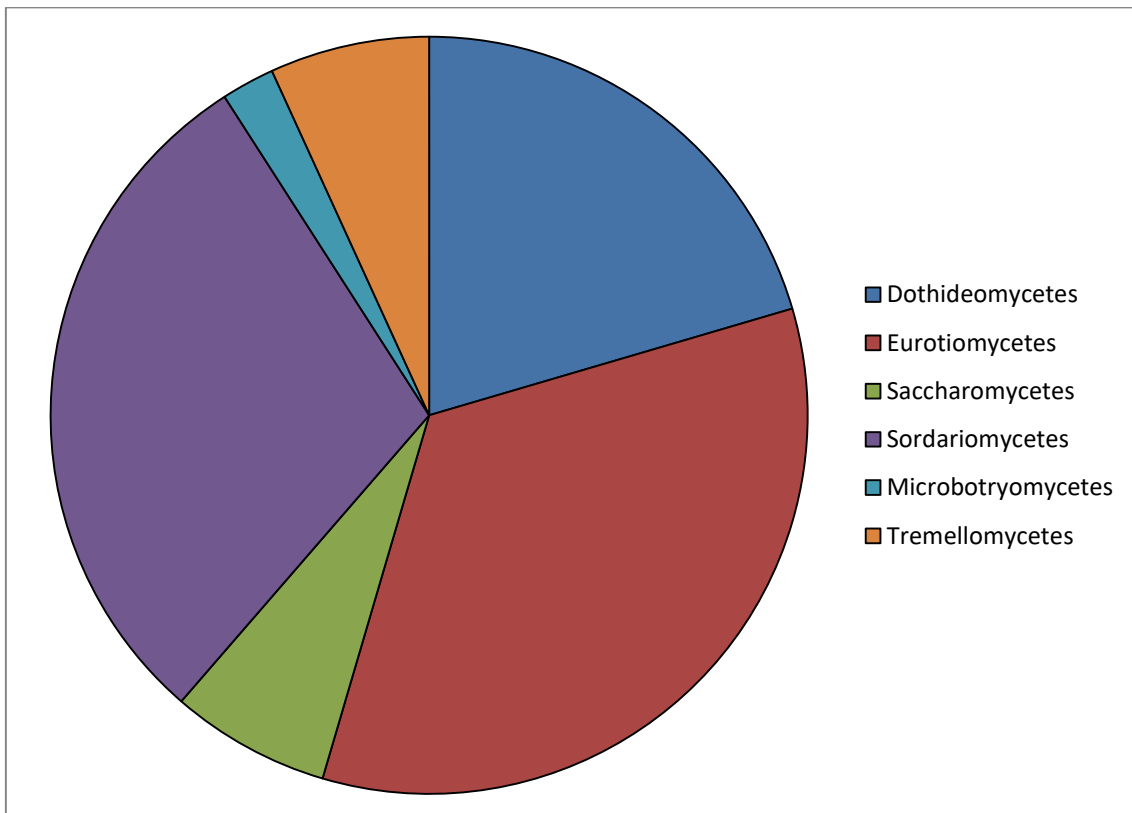


### 3.3 Taxonomische Klassifizierung

Von den 201 isolierten Stämmen wurden basierend auf morphologischen und molekularen Merkmalen (ITS und LSU nrDNA-Sequenzdaten) 172 Isolate taxonomisch klassifiziert (Tab. 10), wobei 164 Isolate der Gruppe der Ascomyceten und acht Isolate der Gruppe der Basidiomyceten zugeordnet wurden. Die als Ascomyceten klassifizierten Isolate entsprachen den Klassen Dothideomycetes (17 Isolate), Eurotiomycetes (73 Isolate), Saccharomycetes (14 Isolate) und Sordariomycetes (36 Isolate), wobei 24 Isolate als *Mycelia sterilia* innerhalb der Fungi Imperfekti klassifiziert wurden (Tab. 10). Innerhalb der Dothideomycetes konnten zwei Isolate der Ordnung Botryosphaeriales und der Gattung *Neoscytalidium* Crous & Slippers, vier Isolate der Ordnung Capnodiales und den Gattungen *Cladosporium* Link (zwei Arten und zwei Isolate) und *Hortaea* Nishim. & Miyaji (eine Art und zwei Isolate) mit jeweils zwei Isolaten, acht Isolate der Ordnung Pleosporales mit der Gattung *Curvularia* Boedijn (zwei Arten), zwei Isolate der Ordnung Venturiales und den Gattungen *Fusicladium* Bonord. (eine Art) und *Scolecobasidium* Abbott (eine Art) mit jeweils einem Isolat, zugeordnet werden. Ein mit der Gattung *Rhexothecium* Samson & Mouch. (Eremomycetaceae) assoziiertes Einzelisolat konnte innerhalb der Dothideomycetes keiner Ordnung zugeordnet werden (Incertae sedis). In der Klasse Eurotiomycetes konnten drei Isolate der Ordnung Chaetothyriales und den Gattungen *Fonsecaea* Negroni (eine Art und zwei Isolate) und *Knufia* L.J. Hutchison & Unter. (eine Art und ein Isolat), 17 Isolate der Ordnung Eurotiales und den Gattungen *Aspergillus* P. Micheli ex Haller (neun Arten und 15 Isolate) und *Penicillium* Link (eine Art und zwei Isolate), 53 Isolate der Ordnung Onygenales und den Gattungen *Trichophyton* Malmsten (zwei Arten und 50 Isolate) und *Chrysosporium* Corda (eine Art und drei Isolate) zugeordnet werden. Der Klasse Saccharomycetes mit der Gattung *Candida* Berkhout konnten insgesamt 14 Isolate und drei Arten zugeordnet werden, wobei acht Isolate nicht taxonomisch klassifiziert wurden. Innerhalb der Sordariomycetes wurden 10 Isolate in die Ordnung Hypocreales und die Gattungen *Acremonium* Link (zwei Arten und vier Isolate) und *Fusarium* Link (zwei Arten und sechs Isolate), 15 Isolate in die Ordnung Microascales sowie die Gattungen *Lophotrichus* R.K. Benj. (eine Art und zwei Isolate), *Microascus* Zokal (eine Art und zwei Isolate), *Scopulariopsis* Bainier (zwei Arten und fünf Isolate) und *Wardomyces* Udagawa & Furuya (eine Art und sechs Isolate) eingeordnet. Sechs Kulturen entsprachen der Ordnung Sordariales und vier Isolaten der Gattung *Chaetomium* Kunze ex Fr. (eine Art) sowie zwei mit der Gattung *Cryptendoxyla* Malloch & Cain assoziierten Stämmen mit

einem *Chalara*-Stadium (*Chalara* s.l.) (Tab. 10). Fünf der in die Sordariomycetes, die Familie Plectosphaerellaceae sowie die Gattungen *Verticillium* Nees (eine Art und zwei Isolate) und *Acremonium* s.l. (eine Art und drei Isolate) eingruppierten Stämme konnten keiner Ordnung zugeordnet werden (Incertae sedis). Innerhalb der Abteilung der Basidiomycota wurden sieben Isolate der Ordnung Trichosporonales und der Gattung *Trichosporon* Behrend (drei Arten) und ein Isolat der Ordnung Microbotryomycetes und der Gattung *Sporobolomyces* Kluyver & C.B. Niel zugeordnet (Tab. 10), wobei drei Stämme der Gattung *Trichosporon* nicht taxonomisch klassifiziert wurden (Tab. 10).

Die taxonomische Zugehörigkeit von neun untersuchten Stämmen (JW044p4, JW058p2, JW074p5, JW076p5, JW077p5, JW077p6, JW080p1, JW081p2, JW081p11) konnte nicht abschließend geklärt werden, diese Isolate zeigten jedoch eine morphologische und genetische Affinität zu den Gattungen *Acremonium* Link, *Cryptendoxyla* Malloch & Cain, *Fusicladium* Bonord., *Knufia* L.J. Hutchison & Unter. und *Rhexothecium* Samson & Mouch. (Tab. 9, 10; Abb. 7, 8).



**Abbildung 7: Graphische Darstellung der isolierten Klassen und die Anzahl der isolierten Arten pro Klasse. Dothideomycetes (9 Arten), Eurotiomycetes (15 Arten), Saccharomycetes (3 Arten), Sordariomycetes (13 Arten), Microbotryomycetes (1 Art), Tremellomycetes (3 Arten).**

**Tabelle 9: Übersicht der im Rahmen der Studie pro Proband isolierten Pilzstämme und deren vorläufige Klassifizierung basierend auf morphologischen Merkmalen und der Analyse von nrDNA Sequenzdaten.**

<b>Sammelnummer bzw. Stammnummer</b>	<b>Morphologische Klassifizierung</b>	<b>Molekulare Klassifizierung (Blast-Search)</b>	<b>nrDNA- Sequenz</b>	<b>Krankheitsbild/ Substrat</b>
<b>JW033P</b>				<b>Hautläsion</b>
keine Kultur				Haut
<b>JW034P</b>				<b>Tinea nigra und Onychomykose</b>
JW034p.1	<i>Microascus cinereus</i>	<i>M. cirrosus/M. cinereus</i>	ITS, LSU	Nagel
JW034p.2	<i>Trichosporon</i> sp.	<i>T. japonicum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW034p.3	<i>Hortaea werneckii</i>	--	--	Haut
JW034p.4	<i>H. werneckii</i>	<i>H. werneckii</i>	LSU	Haut
<b>JW035P</b>				<b>Onychomykose und Tinea pedis</b>
JW035p.1	<i>Scopulariopsis carbonaria</i>	<i>Yunnania penicillata / S. carbonaria / S. chartarum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW035p.2	<i>Trichophyton rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW035p.3	Mycelium sterillum	--	--	Nagel
<b>JW036P</b>				<b>Haut- und Nagelläsion der Füße</b>
JW036p.1	<i>Aspergillus flavus</i>	<i>Aspergillus</i> Sektion Flavi	ITS, LSU	Nagel
JW036p.2	<i>Fusarium</i> sp.	<i>Fusarium solani</i> Komplex	LSU	Nagel
JW036p.3	Mycelium sterillum	<i>Daldinia</i> sp.	ITS, LSU	Nagel
JW036p.4	Mycelium sterillum	--	--	Nagel
<b>JW037P</b>				<b>Hautläsion (Fuß)</b>
JW037p.1	<i>Wardomyopsis litoralis</i>	<i>W. litoralis</i>	ITS, LSU	Haut
JW037p.2	Mycelium sterillum	--	--	Haut
JW037p.3	<i>W. litoralis</i>	<i>W. litoralis</i>	ITS, LSU	Haut
JW037p.4	<i>W. litoralis</i>	--	--	Haut
<b>JW038P</b>				<b>Onychomykose und Tinea pedis</b>
keine Kultur				Haut

Sammelnummer bzw. Stammnummer	Morphologische Klassifizierung	Molekulare Klassifizierung (Blast-Search)	nrDNA-Sequenz	Krankheitsbild/ Substrat
<b>JW039P</b>				<b>Onychomykose und Tinea pedis</b>
JW039p.1	<i>Scopulariopsis carbonaria</i>	<i>Yunnania penicillata</i> / <i>S. carbonaria</i> / <i>S. chartarum</i>	LSU	Nagel
JW039p.2	<i>Trichophyton rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW039p.3	<i>Chaetomium globosum</i>	--	--	Nagel
JW039p.4	<i>C. globosum</i>	<i>C. globosum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW039p.5	<i>Scopulariopsis carbonaria</i>	<i>Yunnania penicillata</i> / <i>S. carbonaria</i> / <i>S. chartarum</i>	ITS	Nagel
JW039p.6	Mycelium steriliun	--	--	Nagel
JW039p.7	<i>C. globosum</i>	--	--	Nagel
JW039p.8	<i>Candida</i> sp.	--	--	Nagel
<b>JW040P</b>				<b>Onychomykose und Tinea pedis</b>
JW040p.1	<i>Trichophyton rubrum</i>	--	--	Haut
JW040p.2	<i>Wardomycesopsis litoralis</i>	--	--	Haut
<b>JW041P</b>				<b>Onychomykose und Tinea pedis</b>
JW041p.1	<i>Trichophyton rubrum</i>	--	--	Haut
JW041p.2	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW041p.3	<i>Trichosporon</i> sp.	--	--	Haut
JW041p.4	Mycelium steriliun	--	--	Nagel
JW041p.5	<i>Trichosporon</i> sp.	--	--	Nagel
JW041p.6	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW041p.7	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS	Nagel
JW041p.8	<i>Acronium collariferum</i>	--	--	Nagel
JW041p.9	<i>Trichosporon</i> sp.	--	--	Nagel
JW041p.10	<i>A. collariferum</i>	<i>A. collariferum</i>	LSU	Nagel
JW041p.11	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW041p.12	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW041p.13	<i>Trichosporon</i> sp.	--	--	Nagel
JW041p.14	<i>Sporobolomyces</i> sp.	--	--	Nagel

Sammelnummer bzw. Stammnummer	Morphologische Klassifizierung	Molekulare Klassifizierung (Blast-Search)	nrDNA-Sequenz	Krankheitsbild/ Substrat
JW041p.15	<i>Trichosporon</i> sp.	--	--	Nagel
JW041p.16	<i>Candida</i> sp.	--	--	Nagel
JW041p.17	<i>A. collariferum</i>	<i>A. collariferum</i>	LSU	Nagel
<b>JW042P</b>				<b>Onychomykose und Hautläsion</b>
JW042p.1	<i>Scopulariopsis</i> cf. <i>carbonaria</i>	<i>Yunnania penicillata</i> / <i>S. carbonaria</i> / <i>S. chartarum</i>	LSU	Nagel
JW042p.2	<i>Candida</i> sp.	--	--	Nagel
JW042p.3	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW042p.4	<i>Aspergillus ochraceus</i>	--	--	Nagel
<b>JW043P</b>				<b>Onychomykose</b>
keine Kultur				Nagel
<b>JW044P</b>				<b>Onychomykose und Tinea pedis</b>
JW044p.1	<i>Trichophyton rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW044p.2	<i>Chrysosporium tuberculatum</i>	<i>Arthroderma tuberculatum</i> (Syn.)	ITS, LSU	Nagel
JW044p.3	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW044p.4	aff. <i>Fusicladium</i>	<i>Venturia</i> spp. / <i>Fusicladium</i> spp.	ITS, LSU	Nagel
JW044p.5	<i>C. tuberculatum</i>	<i>A. tuberculatum</i> (Syn. <i>C. tuberculatum</i> )	ITS, LSU	Nagel
JW044p.6	<i>C. tuberculatum</i>	<i>A. tuberculatum</i> (Syn. <i>C. tuberculatum</i> )	ITS, LSU	Nagel
<b>JW045P</b>				<b>Tinea pedis und Onychomykose; Mykose des Daumennagels</b>
JW045p.1	<i>Aspergillus</i> Sektion <i>Nigri</i>	<i>A. awamori</i>	ITS	Nagel
JW045p.2	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW045p.3	<i>Candida</i> sp.	--	--	Nagel
<b>JW046P</b>				<b>Onychomykose</b>
keine Kultur				Nagel
<b>JW047P</b>				<b>Hautläsion (Unterarm)</b>
keine Kultur				Haut

Sammelnummer bzw. Stammnummer	Morphologische Klassifizierung	Molekulare Klassifizierung (Blast-Search)	nrDNA-Sequenz	Krankheitsbild/ Substrat
<b>JW048P</b>				<b>Hautläsion (Dermatitis)</b>
JW048p.1	Mycelium sterillum (braun)	unbestimmter Pilz (Xylariaceae, Xylariales)	ITS, LSU	Haut
JW048p.2	<i>Candida</i> sp.	<i>Candida duobushaemulonii</i>	ITS, LSU	Haut
JW048p.3	<i>Candida</i> sp.	<i>Candida duobushaemulonii</i>	ITS, LSU	Haut
<b>JW049P</b>				<b>Chromoblastomykose</b>
JW049p.1	<i>Fonsecaea pedrosoi</i>	<i>F. pedrosoi</i>	ITS	Haut
JW049p.2	<i>F. pedrosoi</i>	--	--	Haut
<b>JW050P</b>				<b>Onychomykose</b>
JW050p.1	<i>Fusarium</i> cf. <i>solani</i>	--	--	Nagel
JW050p.2	<i>Fusarium</i> cf. <i>solani</i>	<i>Fusarium solani</i> Komplex	LSU	Nagel
JW050p.3	<i>Scolecobasidium</i> sp.	<i>Scolecobasidium</i> sp.	ITS, LSU	Nagel
JW050p.4	<i>Wardomyopsis litoralis</i>	verschiedene Gattungen der Microascaceae	ITS (partiell), LSU	Nagel
<b>JW051P</b>				<b>Tinea pedis</b>
JW051p.1	Mycelium sterillum (braun)	--	--	Haut
JW051p.2	<i>Candida</i> sp.	--	--	Haut
JW051p.3	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Haut
JW051p.4	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Haut
JW051p.5	Mycelium sterillum (weiß)	--	--	Haut
JW051p.6	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Haut
<b>JW052P</b>				<b>Onychomykose</b>
	keine Kultur			Nagel
<b>JW053P</b>				<b>Onychomykose und Tinea pedis</b>
	keine Kultur			Nagel
<b>JW054P</b>				<b>Onychomykose</b>
	keine Kultur			Nagel
<b>JW055P</b>				<b>Onychomykose</b>
JW055p.1	Mycelium sterillum (weiß)	--	--	Nagel

Sammelnummer bzw. Stammnummer	Morphologische Klassifizierung	Molekulare Klassifizierung (Blast-Search)	nrDNA-Sequenz	Krankheitsbild/ Substrat
JW055p.2	<i>Curvularia</i> cf. <i>lunata</i>	--	--	Nagel
JW055p.3	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW055p.4	<i>Wardomyces</i> <i>litoralis</i>	verschiedene Gattungen der Microascaceae	LSU	Nagel
<b>JW056P</b>				<b>Onychomykose</b>
JW056p.1	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW056p.2	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW056p.3	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW056p.4	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
<b>JW057P</b>				<b>Onychomykose</b>
JW057p.1	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW057p.2	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
<b>JW058P</b>				<b>Dermatomykose</b>
JW058p.1	<i>Aspergillus flavus</i>	--	--	Haut
JW058p.2	cf. <i>Rhexothecium</i> sp.	<i>Arthrographis</i> spp.	ITS	Haut
JW058p.3	<i>Neoscytalidium dimidiatum</i>	--	--	Haut
JW058p.4	<i>Aspergillus</i> cf. <i>flavus</i>	--	--	Haut
JW058p.5	<i>Aspergillus niger</i> - Komplex	<i>Aspergillus</i> Sektion Nigri	ITS	Haut
<b>JW059P</b>				<b>Onychomykose</b>
JW059p.1	<i>Aspergillus giganteus</i>	<i>Aspergillus clavatus</i> - Komplex	LSU	Nagel
JW059p.2	<i>Trichosporon</i> sp.	<i>T. asahii</i>	ITS, LSU	Nagel
<b>JW060P</b>				<b>Nagelläsion des Mittelfingernagels</b>
keine Kultur				Nagel
<b>JW061P</b>				<b>Onychomykose und Tinea pedis</b>
JW061p.1	<i>Aspergillus flavus</i>	<i>Aspergillus</i> Sektion Flavi	ITS	Nagel
JW061p.2	Mycelium sterilium	--	--	Nagel
JW061p.3	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Haut
JW061p.4	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW061p.5	<i>Curvularia lunata</i>	--	--	Nagel
JW061p.6	<i>C. lunata</i>	--	--	Nagel

Sammelnummer bzw. Stammnummer	Morphologische Klassifizierung	Molekulare Klassifizierung (Blast-Search)	nrDNA- Sequenz	Krankheitsbild/ Substrat
JW061p.7	Mycelium sterillum	--	--	Haut
JW061p.8	Mycelium sterillum	--	--	Nagel
JW061p.9	<i>Aspergillus niger</i> Komplex	--	--	Haut
JW061p.10	<i>Neoscytalidium</i> <i>dimidiatum</i>	<i>N. dimidiatum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW061p.11	<i>T. rubrum</i>	--		Nagel
JW061p.12	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	LSU	Nagel
<b>JW062P</b>				<b>Tinea pedis und Onychomykose</b>
JW062p.1	Mycelium sterillum	--	--	Nagel
JW062p.2	<i>Curvularia lunata</i>	--	--	Nagel
JW062p.3	<i>C. lunata</i>	--	--	Nagel
JW062p.4	<i>Trichophyton</i> <i>rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	LSU	Nagel
JW062p.5	Mycelium sterillum	--	--	Nagel
JW062p.6	<i>Verticillium</i> <i>epiphytum</i>	<i>Verticillium</i> spp.	ITS, LSU	Nagel
JW062p.7	<i>Verticillium</i> <i>epiphytum</i>	--	--	Nagel
JW062p.8	<i>Trichophyton</i> <i>interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS	Haut
JW062p.9	<i>C. lunata</i>	<i>C. lunata</i>	ITS, LSU	Nagel
JW062p.10	Hyphomycet	--	--	Haut
JW062p.11	<i>Curvularia</i> <i>geniculata</i>	<i>C. geniculata</i>	ITS	Nagel
JW062p.12	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS	Haut
JW062p.13	<i>T. rubrum</i>	--	--	Haut
JW062p.14	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Haut
<b>JW063P</b>				<b>Onychomykose und Tinea pedis</b>
JW063p.1	<i>Candida</i> sp.	--	--	Haut
JW063p.2	<i>Aspergillus</i> cf. <i>versicolor</i>	<i>A. versicolor</i>	ITS	Haut
JW063p.3	Hyphomycet	--	--	Haut
JW063p.4	<i>Trichophyton</i> <i>interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
JW063p.5	<i>T. interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
JW063p.6	<i>T. interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
JW063p.7	<i>T. interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS	Haut



Sammelnummer bzw. Stammnummer	Morphologische Klassifizierung	Molekulare Klassifizierung (Blast-Search)	nrDNA-Sequenz	Krankheitsbild/ Substrat
<b>JW064P</b>				<b>Onychomykose</b>
JW064p.1	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS	Nagel
<b>JW065P</b>				<b>Nagelläsion</b>
	keine Kultur			Nagel
<b>JW066P</b>				<b>Chromomykose</b>
JW066p.1	<i>Curvularia</i> cf. <i>lunata</i>	--	--	Haut
JW066p.2	<i>Aspergillus clavatus</i>	--	--	Haut
JW066p.3	<i>Cladosporium tenuissimum</i>	<i>Cladosporium</i> spp.	ITS, LSU	Haut
JW066p.4	<i>A. clavatus</i>	<i>Aspergillus clavatus</i> Komplex	ITS	Haut
<b>JW067P</b>				<b>Tinea pedis und Onychomykose</b>
JW067p.1	<i>Trichophyton rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS	Haut
JW067p.2	<i>Trichophyton interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
JW067p.3	<i>T. interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS	Haut
JW067p.4	<i>T. interdigitale</i>	--	--	Haut
JW067p.5	<i>Cladosporium</i> cf. <i>sphaerospermum</i>	<i>Cladosporium</i> spp.	ITS, LSU	Haut
JW067p.6	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Haut
JW067p.7	<i>T. interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
JW067p.8	<i>T. interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
JW067p.9	Mycelium steriliun	--	--	Haut
JW067p.10	Hyphomycet	--	--	Haut
<b>JW068P</b>				<b>Onychomykose</b>
	keine Kultur			Nagel
<b>JW069P</b>				<b>Onychomykose (Daumen)</b>
JW069p.1	<i>Aspergillus clavatus</i>	--	--	Nagel
JW069p.2	<i>Penicillium</i> cf. <i>commune</i>	--	--	Nagel
<b>JW070P</b>				<b>Onychomykose</b>
JW070p.1	<i>Chaetomium globosum</i>	<i>C. globosum</i>	ITS	Nagel
JW070p.2	<i>C. globosum</i>	--	--	Nagel

Sammelnummer bzw. Stammnummer	Morphologische Klassifizierung	Molekulare Klassifizierung (Blast-Search)	nrDNA-Sequenz	Krankheitsbild/ Substrat
JW070p.3	<i>Trichophyton rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
JW070p.4	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS	Nagel
JW070p.5	Hyphomycet	--	--	Nagel
<b>JW071P</b>				<b>Onychomykose und Befall des Nagelbettes (Daumen)</b>
JW071p.1	Mycelium sterillum	--	--	Nagel
JW071p.2	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW071p.3	<i>Penicillium cf. commune</i>	--	--	Nagel
JW071p.4	Hyphomycet	--	--	Haut
JW071p.5	<i>Fusarium cf. oxysporum</i>	<i>Fusarium spp.</i>	ITS, LSU	Haut
JW071p.6	Hyphomycet	--	--	
JW071p.7	<i>Candida sp.</i>	<i>Candida albicans</i>	ITS, LSU	Haut
JW071p.8	Hyphomycet	--	--	Haut
JW071p.9	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW071p.10	<i>Fusarium cf. oxysporum</i>	<i>Fusarium spp.</i>	ITS	Nagel
JW071p.11	Hyphomycet	--	--	Nagel
<b>JW072P</b>				<b>Onychomykose</b>
JW072p.1	Hyphomycet (Kultur abgestorben)	--	--	Nagel
<b>JW073P</b>				<b>Onychomykose</b>
JW073p.1	<i>Candida sp.</i>	<i>Candida duobushaemulonii</i>	ITS, LSU	Nagel
JW073p.2	<i>Fusarium sp.</i>	<i>Fusarium spp.</i>	LSU	Nagel
JW073p.3	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW073p.4	Mycelium sterillum	unbestimmter Pilz (Capnodiales, Cladosporiaceae)	ITS	Nagel
<b>JW074P</b>				<b>Onychomykose und Tinea pedis</b>
JW074p.1	<i>Scopulariopsis cf. croci</i>	<i>Scopulariopsis spp.</i>	LSU	Nagel
JW074p.2	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW074p.3	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW074p.4	<i>Trichophyton rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS	Nagel

Sammelnummer bzw. Stammnummer	Morphologische Klassifizierung	Molekulare Klassifizierung (Blast-Search)	nrDNA-Sequenz	Krankheitsbild/ Substrat
JW074p.5	aff. <i>Chalara</i>	aff. <i>Cryptendoxyla hypophloia</i>	ITS, LSU	Nagel
JW074p.6	<i>Aspergillus</i> sp.	<i>Aspergillus versicolor</i>	ITS	Nagel
JW074p.7	<i>T. rubrum</i>	<i>T. rubrum</i>	ITS, LSU	Nagel
<b>JW075P</b>				<b>Tinea pedis und Onychomykose</b>
JW075p.1	<i>Trichophyton interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
JW075p.2	<i>T. interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
JW075p.3	<i>T. interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
JW075p.4	<i>T. interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
JW075p.5	<i>T. interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
JW075p.6	<i>T. interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Haut
<b>JW076P</b>				<b>Haut- und Nagelläsionen</b>
JW076p.1	<i>Microascus cinereus</i>	--	--	Nagel
JW076p.2	<i>Candida</i> sp.	<i>Candida duobushaemulonii</i>	ITS, LSU	Nagel
JW076p.3	<i>Lophotrichus bartlettii</i>	<i>Lophotrichus</i> sp.	LSU	Nagel
JW076p.4	<i>Candida</i> sp.	<i>Candida tropicalis</i>	ITS, LSU	Nagel
JW076p.5	<i>Phialophora</i> -artig	aff. <i>Cryptendoxyla hypophloia</i>	ITS, LSU	Nagel
JW076p.6	<i>L. bartlettii</i>	<i>Lophotrichus</i> sp.	LSU	Nagel
<b>JW077P</b>				<b>Haut- und Nagelläsionen</b>
JW077p.1	<i>Trichosporon</i> sp.	<i>Trichosporon asahii</i>	ITS, LSU	Haut
JW077p.2	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW077p.3	Hyphomycet	--	--	Haut
JW077p.4	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW077p.5	<i>Acremonium</i> sp.	<i>Acremonium</i> spp.	ITS	Nagel
JW077p.6	<i>Acremonium</i> sp.	<i>Acremonium</i> spp.	ITS, LSU	Nagel
<b>JW078P</b>				<b>Tinea interdigitalis, rechter Fuß</b>
keine Kultur				Haut
<b>JW079P</b>				<b>Tinea interdigitalis, rechter Fuß</b>
keine Kultur				Haut

Sammelnummer bzw. Stammnummer	Morphologische Klassifizierung	Molekulare Klassifizierung (Blast-Search)	nrDNA- Sequenz	Krankheitsbild/ Substrat
<b>JW080P</b>				<b>Hautläsionen und Onychomykose</b>
JW080p.1	cf. <i>Knufia</i> sp.	Chaetothyriales, Herpotrichiellaceae	ITS, LSU	Nagel
JW080p.2	Hyphomycet	--	--	Haut
JW080p.3	<i>Aspergillus</i> sp.	--	--	Nagel
JW080p.4	Hyphomycet	--	--	Haut
JW080p.5	Hyphomycet	--	--	Haut
<b>JW081P</b>				<b>Onychomykose</b>
JW081p.1	Hyphomycet	--	--	Nagel
JW081p.2	<i>Acremonium</i> sp.	<i>Acremonium</i> spp.	ITS, LSU	Nagel
JW081p.3	<i>Trichophyton rubrum</i>	--	--	Nagel
JW081p.4	<i>Trichophyton interdigitale</i>	<i>T. interdigitale</i>	ITS, LSU	Nagel
JW081p.5	Mycelium steriliun	--		Nagel
JW081p.6	Mycelium steriliun	--		Nagel
JW081p.7	<i>Aspergillus sclerotiorum</i>	<i>A. sclerotiorum</i>	ITS	Nagel
JW081p.8	Mycelium steriliun	--		Nagel
JW081p.9	<i>Fusarium</i> cf. <i>solani</i>	<i>Fusarium solani</i> Komplex	ITS, LSU	Nagel
JW081p.10	<i>Fusarium</i> cf. <i>solani</i>	<i>Fusarium solani</i> Komplex	ITS	Nagel
JW081p.11	<i>Acremonium</i> sp.	<i>Acremonium</i> spp.	ITS, LSU	Nagel
<b>JW082P</b>				<b>Onychomykose</b>
JW082p.1	<i>Trichophyton rubrum</i>	--	--	Nagel
<b>JW083P</b>				<b>Hautläsion und klinische Veränderung der Zehennägel</b>
JW083p.1	<i>Trichosporon</i> sp.	<i>Trichosporon montevideense</i>	ITS, LSU	Haut

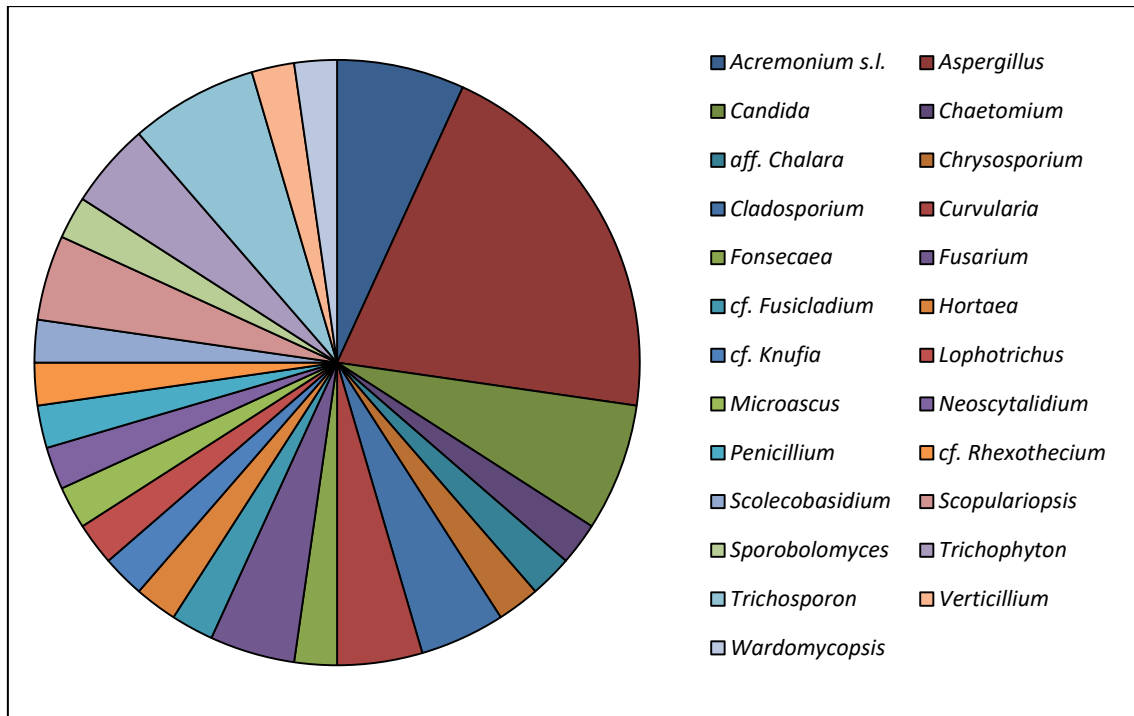


Abbildung 8: Graphische Darstellung der Anzahl isolierter Arten pro Gattung bzw. taxonomischer Gruppe. *Acremonium s.l.* (3 Arten), *Aspergillus* (9 Arten), *Candida* (3 Arten), *Chaetomium* (1 Art), *aff. Chalara* (1 Art?), *Chrysosporium* (1 Art), *Cladosporium* (2 Arten), *Curvularia* (2 Arten), *Fonsecaea* (1 Art), *Fusarium* (2 Arten), *cf. Fusicladium* (1 Art), *Hortaea* (1 Art), *cf. Knufia* (1 Art), *Lophotrichus* (1 Art), *Microascus* (1 Art), *Neoscytalidium* (1 Art), *Penicillium* (1 Art), *cf. Rhexothecium* (1 Art), *Scolecobasidium* (1 Art), *Scopulariopsis* (2 Arten), *Trichophyton* (2 Arten), *Verticillium* (1 Art), *Wardomycesopsis* (1 Art), *Sporobolomyces* (1 Art), *Trichosporon* (3 Arten).

Tabelle 10: Taxonomische Klassifizierung von 172 in Panama von Haut- und Nagelläsionen isolierter Pilzstämmen. Die Isolate wurden in alphabetischer Reihenfolge entsprechend der systematischen Stellung aufgelistet.

Art	Systematik nach MycoBank (Stand 2014)	Symptomatik	Stämme
<i>Neoscytalidium dimidiatum</i> (Penz.) Crous & Slippers (2006)	Ascomycota Dothideomycetes Botryosphaeriales Botryosphaeriaceae	Tinea pedis (JW058p3)  Onychomykose (JW061p10)	JW058p3 JW061p10

<b>Art</b>	<b>Systematik nach MycoBank (Stand 2014)</b>	<b>Symptomatik</b>	<b>Stämme</b>
<i>Cladosporium</i> cf. <i>sphaerospermum</i> Penz. (1882)	Ascomycota Dothideomycetes Capnodiales	Tinea pedis	JW067p5
<i>Cladosporium</i> <i>tenuissimum</i> Cooke (1878)	Davidiellaceae	Chromomykose	JW066p3
<i>Hortaea werneckii</i> (Horta) Nishim. & Miyaji (1984)	Ascomycota Dothideomycetes Capnodiales Teratosphaeriaceae	Tinea nigra	JW034p3 JW034p4
<i>Curvularia</i> <i>geniculata</i> (Tracy & Earle) Boedijn (1923)	Ascomycota, Dothideomycetes Pleosporales	Onychomykose	JW062p11
<i>Curvularia lunata</i> (Wakker) Boedijn (1933)	Pleosporaceae	Onychomykose	JW055p2 JW061p5 JW061p6 JW062p2 JW062p3 JW062p9 JW066p1
<i>Scolecobasidium</i> sp.	Ascomycota Dothideomycetes Venturiales Sympoventuriaceae	Onychomykose	JW050p3
cf. <i>Fusicladium</i> sp.	Ascomycota Dothideomycetes Venturiales Venturiaceae	Onychomykose	JW044p4
cf. <i>Rhexothecium</i> sp.	Ascomycota Dothideomycetes Incertae sedis Eremomycetaceae	Dermatomykose	JW058p2

Art	Systematik nach MycoBank (Stand 2014)	Symptomatik	Stämme
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (Brumpt) Negroni (1936)	Ascomycota Eurotiomycetes Chaetothyriales Herpotrichiellaceae	Chromomykose	JW049p1 JW049p2
cf. <i>Knufia</i> sp.	Ascomycota Eurotiomyces Chaetothyriales Trichomeriaceae	Onychomykose	JW080p1
<i>Aspergillus awamori</i> Nakaz. (1907)	Ascomycota Eurotiomycetes	Onychomykose	JW045p1
<i>Aspergillus clavatus</i> Desm. (1834)	Eurotiales Aspergillaceae	Chromomykose  Onychomykose (JW069p1)	JW066p2 JW066p4 JW069p1
<i>Aspergillus flavus</i> Link (1809)		Onychomykose	JW036p1 JW058p1 JW058p4 JW061p1
<i>Aspergillus giganteus</i> Wehmer (1901)		Onychomykose	JW059p1
<i>Aspergillus heteromorphus</i> Bat. & H. Maia (1957)		Onychomykose	JW061p9
<i>Aspergillus niger</i> Tiegh. (1867)		Tinea pedis	JW058p5
<i>Aspergillus ochraceus</i> K. Wilh. (1877)		Onychomykose	JW042p4
<i>Aspergillus sclerotiorum</i> G.A. Huber (1933)		Onychomykose	JW081p7

Art	Systematik nach MycoBank (Stand 2014)	Symptomatik	Stämme
<i>Aspergillus</i> cf. <i>versicolor</i> (Vuill.) Tirab. (1908)		Tinea pedis	JW063p2 JW074p6
<i>Penicillium</i> cf. <i>commune</i> Thom (1910)		Onychomykose	JW069p2 JW071p3
<i>Trichophyton</i> <i>interdigitale</i> Priestley (1917) sensu Gräser  ( <i>Trichophyton</i> <i>interdigitale</i> - <i>Arthroderma</i> <i>vanbreuseghemii</i> - Komplex)	Ascomycota Eurotiomycetes Onygenales Arthrodermataceae	Tinea pedis  Onychomykose (JW081p4)	JW062p8 JW063p4 JW063p5 JW063p6 JW063p7 JW067p2 JW067p3 JW067p4 JW067p7 JW067p8 JW075p1 JW075p2 JW075p3 JW075p4 JW075p5 JW075p6 JW081p4



Art	Systematik nach MycoBank (Stand 2014)	Symptomatik	Stämme
<p><i>Trichophyton rubrum</i> (Castell.) Sabour. (1911)</p>		<p>Tinea pedis (JW040p1, JW041p1, JW051p3, JW061p3, JW067p1)</p> <p>Onychomykose</p>	<p>JW035p2 JW039p2 JW040p1 JW041p1 JW041p2 JW041p7 JW041p11 JW044p1 JW044p3 JW045p2 JW051p3 JW051p4 JW051p6 JW056p4 JW057p1 JW057p2 JW061p3 JW061p4 JW061p11 JW061p12 JW062p4 JW062p12 JW062p13 JW062p14 JW064p1 JW067p1 JW067p6 JW070p3 JW070p4 JW074p4 JW074p7 JW081p3 JW082p1</p>

Art	Systematik nach MycoBank (Stand 2014)	Symptomatik	Stämme
<i>Chrysosporium tuberculatum</i> Dominik (1968) (Syn: <i>Arthroderma tuberculatum</i> Kuehn 1960)		Onychomykose	JW044p2 JW044p5 JW044p6
<i>Candida albicans</i> (C.P. Robin) Berkhout (1923)	Ascomycota Saccharomycetes Saccharomycetales	Onychomykose (Daumen)	JW071p7
<i>Candida duobushaemulonii</i> E. Cendejas-Bueno et al. (2012)	Incertae sedis	Dermatitis (JW048p2, JW048p3)  Onychomykose (JW073p1, JW076p2)	JW048p2 JW048p3 JW073p1 JW076p2
<i>Candida tropicalis</i> (Castell.) Berkhout (1923)		Onychomykose	JW076p4
<i>Candida</i> sp.		Tinea pedis (JW051p2)  Onychomykose (JW039p8, JW041p13, JW041p15, JW041p16, JW042p2, JW045p3, JW063p1)	JW039p8 JW041p13 JW041p15 JW041p16 JW042p2 JW045p3 JW051p2 JW063p1
<i>Acremonium</i> sp. 1	Ascomycota Sordariomycetes	Onychomykose	JW077p5 JW077p6
<i>Acremonium</i> sp. 2	Hypocreales Bionectriaceae	Onychomykose	JW081p2 JW081p11

Art	Systematik nach MycoBank (Stand 2014)	Symptomatik	Stämme
<i>Fusarium</i> cf. <i>oxysporum</i> Schldl. (1824)	Ascomycota Sordariomycetes Hypocreales Nectriaceae	Tinea pedis (JW071p5)  Onychomykose (JW071p10)	JW071p5 JW071p10
<i>Fusarium</i> cf. <i>solani</i> (Mart.) Sacc. (1881)		Onychomykose	JW036p2 JW050p2 JW081p9 JW081p10
<i>Acremonium</i> <i>collariferum</i> Weisenb. & R. Kirschner (2010)	Ascomycota Sordariomycetes Incertae sedis Plectosphaerellaceae	Onychomykose	JW041p8 JW041p10 JW041p17
<i>Verticillium</i> <i>epiphytum</i> Hansf. (1943)		Tinea pedis	JW062p6 JW062p7
<i>Lophotrichus</i> <i>bartlettii</i> (Massee & E.S. Salmon) Malloch & Cain (1971)	Ascomycota Sordariomycetes Microascales Microascaceae	Onychomykose	JW076p3 JW076p6
<i>Microascus</i> <i>cinereus</i> Curzi (1931)		Onychomykose	JW034p1 JW076p1
<i>Scopulariopsis</i> <i>carbonaria</i> F.J. Morton & G. Sm. (1963)		Onychomykose	JW035p1 JW039p1 JW039p5 JW042p1
<i>Scopulariopsis</i> <i>croci</i> J.F.H. Beyma(1945)		Onychomykose	JW074p1
<i>Wardomyces</i> <i>litoralis</i> Silvera, Gené, Cano & Guarro (2008)		Tinea pedis (JW040p2)  Onychomykose	JW037p1 JW037p3 JW037p4 JW040p2 JW050p4 JW055p4

Art	Systematik nach MycoBank (Stand 2014)	Symptomatik	Stämme
aff. <i>Chalara</i> sp.	Ascomycota	Onychomykose	JW074p5
indet. ( <i>Phialophora</i> -artig)	Sordariomycetes Sordariales Cephalothecaceae	Onychomykose	JW076p5
<i>Chaetomium globosum</i> Kunze ex Fr. (1829)	Ascomycota, Sordariomycetes Sordariales Chaetomiaceae	Onychomykose	JW039p3 JW039p4 JW070p1 JW070p2
<i>Mycelia sterilia</i>	Fungi Imperfecti	Onychomykose (JW035p3, JW039p6, JW055p1, JW061p2, JW061p7, JW062p1, JW062p5, JW062p10, JW063p3, JW071p1, JW071p2, JW073p4, JW081p1, JW081p5, JW081p6, JW081p8)  Dermatomykose (JW037p2, JW048p1)  Tinea pedis (JW041p4, JW051p1, JW051p5, JW061p8, JW067p9, JW067p10)	JW035p3 JW037p2 JW039p6 JW041p4 JW048p1 JW051p1 JW051p5 JW055p1 JW061p2 JW061p7 JW061p8 JW062p1 JW062p5 JW062p10 JW063p3 JW067p9 JW067p10 JW071p1 JW071p2 JW073p4 JW081p1 JW081p5 JW081p6 JW081p8

Art	Systematik nach MycoBank (Stand 2014)	Symptomatik	Stämme
<i>Sporobolomyces</i> sp.	Basidiomycota Microbotryomycetes Sporidiobolales Incertae sedis	Onychomykose	JW041p14
<i>Trichosporon asahii</i> Akagi ex Sugita, A. Nishikawa & Shinoda (1994)	Basidiomycota Tremellomycetes Tremellales Trichosporonaceae	Onychomykose	JW059p2 JW077p1
<i>Trichosporon japonicum</i> Sugita & Nakase (1998)		Onychomykose	JW034p2
<i>Trichosporon montevidense</i> (L.A. Queiroz) E. Guého & M.T. Sm. (1992)		Haut- und Nagelläsionen	JW083p1
<i>Trichosporon</i> sp.		Onychomykose	JW041p3 JW041p5 JW041p9

### 3.4 Detaillierte Darstellung ausgewählter Pilzisolat

Von den 26 isolierten und klassifizierten taxonomischen Gruppen (ohne *Mycelia sterilia*) wurden 37 repräsentative Arten aus 22 verschiedenen Gattungen bzw. taxonomischen Einheiten illustriert und detailliert taxonomisch bearbeitet. Die Isolate sind in alphabetischer Reihenfolge entsprechend der systematischen Klassifizierung aufgelistet.

#### 3.4.1 Dothideomycetes O. E. Erikss. & Winka

Supraordinal taxa of Ascomycota. Myconet 1 (1997): 1-16.

Insgesamt wurden 17 Stämme kultiviert, die innerhalb der Dothideomycetes vier Ordnungen und einer taxonomisch nicht zugeordneten Gruppe (*Incertae sedis*), sieben verschiedenen Familien und Gattungen und neun Arten zugeordnet werden konnten (Tab.

10). Die entsprechenden Isolate sind in alphabetischer Reihenfolge der Ordnungen aufgeführt.

### **Botryosphaeriales** C.L. Schoch, Crous & Shoemaker

A multigene phylogeny of the Dothideomycetes using four nuclear loci. *Mycologia* 98 (2006): 1041-1052.

Es wurden insgesamt zwei Stämme aus zwei unterschiedlichen Proben isoliert, die innerhalb der Botryosphaeriales der Familie Botryosphaeriaceae Theiss. & P. Syd. und der Gattung *Neoscytalidium* Crous & Slippers zugeordnet wurden (Tab. 10).

#### ***Neoscytalidium*** Crous & Slippers

Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae. *Stud. Mycol.* 55 (2006): 235-254.

Typus: *Neoscytalidium dimidiatum* (Penz.) Crous & Slippers

Teleomorph: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Incertae sedis

Ordnung: Botryosphaeriales

Familie: Botryosphaeriaceae

(Synonyme und Systematik nach Crous et al. 2006, Phillips et al. 2013, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Neoscytalidium* wurde 2006 von Crous et al. (2006) anhand molekularer und morphologischer Daten basierend auf der neu kombinierten Art *Neoscytalidium dimidiatum* als Typus aufgestellt und beinhaltet drei Arten bzw. Namen (IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

Bildung von rasch wachsenden, sich stark ausbreitenden, wattigen, filzig-wolligen oder haarigen, dunkel grau bis schwarzbraun pigmentierten Kolonien (de Hoog et al. 2014).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Neoscytalidium* sind charakterisiert durch Ketten aus ein- bis zweizelligen, zylindrischen bis rundlichen und dickwandigen Arthrokonidien, die durch Zergliederung undifferenzierter Hyphen gebildet werden (Crous et al. 2006; de Hoog et al. 2014).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-2; Arten der Gattung *Neoscytalidium* wurden als Verursacher von Nagelmykosen, kutanen und subkutanen Hautläsionen, häufig nach traumatischen Inokulationen und opportunistischen Infektionen dokumentiert (de Hoog et al. 2014). Mit verschiedenen Bäumen und Sträuchern assoziierte pflanzenparasitische und saprotrophe Organismen mit einem Hauptverbreitungsgebiet in tropischen und subtropischen Regionen (Crous et al. 2006; de Hoog et al. 2014; Pavlic et al. 2008).

### **Isolate**

Insgesamt wurden zwei Stämme (JW058p3, JW061p10) isoliert, die der Gattung *Neoscytalidium* zugeordnet werden konnten (Tab. 10). Die Isolate wurden basierend auf molekularen und morphologischen Merkmalen als *Neoscytalidium dimidiatum* klassifiziert.

*Neoscytalidium dimidiatum* (Penz.) Crous & Slippers

**Abb. 9-11**

Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae. *Studies in Mycology* 55 (2006): 235-254.

Coelomyceten-Synanamorph: *Hendersonula toruloidea* Nattrass

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Basionym:

*Torula dimidiata* Penz., Michelia 2 (1882): 466.

Synonyme:

*Torula dimidiata* Penz., Michelia 2 (1882): 466.

*Scytalidium dimidiatum* (Penz.) B. Sutton & Dyko, Mycol. Res. 93 (1989): 484.

*Scytalidium hyalinum* C.K. Campb. & J.L. Mulder, Sabouraudia 15 (1977): 163.

*Fusicoccum dimidiatum* (Penz.) D.F. Farr, Mycologia 97 (2005): 740.

*Hendersonula toruloidea* Nattrass, Trans. Brit. Mycol. Soc. 18 (1933): 197.

*Neoscytalidium hyalinum* (C.K. Campb. & J.L. Mulder) A.J.L. Phillips, Groenewald & Crous, Stud. Mycol. 76 (2013): 51-167.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Incertae sedis

Ordnung: Botryosphaerales

Familie: Botryosphaeriaceae

Gattung: *Neoscytalidium*

(Synonyme und Systematik nach Phillips et al. 2013, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

## Koloniemorphologie

**Kimmig:** sehr rasch, emers und submers wachsende, dichte Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 90 mm in 7d bei 25°C; junge Kolonien zunächst schmutzig weiß bis hell braun, wattig filzig, mit zunehmendem Alter dunkel braun bis schwarzbraun, wollig filzig; Kolonierückseite hell braun, mit zunehmendem Alter schwarz gefärbt.

**SGA:** emers und submers, rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 80 bis 90 mm in 7d bei 25°C; Kolonien zunächst hell braun, mit wattigem bis filzig-wolligem, schmutzig weißem bis hell grauem Luftmyzel, ältere Kolonien dunkel braun bis schwarzbraun, filzig wollig; Kolonierückseite bräunlich bis dunkel braunoliv, mit zunehmendem Alter schwarz gefärbt.



**OA:** emerses und submerses, sehr rasches Koloniewachstum von 90 bis 100 mm in 7d bei 25 °C; Kolonien hell graubraun, filzig wollig, ältere Kolonien dunkel graubraun bis schwarzbraun, mit üppigem, haarigem, filzig wolligem Luftmyzel; Kolonierückseite schwarzbraun gefärbt.

**MYP:** sehr rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 90 mm in 7d bei 25°C; Kolonien graubraun bis schwarzbraun, mit hellgrauem, filzig wolligem Luftmyzel, ältere Kolonien zunehmend dunkler pigmentiert; Kolonierückseite grauolivbraun, mit zunehmendem Alter dunkel schwarzbraun.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin bis braun, septiert, bis 6 µm breit, Übergang in Ketten aus Arthrokonidien; Arthrokonidien glatt, dickwandig, zylindrisch bis oval, (3) 4-8,5 (10) × 2-5 (8,5) µm; Synanamorph nicht beobachtet.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-2; *Neoscytalidium dimidiatum* [als *Hendersonula toruloidea*, *Scytalidium dimidiatum*] ist als Verursacher von Nagelmykosen, kutanen und subkutanen Hautläsionen und verschiedenen opportunistischen Infektionen dokumentiert. Mit verschiedenen Bäumen und Sträuchern assoziierter pflanzenparasitischer Pilz mit einem Hauptverbreitungsgebiet in tropischen und subtropischen Regionen. (Barua et al. 2007; Crous et al. 2006; de Hoog et al. 2014; Elewski und Greer 1991; Frankel und Rippon 1989; Gentles und Evans 1970; Gugnani und Oyeka 1989; Ikram et al. 2009; Lacaz et al. 1999; Pontarelli et al. 2005).

### **Untersuchtes Material**

**JW058P:** Hautproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (39 Jahre) mit einer Hautmykose der Fußsohle des linken Fußes. Das Material wurde am 20.01.2011 in La Villa de Los Santos, Provinz Los Santos, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am 31.03.2011 einmal aus Hautmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW058p3 subkultiviert.

**JW061P:** Haut- und Nagelproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (35) mit einer Tinea pedis und Onychomykose des großen Zehennagels des rechten Fußes, gesammelt am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama. Der Pilz wurde am

20.03.2011 einmal aus Probenmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW061p10 subkultiviert.

### Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der Sequenz der ITS und LSU nrDNA des Isolates JW061p10 (ITS: 554 bp, LSU: 583 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 99 bis 100 Prozent mit DNA-Sequenzen der Arten *Neoscytalidium dimidiatum* (Syn: *N. hyalinum* (C.K. Campbell & J.L. Mulder) A.J.L. Phillips) und *Neoscytalidium novaehollandiae* Pavlic (Tab. 11-14).

**Tabelle 11: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW061p10 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Neoscytalidium dimidiatum</i> (CBS 499.66)	100 %	99 % (552/556)	3	KF531820
<i>Neoscytalidium hyalinum</i> (ATCC 38906)	100 %	99 % (551/556)	3	AY213688
<i>Neoscytalidium dimidiatum</i> (CMM 3980)	98 %	99 % (543/546)	2	JX513638
<i>Neoscytalidium dimidiatum</i> (CMM 3979)	98 %	99 % (543/546)	2	JX513637

**Tabelle 12: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW061p10 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Neoscytalidium dimidiatum</i> (CNRMAF/10-89)	100 %	99 % (582/583)	1	JF719036
<i>Neoscytalidium hyalinum</i> (ATCC 38906)	100 %	99 % (582/583)	1	AY213628
<i>Neoscytalidium novaehollandiae</i> (CMW 26170)	100 %	99 % (580/583)	1	KF766374
<i>Neoscytalidium dimidiatum</i> (CBS 499.66)	98 %	99 % (576/577)	1	DQ377925

**Tabelle 13: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW061p10 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Neoscytalidium dimidiatum</i> (MCCL 340001)	93,7 %	99,8 % (518/519)	0	--
<i>Neoscytalidium hyalinum</i> (CBS 662.77)	98,7 %	99,3 % (545/549)	2	--
<i>Neoscytalidium dimidiatum</i> (CBS 499.66)	98,7 %	99,3 % (542/546)	2	DQ377925
<i>Neoscytalidium hyalinum</i> (CBS 661.77)	98,2 %	99,3 % (542/546)	2	--

**Tabelle 14: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW061p10 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Neoscytalidium dimidiatum</i> (CNRMAF/10-89)	100 %	99,8 % 582/583	1	JF719036
<i>Neoscytalidium hyalinum</i> (CBS 204.33)	100 %	99,8 % 582/583	1	--
<i>Neoscytalidium hyalinum</i> (CBS 145.78)	100 %	99,8 % (582/583)	1	--
<i>Neoscytalidium hyalinum</i> (CBS 499.66)	100 %	99,8 % (576/577)	1	--

## Diskussion

Die Bestimmung der Isolate JW058p3 und JW061p10 als *Neoscytalidium dimidiatum* basierte auf morphologischen und molekularen Daten (ITS und LSU nrDNA Sequenz). Die untersuchten morphologischen Strukturen der isolierten Stämme entsprachen der Beschreibung von *N. dimidiatum* in der Literatur (Crous et al. 2006; de Hoog et al. 2014) und die ITS und LSU nrDNA Sequenzen zeigten die größten Übereinstimmungen mit Sequenzen der Arten *N. dimidiatum*, *N. hyalinum* und *N. novaehollandiae*. *N. hyalinum* wird in der Literatur als hyaline Mutante von *N. dimidiatum* beschrieben und von einigen Autoren als eigenständige Art bzw. Varietät angesehen (de Hoog et al. 2014; Madrid et al. 2009; Phillips et al. 2013). Phillips et al. (2013) synonymisierten die Art *N. dimidiatum* basierend auf molekularen Daten mit der Art *N. hyalinum* mit der Begründung das Epitheton „*hyalinum*“ sei älter als das Epitheton „*dimidiatum*“. Allerdings beruht das Epitheton „*dimidiatum*“ auf der im Jahr 1882 von Penzig beschriebenen Art *Torula dimidiata*, während das Epitheton „*hyalinum*“ auf der von Campbell und Mulder im Jahr 1977 beschriebenen Art *Scytaalidium hyalinum* basiert. Somit wäre der gültige Name der Art *Neoscytalidium dimidiatum* und *Neoscytalidium hyalinum* sollte als Synonym angesehen werden. *N. novaehollandiae* unterscheidet sich von *N. dimidiatum* und anderen Arten der Gattung *Neoscytalidium* durch die Ausbildung von muriformen, *Dichomera*-artigen Konidien (Pavlic et al. 2008).

*Neoscytalidium dimidiatum* ist als Verursacher von verschiedenen Mykosen am Menschen, einschließlich von Haut- und Nagelmykosen, überwiegend in tropischen und subtropischen Regionen dokumentiert worden (Barua et al. 2007; de Hoog et al. 2014; Frankel und Rippon 1989; Gentles und Evans 1970; Gugnani und Oyeka 1989; Lacaz et al. 1999). Von den untersuchten Läsionen konnten allerdings neben *N. dimidiatum* wei-

tere Pilze isoliert werden. So wurden von der Läsion JW058P ebenfalls zwei Stämme der Art *Aspergillus flavus* (JW058p1, JW058p4), ein Stamm der Art *Aspergillus niger* (JW058p5) und ein genetisch mit Arten der Gattung *Arthrographis* G. Cochet ex Sigler & J.W. Carmich. assoziierter Pilz (JW058p2) isoliert. Aus dem Material der Probe JW061P wurden neben *N. dimidiatum* ein Stamm der Art *Aspergillus flavus* (JW061p1), drei sterile Isolate (JW061p2, JW061p7, JW061p8), zwei Stämme der Art *Curvularia lunata* (JW061p5, JW061p6) und vier Stämme des Dermatophyten *Trichophyton rubrum* kultiviert. Bei der Läsion JW058P handelt es sich vermutlich um das Resultat einer primären Infektion mit *N. dimidiatum*, während Läsion JW061P wahrscheinlich eine Primärinfektion mit *T. rubrum* und eine sekundär erfolgte Infektion bzw. Besiedlung mit *N. dimidiatum* darstellt (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005). Die ebenfalls aus dem gesammelten Probenmaterial kultivierten Arten der Gattung *Aspergillus* sind in der Literatur überwiegend als Erreger von Mykosen des Atemtrakts und systemischen Mykosen in immunsupprimierten Personen oder nach chirurgischen Eingriffen dokumentiert (de Hoog et al. 2014) und daher eher als eine Kontamination des Probenmaterials anzusehen.

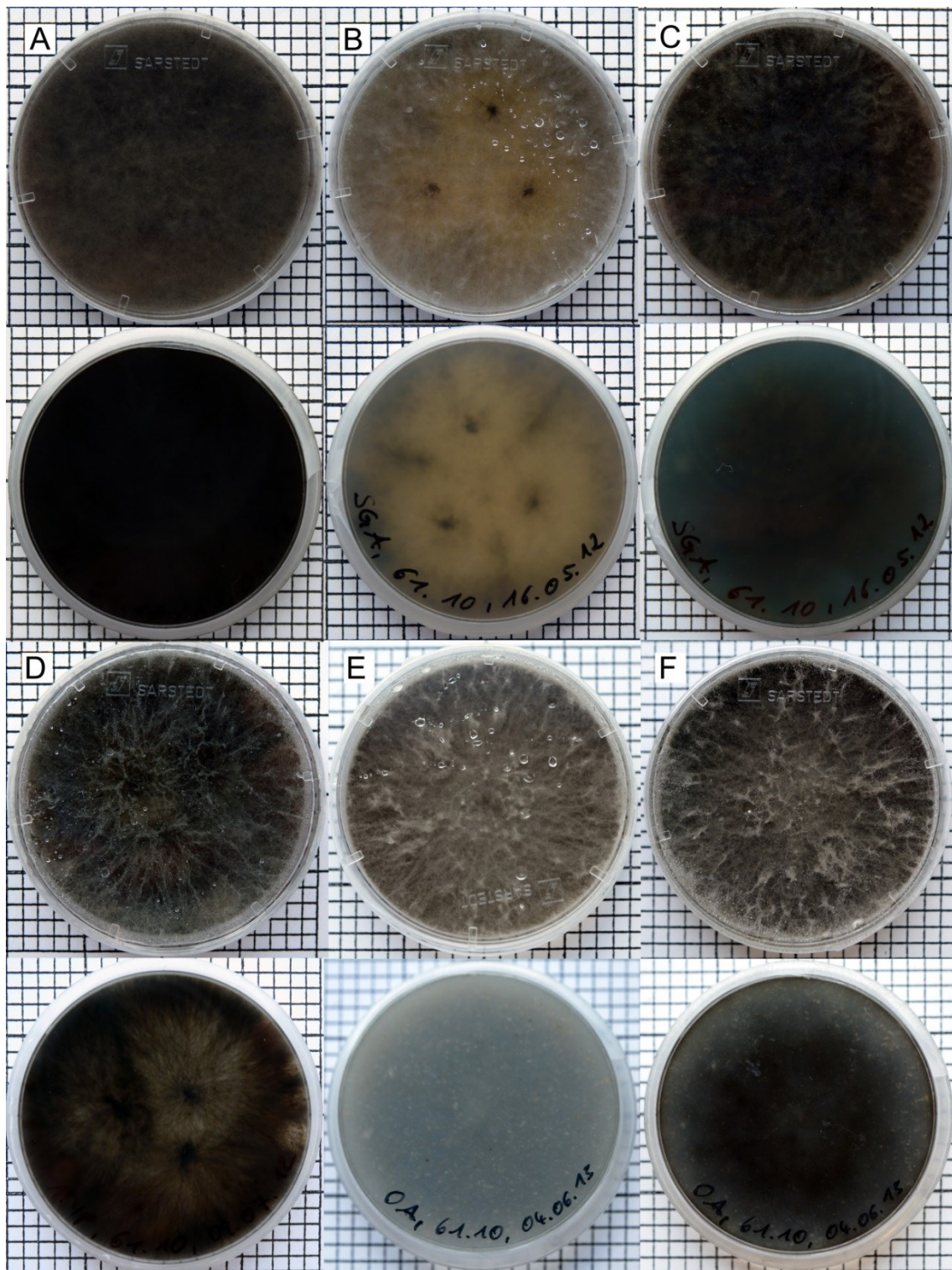


Abbildung 9: Kulturen von *Neoscytalidium dimidiatum* (JW061p10) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

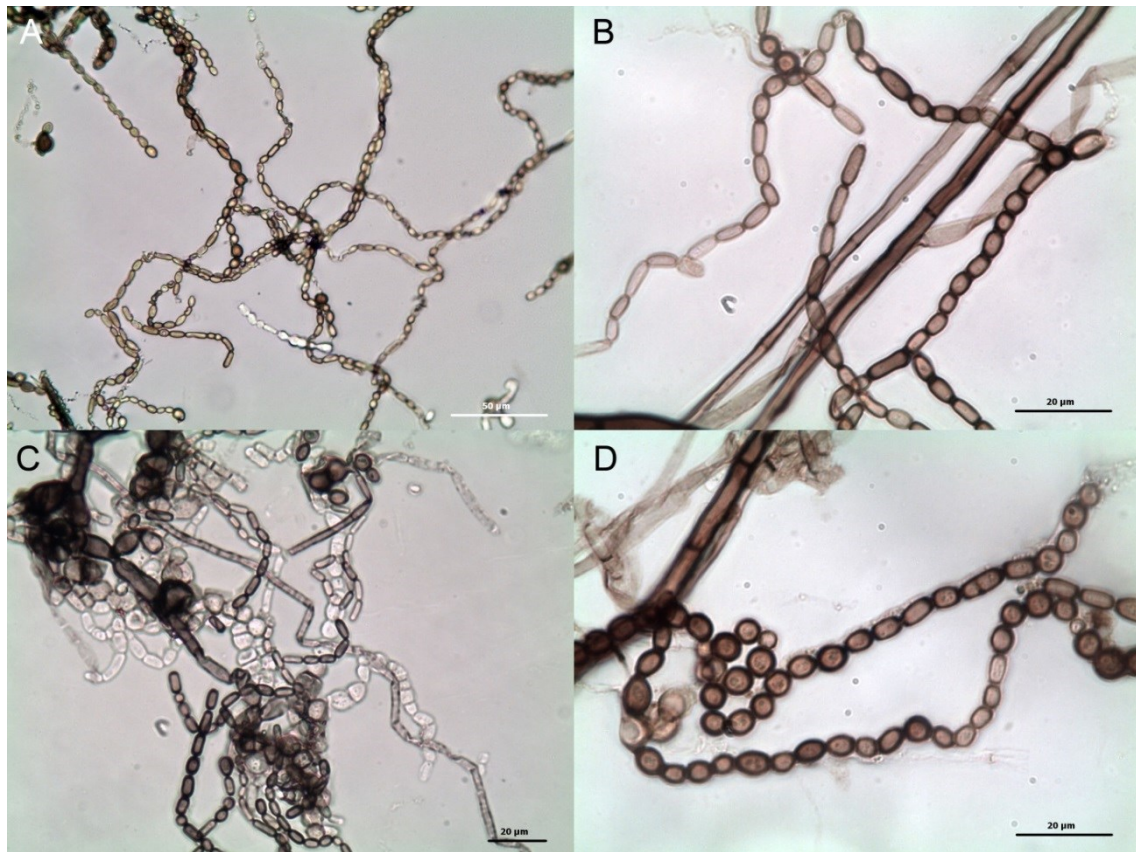


Abbildung 10: Mikromorphologische Strukturen von *Neoscytalidium dimidiatum* (JW061p10). A-D: Hyphen und Ketten aus Arthrokonidien. C: hyaline und dunkel pigmentierte Arthrokonidien. A: Maßstab = 50 µm, B-D: Maßstab = 20 µm.

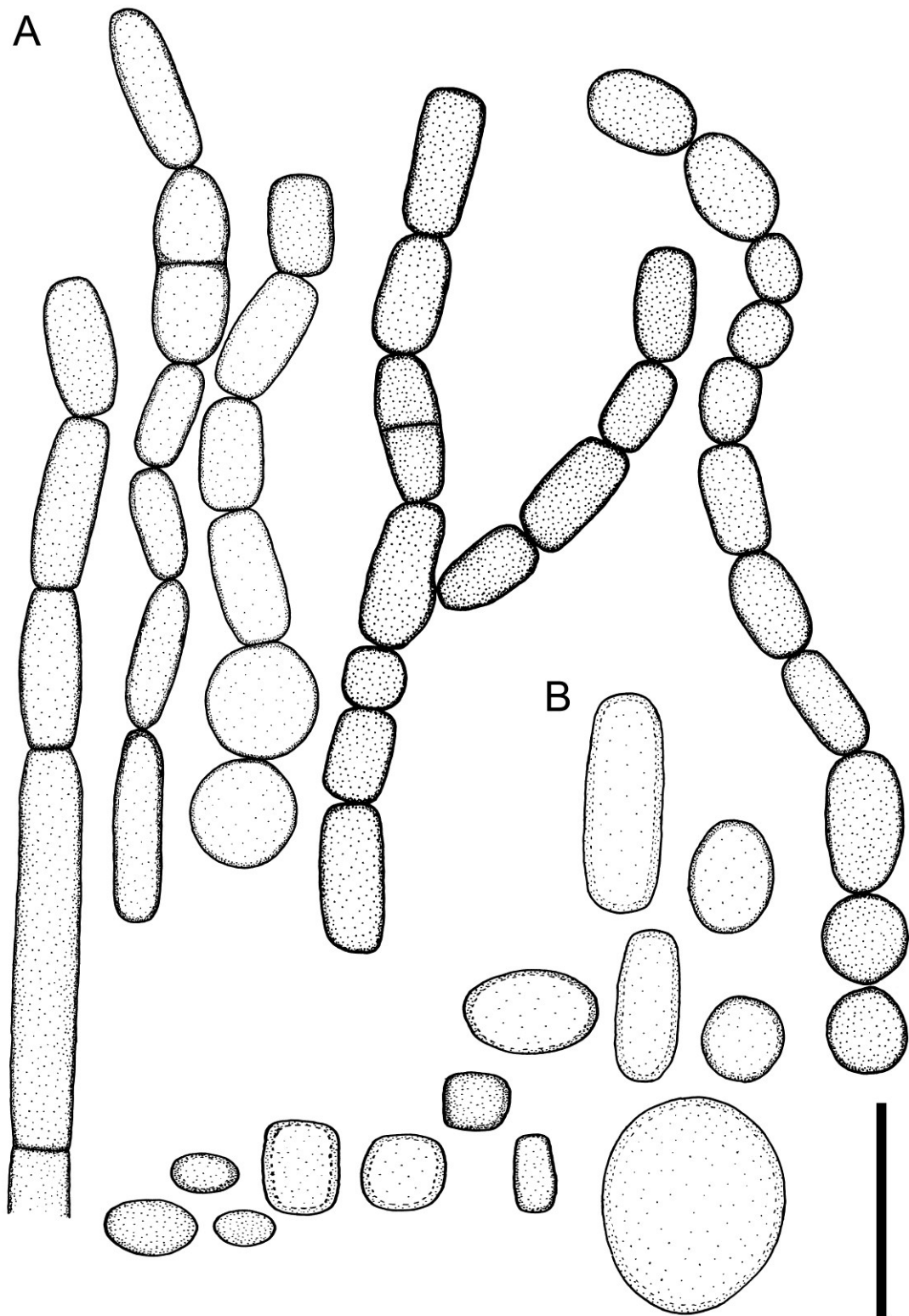


Abbildung 11: *Neoscytalidium dimidiatum* (JW061p10). A: Arthrokonidienketten. B: Freie Arthrokonidien. Maßstab = 10  $\mu$ m.

## **Capnodiales** Woron.

Über die Capnodiales. *Annales Mycologici* 23 (1925): 174-178.

Es wurden insgesamt vier Stämme aus drei unterschiedlichen Proben isoliert, die innerhalb der Capnodiales den Familien Cladosporiaceae (Matthieu) Nann. und Teratosphaeriaceae Crous & U. Braun und den Gattungen *Cladosporium* Link und *Hortaea* Nishim. & Miyaji zugeordnet wurden (Tab. 10).

### ***Cladosporium*** Link ex Fr.

Link, *Observationes in ordines plantarum naturales*. 2. Mag. Gesell. naturf. Freunde Berlin 8 (1816): 25-45.

Fr., *Syst. mycol.* 3 (1832): 368.

Typus: *Cladosporium herbarum* (Pers.) Link

Teleomorph: *Davidiella* Crous & U. Braun (Seifert et al. 2011).

Synonyme:

*Acrosporella* Riedl & Ershad, *Sydowia* 29 (1977): 166.

*Azosma* Corda, *Deutschl. Flora, III (Pilze)* 3 (1831): 35.

*Beejadwaya* Subram., *Kavaka* 5 (1978): 97.

*Heterosporium* Klotzsch ex Cooke, *Grevillea* 5 (1877): 122.

*Mydonosporium* Corda, *Deutschl. Flora, III (Pilze)* 3 (1833): 95.

*Myxocladium* Corda, *Icon. fung. (Prag)* 1 (1837): 12.

*Polyrhizium* Giard, *Contr. biol. Lab. Sci. Soc. China Bot.* (1889): 217.

*Spadicesporium* V.N. Boriss. & Dvoïnos, *Nov. sist. Niz. Rast.* 19 (1982): 35.

*Sporocladium* Chevall., *Fl. gén. env. Paris* 1 (1826): 35.



Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Dothideomycetidae

Ordnung: Capnodiales

Familie: Cladosporiaceae

(Synonyme und Systematik nach Bensch et al. 2012, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2015).

Die Gattung *Cladosporium* wurde von Link (1816) basierend auf der Typusart *Cladosporium herbarum* aufgestellt. Nach mehreren Teilrevisionen einzelner Artkomplexe und assoziierter Gattungen durch Bensch et al. (2010), Crous et al. (2007a), Dugan et al. (2008), Schubert et al. (2007) und Zalar et al. (2007) wurde von Bensch et al. (2012) eine monographische Revision der Gattung *Cladosporium* durchgeführt. Aktuell beinhaltet die Gattung nach Bensch et al. (2012) 169 verschiedene akzeptierte Arten und 819 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 779 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen.

### **Koloniemorphologie**

Bildung von samtigen bis filzig-wolligen oder pudrigen, moderat bis rasch wachsenden, olivfarbenen bis olivbraunen oder braunschwarzen Kolonien (Bensch et al. 2012; de Hoog et al. 2014).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Cladosporium* sind durch aufrechte, meist unverzweigte, pigmentierte und septierte Konidiophore mit interkalar und terminal gebildeten konidiogenen Zellen mit sympodialer Konidiogenese und deutlichen coronaten Narben, ein bis mehrzelligen, glatten bis ornamentierten, trockenen Konidien in verzweigten Ketten und Ramokonidien charakterisiert (Bensch et al. 2012; Braun und Schubert 2007; de Hoog et al. 2014).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Cladosporium* wurden als Verursacher opportunistischer Infektionen des Atemtrakts, kutaner und subkutaner Infektionen, Phaeohyphomykosen

und Keratitis dokumentiert (de Hoog et al. 2014). Organismen der Gattung sind saprotrophe oder pflanzenparasitische Arten mit einer weltweiten Verbreitung und werden häufig als Kontaminanten, von verrottendem pflanzlichen Material oder anderen organischen Materialien, aus Erde und Luft isoliert (Bensch et al. 2012; de Hoog et al. 2014).

## Isolate

Insgesamt wurden zwei Stämme isoliert, die basierend auf morphologischen Merkmalen der Gattung *Cladosporium* zugeordnet werden konnten (Tab. 9). Die Isolate wurden anhand von morphologischen Merkmalen unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in Bensch et al. (2012), de Hoog et al. (2014) und Domsch et al. (2007) und nrDNA Sequenzdaten als *Cladosporium sphaerospermum* (JW067p5) und *Cladosporium tenuissimum* (JW066p3) klassifiziert (Tab. 10).

### *Cladosporium sphaerospermum* Penz.

**Abb. 12-14**

Funghi agrumicoli. Contribuzione allo studio dei funghi parassiti degli agrumi. *Michelia* 2 (1882): 473.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Synonyme

*Cladosporium sphaerospermum* var. *sphaerospermum* Penz., *Michelia* 2 (1882): 473.

*Torula lichenopsis* Höhn., *Denkschr. Akad. Wiss., Math.-nat. Kl.* (1927): 36.

*Cladosporium papyricola* Berk. & Broome [als „*papyricolor*“], *Trans. Linn. Soc.* 2 (1883): 68.

*Cladosporium hibisci* Reichert, *Bot. Jahrb. Syst.* 56 (1921): 721.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Dothideomycetidae

Ordnung: Capnodiales

Familie: Cladosporiaceae

Gattung: *Cladosporium*

(Synonyme und Systematik nach Bensch et al. 2012, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2015).

## **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** erhabene, überwiegend emers und langsam wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 25-30 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hellgrau bis olivschwarz, samtig, radiär gefurcht, mit einer weißen, anliegenden Randzone; ältere Kolonien schwarzolivbraun, wollig filzig, mit olivgrauem Randbereich; Kolonierückseite schwarzbraun bis schwarz, mit Bildung von Rissen im Nährmedium.

**SGA:** flache bis leicht erhabene, langsam wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 20-25 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hellgrau bis braunoliv, samtig, radiär gefurcht, mit weißem, anliegendem Rand; ältere Kolonien schwarzbraunoliv, samtig, radiär bis unregelmäßig gefaltet, mit olivbrauner, submerser Randzone; Kolonierückseite schwarzbraun bis schwarz, mit Bildung von Rissen im Nährmedium.

**OA:** anliegende, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 40 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien grauolivbraun, wollig filzig, mit weißer, anliegender Wachstumszone; ältere Kolonien mit dunkler pigmentierter Kolonieoberfläche; Kolonierückseite schwarzbraun bis schwarz.

**MYP:** flache bis leicht erhabene, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von 35 bis 40 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien braunoliv, samtig, mit weißer, submerser Randzone; ältere Kolonien braunschwarz, wollig-haarig bis filzig, mit grauolivbrauner, submerser Randzone; Kolonierückseite braunschwarz bis schwarz.

## **Mikromorphologie**

Hyphen subhyalin bis hell braunoliv, septiert, 2-5 µm breit, mit dunkler gefärbten Septen und Bildung von intrazellulären Chlamydosporen im Substratmyzel; Konidiophore mit apikalen und gelegentlich einzelnen, interkalaren konidiogenen Loci und acropetaler Konidiogenese, hell olivbraun mit dunkler gefärbten Septen, gerade oder leicht gebogen, vielfach septiert, glatt, 40-300 µm lang und 3-5 µm breit, Bereiche mit terminalen konidiogenen Loci leicht geniculat und gelegentlich apikal schwach gebogen; Ramokonidien zylindrisch bis fass-förmig, mit verlängerten, länglich ausgezogenen Enden (rostrat) und gelegentlich alternarioid, braun bis dunkel braun-oliv, mit 0-1 Septen, glatt bis schwach warzig ornamentiert, 5-9 (11) × (2) 2,5-3,5 (4) µm, konidiogene Narben dunk-

ler pigmentiert, coronat (REM); interkalare Konidien oval bis obclavat, braun bis dunkel braunoliv, unseptiert, in einfachen bis verzweigten Ketten, glatt oder basal mit warziger Ornamentierung, (4) 5-8 (10) × (2) 2,5-3 µm; terminale Konidien rund bis oval, hell braun bis dunkel braunoliv, glatt bis warzig, (2,5) 3-5 × (1,5) 2-3 µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; *Cladosporium sphaerospermum* ist als Verursacher von Nagelmykosen, kutanen und subkutanen Hautläsionen und bronchialen Infektionen dokumentiert (Antunes et al. 2012; de Hoog et al. 2014; Lysková 2007; Yano et al. 2003). *C. sphaerospermum* ist ein saprotropher, halotoleranter Organismus mit einer weltweiten Verbreitung und wurde häufig von unterschiedlichen Substraten wie verrottende Pflanzenmaterialien, Textilien, Lebensmittel, aus Innenräumen, Erde und Luft isoliert (Bensch et al. 2012; de Hoog et al. 2014; Dugan et al. 2008; Griffin 2007; Zalar et al. 2007).

### **Untersuchtes Material**

**JW067P:** Haut- und Nagelproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (34 Jahre) mit einer Tinea pedis und einer Onychomykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Das Material wurde am 26.01.2011 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am 09.11.2009 einmal aus Hautmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW067p5 subkultiviert.

### **Molekulare Identifizierung (Barcoding)**

Der Abgleich der Sequenzabfolge der ITS und LSU nrDNA Sequenzabschnitte des Isolates JW067p5 (ITS: 576 bp, LSU: 603 bp) mit Sequenzen aus öffentlich zugänglichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen verschiedener Arten der Gattung *Cladosporium* Link, wie *Cladosporium cladosporioides* (Fresen.) G.A. de Vries, *Cladosporium halotolerans* Zalar, *Cladosporium minusculum* Sacc. und *Cladosporium sphaerospermum* Penz. (Tab. 15-18).

**Tabelle 15: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p5 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cladosporium cladosporioides</i>	99 %	100 % (575/575)	0	EF577236
<i>Cladosporium sphaerospermum</i> (KH00280)	98 %	100 % (569/569)	0	GU017501
<i>Cladosporium cladosporioides</i> (ATCC 64726)	95 %	100 % (548/548)	0	AY361968
<i>Cladosporium sphaerospermum</i> (Cla27)	93 %	100 % (541/541)	0.0	AB572909

**Tabelle 16: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW067p5 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cladosporium sphaerospermum</i> (DAOM 144726)	97 %	100 % (587/587)	0	JN938884
<i>Cladosporium sphaerospermum</i> (JA13)	93 %	100 % (566/566)	0	KF417568
<i>Cladosporium minusculum</i> (IFM 51370)	99 %	99 % (599/600)	1	AB100648
<i>Cladosporium sphaerospermum</i> (SF-6094)	99 %	99 % (592/593)	0	KM458639

**Tabelle 17: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p5 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cladosporium sphaerospermum</i> (CBS 114065)	100 %	100 % (576/576)	0	GQ376100
<i>Cladosporium cladosporioides</i>	99,8 %	99,8 % (575/576)	0	EF577236
<i>Cladosporium halotolerans</i> (CBS 119416)	98,8 %	99,8 % (575/576)	0	--
<i>Cladosporium sphaerospermum</i> (KH00280)	98,8 %	99,8 % (575/576)	0	GU017501

**Tabelle 18: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW067p5 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cladosporium sphaerospermum</i> (DAOM 144726)	97,3 %	100 % (587/587)	0	JN938884
<i>Cladosporium minusculum</i> (IFM 51370)	98,3 %	100 % (599/600)	0	AB100648
<i>Cladosporium sphaerospermum</i> (IFM 41453)	98,3 %	100 % (599/600)	0	AB100654
<i>Cladosporium sphaerospermum</i> (SF-6094)	98,8 %	99,6 % (592/593)	0	KM458639

## Diskussion

Die Bestimmung des Isolates JW067p5 als *Cladosporium sphaerospermum* basierte auf morphologischen Merkmalen und molekularen Daten (ITS und LSU nrDNA Sequenzen), wobei die morphologischen Strukturen des Isolates JW067p5 nicht die laut Literatur typischen Merkmale der Art *C. sphaerospermum*, wie lange Konidiophore mit stark verzweigten Konidienketten aus überwiegend kugelförmigen Konidien und dreifach septierte Ramokonidien aufwies (Bensch et al. 2012; de Hoog et al. 2014; Zalar et al. 2007). Der Stamm JW067p5 bildete statt dessen ebenso wie das von Dugan et al. (2008) untersuchte nordamerikanische Isolat NRRL 8131 der Art *C. sphaerospermum* überwiegend einfache und kurze Konidiophore, mit unverzweigten bis schwach verzweigten Konidienketten mit länglichen, obclavaten interkalaren Konidien und rostraten Ramokonidien. Neben terminalen Konidien mit einer überwiegend ovalen Form, bildete der Stamm JW067p5 allerdings ebenfalls die für die Art *C. sphaerospermum* typischen runden Konidien und morphologische Darstellungen der Ramokonidien des Neotyps von *C. sphaerospermum* zeigten ebenso wie das Isolat JW067p5 rostrate konidiogene Loci (Dugan et al. 2008; Zalar et al. 2007). Die gemessenen Größen der endständigen Konidien, der interkalaren Konidien und der Konidienträger entsprachen ebenfalls weitgehend den Angaben in der Literatur (Bensch et al. 2012; de Hoog et al. 2014; Zalar et al. 2007), wobei die gemessenen Größen für die Ramokonidien mit  $5-9 (11) \times (2) 2,5-3,5 (4) \mu\text{m}$  kleiner sind, als die angegebenen Werte (Bensch et al. 2012:  $8-22 (37,5) \times (2) 3-4 (5) \mu\text{m}$ , Dugan et al. 2008:  $(6) 10-20 (25) \times 3-5 \mu\text{m}$ ).

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzabfolgen des Isolates JW067p5 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Arten *C. sphaerospermum*, *C. cladosporioides*, *C. halotolerans* und *C. minusculum* (Tab. 11-18). Für eine genauere molekulare Klassifizierung von Isolaten innerhalb von Artkomplexen der Gattung *Cladosporium* wären neben der ITS und LSU nrDNA weitere Sequenzdaten nötig (Bensch et al. 2012; Schubert et al. 2007), da sich allerdings diese Varietät der Art *C. sphaerospermum* durch obclavate, rostrate und „alternarioide“ Konidien von allen anderen bisher beschriebenen Arten der Gattung *Cladosporium* unterscheiden lässt, konnte anhand der BlastSearch Ergebnisse die Klassifizierung als *C. sphaerospermum* s.l. bestätigt werden.

Aus dem Material der Läsion JW067P wurden neben *Cladosporium sphaerospermum* (JW067p5) neun weitere Pilzstämme isoliert. So wurden zwei Stämme des Dermatophyten *Trichophyton rubrum* (JW067p1, JW067p6), fünf Stämme des Dermatophyten

*Trichophyton interdigitale* s.l. (JW067p2, JW067p3, JW067p4, JW067p7, JW067p8) und zwei weitere nicht subkultivierte Hyphomyceten-Stämme (JW067p9, JW067p10) isoliert. Auf Grund der Abundanz der isolierten Stämme ist die Läsion sehr wahrscheinlich das Resultat einer primär erfolgten Infektion mit *T. interdigitale* und einer sekundären Infektion mit *T. rubrum* und stellt somit eine Mischinfektion durch die beiden Dermatophyten dar. *Cladosporium sphaerospermum* und die übrigen Pilzisolat sind im Rahmen der untersuchten Läsionen eher als sekundäre Besiedler oder eine Kontamination des Probenmaterials bzw. der Läsion zu betrachten (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005; Zalar et al. 2007).

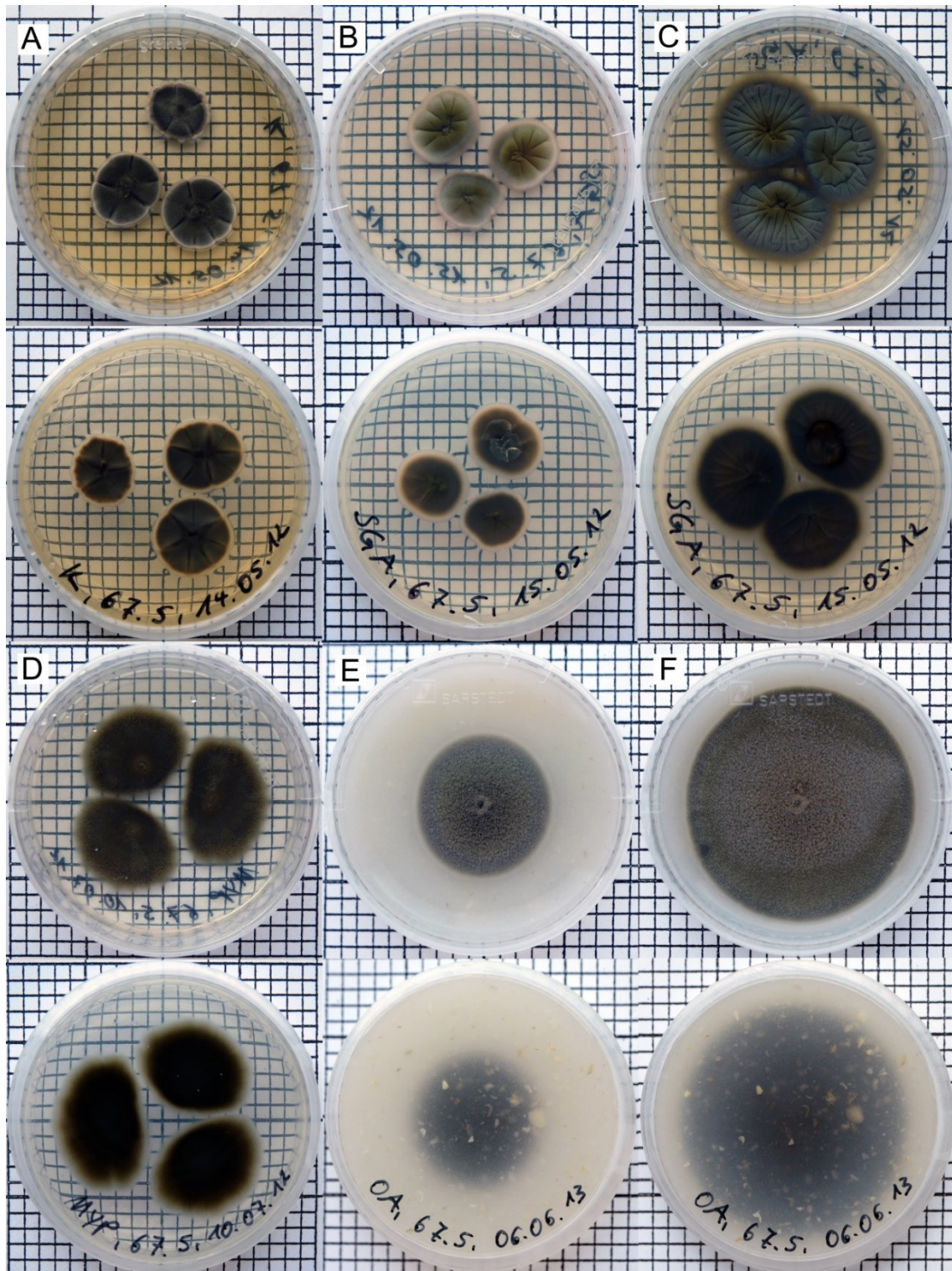
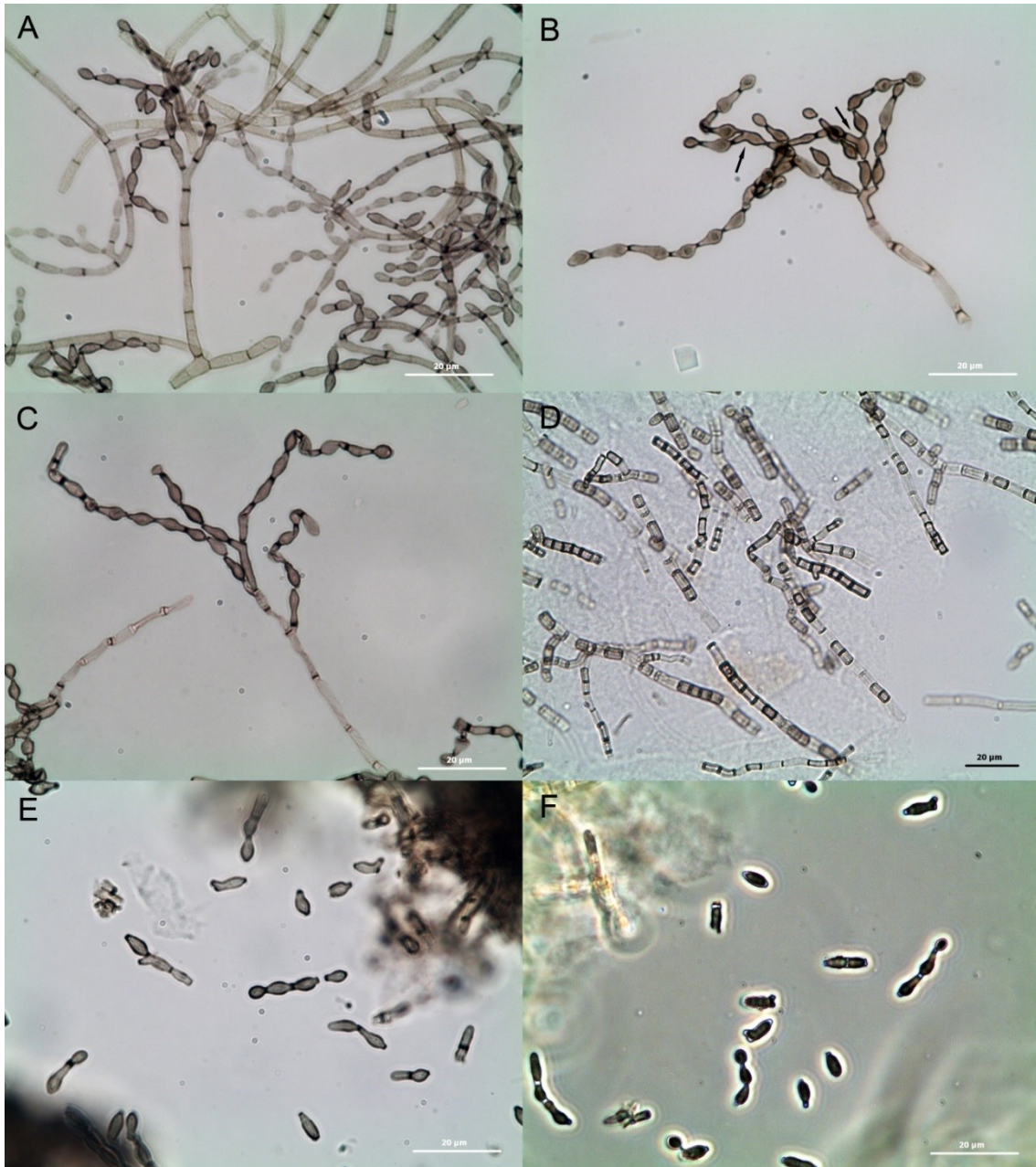


Abbildung 12: Kulturen von *Cladosporium sphaerospermum* (JW067p5) auf unterschiedlichen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.





**Abbildung 13: Mikromorphologische Strukturen von *Cladosporium sphaerospermum* (JW067p5). A-B: Konidiophore in unterschiedlichen Entwicklungsstadien. B: Konidiophor mit deutlich obclavaten Konidien und alternarioiden Ramokonidien (Pfeile). D: Vegetative Hyphen mit intrazellulären Chlamydosporen. E, F: Einzelne Konidien (F: Phasenkontrast). Maßstab = 20 µm.**

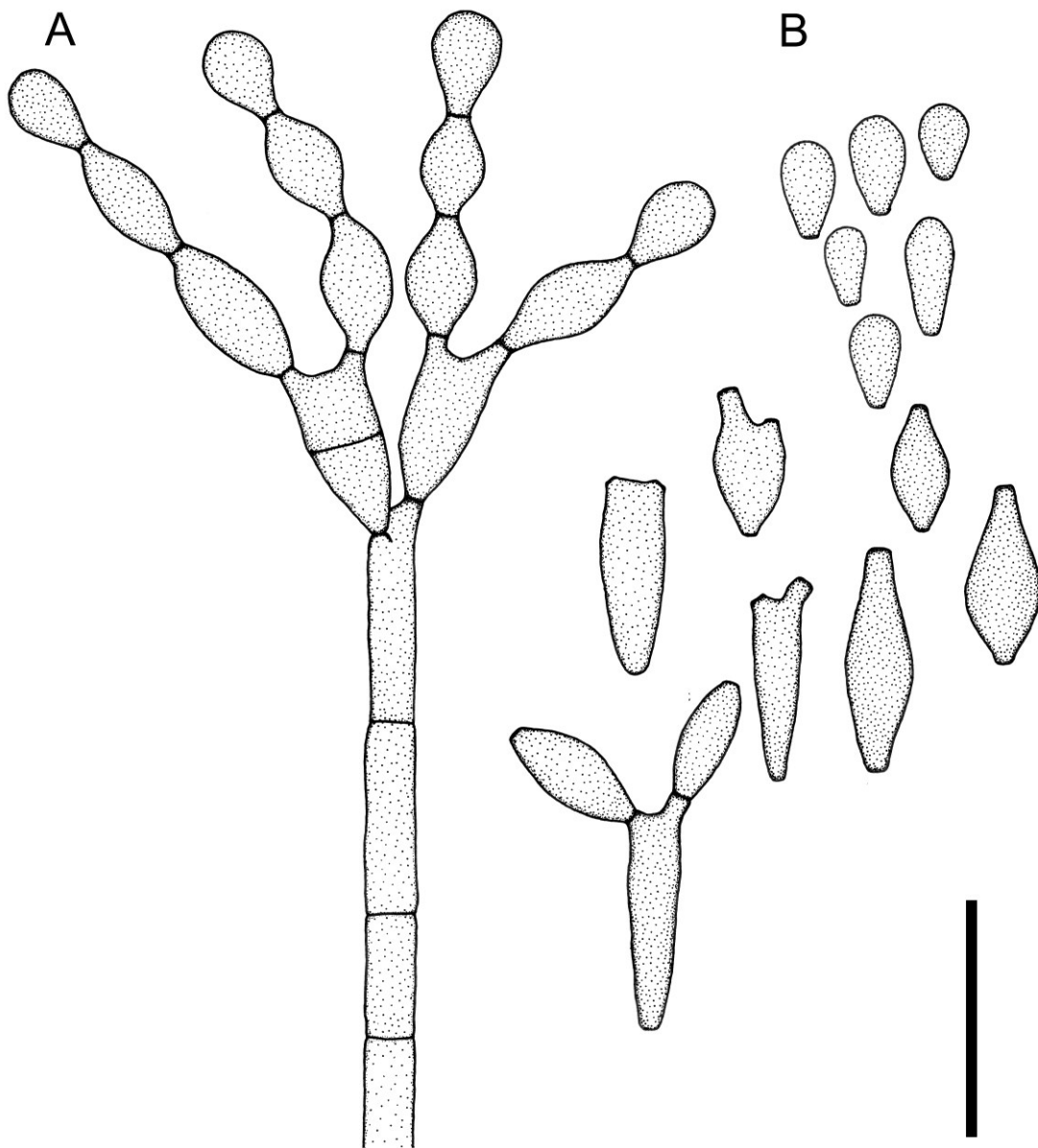


Abbildung 14: *Cladosporium sphaerospermum* (JW067p5). A: Konidiophor. B: Freie Konidien.  
Maßstab = 10 µm.

***Cladosporium tenuissimum* Cooke**

**Abb. 15-17**

Ravenel's American fungi. Grevillea 6 (1878): 140.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Synonym

***Cladosporium herbarum* var. *citricola*** H.S. Fawc. & O.F. Burger, Phytopathology 1 (1911): 165.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Dothideomycetidae

Ordnung: Capnodiales

Familie: Cladosporiaceae

Gattung: *Cladosporium*

(Systematik nach MycoBank: Stand 2014, Synonym nach Bensch et al. 2012)

**Koloniemorphologie**

**Kimmig:** emerse, leicht erhabene Kolonien mit einem moderaten Wachstum von etwa 20 bis 30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien hell olivgrau, mit samtig filziger Kolonietextur und einer cremefarbenen, anliegenden Randzone; ältere Kolonien dunkler pigmentiert, grauolivbraun, mit filzig pudriger Kolonieoberfläche; Kolonierückseite dunkel olivbraun bis olivschwarz.

**SGA:** überwiegend emerses, moderates Koloniewachstum von 30-40 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien braunoliv mit schmutzig weißer bis hell brauner, submerser Randzone, flach; ältere Kolonien dunkel olivbraun bis schwarzbraun, pudrig filzig, vereinzelt mit wollig filzigem, heller gefärbtem Luftmyzel und olivbrauner, submerser Randzone; Kolonierückseite olivschwarz bis olivschwarzbraun.

**OA:** rasch, überwiegend emers wachsende Kolonien von etwa 60-70 mm nach 10 d bei 25°C; junge Kolonien hell graubraunoliv, pudrig-samtig, mit haarig wolligem Zentrum und flachem bis radiär gefurchtem Randbereich und schmutzig weißer, anliegender Randzone; ältere Kolonien olivbraun, pudrig filzig, mit verstärktem submerser Wachstum; Kolonierückseite schwarz bis schwarzbraun.

**MYP:** relativ rasch wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 50 bis 60 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien dunkel olivbraun bis schwarz olivbraun, pudrig filzig, mit submerser, schwarzoliv gefärbter Randzone; ältere Kolonien schwarz olivbraun, filzig-pudrig, mit verstärktem submersem Wachstum der Randzone; Kolonierückseite schwarzolivbraun.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hell braun bis dunkel braun, septiert, glatt, bis 2,5 µm breit; Konidiophore mit apikalen und interkalaren konidiogenen Loci und acropetaler Konidiogenese, hell olivbraun bis dunkel braun (auf OA dunkler pigmentiert), gerade oder leicht gebogen, auf OA häufig mit deutlichen terminalen Schwellungen (nodulos), septiert, glatt, basal vereinzelt schwach rau bis spärlich grobwarzig ornamentiert, bis 600 µm lang und 3-5 µm breit, Bereiche mit interkalaren konidiogenen Loci gelegentlich leicht geniculat und schwach geschwollen; Ramokonidien zylindrisch bis keulenförmig, hell olivgrün, 0-1 Septen, glatt, 2-12 × 2,5-3,5 µm, konidiogene Narben dunkel, erhaben, deutlich coronat (REM); Konidien oval bis kugelförmig, hell olivgrün, unseptiert, in kurzen Ketten, glatt, 3-5 × (2) 2,5-3,5 µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; bisher sind keine Fälle von humanen Infektionen durch *Cladosporium tenuissimum* dokumentiert worden (Stand 2014). *C. tenuissimum* ist ein saprotropher, mykoparasitischer und phytopathogener Organismus, mit einer weltweiten Verbreitung in tropischen und subtropischen Regionen und wurde häufig von verschiedenen organischen Materialien, wie toten Blättern, Ästen, Holz, aber auch aus Erde, Hausstaub oder Luft isoliert (Assante et al. 2004; Batta 2004; Bensch et al. 2012; Ellis 1971; Hsu et al. 2012).

### **Untersuchtes Material**

**JW066P:** Hautmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (79 Jahre) mit disseminierten Chromomykosen am Spann und unteren Schienbein beider Füße und Beine. Das Material wurde am 25.01.2011 in San Felix, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 28.02.2011 auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW066p3 subkultiviert.

## Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzabschnitte des Isolates JW066p3 (ITS: 577 bp, LSU: 587 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Cladosporium cladosporioides* (Fresen.) G.A. de Vries, *Cladosporium colocasiae* Sawada, *Cladosporium grevilleae* Crous & Summerell, *Cladosporium inversicolor* Bensch, Crous & U. Braun, *Cladosporium ossifragi* (Rostr.) U. Braun & K. Schub., *Cladosporium oxysporum* Berk. & M.A. Curtis, *Cladosporium pseudocladosporioides* Bensch, Crous & U. Braun, *Cladosporium tenuissimum* und *Cladosporium varians* U. Braun, Melnik & K. Schub. (Tab. 19-22).

**Tabelle 19: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW066p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cladosporium oxysporum</i> (CBS 125991)	96 %	99 % (556/557)	0	HM148118
<i>Cladosporium tenuissimum</i> (CBS 125995)	96 %	99 % (556/557)	0	NR119855
<i>Cladosporium colocasiae</i> (ATCC 200944)	98 %	99 % (568/571)	0	NR119840
<i>Cladosporium cladosporioides</i> (CBS 112388)	96 %	99 % (556/557)	0.0	NR119839

**Tabelle 20: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW066p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cladosporium silenes</i> (CBS 109082)	100 %	100 % (587/587)	0	HG380462
<i>Cladosporium phaenocomae</i> (CBS 128769)	100 %	99 % (586/587)	0	JQ906766
<i>Cladosporium grevilleae</i> (CBS 114271)	100 %	99 % (585/587)	0	KF181216
<i>Cladosporium ossifragi</i> (CBS 842.91)	100 %	99 % (584/587)	0	KC311514

**Tabelle 21: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW066p3 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cladosporium oxysporum</i> (CBS 125991)	99,4 %	99,8 %	0	HM148118
<i>Cladosporium tenuissimum</i> (CBS 125995)	99,4 %	99,8%	0	NR119855
<i>Cladosporium cladosporioides</i> (CBS 112388)	100 %	99,5 %	0	NR119839
<i>Cladosporium inversicolor</i> (CBS 401.80)	100 %	99,4 %	0	--

**Tabelle 22: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW066p3 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cladosporium cladosporioides</i> (CBS 113738)	100 %	100 % (573/573)	0	AB76355
<i>Cladosporium tenuissimum</i> (CBS 126501)	100 %	100 % (573/573)	0	--
<i>Cladosporium varians</i> (CBS 126361)	100 %	100 % (573/573)	0	--
<i>Cladosporium pseudocladosporioides</i> (CBS 126356)	100 %	100 % (573/573)	0	--

### Diskussion

Die Bestimmung des Isolates JW066p3 als *Cladosporium tenuissimum* wurde anhand morphologischer und molekularer Daten (ITS und LSU nrDNA Sequenzen) durchgeführt. Die untersuchten morphologischen Elemente des Isolates aus Panama entsprachen der Beschreibung von *C. tenuissimum* in Bensch et al. (2010; 2012). So bildete der Stamm JW066p3 auf OA lange, dunkel pigmentierte Konidiophore mit charakteristischen apikalen Schwellungen, wobei die gemessenen maximalen Größen der Konidiophore mit 600 µm kürzer als die in der Literatur angegebenen Werte waren (Bensch et al. 2010: 900 µm). Die angegebenen Größen der endständigen Konidien (Bensch et al. 2010: (2) 2,5-5 (6) × (1,5) 2-3 µm) entsprachen den gemessenen Werten, ebenso wie die Größen der interkalaren Konidien. Allerdings zeigten die in der Literatur genannten Größen für Ramokonidien (Bensch et al. 2010: 22–41 × 3–4 (5) µm) eine deutliche Abweichung von den gemessenen Werten (2,0-12,0 × 2,5-3,5 µm). Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzabfolge des Isolates JW066p3 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen der Arten *C. cladosporioides*, *C. colocasiae*, *C. grevilleae*, *C. inversicolor*, *C. ossifragi*, *C. oxysporum*, *C. phaenocomae*, *C. pseudocladosporioides*, *C. silenes*, *C. tenuissimum* und *C. varians* (Tab. 19-22). Bei den aufgeführten Organismen handelt es sich, bis auf *C. ossifragi*, um phylogenetisch nah verwandte Arten des Cladosporioides-Komplexes (Bensch et al. 2010). Innerhalb dieser Gruppe bilden in Kultur nur *C. colocasiae*, *C. oxysporum* und *C. tenuissimum* nodose Konidiophore (Bensch et al. 2010; Bensch et al. 2012). Die in der Literatur angegebenen Größenwerte der Konidiophore von *C. colocasiae* sind mit 1350 µm Maximallänge (Bensch et al. 2012) ebenso wie die Konidien (Bensch et al. 2012: 9–16 × 5–7 (8) µm) wesentlich größer als die gemessenen Größen der Konidiophore und Konidien des Isolates JW066p3. *C. oxysporum* unterscheidet sich

von *C. tenuissimum* durch die Ausbildung von nodosen Konidiophoren lediglich auf SNA und PDA, während auf OA keine Schwellungen an den Konidienträgern gebildet werden (Bensch et al. 2010; Bensch et al. 2012).

*Cladosporium tenuissimum* wurde bisher nicht als humanpathogener Organismus beschrieben, allerdings sind Fälle von Chromomykosen durch verschiedene Vertreter der Gattung *Cladosporium* dokumentiert worden (de Hoog et al. 2014; Romano et al. 1999). Neben *C. tenuissimum* konnten aus dem Material der Probe ebenfalls ein Stamm der Gattung *Curvularia* (JW066p1) und zwei Isolate der Art *Aspergillus clavatus* (JW066p2, JW066p4) kultiviert werden. Arten der Gattung *Curvularia* sind in der Literatur überwiegend als Verursacher von Keratitis und Sinusitis beschrieben, aber es sind auch Fälle von kutanen und subkutanen Infektionen dokumentiert (de Hoog et al. 2014). *Aspergillus clavatus* ist im Kontext von pulmonalen Infektionen, Otomykosen und gelegentlich von systemischen Mykosen in immunsupprimierten Personen nachgewiesen worden (de Hoog et al. 2014). In mikroskopiertem Probenmaterial konnten Sporen der Gattung *Curvularia* und dunkelbraune, dickwandige Hyphenzellen mit der gleichen Pigmentierung und Zellgröße der Hyphen des *Cladosporium*-Kultivates nachgewiesen werden, was das entsprechende Isolat als den Verursacher der Läsion bestätigen würde. Da allerdings Arten der Gattung *Curvularia* ebenfalls dunkel pigmentierte Hyphenzellen bilden, müsste für eine abschließende Beurteilung der Läsion eine weitere Probenahme durchgeführt werden. Wahrscheinlich handelt es sich bei der Infektion um eine traumatische Inokulation mit Hyphenpartikeln oder Sporen des entsprechenden Pilzes in Folge einer mechanischen Verletzung und einer anschließender Reinfektion angrenzender Hautpartien durch mechanische Beschädigung der Haut durch Kratzen.

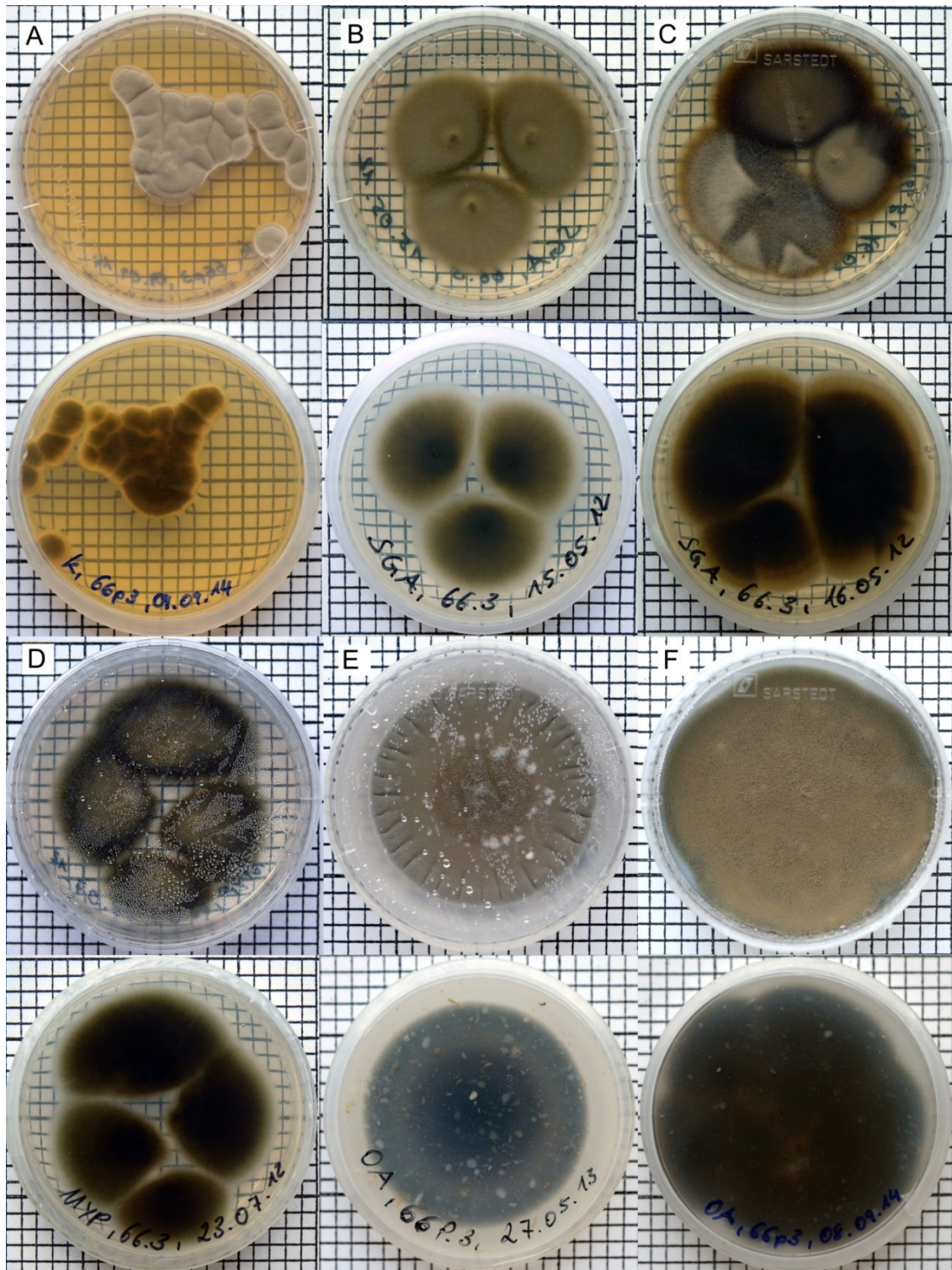
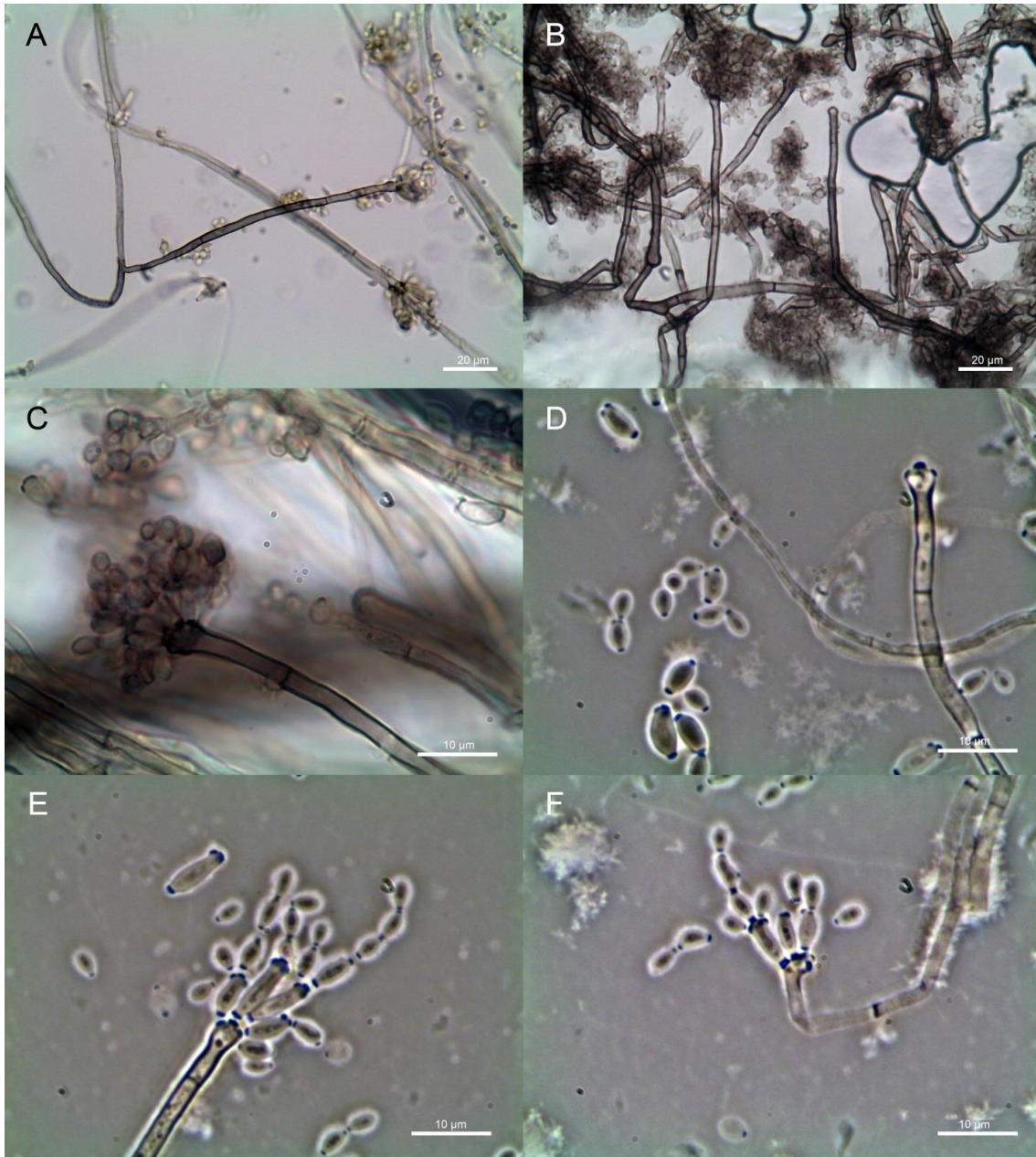


Abbildung 15: Kulturen von *Cladosporium tenuissimum* (JW066p3) auf verschiedenen Nährmedien. A. Kimmig (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.





**Abbildung 16: Mikromorphologische Strukturen von *Cladosporium tenuissimum* (JW066p3). A-F: Konidiophore mit Konidien und Ramokonidien. D-E: Konidiophore mit deutlicher apikaler Schwellung, Phasenkontrast. A,B: Maßstab = 20 µm. C-F: Maßstab = 10 µm.**

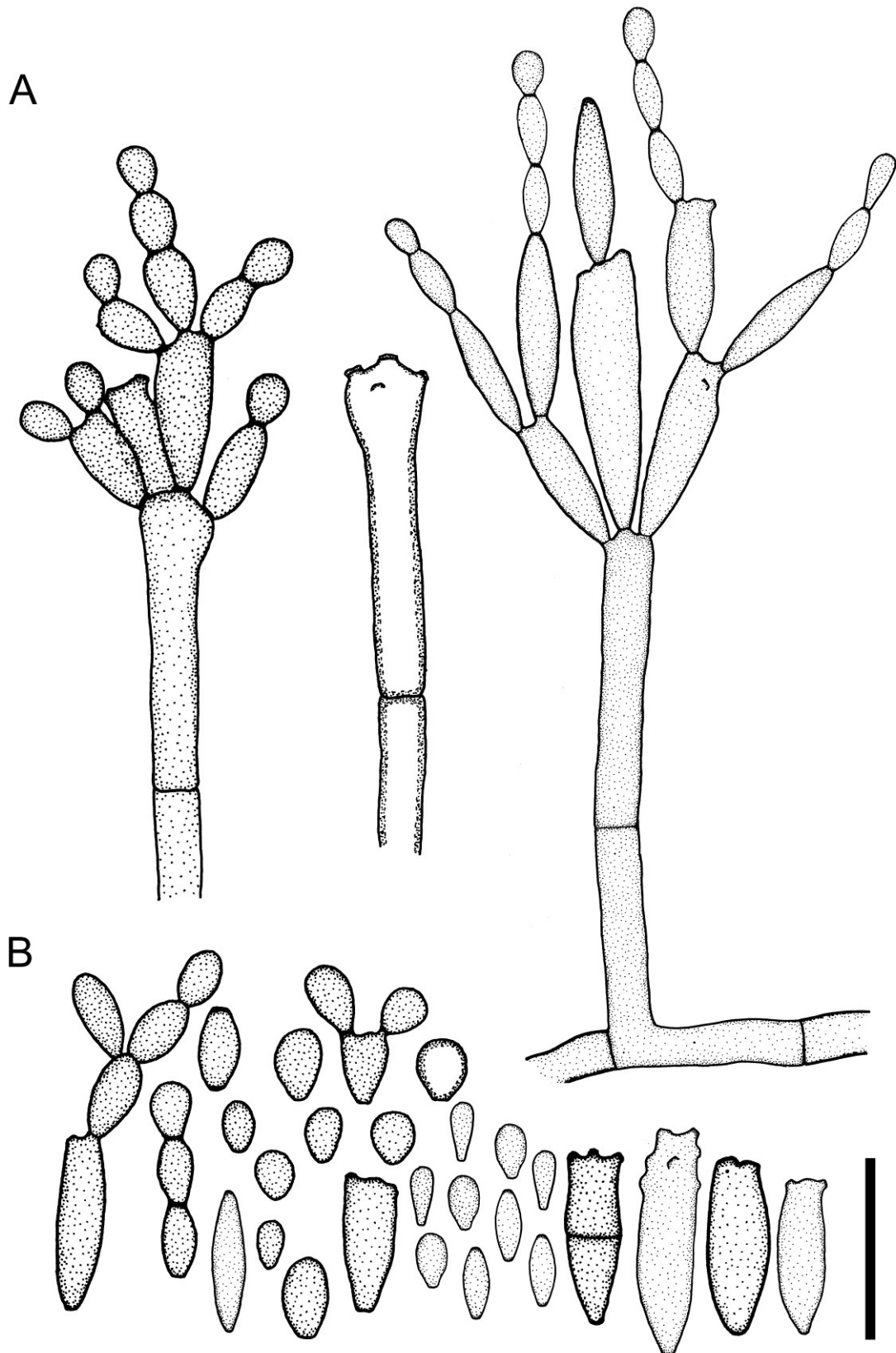


Abbildung 17: *Cladosporium tenuissimum* (JW066p3). A: Konidiophore. B: Ramokonidien und Konidien. Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ .

## ***Hortaea* Nishim. & Miyaji**

*Hortaea*, a new genus to accommodate *Cladosporium werneckii*. Jap. J. Med. Mycol. 26 (1984): 145.

Typus: *Hortaea werneckii* (Horta) Nishim. & Miyaji

Teleomorph: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Dothideomycetidae

Ordnung: Capnodiales

Familie: Teratosphaeriaceae

(Systematik und Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Hortaea* wurde 1984 von Nishimura und Miyaji (1984) mit der neu kombinierten Art *Hortaea werneckii* als Typusart aufgestellt (Seifert et al. 2011) und beinhaltet aktuell zwei akzeptierte Arten (Seifert et al. 2011; Selbmann et al. 2008) und drei assoziierte Namen (MycoBank und IndexFungorum: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

Bildung von schleimigen bis samtigen oder fein filzig-haarigen, begrenzt und moderat wachsenden, hell olivbraun-grauen bis dunkelbraune oder schwarzbraune bis schwarze Kolonien (de Hoog et al. 2014).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung sind durch pigmentierte, dickwandige Hyphenzellen, ein oder mehrzellige, pigmentierte Konidien an interkalar oder terminal gebildeten konidiogenen Zellen, mit einer deutlichen annellidische Zone und knospenden Zellen charakterisiert (de Hoog et al. 2014).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Hortaea* sind als Verursacher von pigmentierten, kutanen Läsionen (*Tinea nigra*) und vereinzelt systemischen Mykosen bei immunsupprimierten Personen beschrieben worden (de Hoog et al. 2014). Saprotrophe, extremophile Orga-

nismen auf verschiedenen Pflanzen, in natürlichen Salzpflanzen oder in sauren Habitaten (Cantrell et al. 2006; de Hoog et al. 2014; Hölker et al. 2004).

### Isolate

Insgesamt wurden zwei Stämme (JW034p3, JW034p4) isoliert, die der Gattung *Hortaea* zugeordnet werden konnten (Tab. 9). Die Isolate wurden basierend auf morphologischen Merkmalen unter Verwendung der Angaben in de Hoog et al. (2014) und molekularen Daten (nrDNA Sequenz) als *Hortaea werneckii* klassifiziert (Tab. 10).

***Hortaea werneckii*** (Horta) Nishimura & Miyaji

**Abb. 18-20**

*Hortaea*, a new genus to accommodate *Cladosporium werneckii*. Jap. J. Med. Mycol. 26 (1984): 139-146.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Basionym

*Cladosporium werneckii* Horta, Revista Med. Cirurgia Brasil 29 (1921): 274.

Synonyme

*Dematium werneckii* (Horta) C.W. Dodge, Medical Mycology 192 (1935): 676.

*Exophiala werneckii* (Horta) Arx, The genera of fungi sporulating in pure culture (1970): 180.

*Phaeoannellomyces werneckii* (Horta) McGinnis & Schell in McGinnis, Schell & Carson, *Sabouraudia* 23 (1985): 184.

*Pullularia werneckii* (Horta) G.A. de Vries, Contribution to the knowledge of the genus *Cladosporium* (1952): 101.

*Cladosporium rietmanni* Sartory, Rev. Pat. Malad. Pays Chauds 15 (1935): 9-44.

*Cladosporium werneckii* Horta, Revista Med. Cirurgia Brasil 29 (1921): 274.

*Cryptococcus metaniger* Castell., Arch. Dermatol. Syphilol. 16 (1927): 383-425.

*Pullularia fermentans* var. *leaoi* E.S. Wynne & Gott, J. Gen. Microbiol. 14 (1956): 512-519.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Dothideomycetidae

Ordnung: Capnodiales

Familie: Teratosphaeriaceae

Gattung: *Hortaea*

(Systematik und Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** überwiegend emerses, langsames Koloniewachstum von etwa 7 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien hell braun bis schwarz, glatt und schleimig weich (Hefestadium), mit erhabenem Zentrum; mit zunehmendem Alter Übergang zu braunschwarzen, radiär gefurchten Kolonien mit samtiger Oberfläche; Kolonierückseite hell braun bis braunschwarz.

**SGA:** überwiegend emerses, langsames Koloniewachstum von ca. 9 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien dunkel braun bis schwarz, glatt und schleimig weich (Hefestadium), mit erhabenem Zentrum; mit zunehmendem Alter Übergang zu radiär gefurchten Kolonien mit samtig, graubrauner Oberfläche und dunkler gefärbtem, schleimig, weichem, erhabenem Koloniezentrum; Kolonierückseite hell braun bis braunschwarz.

**OA:** emerses und submerses, langsames Koloniewachstum von ca. 10 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell braungrau, samtig und flach; Kolonierückseite schwarzbraun bis schwarz.

**MEA:** überwiegend submers, langsam wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 7 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien dunkel olivbraun bis schwarz, mit erhabenem, schleimigem Zentrum; ältere Kolonien hell braun, mit samtiger Oberfläche und schleimigem Zentrum.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin bis hell oliv-braun, mit geschwollenen, dunkel braunen Zellen und verdickten Zellwänden, bis 5 µm breit; Konidiogene Zellen lateral und interkalar, mit deutlicher annellidischer Konidiogenese, Annelliden (1) 1,5-3,5 (4) × (1) 1,5-2,0 µm; Konidien wenn jung hyalin oder hell olivgrün, mit zunehmender Reife hell braun bis dunkel olivbraun (in Massen dunkel braun bis schwarz), oval, mit bis zu einer Septe, (3) 4,0-5,5 (7) × (1,5) 2-3 µm; Hefezellen hell braun, oval bis gestreckt, (6) 7,5-12,5 (14) × 3-4,5 (5) µm.

## Pathogenität und Ökologie

BSL-1; *Hortaea werneckii* wurde als Verursacher von Tinea nigra, einer milden, dunkel gefärbten, primär an Händen und Füßen auftretenden Hautmykose dokumentiert (de Hoog et al. 2014). Die Art ist ein halophiler, saprotropher Organismus mit einem natürlichen Verbreitungsgebiet in subtropischen und tropischen Regionen (Bonifaz et al. 2008b; Campbell et al. 1996; Castellani 1966; de Hoog und Gerrits van den Ende 1992; de Hoog et al. 2000; Severo et al. 1994; Zalar et al. 1999).

## Untersuchtes Material

**JW034P:** Haut- und Nagelproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (47 Jahre) mit einer dunkel gefärbten Läsion der linken Wade und einer Onychomykose des linken, kleinen Zehennagels, gesammelt am 06.09.2009 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 09.11.2009 zweimal aus Hautmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW034p3 und JW034p4 subkultiviert.

## Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW034p4 (LSU: 584 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 99 Prozent mit Sequenzen verschiedener Stämme der Art *Hortaea werneckii* (Tab. 23-24).

**Tabelle 23: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Stammes JW034p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Hortaea werneckii</i> (IFM 4993)	100 %	99 % (581/584)	2	AB079585
<i>Hortaea werneckii</i> (IFM 46442)	100 %	99 % (581/584)	2	AB079592
<i>Hortaea werneckii</i> (IFM 4153)	100 %	99 % (581/584)	2	AB363800
<i>Hortaea werneckii</i> (CBS 107.67)	100 %	99 % (581/584)	2	EU019270

**Tabelle 24: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Stammes JW034p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Hortaea werneckii</i> (CBS 117.90)	100 %	99,5 % (581/584)	2	--
<i>Hortaea werneckii</i> (CBS 708.76)	100 %	99,5 % (581/584)	2	--
<i>Hortaea werneckii</i> (CBS 359.66)	100 %	99,5 % (581/584)	2	--
<i>Hortaea werneckii</i> (CBS 107.67)	100 %	99,3 % (581/584)	2	EU019270

## Diskussion

Die taxonomische Identität der Stämme JW034p3 und JW034p4 als *Hortaea werneckii* wurde anhand von morphologischen Strukturen und molekularen Daten (LSU nrDNA Sequenz) ermittelt. So entsprachen die untersuchten morphologischen Elemente in Bezug auf Form und Größe der Beschreibung von *H. werneckii* in der Literatur (Campbell 1996, de Hoog et al. 2000, 2014, Nishimura und Miyaji 1984) und die Sequenz eines LSU nrDNA Abschnittes des Isolates JW034p4 zeigte eine Übereinstimmung von 99 Prozent mit Sequenzen der Art *H. werneckii* (Tab. 23-24).

*Hortaea werneckii* ist als alleiniger Verursacher von Tinea nigra in subtropischen und tropischen Regionen dokumentiert worden und es wurden in den Proben der untersuchten Läsion keine weiteren Pilze nachgewiesen. Zudem entsprach das Erscheinungsbild der Hautveränderung der in der Literatur beschriebenen Symptomatik (Castellani 1966; de Hoog et al. 2014; Severo et al. 1994). Da allerdings auf Grund der geringen Probenmenge das Material nur zum Anlegen von Kulturen verwendet wurde, konnte keine mikroskopische Untersuchung der gesammelten Probe durchgeführt werden.

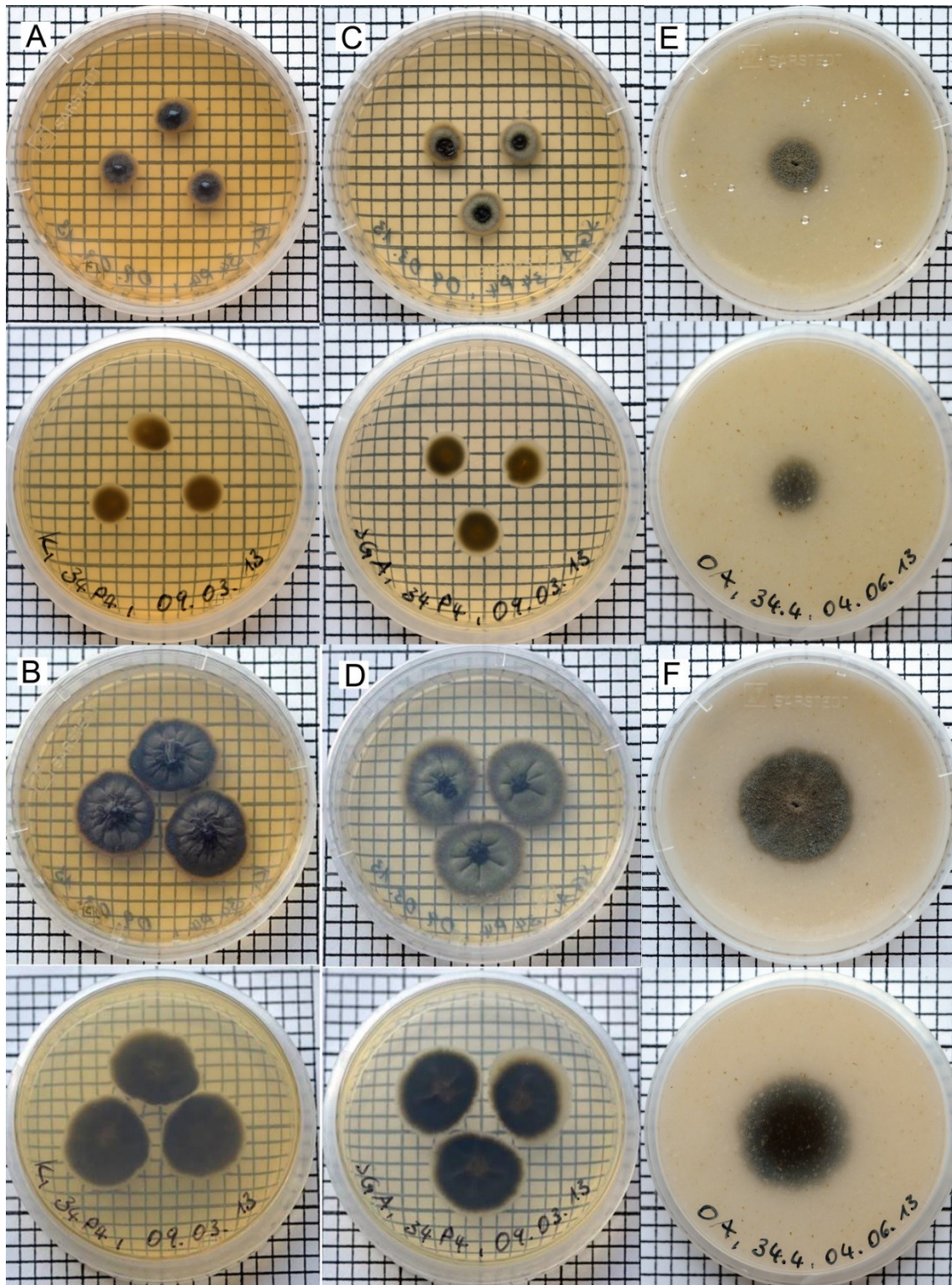


Abbildung 18: Kulturen von *Hortaea werneckii* (JW034p4) auf verschiedenen Medien. A: Kimmig-Agar (7 d), B: Kimmig-Agar (14 d), C: SGA (7 d), D: SGA (14 d), E: OA (10 d), F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.





Abbildung 19: Mikromorphologische Strukturen von *Hortaea werneckii* (JW034p4). A: Hyphen-elemente mit verdickten, braunen Zellen. B: Hefezellen. C, D, E, F: Knospende Hefezellen und Zellen mit annellidischer Konidiogenese (Pfeil). A, C, D, F: Maßstab = 10 µm; D: Maßstab = 20 µm.

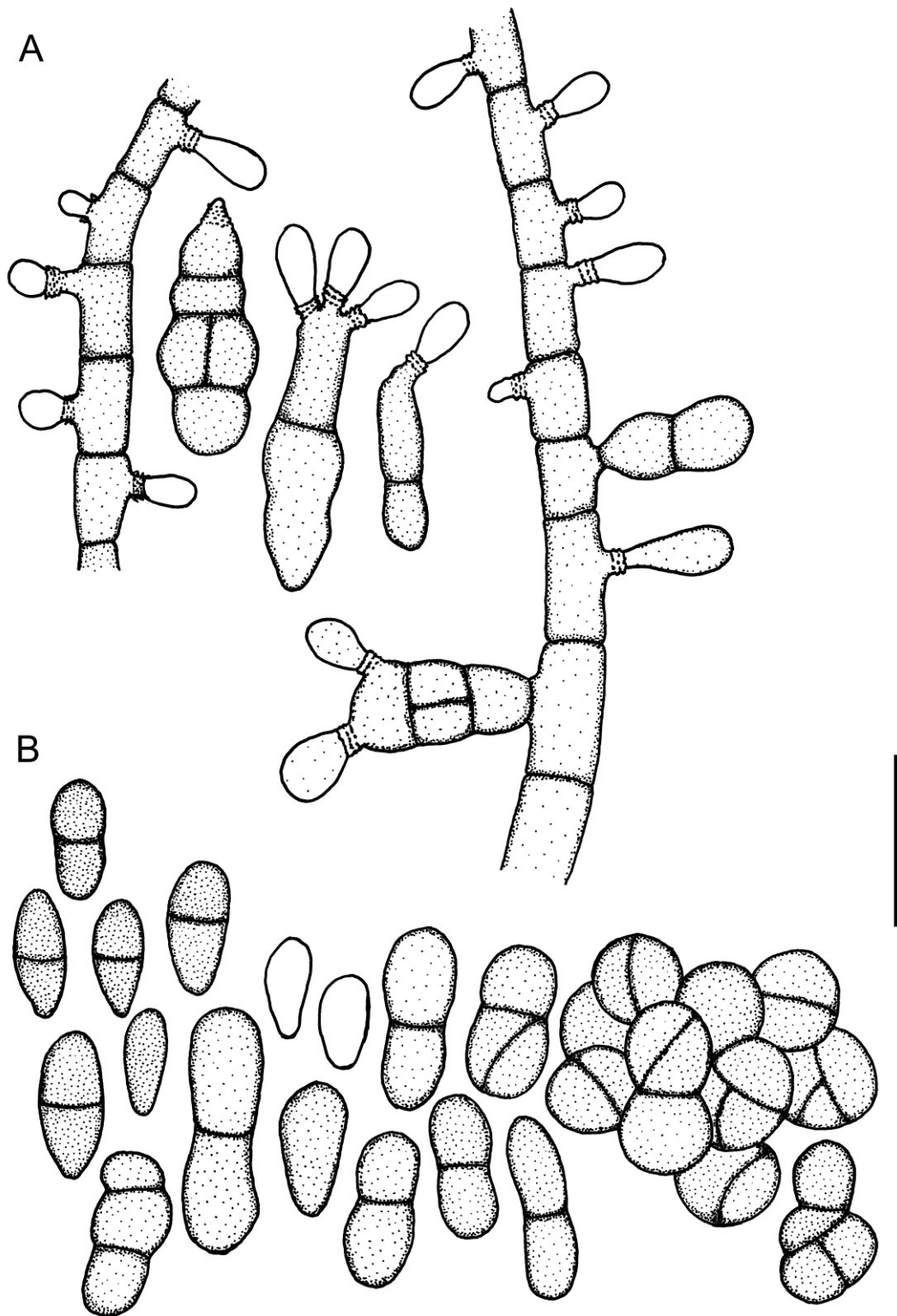


Abbildung 20: *Hortaea werneckii* (JW034p4). A: Hyphen und Hefezellen mit konidiogenen Elementen. B: Konidien, Hefezellen und Chlamydosporen-artige Zellen. Maßstab = 10 µm.

## **Pleosporales** Luttr. ex M.E. Barr

Prodromus to class Loculoascomycetes (1987): 67.

Es wurden acht Stämme aus fünf unterschiedlichen Proben isoliert, die innerhalb der Pleosporales der Familie Pleosporaceae Nitschke und der Gattung *Curvularia* Boedijn zugeordnet wurden (Tab.10).

## **Curvularia** Boedijn

Über einige phragmosporen Dematiazen. Bull. Jard. bot. Buitenz 13 (1933): 120-134.

Typus: *Curvularia lunata* (Wakker) Boedijn

Teleomorph-Stadium: *Cochliobolus* Drechsler, *Pseudocochliobolus* Tsuda, Ueyama & Nishih. (de Hoog et al. 2014).

Synonyme

*Curvosporium* Corbetta [als „*Curvosporium*“], Bull. Naniwa Univ., Ser. B, 12 (1963): 28, 30.

*Malustela* Bat. & J.A. Lima, Publicações Inst. Micol. Recife 263 (1960): 5.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Pleosporomycetidae

Ordnung: Pleosporales

Familie: Pleosporaceae

(Systematik und Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Curvularia* wurde von Boedijn (1933) basierend auf der neu kombinierten Art *Curvularia lunata* als Typus aufgestellt und beinhaltet aktuell etwa 45 akzeptierte Arten (Seifert et al. 2011) und 128 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 138 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen (Domsch et al. 2007; Seifert et al. 2011).

## **Koloniemorphologie**

Bildung von rasch wachsenden, wolligen bis filzig-haarigen, schmutzig-weißen, beigefarbenen bis schwarzbraunen oder schwarzen Kolonien (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Ellis 1971).

## **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Curvularia* sind charakterisiert durch die Bildung von aufrechten, unverzweigten, pigmentierten Konidiophoren mit blastischer, sympodialer Konidiogenese mit deutlichen Narben an den konidiogenen Loci und mehrzelligen, pigmentierten, obovaiden bis gebogenen Konidien mit hellen, schwächer pigmentierten Endzellen und einer größeren mittleren Zelle (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Ellis 1971).

## **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Curvularia* wurden als opportunistische Erreger, Verursacher von kutanen oder subkutanen Infektionen nach traumatischen Inokulationen, pulmonalen Mykosen, Sinusitis, Onychomykosen und Keratitis dokumentiert (de Hoog et al. 2014). Häufig von verrottendem Pflanzenmaterial, aus Erde oder Luft isolierte, saprotrophe und phytopathogene Organismen mit einer hohen Abundanz in der Umwelt und einer weltweiten Verbreitung in tropischen und subtropischen Regionen (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Seifert et al. 2011).

## **Isolierte Arten**

Insgesamt wurden acht Stämme isoliert, die anhand morphologischer Merkmale der Gattung *Curvularia* zugeordnet werden konnten (Tab. 9). Die Isolate wurden basierend auf morphologischen Merkmalen unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in de Hoog et al. (2014) und Domsch et al. (2007) und nrDNA Sequenzdaten als *Curvularia geniculata* (JW062p11) und *Curvularia lunata* (JW055p2, JW061p5, JW061p6, JW062p2, JW062p3, JW062p9, JW066p1) klassifiziert (Tab. 10).

***Curvularia geniculata*** (Tracy & Earle) Boedijn

**Abb. 21-23**

Über einige phragmosporen Dematiazen. Bull. Jard. bot. Buitenz. 13 (1933): 120-134.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Basionym

***Helminthosporium geniculatum*** Tracy & Earle, Bull. Torrey bot. Club 23 (1896): 207.

Synonyme

*Helminthosporium geniculatum* Tracy & Earle, Bull. Torrey bot. Club 23 (1896): 207.

*Cochliobolus geniculatus* R.R. Nelson, Mycologia 56 (1964): 778.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Pleosporomycetidae

Ordnung: Pleosporales

Familie: Pleosporaceae

Gattung: *Curvularia*

(Systematik und Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

**Kimig:** überwiegend emerses, rasches Koloniewachstum von 60-70 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien rosa-bräunlich mit braungrauem bis schwarzbraunem Zentrum, samtig-filzig-haariger Kolonietextur und einer submersen Randzone; ältere Kolonien schwarz-graubraun, mit wollig-haariger Kolonieoberfläche und gelegentlicher Bildung von weißem, wattig-filzigem Luftmyzel; Kolonierückseite dunkelbraun bis schwarzbraun.

**SGA:** emerses und submerses, rasches Koloniewachstum von 60-70 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell braungrau bis dunkel graubraun, wollig filzig bis haarig filzig, mit heller gefärbter, submerser Randzone; ältere Kolonien dunkel braun bis braungrau, wollig haarig; Kolonierückseite schwarzbraun bis schwarz.

**OA:** emerses und submerses, rasches Koloniewachstum von etwa 75 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell braun bis schmutzig weiß, filzig-wollig bis leicht haarig, mit dunkler pigmentiertem Substratmyzel und heller gefärbter Randzone; ältere Kolonien bräunlich bis graubraun, mit filzig wollighaariger Kolonietextur; Rückseite hell braun bis dunkel braun mit einer helleren Mittelzone und einem dunkler gefärbten Randbereich und Bildung eines gelblichen Pigments.

**MYP:** rasch, überwiegend emers wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 60-70 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien hell bräunlich bis cremefarben, samtig-wollig-filzig, mit dunkler gefärbtem, wollig-haarigem Zentrum; ältere Kolonien dunkel braun bis graubraun, mit samtig haarigem Randbereich und wollig filzigem

Zentrum und Ausbildung von heller gefärbtem, wattig-wolligem Luftmyzel; Kolonierückseite mit dunkel schwarzbraunem Zentrum, hell gelblich brauner bis hell brauner Mittelzone, einer dunkel pigmentierten Randzone und Bildung von Rissen im Nährmedium.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hell braun bis dunkel braun, septiert, 2-5 µm breit; Konidiogene Zellen an aufrechten, unverzweigten Konidiophoren von variabler Länge; Konidiophore hell braun bis dunkel braun, 2-3 µm breit und bis 550 µm lang, häufig apikal gebogen bis deutlich geniculat, konidiogene Loci mit dunkeln, erhabenen Narben; Konidien olivbraun bis dunkel braun, mit heller pigmentierten Endzellen, obovoid bis ellipsoid oder gebogen, mittlere Zelle häufig größer als die restlichen Zellen, mit basalem Stumpf und überwiegend 4 Septen, glatt, (15) 20-25 (27) × (7) 8-11 (13) µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; *Curvularia geniculata* ist in der Literatur als gelegentlicher Verursacher unterschiedlicher Infektionen dokumentiert, so sind Fälle von chronischer und invasiver Sinusitis bei Menschen und Tieren, Infektionen durch traumatische Implantation, nach chirurgischen Operationen und systemische Erkrankungen bei immunsupprimierten Personen beschrieben worden (de Hoog et al. 2014; Nityananda et al. 1964; Revankar und Sutton 2010; Singh et al. 2008). Häufig von verrottendem Pflanzenmaterial, aus Erde oder Luft isolierter, saprotropher und phytopathogener Organismus an verschiedenen Pflanzengattungen, mit einer weiten Verbreitung in der Umwelt und einer weltweiten Präsenz in tropischen und subtropischen Habitaten (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Seifert et al. 2011).

### **Untersuchtes Material**

**JW062P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (55 Jahre) mit einer Mykose der Haut und einer braunen Verfärbung des 4. Zehennagels und einer Onychomykose des kleinen Zehennagels des rechten Fußes. Das Material wurde am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am 21.01.2011 einmal aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW062p11 subkultiviert.

## Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS Region der nrDNA des Isolates JW062p11 (ITS: 616 bp) mit Sequenzen aus öffentlich zugänglichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 100 Prozent des untersuchten DNA-Abschnittes mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Curvularia geniculata* (Syn: *Cochliobolus geniculatus*), *Bipolaris sorghicola* (Lefebvre & Sherwin) Alcorn und *Curvularia lunata* (Wakker) Boedijn (Syn: *Cochliobolus lunatus* R.R. Nelson & F.A. Haasis) (Tab. 25-26).

**Tabelle 25: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW062p11 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cochliobolus geniculatus</i> (Cv01Sc01)	97 %	100 % (601/601)	0	JQ783058
<i>Bipolaris sorghicola</i> (H05-557-1)	96 %	100 % (592/592)	0	JX960580
<i>Curvularia geniculata</i> (CBS 187.50)	95 %	100 % (590/590)	0	KJ909781
<i>Cochliobolus lunatus</i> (LP09-1)	94 %	100 % (582/582)	0	JN634838

**Tabelle 26: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW062p11 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	Genbank Nummer
<i>Cochliobolus geniculatus</i> (Cv01Sc01)	97,6 %	100 % (601/601)	0	JQ783058
<i>Bipolaris sorghicola</i> (H05-557-1)	97,6 %	100 % (592/592)	0	JX960580
<i>Curvularia geniculata</i> (CBS 187.50)	96,1 %	100 % (590/590)	0	KJ909781
<i>Cochliobolus lunatus</i> (LP09-1)	94,5 %	100 % (582/582)	0	JN634838

## Diskussion

Die Bestimmung des Isolates JW062p11 als *Curvularia geniculata* beruht auf morphologischen Merkmalen und molekularen Daten (ITS nrDNA Sequenz). So entsprachen die untersuchten Strukturen wie Konidienträger, Konidien und Kolonimorphologie der Beschreibung von *C. geniculata* in der Literatur (de Hoog et al. 2014; Ellis 1971; Matsushima 1975), wobei die gemessenen Größen der Konidien allerdings kleiner waren als die in der Literatur angegebenen Werte (Domsch et al. 2007; de Hoog et al. 2014: 18-37 × 8-14 µm, Matsushima 1975: 20-35 (40) × 7,5-12 µm). Die ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW062p11 zeigte eine Übereinstimmung von 100 Prozent mit Sequenzen der Arten *Curvularia geniculata* (Syn: *Cochliobolus geniculatus*), *Bipolaris sorghicola* und *Curvularia lunata* (Syn: *Cochliobolus lunatus*) (Tab. 25-26). Die aufgeführten Arten unterscheiden sich von *C. geniculata* in relevanten morphologischen Merkmalen. So bilden Arten der Gattung *Bipolaris* länglichere, ovalere, distoseptate

und gleichmäßig pigmentierte Konidien. Die häufiger isolierte und morphologisch sehr ähnliche Art *C. lunata* unterscheidet sich von *C. geniculata* durch die Bildung von maximal dreifach septierten Konidien (siehe Abb. 25, 26).

Aus dem untersuchten Material der Probe JW062P konnten neben *C. geniculata* weitere Pilzisolat kultiviert werden. So wurden zusätzlich drei sterile Kultivate (JW062p1, JW062p5, JW062p10), zwei Isolate der Gattung *Verticillium* (JW062p6, JW062p7), drei Stämme der Art *Curvularia lunata* (JW062p2, JW062p3, JW062p9), der Dermatophyt *Trichophyton interdigitale* (JW062p8) und vier Stämme des Dermatophyten *T. rubrum* (JW062p4, JW062p12, JW062p13, JW062p14) isoliert. *C. geniculata* ist eher als Verursacher von Infektionen des oberen Atemtrakts oder als Besiedler klinischer Implantate dokumentiert, wobei auch Fälle von kutanen Mykosen beschrieben wurden (de Hoog et al. 2014; Revankar und Sutton 2010). Allerdings legt die einmalige Isolierung von *C. geniculata* aus der untersuchten Läsion nahe, das Isolat als eine Kontamination des gesammelten Materials zu betrachten (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).



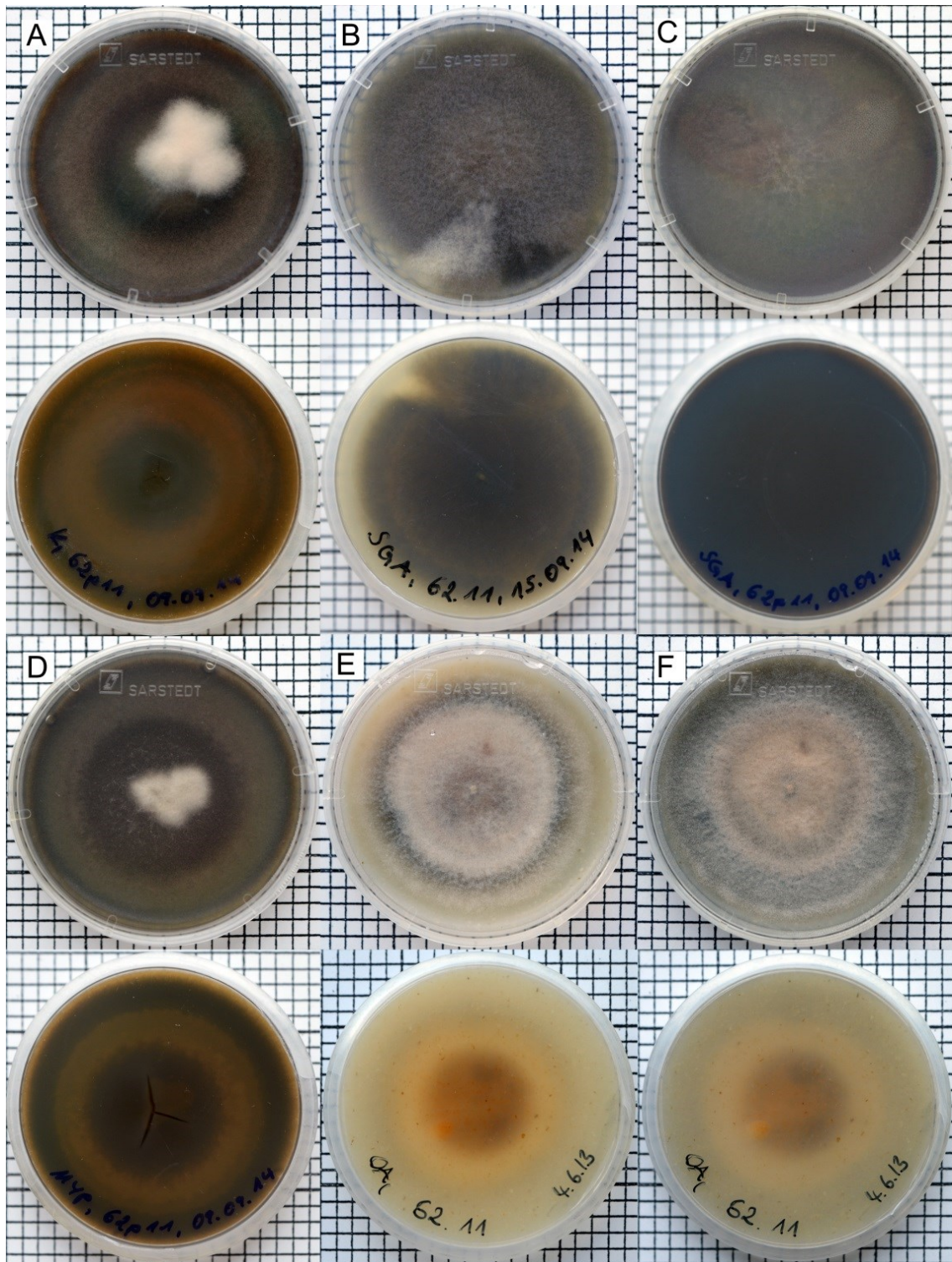


Abbildung 21: Kulturen von *Curvularia geniculata* (JW062p11) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d). ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

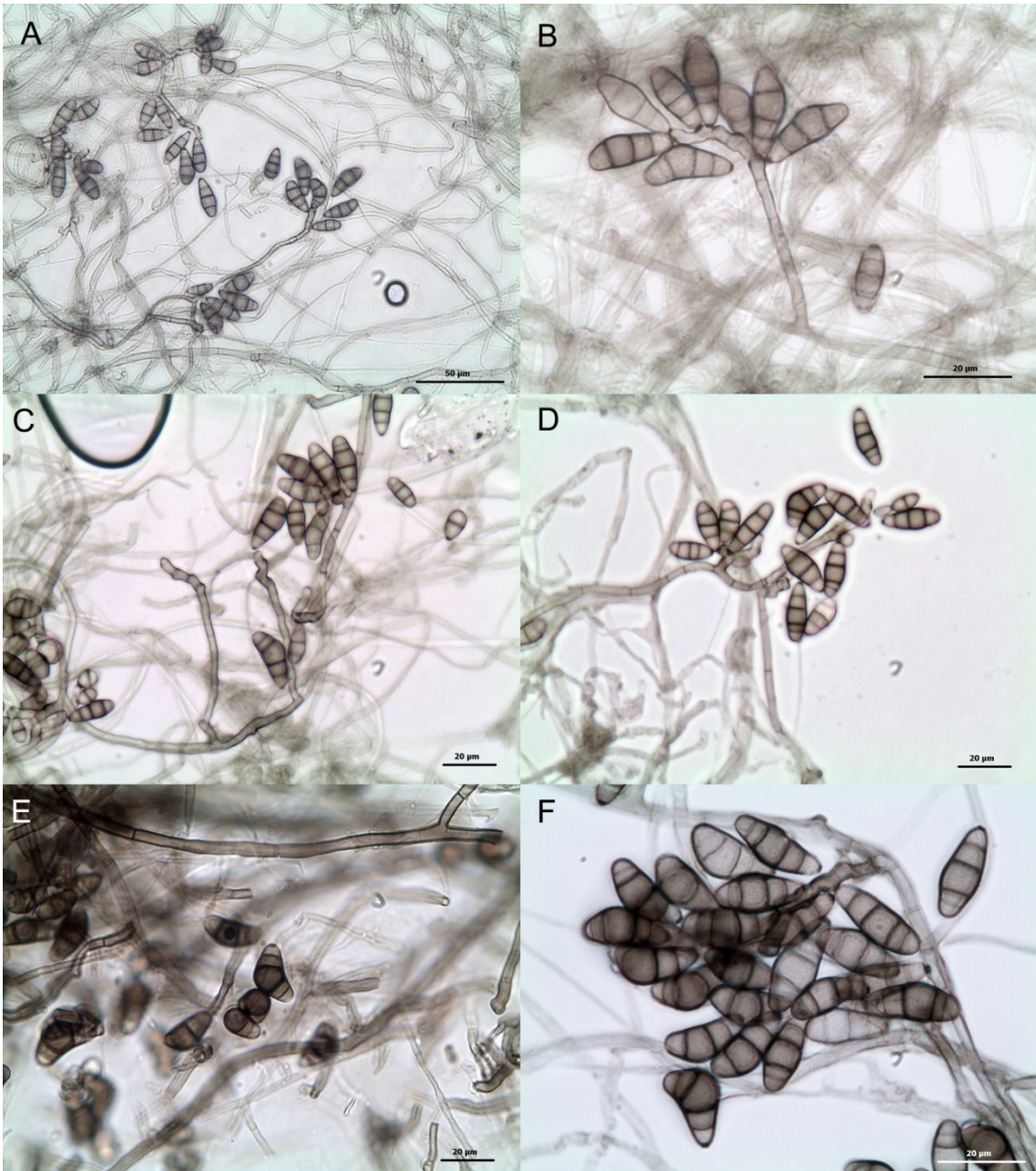


Abbildung 22: Mikromorphologische Strukturen von *Curvularia geniculata* (JW062p11). A-F: Konidiophore mit Konidien. A: Maßstab = 50 µm. B-F: Maßstab = 20 µm.

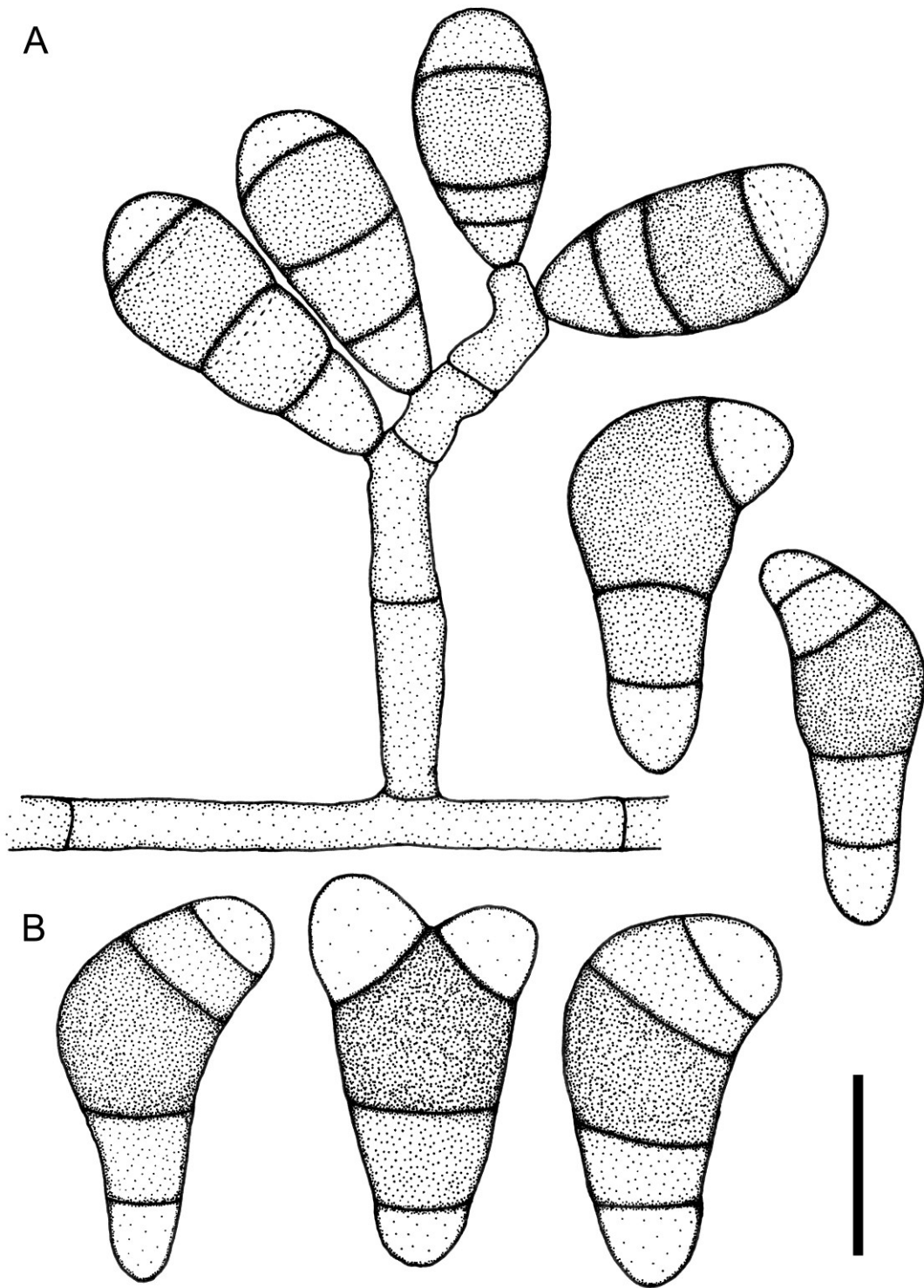


Abbildung 23: *Curvularia geniculata* (JW062p11). A: Konidiophor mit Konidien. B: Konidien.  
Maßstab = 10 µm.

Über einige phragmosporen Dematiazen. Bulletin du Jardin Botanique de Buitenzorg 13 (1933):120-134.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Basionym

*Acrothecium lunatum* Wakker in Wakker & Went, De Ziekten van het Suikerriet op Java, die niet door dieren veroorzaakt worden (1898): 196.

Synonyme

*Acrothecium lunatum* Wakker in Wakker & Went, De Ziekten van het Suikerriet op Java, die niet door dieren veroorzaakt worden (1898): 196.

*Cochliobolus lunatus* R.R. Nelson & F.A. Haasis, Mycologia 56 (1964): 316.

*Curvularia aeria* (Bat., J.A. Lima & C.T. Vasconc.) Tsuda in Nakada, Mycoscience 35 (1994): 277.

*Curvularia caryopsidum* (Sacc.) Teng [als „*caryopsida*“], Bull. Soc. Sci. Nat. Saône-et-Loire 2 (1964): 760.

*Curvularia lunata* var. *aeria* (Bat., J.A. Lima & C.T. Vasconc.) M.B. Ellis, Mycol. Pap. 106 (1966): 34.

*Curvularia lunata* var. *lunata* (Wakker) Boedijn, Bull. Jard. bot. Buitenz., 3 Sér. 13 (1933): 127.

*Helminthosporium caryopsidum* Sacc. [als „*Helmisporium*“], Annls mycol. 12(3): 313 (1914).

*Helminthosporium curvulum* Sacc., Atti della Accademia Scientifica Veneto-Trentino-Istria 10 (1916): 89.

*Malustela aeria* Bat., J.A. Lima & C.T. Vasconc., Publicações Inst. Micol. Recife 263 (1960): 7.

*Pseudocochliobolus lunatus* (R.R. Nelson & F.A. Haasis) Tsuda, Ueyama & Nishih., Mycologia 69 (1978): 1118.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Pleosporomycetidae

Ordnung: Pleosporales

Familie: Pleosporaceae

Gattung: *Curvularia*

(Synonyme und Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### Koloniemorphologie

**Kimmig:** emerses und submerses, rasches Koloniewachstum von 50-60 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell braungrau bis schwarzbraun, mit filzig-haariger Kolonietextur und einer submersen Randzone; ältere Kolonien schwarzgraubraun, mit wollig haariger Kolonieoberfläche; Kolonierückseite schwarzbraun bis schwarz.

**SGA:** emerses und submerses, rasches Koloniewachstum von 60-70 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien mit schwarzem Substratmyzel und beigem bis hellbraunem Luftmyzel, Kolonien vereinzelt kahl oder nur mit spärlicher Ausbildung von Luftmyzel; ältere Kolonien dunkel braun, wollig haarig; Kolonierückseite schwarzbraun bis schwarz.

**OA:** emerses und submerses, rasches Koloniewachstum von etwa 70 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien graphitfarben bis dunkel schwarzgrau, filzig-wollig, mit schmutzig-weißem, haarig samtigem, flachen Rand; ältere Kolonien dunkel graubraun bis schwarzbraun, mit wollig filziger Kolonietextur; Rückseite schwarzbraun mit einer helleren Randzone und Bildung eines gelblichen Pigments.

**MYP:** rasch, submers und emers wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 65 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien dunkel olivbraun bis schwarzolivbraun, haarig, mit filzigem Zentrum und submerser Randzone; Kolonierückseite olivschwarzbraun bis schwarz.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hell braun bis dunkel braun, septiert, 2-3,5 µm breit; Konidiogene Zellen an aufrechten, unverzweigten Konidiophoren von variabler Länge; Konidiophore hell braun bis dunkel braun, 2-3 µm breit und bis 200 µm lang, häufig apikal abgeknickt bis deutlich geniculat, konidiogene Loci mit dunkel gefärbten, erhabenen Narben; Konidien olivbraun mit heller pigmentierten bis hyalinen Endzellen, obovoid bis breit keulenförmig oder gebogen, subterminale Zelle gewöhnlich größer als die restlichen Zellen, mit basalem Stumpf und bis zu 3 Septen, glatt, (15) 18-28 (32) × (5) 8-12 µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; *Curvularia lunata* ist in der Literatur als Verursacher verschiedener Krankheitsbilder dokumentiert, so sind Fälle von kutanen Mykosen, Onychomykosen, Sinusitis und systemische Infektionen sowie Tiefenmykosen bei immunsupprimierten Personen beschrieben worden (Campbell et al. 1996; Carter und Boudreaux 2004; de Hoog et al. 2014; Mahgoub 1973; Moody et al. 2012; Yau et al. 1994). Häufig von verrottendem Pflanzenmaterial, aus Erde oder Luft isolierter, saprotropher und phytopathogener Pilz an Gräsern und anderen Pflanzen, einer großen Abundanz in der Umwelt und einer weltweiten Verbreitung in tropischen und subtropischen Regionen (Campbell et al.

1996; Cuervo-Parra et al.; de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Monteiro et al. 2003; Seifert et al. 2011; Watanabe 2002).

### **Untersuchtes Material**

**JW055P:** Nagelproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (72 Jahre) mit einer Onychomykose des dritten Zehennagels des linken Fußes, gesammelt am 17.01.2011 in David, el Retorno, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 31.03.2011 einmal aus Probenmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW055p2 subkultiviert.

**JW061P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (35 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Onychomykose des rechten, großen Zehennagels; gesammelt am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama. Der Organismus wurde am 27.03.2011 einmal aus Haut- und einmal aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW061p5 und JW061p6 subkultiviert.

**JW062P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (55 Jahre) mit einer Mykose der Haut und einer braunen Verfärbung des 4. Zehennagels und einer Onychomykose des kleinen Zehennagels des rechten Fußes; gesammelt am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama. Der Pilz wurde am 28.03.2011 einmal aus Haut- und zweimal aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW062p2, JW062p3 und JW062p9 subkultiviert.

**JW066P:** Hautmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (79 Jahre) mit disseminierten Chromomykosen am Spann und unteren Schienbein beider Füße und Beine; gesammelt am 25.01.2011 in San Felix, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 20.03.2011 auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW066p1 subkultiviert.

### **Molekulare Identifizierung (Barcoding)**

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA-Sequenz des Isolates JW062p9 (ITS: 502 bp, LSU: 611 bp) mit Sequenzen aus öffentlich zugänglichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Curvularia lunata* (Syn: *Cochliobolus lunatus*), *Cochliobolus hawaiiensis* Alcorn, *Cochliobolus kusanoi* (Y. Nisik.) Drechsler ex Dastur (Syn: *Drechslera kusanoi* (Y. Nisik.) Subram. & B.L. Jain) und *Drechslera dermatioidea* (Bubák & Wróbl.) (Tab. 27-30).

**Tabelle 27: BlastSearch Ergebnisse der ITS rDNA Sequenz des Isolates JW062p9 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cochliobolus lunatus</i> (CATAS-CL01)	91 %	99 % (456/461)	4	GQ169765
<i>Curvularia lunata</i> (LVPEI.B2032)	90 %	99 % (449/454)	4	JX868665
<i>Curvularia lunata</i> (UM 313)	89 %	99 % (444/448)	3	JX966628
<i>Cochliobolus lunatus</i> (SGE26)	89 %	99 % (444/448)	3	JX232273

**Tabelle 28: BlastSearch Ergebnisse der LSU rDNA Sequenz des Isolates 62p9 (Genbank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cochliobolus kusanoi</i> (NBRC 100196)	96 %	99 % (587/589)	0	JN941505
<i>Cochliobolus hawaiiensis</i> (NBRC 32570)	96 %	99 % (581/589)	0	JN941532
<i>Curvularia lunata</i> (L2744)	96 %	98 % (580/589)	0	KC288126
<i>Cochliobolus lunatus</i> (NBRC 5997)	96 %	98 % (580/589)	0	KC311514

**Tabelle 29: BlastSearch Ergebnisse der ITS rDNA Sequenz des Isolates JW062p9 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cochliobolus lunatus</i> (CBS 188.48)	89 %	98,8 % (443/448)	3	--
<i>Cochliobolus kusanoi</i> (NBRC 100196)	89 %	98,8 % (443/448)	3	JN943395
<i>Cochliobolus lunatus</i> (UM 313)	89 %	98,8 % (443/448)	3	JX966628
<i>Curvularia lunata</i> (LVPEI.B2032)	89 %	98,8 % (443/448)	3	JX868665

**Tabelle 30: BlastSearch Ergebnisse der LSU rDNA Sequenz des Isolates JW062p9 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Curvularia lunata</i> var. <i>lunata</i> (CBS 188.48)	95 %	100 % (581/581)	0	--
<i>Curvularia lunata</i> var. <i>lunata</i> (CBS 411.85)	96,6 %	99,6 % (588/590)	0	--
<i>Drechslera kusanoi</i> (CBS 157.60)	96,4 %	98,6 % (577/579)	0	--
<i>Drechslera dermatioidea</i> (CBS 113.67)	99,3 %	98,8 % (581/589)	0	--

## Diskussion

Die Klassifizierung der Isolate als *Curvularia lunata* wurde unter Verwendung von morphologischen Merkmalen und molekularen Daten (ITS und LSU nrDNA Sequenzen) durchgeführt. Das beobachtete Erscheinungsbild der Kulturen und der mikromorphologischen Merkmale entspricht der Beschreibung von *C. lunata* (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Ellis 1971), wobei die Konidien der Isolate aus Panama eine breitere als die in der Literatur angegebene Größenvarianz aufwiesen (de Hoog et al.

2014: 21-31 × 8,5-12 µm, Domsch et al. 2007: 20-30 × 9-15 µm, Watanabe 2002: 17,5-30 × 8,7-14 µm). Die Sequenzen der ITS und LSU nrDNA des Isolates JW062p9 zeigten die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von *Curvularia lunata* (Syn: *Cochliobolus lunatus*), *Cochliobolus kusanoi* (Syn: *Drechslera kusanoi*), *Cochliobolus hawaiiensis* und *Drechslera dermatioidea* (Tab. 27-30). Die aufgeführten, molekular nah verwandten Arten der Gattung *Cochliobolus* Drechsler unterscheiden sich von *C. lunata* durch die Bildung von länglichen, ovaleren, distoseptaten und gleichmäßiger pigmentierten Konidien. Die ebenfalls regelmäßig aus der Umwelt isolierte und morphologisch sehr ähnliche Art *C. geniculata* unterscheidet sich von *C. lunata* durch vierfach septierte Konidien (siehe Abb. 22, 23).

*C. lunata* wurde in der Literatur überwiegend als Verursacher von Hautmykosen und Erkrankungen weicher Gewebe dokumentiert (Campbell et al. 1996; de Hoog et al. 2014). Allerdings sind auch Fälle von Nagelmykosen durch Arten der Gattung *Curvularia* beschrieben worden (Barde und Singh 1983; Sohn 1997). Aus dem Material der untersuchten Läsionen (JW055P, JW061P, JW062P, JW066P) konnten neben *C. lunata* mehrere andere Pilzarten isoliert werden. So wurden aus dem Material der Probe JW055P drei weitere Stämme unterschiedlicher Hyphomyceten isoliert, ein Stamm der Art *Wardomyces litoralis* (JW055p4) und zwei sterile Pilzstämme (JW055p1, JW055p3). Aus dem Material der Probe JW061P wurden zusätzlich ein Stamm der Art *Aspergillus flavus* (JW061p1), drei sterile Isolate (JW061p2, JW061p7, JW061p8), ein Stamm der Art *Neoscytalidium dimidiatum* (JW061p10) und vier Stämme des Dermatophyten *Trichophyton rubrum* kultiviert. Aus dem Material der Probe JW062P wurden ebenfalls mehrere Pilzarten kultiviert. So konnten zusätzlich drei sterile Kultivate (JW062p1, JW062p5, JW062p10), zwei Isolate der Gattung *Verticillium* (JW062p6, JW062p7), ein Stamm der Art *Curvularia geniculata*, der Dermatophyt *Trichophyton interdigitale* und vier Stämme des Dermatophyten *T. rubrum* isoliert werden. Aus dem Material der Probe wurde ebenfalls ein Stamm der Art *Cladosporium tenuissimum* (JW066p3) und zwei Isolate der Art *Aspergillus clavatus* (JW066p2, JW066p4) isoliert. Bei den untersuchten Läsionen JW061P und JW062P handelt sich sehr wahrscheinlich um eine primäre Infektion mit *T. rubrum* und eine anschließend erfolgte Besiedlung mit anderen keratinolytischen und keratinophilen Organismen, während zusätzlich bei Läsion JW062P eine mykotische Superinfektion mit *T. rubrum* und *T. interdigitale* vorliegt (de Hoog et al. 2014; Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005). Aus dem Material der Proben JW055P und JW066P konnten nur als opportunistische Pilzarten beschriebene



Isolate kultiviert werden, weshalb der Verursacher der entsprechenden Läsionen nur durch eine wiederholte Probennahme ermittelt werden kann (siehe *Cladosporium tenuissimum* und *Wardomyces litoralis*).

Die Isolation von *Curvularia lunata* aus klinischem Material im Rahmen der untersuchten Läsionen ist auf Grund der weiten Verbreitung der Sporen dieser Art in der Umwelt und Außenluft, gerade bei einer geringen Zahl an Isolaten eher als eine Kontamination der Probe zu betrachten. Bei dystrophischen Onychomykosen kann eine sekundäre Besiedlung des mazerierten Nagelmaterials durch opportunistische Pilze wie *C. lunata* allerdings nicht ausgeschlossen werden (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

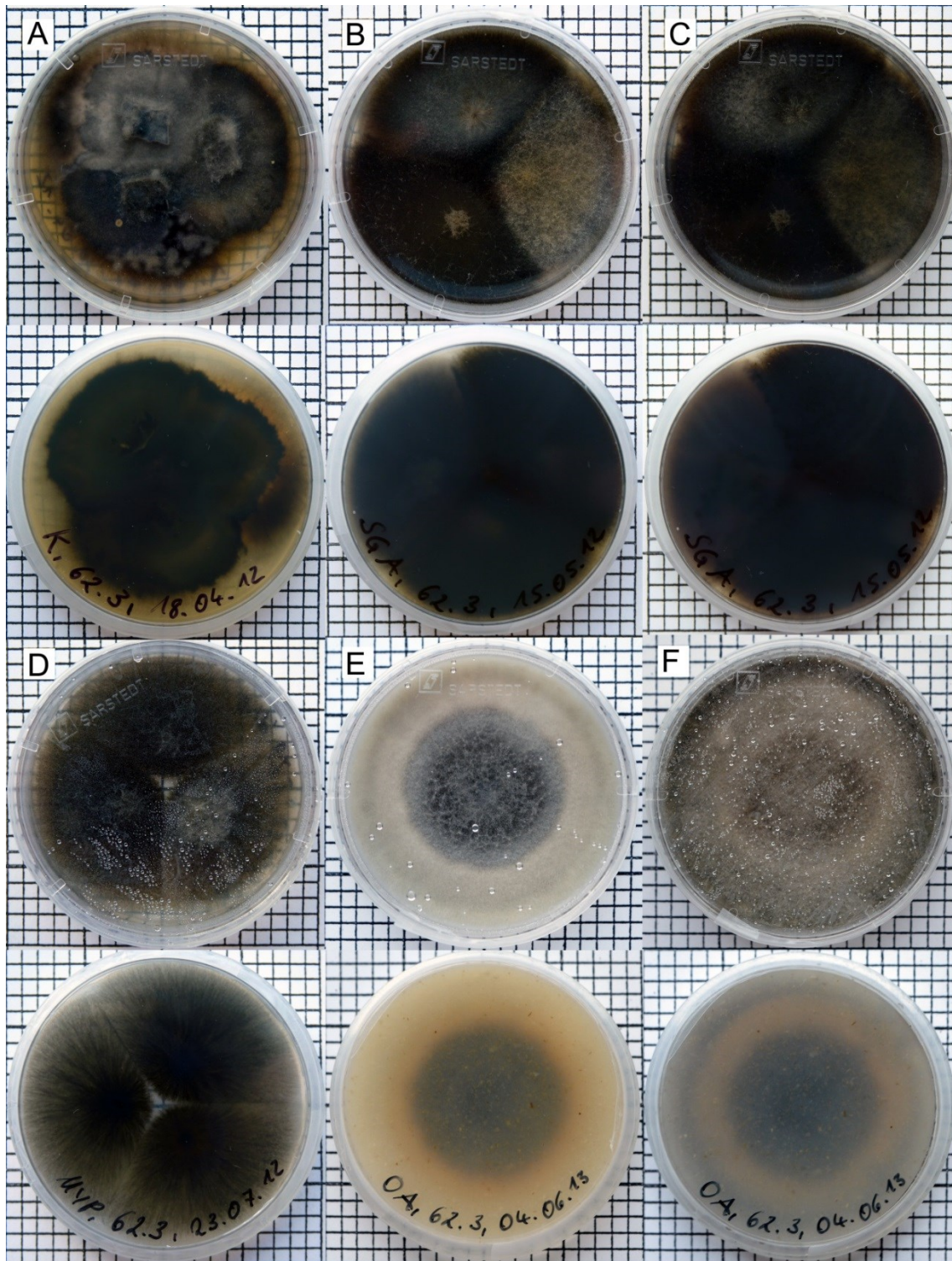


Abbildung 24: Kulturen von *Curvularia lunata* (JW062p3) auf verschiedenen Medien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

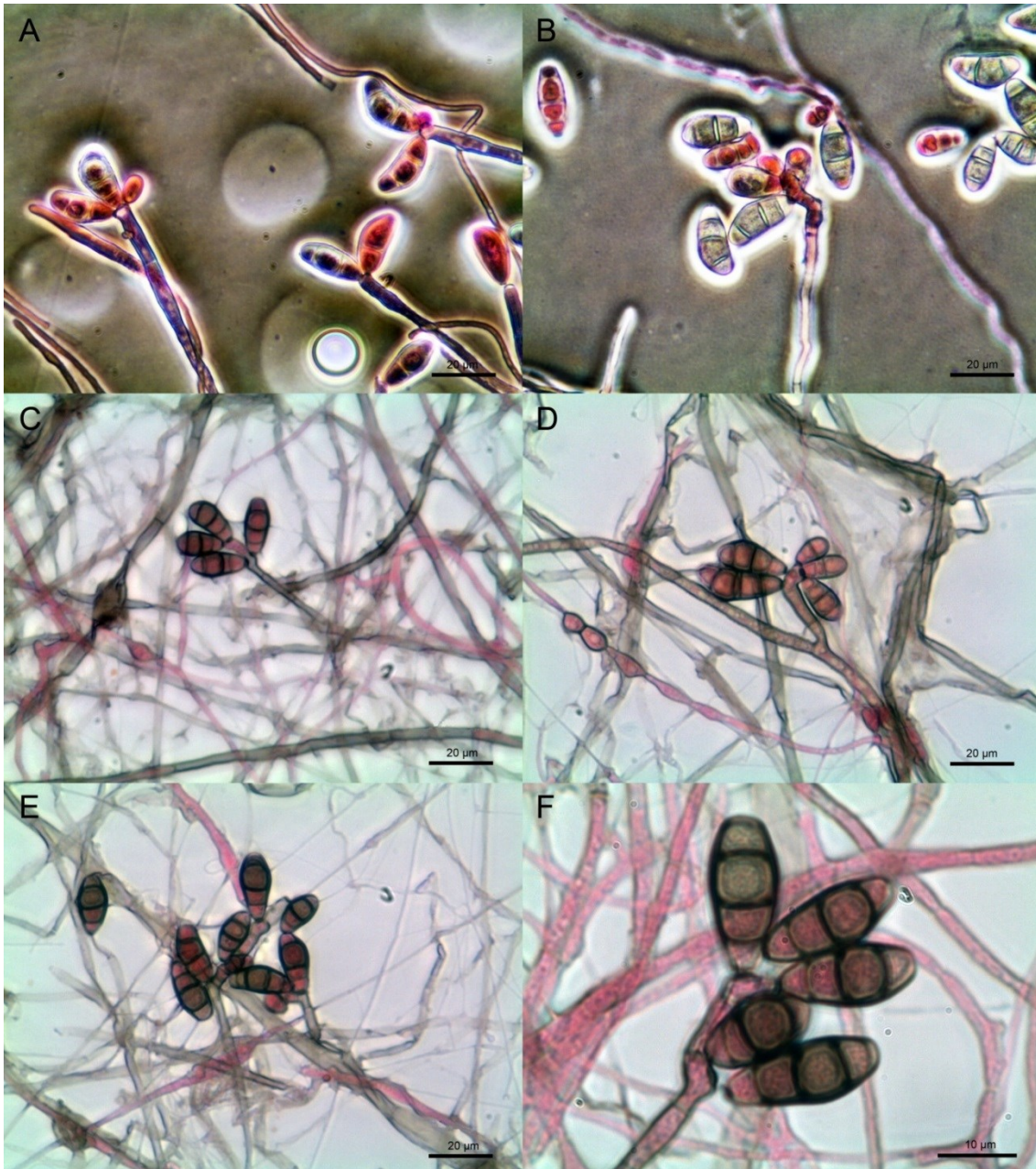


Abbildung 25: Mikromorphologische Strukturen von *Curvularia lunata* (JW062p3). A-F: Konidio-  
phore und Konidien, gefärbt mit Phloxin. A-E: Maßstab = 20 µm. F: Maßstab = 10 µm.

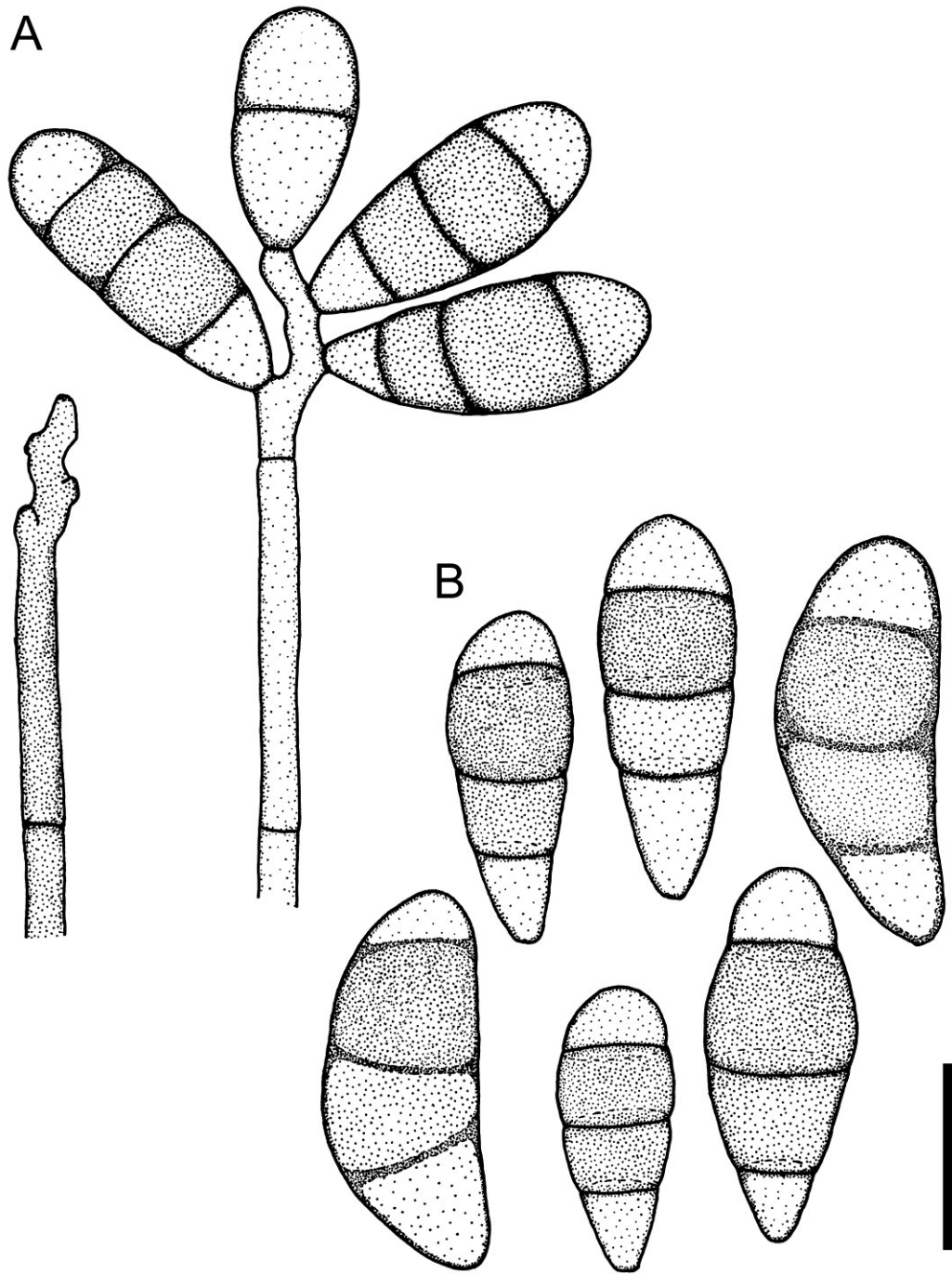


Abbildung 26: *Curvularia lunata* (JW062p3). A: Konidiophor mit Konidien. B: Freie Konidien.  
Maßstab = 10 µm.

## **Venturiales** Yin. Zhang & K.D. Hyde

A molecular, morphological and ecological re-appraisal of Venturiales - a new order of Dothideomycetes. *Fungal Div.* 51 (2011): 249-277.

Es wurden insgesamt zwei Stämme aus zwei unterschiedlichen Proben isoliert, die innerhalb der Venturiales den Familien Sympoventuriaceae Yin. Zhang, C.L. Schoch & K.D. Hyde und Venturiaceae E. Müll. & Arx ex M.E. Barr und den Gattungen *Scolecobasidium* Abbott und *Fusicladium* Bonord. zugeordnet wurden (Tab. 10).

### ***Scolecobasidium*** Abbott

*Scolecobasidium*, a new genus of soil fungi. *Mycologia* 19 (1927): 29-31.

Typus: *Scolecobasidium terreum* Abbott

Teleomorph: unbekannt.

Synonyme

*Scolecobasis* Clem. & Shear, *The genera of Fungi* (1931): 396.

*Ochroconis* de Hoog & Arx, *Kavaka* 1 (1973): 57.

? *Verruconis* Samerp., H.J. Choi, Van den Ende, Horré & de Hoog, *Fungal Diversity* 65 (2014): 89-126.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Pleosporomycetidae

Ordnung: Venturiales

Familie: Sympoventuriaceae

(Systematik und Synonyme nach Domsch et al. 2007, Hao et al. 2013, Machouart et al. 2014, Index-Fungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Scolecobasidium* wurde von Abbott (1927) basierend auf der Typusart *Scolecobasidium terreum* und der Art *Scolecobasidium constrictum* beschrieben (Abbott 1927) und beinhaltet 64 verschiedene assoziierte Namen (MycoBank, Stand: 2014) und etwa 44 akzeptierte Arten (Seifert et al. 2011). De Hoog und Arx (1973) führten eine Revision der Gattung basierend auf morphologischen Merkmalen durch und überführten alle Arten, bis auf *S. terreum*, in die neu aufgestellte Gattung *Ochroconis*, mit der Typusart *Ochroconis constricta* (Syn: *S. constrictum*) (de Hoog und Arx 1973). Ellis (1976) betrachtete allerdings *Ochroconis*, auf Grund des Vergleichs morphologischer

Strukturen verschiedener Arten beider Gattungen, als Synonym von *Scolecobasidium* (Ellis 1976). Domsch et al. (2007) und Hao et al. (2013) erkennen die Revision der Gattung *Scolecobasidium* durch de Hoog und Arx (1973) ebenfalls nicht an, da die Trennung in die zwei Gattungen *Ochroconis* und *Scolecobasidium* nicht durch molekulare Daten unterstützt wird. Samerpitak et al. (2014) führten eine Revision der Gattung *Ochroconis* basierend auf molekularen und physiologischen Daten durch, spalteten die Gattung *Verruconis* von der Gattung *Ochroconis* ab und bezeichneten den älteren Namen *Scolecobasidium* als zweifelhaft, da der ursprünglich von Abbott isolierte Stamm der Typusart *S. terreum* (CBS 203.27) degeneriert ist und zudem wahrscheinlich eine Kontamination und kein authentisches Material mehr darstellt (Horré et al. 1999; Samerpitak et al. 2014). Anstatt einen neuen Lectotypus basierend auf der Beschreibung von Abbott (1927) für die Art *Scolecobasidium terreum* zu bestimmen, beschrieben Samerpitak et al. (2014) für Isolate mit einer *S. terreum*-artigen Mikromorphologie die Art *Ochroconis minima* (Abbott 1927; Samerpitak et al. 2014).

### **Koloniemorphologie**

Hell braune bis olivbraune, filzig-wollige, haarige, strähnige bis samtige, langsam bis moderat, meist begrenzt wachsende Kolonien, mit einer häufig rost-braun gefärbten Rückseite (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Scolecobasidium* sind charakterisiert durch hell olivfarbenen pigmentierte Hyphen, mehr oder weniger differenzierte, zylindrische oder gebogene Konidiphore und der Bildung von ein- bis mehrzelligen, ovalen, zylindrischen, keulen-, Y- oder T-förmigen, glatten oder rauen, fein warzig ornamentierten und hell olivbraun pigmentierten Konidien an zylindrischen oder konischen Dentikeln (Abbott 1927; de Hoog und Arx 1973; de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Samerpitak et al. 2014).

### **Isolate**

Es wurde ein Stamm (JW050p3) isoliert, der anhand morphologischer Merkmale der Gattung *Scolecobasidium* zugeordnet wurde (Tab. 9-10). Das Isolat wurde basierend auf morphologischen Merkmalen unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in de Hoog et al. (2014), Domsch et al. (2007) und der Angaben in Abbott (1927), Ellis (1976), Hao et al. (2013) und Samerpitak et al. (2014), sowie nrDNA Sequenzdaten

klassifiziert und konnte dem Artenkomplex *Ochroconis mirabilis-Scolecobasidium musae* zugeordnet werden.

***Scolecobasidium* sp.** (JW050p3)

**Abb. 28-31**

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Pleosporomycetidae

Ordnung: Venturiales

Familie: Sympoventuriaceae

Gattung: *Scolecobasidium*

(Systematik nach Machouart et al. 2014, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** moderat, überwiegend emers wachsende Kolonien von ca. 30-35 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien graubraun bis dunkel grau-braun, mit wollig filziger Koloniesoberfläche und leicht erhabenem Zentrum; ältere Kolonien hell grauolivbraun und mit Bildung eines in das Nährmedium diffundierenden Pigments; Kolonierückseite schwarzbraun bis schwarz.

**SGA:** emerses und submerses, moderates Koloniewachstum von ca. 20 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hellbraun bis rötlich braun, mit wollig filzigem Luftmyzel, einem erhabenem Zentrum und hell gelblich brauner Randzone; ältere Kolonien rötlich braun und mit wollig-filziger Oberfläche; Kolonierückseite dunkel rötlich braun bis schwarzbraun.

**OA:** emerses und submerses, moderates Koloniewachstum von etwa 25 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien dunkel braun bis schwarzbraun, mit schmutzig weißem bis hell braunem, zottigem Luftmyzel und gelblich brauner bis rötlich brauner Randzone und einem erhabenem Koloniezentrum; ältere Kolonien schwarz oder dunkel schwarzbraun, mit verstärktem submerserem Wachstum und zentral erhabenem hell braunem bis schmutzig weißem, wollig filzigem Zentrum, bräunlich grauer, submerser Randzone

und Bildung eines rötlich braunen Pigments; Rückseite hell olivbraun bis dunkel rötlich braun.

**MYP:** moderat, eher langsam wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 15 bis 18 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell ockerbraun, samtig bis filzig haarig, mit einem erhabenem Koloniezentrum; ältere Kolonien ockerbraun bis dunkel rötlich braun mit wollig filziger Kolonietextur; Kolonierückseite dunkel rötlich braun bis dunkel braun.

**Sonstiges:** Urease-positiv innerhalb von 5 d und Verflüssigung von Gelatine-Medium (Merck).

### **Mikromorphologie**

Hyphen subhyalin bis hell bräunlich, septiert und 1-2 µm breit, mit Bildung von Hyphenbündeln; Konidiogene Zellen braun, einzeln an undifferenzierten Hyphenzellen oder an einfachen, leicht verzweigten Konidiophoren, gerade oder leicht gebogen, konidiogene Loci apikal oder lateral, mit deutlichen Dentikeln, (3) 5,5-8,5 (10) × 1,5 µm; Konidien subhyalin bis hell braunoliv, zylindrisch bis länglich oval, apikal abgerundet und mit einem basalen Stumpf, zweizellig, glattwandig bis fein warzig ornamentiert, 5-9,5 (12) × 2-3 µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Scolecobasidium* bzw. *Ochroconis* sind saprotrophe, ubiquitäre Organismen mit einer weltweiten Verbreitung (de Hoog et al. 2014; Samerpitak et al. 2014; Seifert et al. 2011) und wurden häufig aus Erde, von pflanzlichen Materialien, wie Wurzeln oder Blättern, in Gebäuden und aus Luftproben isoliert und sind ebenfalls als opportunistische Krankheitserreger bei Menschen und Tieren dokumentiert worden (de Hoog et al. 2014; Dixon und Salkin 1986; Hamada und Abe 2009; Hao et al. 2013; Liu et al. 2010; Martin-Sanchez et al. 2012; Paulus et al. 2006; Polishook et al. 1996; Ramaiah 2006; Samerpitak et al. 2014; Seifert et al. 2011; Youssef 1974).

### **Untersuchtes Material**

**JW050P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (45 Jahre) mit einer superfiziellen, lateralen Onychomykose des großen Zehennagels des rechten Fu-



bes. Das Material wurde am 17.01.2011 in David, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am 20.03.2011 einmal aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW050p3 subkultiviert.

### Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW050p3 (ITS: 731 bp, LSU: 594 bp) mit Sequenzen aus öffentlich zugänglichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Gattungen *Scolecobasidium* E.V. Abbott bzw. *Ochroconis* de Hoog & Arx, und eine Übereinstimmung von 97 - 100 Prozent mit Sequenzen der Arten *Ochroconis constricta* (E.V. Abbott) de Hoog & Arx, *Ochroconis mirabilis* Samerpitak & de Hoog, *Ochroconis humicola* (G.L. Barron & L.V. Busch) de Hoog & Arx und *Scolecobasidium dendroides* Piroz. & Hodges (Tab. 31-34).

**Tabelle 31: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW050p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Scolecobasidium</i> sp. (N203T)	97 %	99 % (697/699)	0	GU941326
<i>Ochroconis mirabilis</i> (UTHSC 03-1114)	91 %	99 % (665/673)	3	LM644512
<i>Ochroconis mirabilis</i> (CBS 729.95)	87 %	99 % (635/636)	0	KF156029
<i>Scolecobasidium dendroides</i> (HSAUP074025)	95 %	97 % (684/702)	6	FJ914704

**Tabelle 32: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW050p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Ochroconis humicola</i> (NBRC 32054)	99 %	100 % (589/589)	0	AB564618
<i>Ochroconis humicola</i> (NCCPF 380004)	99 %	99 % (585/590)	2	KF705043
<i>Ochroconis mirabilis</i> (CBS 413.51)	95 %	99 % (565/567)	1	KF156140
<i>Ochroconis mirabilis</i> (UTHSC-08-1958)	92 %	99 % (547/549)	1	LM644561

**Tabelle 33: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW050p3 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Scolecobasidium</i> sp. (HLS212)	94,1 %	99,7 % (697/699)	0	FJ770070
<i>Ochroconis constricta</i> (CBS 413.51)	85,7 %	97,8 % (632/646)	3	--
<i>Scolecobasidium dendroides</i> (HSAUP074025)	98,5 %	99,7 % (683/701)	4	FJ914704
<i>Ochroconis mirabilis</i> (CBS 102086)	92,4 %	95,4 % (647/679)	9	HQ667538

**Tabelle 34: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW050p3 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Scolecobasidium</i> sp. (NA-2010)	94,1 %	99,6 % (588/590)	1	AB564609
<i>Ochroconis mirabilis</i> (dH 22275)	95,6 %	99,6 % (566/568)	1	--
<i>Ochroconis mirabilis</i> (CBS 413.51)	95 %	99 % (565/567)	1	KF156140
<i>Ochroconis mirabilis</i> (CBS 729.95)	94 %	97 % (547/563)	2	KF282661

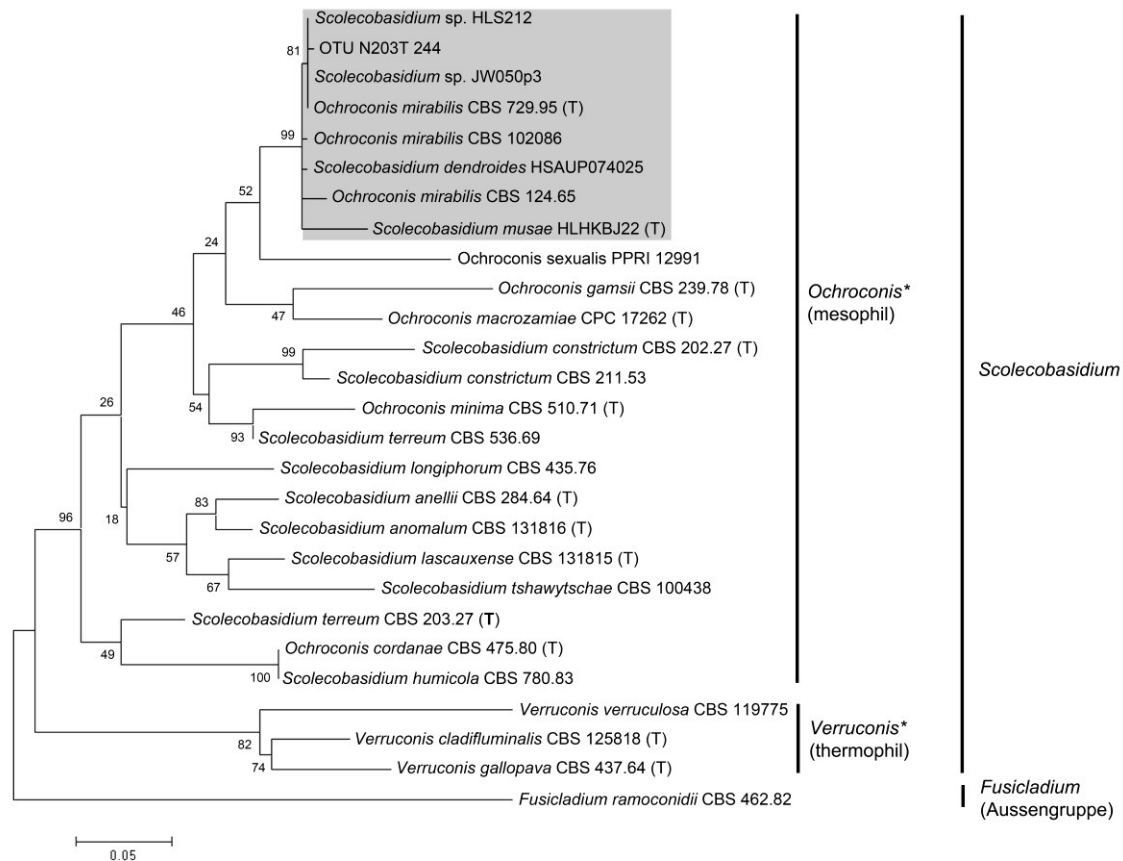
**Tabelle 35: Molekulare Distanzen basierend auf der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW050p3 und ausgewählten Arten der Gattung *Scolecobasidium* (Syn: *Ochroconis*). Die Analyse beruht auf einem finalen Datensatz von 326 informativen Positionen, wobei alle Bereiche mit Lücken oder fehlenden Daten entfernt wurden. Die Anzahl von Basensubstitutionen pro Position wurde mit MEGA6 unter Verwendung des Kimura 2-Parameter Modells ermittelt (Kimura 1980; Tamura et al. 2013).**

Art (Stamm)	Molekulare Distanzen (Substitutionen pro Position)											
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.	11.	12.
1. <i>Scolecobasidium</i> sp. (JW050p3)												
2. <i>Scolecobasidium</i> sp. (HLS212)	0,00											
3. <i>Ochroconis mirabilis</i> (CBS 102086)	0,01	0,01										
4. <i>Ochroconis mirabilis</i> (CBS 124.65)	0,02	0,02	0,02									
5. <i>Ochroconis mirabilis</i> (CBS 729.95)	0,00	0,00	0,01	0,02								
6. <i>Scolecobasidium dendroides</i> (HSAUP074025)	0,01	0,01	0,01	0,02	0,01							
7. <i>Scolecobasidium musae</i> (HLHKBJ22)	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04						

Art (Stamm)	Molekulare Distanzen (Substitutionen pro Position)											
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.	11.	12.
8. <i>Scolecobasidium humicola</i> (CBS 780.83)	0,18	0,18	0,19	0,20	0,18	0,19	0,25					
9. <i>Scolecobasidium constrictum</i> (CBS 202.27)	0,17	0,17	0,17	0,18	0,17	0,18	0,23	0,33				
10. <i>Scolecobasidium constrictum</i> (CBS 211.53)	0,13	0,13	0,12	0,14	0,13	0,11	0,18	0,28	0,07			
11. <i>Ochroconis minima</i> (CBS 510.71)	0,14	0,14	0,13	0,14	0,14	0,13	0,18	0,29	0,21	0,15		
12. <i>Scolecobasidium terreum</i> (CBS 536.69)	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,09	0,14	0,23	0,15	0,09	0,06	
13. <i>Scolecobasidium terreum</i> (CBS 203.27)	0,15	0,15	0,15	0,16	0,15	0,14	0,20	0,13	0,20	0,15	0,19	0,15

### Phylogenetische Analyse

Zur Unterstützung der morphologischen Bestimmung des Isolates JW050p3 wurden phylogenetische Analysen basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten von Vertretern der Gattung *Scolecobasidium* (Syn: *Ochroconis* und *Verruconis*) und des Stammes JW050p3 unter Verwendung von *Fusicladium ramoconidii* als Außengruppe durchgeführt (Tab. 280). In der phylogenetischen Analyse erfolgte eine Gliederung der untersuchten Sequenzen in zwei Gruppen (Abb. 27), eine aus den Sequenzen der Arten der Gattung *Verruconis* (Syn: *Scolecobasidium*), und zwar *Verruconis gallopava*, *V. claudifluminalis* und *V. verruculosa*, und die andere Gruppe aus den restlichen Sequenzen der Isolate der Gattung *Ochroconis* (Syn: *Scolecobasidium*) (Abb. 27). Die ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW050p3 wurde innerhalb der *Ochroconis*-Gruppe mit Sequenzen verschiedener Stämme der Arten *Ochroconis mirabilis*, *Scolecobasidium musae* und *S. dendroides*, sowie weiteren nicht näher klassifizierten Isolaten der Gattung *Scolecobasidium* in einer gemeinsamen Gruppe gegliedert (Abb. 27). Die ITS nrDNA Sequenz des Typus-Stamms der Art *Scolecobasidium terreum* wurde entsprechend der Beobachtung von Samerpitak et al. (2014) nicht in einem gemeinsamen Clade mit anderen Sequenzen von Isolaten der Art *Scolecobasidium terreum* (Syn: *Ochroconis minima*) gruppiert, sondern als eine eigene separate Line in einem Clade mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Scolecobasidium humicola* und *Ochroconis cordanae* dargestellt (Abb. 27).



**Abbildung 27: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW050p3, Vertretern der Gattung *Scolecobasidium* (Syn: *Ochroconis*, *Verruconis*) und weiterer genetisch assoziierter Arten und Isolate basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten (Tab. 280) unter Verwendung der Art *Fusicladium ramoconidii* als Außengruppe. Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode basierend auf dem Kimura 2-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Kimura 1980; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der Datensatz bestand aus 27 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 326 informativen Positionen. Eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,4919) wurde für die Modellierung evolutionärer Raten zwischen unterschiedlichen Positionen verwendet, wobei die Möglichkeit evolutionär invariabler Basen-Positionen mit in die Berechnungen aufgenommen wurde (+I, 30,7544 %). Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-2332,3662) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurden an den entsprechenden Knoten mit-angegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. \*Klassifizierung nach de Hoog und Arx (1973) und Samerpitak et al. (2014). Der *Scolecobasidium musae*-*Ochroconis mirabilis*-Komplex wurde grau unterlegt dargestellt (de Hoog und Arx 1973; Samerpitak et al. 2014; Kimura 1980; Tamura et al. 2013).**

## Diskussion

Die taxonomische Klassifizierung des Isolates JW050p3 wurde anhand von morphologischen und molekularen Daten (ITS und LSU nrDNA) und phylogenetischen Analysen durchgeführt. So entsprachen die untersuchten morphologischen Strukturen wie die Koloniemorphologie, konidiogene Elemente und Konidien der Beschreibung der Gattung *Scolecobasidium* bzw. *Ochroconis* in der Literatur (Abbott 1927; Barron und Busch 1962; de Hoog et al. 2014; de Hoog und Arx 1973; Samerpitak et al. 2014; Seifert et al. 2011). Der Vergleich des ITS und LSU nrDNA-Sequenzabschnittes des Isolates JW050p3 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte ebenfalls die größte Übereinstimmung mit Stämmen unterschiedlicher Arten der Gattung *Scolecobasidium* bzw. *Ochroconis*, wie *Ochroconis constricta*, *Ochroconis mirabilis*, *Ochroconis humicola* und *Scolecobasidium dendroides* und einigen nicht näher klassifizierten Isolaten der Gattung *Scolecobasidium* (Tab. 31-34), wobei das in MycoBank als *Ochroconis constricta* gelistete Isolat CBS 413.51 (Tab. 33) von Samerpitak et al. (2014) als *Ochroconis mirabilis* reklassifiziert wurde (Samerpitak et al. 2014).

In phylogenetischen Analysen basierend auf der ITS nrDNA Sequenz ausgewählter Stämme der Gattung *Scolecobasidium* (Syn: *Ochroconis*) erfolgte ebenfalls die Gruppierung der Sequenz des Isolates JW050p3 mit Sequenzen verschiedener Stämme der Arten *Ochroconis mirabilis*, *Scolecobasidium musae* und *Scolecobasidium dendroides* in einem gemeinsamen, gut unterstütztem Clade (Abb. 27). Der Vergleich des Alignments der ITS-Region des Isolates JW050p3 und ausgewählter Stämme der Arten *Ochroconis mirabilis*, *Scolecobasidium dendroides*, *Scolecobasidium musae*, *Scolecobasidium humicola*, *Scolecobasidium constrictum*, *Ochroconis minima* und *Scolecobasidium terreum* zeigte nur eine geringe Varianz bzw. Übereinstimmung der ITS nrDNA-Sequenz des Stammes JW050p3 mit Sequenzen von Isolaten der Arten *O. mirabilis* und *S. dendroides* (Tab. 35). Dabei war die beobachtete Divergenz der ITS nrDNA-Sequenz innerhalb der Art *O. mirabilis* größer, als die zwischen dem Isolat JW050p3 und den Isolaten der Arten *S. dendroides* und *O. mirabilis* (Tab. 35). Die untersuchte DNA-Sequenz der molekular assoziierten Art *S. musae* wies eine größere Abweichung von den Sequenzen der Arten *O. mirabilis*, *S. dendroides* und dem Isolat JW050p3 auf als die Sequenzen dieser Arten untereinander (Tab. 35). Allerdings war die Abweichung der ITS nrDNA Sequenz des Isolates der Art *S. musae* zu den genannten Arten immer noch geringer als die Divergenz zu anderen Arten der Gattung (Tab. 35). Die Art *Scolecobasidium dendroides* unterscheidet sich von dem Isolat JW050p3

durch die Bildung von zwei Konidientypen, so bildet *S. dendroides* nach Pirozynski und Hodges Jr. (1973) längliche, fusiforme (Pirozynski und Hodges Jr. 1973:  $12-17 \times 1,8-2,5 \mu\text{m}$ ) und zylindrische bis obovoide Konidien (Pirozynski und Hodges Jr. 1973:  $7,5-11 \times 2,5-4 \mu\text{m}$ ) (Pirozynski und Hodges Jr. 1973). Zudem handelt es sich bei dem Stamm „HSAUP074025“ laut GenBank (Stand 2014) um das Isolat INIFAT C98/85 (=MUCL 41196) der Art *Scolecobasidium dendroides* und stellt somit kein authentisches durch Pirozynski und Hodges Jr. (1973) gesammeltes Material dar. Da das Isolat in Brasilien aus verrottendem Pflanzenmaterial isoliert wurde, während die Art *S. dendroides* ursprünglich als Mykoparasit auf Seten von *Circinotrichum fertile* Piroz. & Hodges beschrieben wurde (Pirozynski und Hodges Jr. 1973), handelt es sich bei dem Stamm „HSAUP074025“ laut Samerpitak et al. (2014) sehr wahrscheinlich nicht um ein Isolat der Art *S. dendroides* (Samerpitak et al. 2014). Allerdings finden sich in Samerpitak et al. (2014) keine Angaben dazu, ob der entsprechende Stamm (HSAUP074025/MUCL 41196) bei der Beschreibung der Art *Ochroconis mirabilis* durch Samerpitak et al. (2014) morphologisch untersucht und mit Isolaten der Art *Ochroconis mirabilis* verglichen wurde (Samerpitak et al. 2014). Das Isolat JW050p3 unterscheidet sich von der genetisch nah verwandten Art *Scolecobasidium humicola* durch die Bildung von kürzeren Konidiophoren und durch die Verflüssigung von Gelatine-Medium (de Hoog et al. 2014).

Die untersuchten Sporen des Stamm JW050p3 entsprachen den für die Arten *Scolecobasidium constrictum*, *Scolecobasidium musae* und *Ochroconis mirabilis* typischen ein- bis zweizelligen, glatten bis fein warzigen, ovalen bis zylindrischen Konidien (Abbott 1927; Hao et al. 2013; Samerpitak et al. 2014). Allerdings waren die beobachteten Konidien des Isolates JW050p3 ( $5-9,5 (12) \times 2-3 \mu\text{m}$ ) etwas schmaler als die von Abbott (1927) für *Scolecobasidium constrictum* (Abbott 1927:  $6,0-12,0 \times 2,5-4,0 \mu\text{m}$ ) angegebenen Werte und *S. constrictum* unterscheidet sich zusätzlich durch am Septum stärker eingeschnürte Konidien (Abbott 1927; Samerpitak et al. 2014). Die Konidien von *Ochroconis mirabilis* sind nach Samerpitak et al. (2014) (Samerpitak et al. 2014:  $9,0-13,5 \times 4,8-6,7 \mu\text{m}$ ) größer als die des Isolates JW050p3 (Abbott 1927; Samerpitak et al. 2014), während die Größen der Konidien von *S. musae* laut den Angaben in der Literatur (Hao et al. 2013:  $6,5-8,0 (8,5) \times 2,0-3,0 \mu\text{m}$ ) kleiner als die ermittelten Größen der Konidien des Isolates JW050p3 sind (Hao et al. 2013). *S. musae* unterscheidet sich zudem durch die Bildung von glatten Konidien von dem Stamm JW050p3 (Hao et al. 2013). In de Hoog et al. (2014) werden allerdings die Arten *Ochroconis mirabilis* und

*Scolecobasidium musae* unter dem Namen *Ochroconis musae* zusammengefasst und die Konidien von „*O. musae*“ als fein warzig beschrieben. Zudem weisen die in de Hoog et al. (2014) angegebenen Größen der Konidien eine breitere Varianz auf (de Hoog et al. 2014: 5-12 × 2,5-4,0 µm) als die Angaben in Hao et al. (2013) (de Hoog et al. 2014; Hao et al. 2013). Die Arten *Scolecobasidium musae* und *Ochroconis mirabilis* wurden im Jahr 2015 von Samerpitak et al. (2015) basierend auf ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten unter dem Namen *Ochroconis musae* synonymisiert (Samerpitak et al. 2015). Für eine abschließende taxonomische Beurteilung des Isolates JW050p3, des Stammes „HSAUP074025“ (MUCL 41196) und der Arten *Ochroconis mirabilis*, *Scolecobasidium dendroides* und *Scolecobasidium musae* müsste ein direkter Vergleich der morphologischen Merkmale lebender Stämme der entsprechenden Arten durchgeführt werden. Da dies im Rahmen der vorliegenden Arbeit nicht möglich war, wird der Stamm JW050p3 vorläufig als *Scolecobasidium* sp. bezeichnet.

Aus dem Material der Probe JW050P konnten neben *Scolecobasidium* sp. (JW050p3) weitere Pilzstämme kultiviert werden. So konnten ebenfalls zwei Stämme der Gattung *Fusarium* (JW050p1, JW050p2) und ein Stamm der Art *Wardomyopsis litoralis* (JW050p4) isoliert werden. Arten der Gattung *Fusarium* sind die einzigen der von der Läsion isolierten Pilzstämme die in der Literatur als mögliche Verursacher von Nagelmykosen dokumentiert wurden (de Hoog et al. 2014). Stämme der molekular assoziierten Arten *Ochroconis mirabilis*/*Scolecobasidium musae* werden zwar auch regelmäßig aus klinischem Material isoliert, aber die pathogene Rolle dieser Isolate ist laut de Hoog et al. (2014) bisher nicht abschließend geklärt (de Hoog et al. 2014). *Wardomyopsis litoralis* wurde im Rahmen dieser Studie mehrfach aus klinischem Material isoliert, ist aber in der Literatur bisher nicht als pathogener Organismus dokumentiert worden (Stand 2014). Inwieweit einer der isolierten Organismen als sekundärer Besiedler oder Verursacher der Läsionen betrachtet werden kann, müsste durch eine weitere Beprobung der Läsion überprüft werden (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

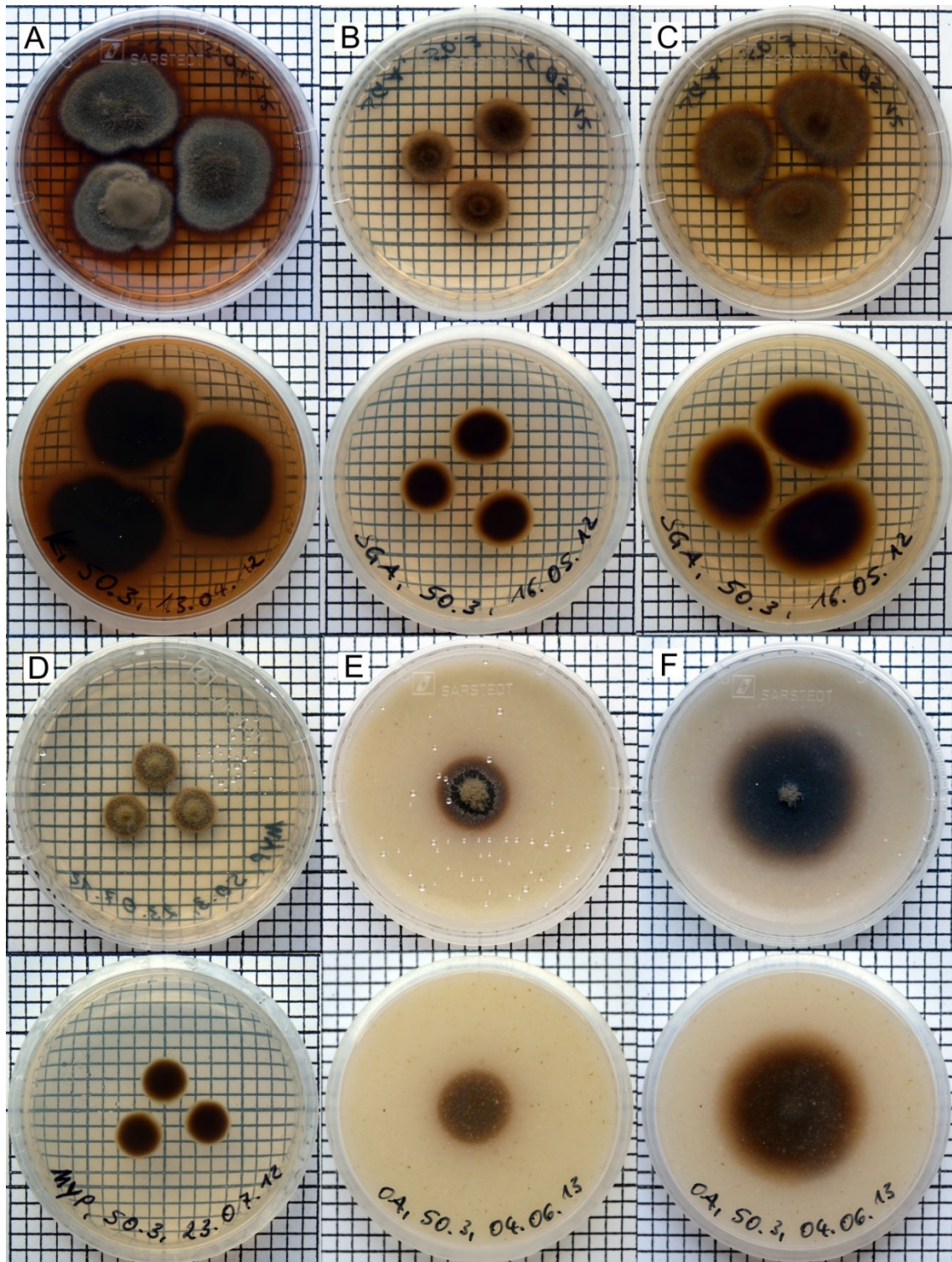


Abbildung 28: Kulturen von *Scolecobasidium* sp. (JW050p3) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (7 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.



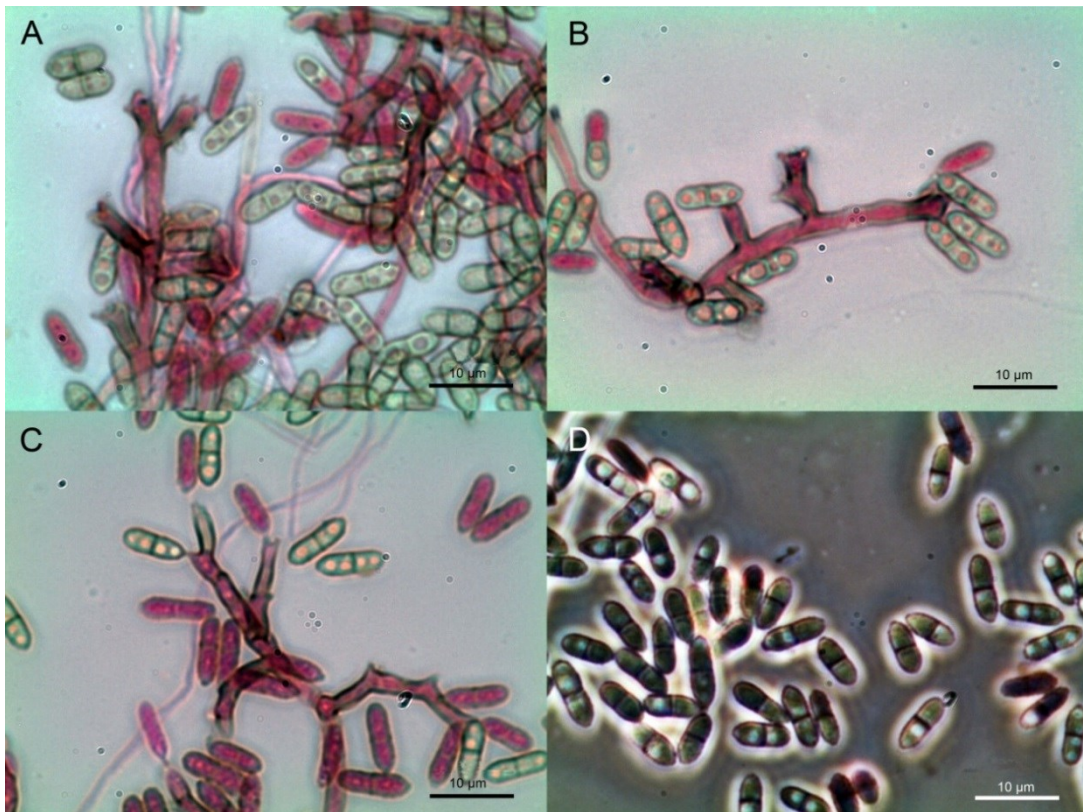


Abbildung 29: Mikromorphologische Strukturen von *Scolecobasidium* sp. (JW050p3). A-C: Konidiophore mit Konidien. D: Konidien (Phasenkontrast). Maßstab = 10 µm; gefärbt mit Phloxin in 5 % KOH.

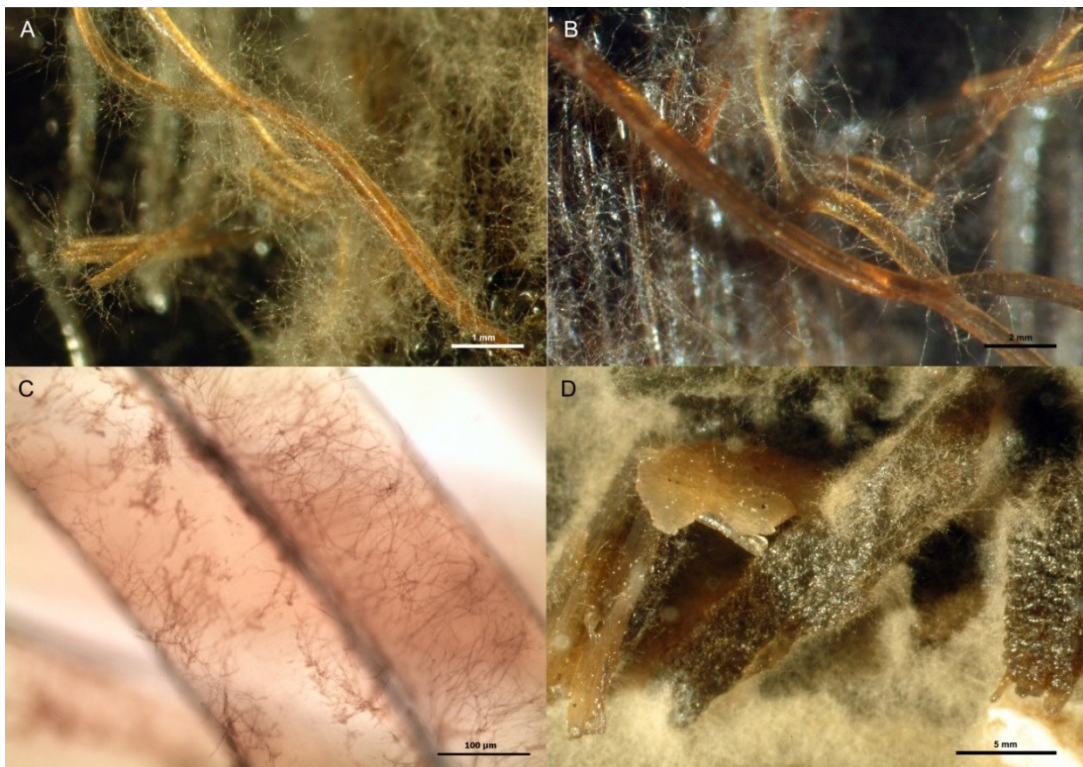


Abbildung 30: Wachstum von *Scolecobasidium* sp. (JW050p3) auf Keratin-haltigem Material. A-C: Menschliches Haar (A: Maßstab = 1 mm, B: Maßstab = 2mm, C: Maßstab = 100 µm). D: Kuhhorn (Maßstab = 5 mm).

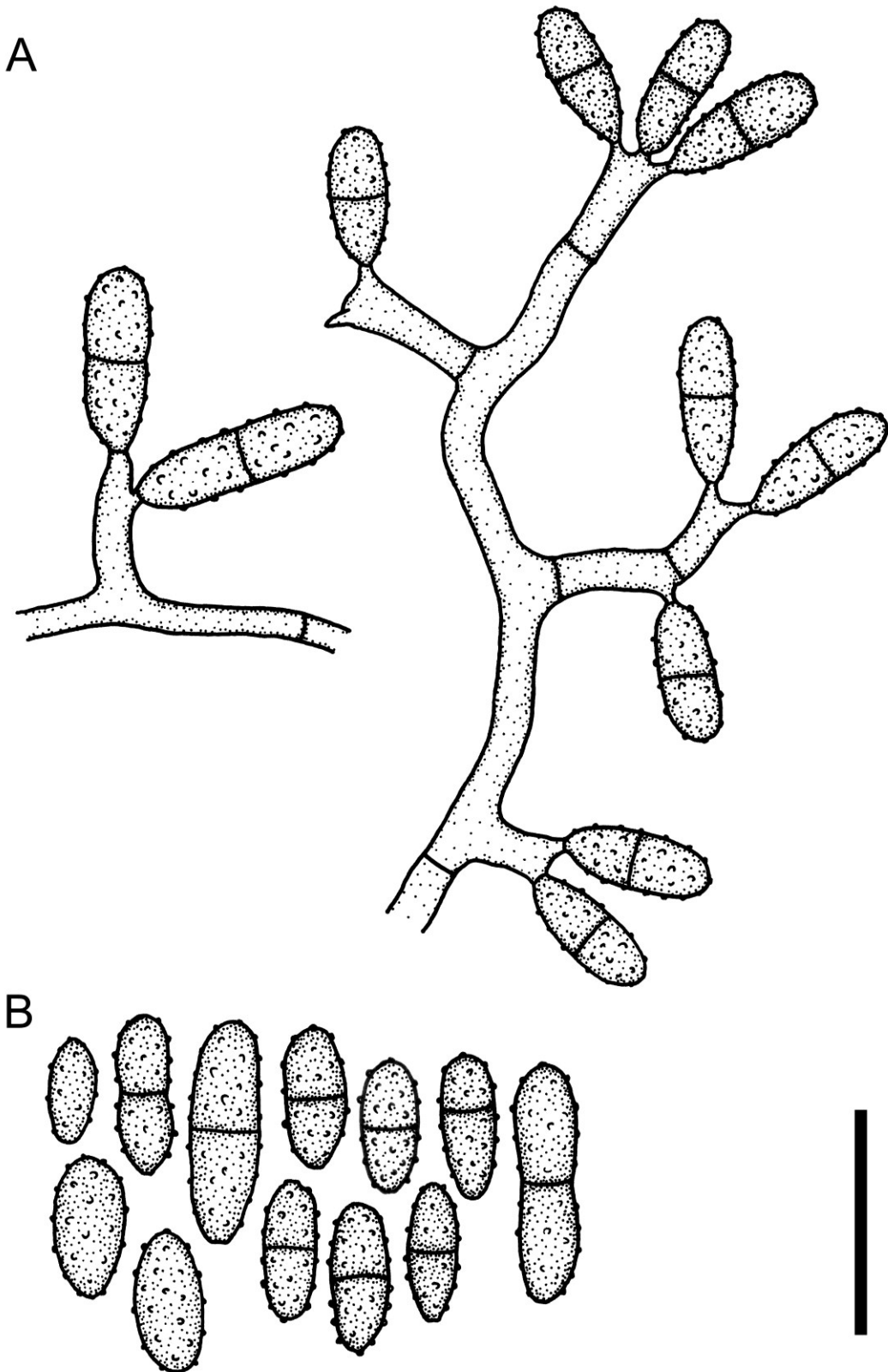


Abbildung 31: *Scolecobasidium* sp. (JW050p3). A: Konidiophore und konidiogene Zellen mit Konidien. B: Konidien. Maßstab = 10  $\mu$ m.

***Fusicladium*** Bonord.

Handbuch der allgemeinen Mykologie als Anleitung zum Studium derselben, nebst speziellen Beiträgen zur Vervollkommnung dieses Zweiges der Naturkunde. E. Schweizerbart'scher Verlag, Stuttgart (1851): 80.

Typus: *Fusicladium virescens* Bonord. (Syn: *Fusicladium pyrorum* (Lib.) Fuckel).

Teleomorph-Stadium: *Venturia* Sacc. (1882).

Synonyme:

*Apiosporina* Höhn., Sber. Akad. Wiss. Wien, Math.-naturw. Kl., Abt. 1, 119 (1910): 439.

*Basiascum* Cavara, Atti Ist. Bot. Univ. Pavia, Ser. 2 (1888): 433.

*Cycloconium* Castagne, Cat. pl. Marseille (1845): 220.

*Fusicladiopsis* Karak. & Vassiljevsky, Fungi imperfecti Parasitici. I. Hyphomycetes (1937): 378.

*Fusicladosporium* Partridge & Morgan-Jones, Mycotaxon 85 (2003): 360.

*Hormocladium* Höhn., Ber. Deutsch. Bot. Ges. 37 (1919): 156.

*Karakulinia* N.P. Golovina, Nov. sist. Niz. Rast. (1964): 212.

*Megacladosporium* Vienn.-Bourg., in: Les champignons parasites des plantes cultivées 1 (1949): 489.

*Napicladium* Thüm., Hedwigia 14 (1875): 3.

*Pollaccia* E. Bald. & Cif., Atti Ist. Bot. "Giovanni Briosi" 10 (1937): 71.

*Pseudocladosporium* U. Braun, A monograph of *Cercospora*, *Ramularia* and allied genera (phytopathogenic Hyphomycetes) 2 (1998): 393.

*Ramalia* Bat., Revista de Biologia (Lisboa) 1 (1957): 110.

*Spilocaea* Fr., Novit. fl. svec. 5 (1819): 79.

*Venturia* Sacc., Sylloge Fungorum 1 (1882): 586.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Pleosporomycetidae

Ordnung: Venturiales

Familie: Venturiaceae

(Systematik und Synonyme nach Beck et al. 2005, Crous et al. 2007, Schubert et al. 2003, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Fusicladium* wurde von Bonorden (1851) basierend auf der Art *Fusicladium virescens* beschrieben und von Schubert et al. (2003) anhand von in vivo gebildeten morphologischen Merkmalen monographisch bearbeitet und der Name *Fusicladium* zur Konservierung vorgeschlagen (Schubert et al. 2003). Weitere umfassendere Revisionen der Gattung *Fusicladium* und einzelner Teilgruppen basierend auf molekularen Daten

wurden durch Beck et al. (2005), Crous et al. (2007d), Wu et al. (2012) und (Zhang et al. 2011) durchgeführt. Die Gattung *Fusicladium* beinhaltet aktuell etwa 70 anerkannte Arten (Seifert et al. 2011) und 172 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 199 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen.

### **Makromorphologie**

Bildung von filzig-wolligen bis samtigen, erhabenen oder anliegenden, braunen bis olivbraunen, graubraunen oder schwarzbraunen, moderat bis rasch wachsenden Kolonien (Crous et al. 2007d; Schubert et al. 2003).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Fusicladium* sind charakterisiert durch pigmentierte, hell olivfarbene bis dunkelbraune, zylindrische bis keulenförmige, schwach oder deutlich geniculate, unverzweigte oder gelegentlich verzweigte, glatte oder raue, einzelne, aufrechte Konidiophore, Sporodochien oder zu konidiogenen Zellen reduzierte Konidiophore, mit integrierten terminalen oder interkalaren, subhyalinen bis dunkel pigmentierten konidiogenen Zellen, mit monoblastischer oder polyblastischer, sympodialer oder annellidischer Konidienbildung an häufig dentikelartigen konidiogenen Loci und einzeln oder in einfachen bis verzweigten Ketten gebildet, ein- bis mehrzelligen, subhyalinen bis braunen, ovaten, obovaten, zylindrischen, fusiformen, clavaten, geraden oder gebogenen, zugespitzten, runden, truncaten, glatten oder ornamentierten Konidien mit dünnen oder dicken Wänden (Crous et al. 2007d; Schubert et al. 2003).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Fusicladium* und assoziierte teleomorphe Stadien sind als Verursacher von Infektionen und Schadbildern an verschiedenen Pflanzen und Früchten, sowie als saprotrophe Organismen mit einer weltweiter Verbreitung dokumentiert worden (Crous et al. 2007d; Schubert et al. 2003; Seifert et al. 2011).

### **Isolate**

Insgesamt wurde ein Stamm (JW044p4) isoliert, der der Gattung *Fusicladium* zugeordnet werden konnte (Tab. 9). Das Isolat wurde anhand morphologischer Merkmale, unter Verwendung des taxonomischen Schlüssels in Schubert et al. (2003), und nrDNA Sequenzdaten klassifiziert (Tab. 10).

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Pleosporomycetidae

Ordnung: Venturiales

Familie: Venturiaceae

Gattung: *Fusicladium*

(Systematik basierend auf eigenen molekularen und phylogenetischen Daten, nach Schubert et al. 2003, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** anliegende, emerse, rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 60 mm in 10d bei 25°C; Kolonien schwarzbraun, samtig, mit leicht erhabenem und heller gefärbtem Zentrum, ältere Kolonien vermehrt wollig-samtig, oliv schwarzbraun, mit filzigem Zentrum; Kolonierückseite schwarzbraun.

**SGA:** flache, rasch wachsende, dünne Kolonien mit einem Durchmesser von 50-60 mm in 10d bei 25°C; Kolonien schwarzolivbraun, samtig bis schwach filzig, ältere Kolonien mit dichter gewachsenem Myzel, schwarzbraun mit filzig wolligem, hell graubraunem Luftmyzel und dunkler gefärbter Randzone; Kolonierückseite schwarzbraun.

**OA:** anliegende, verstärkt submers, rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 70 mm in 10d bei 25°C; Kolonien schwarzbraun, mit haarig filziger bis samtig filziger Oberflächentextur und filzig-pudrigem Zentrum; Kolonierückseite schwarzolivbraun.

**MYP:** flache, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von 20 bis 30 mm in 10d bei 25°C; Kolonien dunkel olivbraun, filzig samtig, mit wollig filzigem, schmutzig weißem bis graubraunem Zentrum und submerser Randzone, ältere Kolonien schwarz braun, filzig samtig; Kolonierückseite dunkel braun bis schwarzbraun.

### **Mikromorphologie**

Hyphen dunkel braun bis schwarz-braun, septiert, 2-3 µm breit; Konidiogene Elemente an einfachen, meist leicht verzweigten Konidiophoren mit blasto-catenater, acropetaler Konidiogenese; Konidiophore dunkel braun, einfach bis leicht verzweigt, (5) 20-70 (100) × 2-2,5 (3) µm, mit ovalen bis länglichen konidiogenen Zellen; Konidien zu Beginn hyalin bis subhyalin, mit zunehmender Reife hell bis dunkel braun, rund bis oval, glatt, (2) 2,5-4,5 (6) × 1,5-2 µm, in kurzen, unverzweigten Ketten.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1 (unbekannt); Arten der Gattung *Fusicladium* und assoziierte teleomorphe Stadien sind als Verursacher von Infektionen und Schadbildern an verschiedenen Pflanzen und als saprotrophe Organismen mit einer weltweiter Verbreitung dokumentiert (Crous et al. 2007d; Schubert et al. 2003; Seifert et al. 2011).

### **Untersuchtes Material**

**JW044P:** Haut- und Nagelproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (40 Jahre) mit einer Tinea pedis und einer Onychomykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Das Material wurde am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am 17.11.2009 einmal aus Nagelproben auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW044p4 subkultiviert.

### **Molekulare Identifizierung (Barcoding)**

Der Abgleich der Sequenzabfolge der ITS Region und LSU nrDNA des Isolates JW044p4 (ITS: 1186 bp, LSU: 604 bp) mit Sequenzen aus öffentlich zugänglichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen verschiedener Arten innerhalb der Venturiaceae, wie *Apiosporina collinsii* (Schwein.) Höhn., *Fusicladium carpophilum* (Thüm.) Oudem., *Tothia fuscella* (Sacc.) Bat., *Venturia cerasi* Aderh., *Venturia chlorospora* (Ces.) P. Karst., *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter, *Venturia pyrina* Aderh., *Venturia saliciperda* Nüesch und *Venturia tremulae* var. *puli-albae* M. Morelet (Tab. 36-39).

**Tabelle 36: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW044p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Tothia fuscella</i> (WU 31396)	24 %	93 % (237/255)	8	EU449953
<i>Tothia fuscella</i> (WU 31398)	24 %	93 % (237/255)	8	JF927786
<i>Venturia inaequalis</i> (CBS 594.70)	25 %	92 % (238/259)	8	KF156040
<i>Venturia chlorospora</i> (CBS 470.61)	25 %	92 % (238/259)	8	EU035454

**Tabelle 37: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW044p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Venturia tremulae</i> var. <i>populi-albae</i> (CBS 694.85)	99 %	95 % (572/605)	6	EU035474
<i>Venturia saliciperda</i> (CBS 480.61)	99 %	95 % (572/605)	6	EU035471
<i>Apiosporina collinsii</i> (CPC 12229)	99 %	95 % (572/605)	6	EU035443
<i>Fusicladium carpophilum</i> (CBS 497.62)	99 %	95 % (572/605)	6	EU035426

**Tabelle 38: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW044p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Venturia pirina</i> (CBS 235.46)	22,7 %	93 % (239/259)	8	--
<i>Venturia pyrina</i> (CBS 331.65)	22,7 %	93 % (238/259)	9	EU035469
<i>Fusicladium carpophilum</i> (CBS 497.62)	22,9 %	92,6 % (238/262)	9	EU035426
<i>Venturia cerasi</i> (CBS 444.54)	22,9 %	92,6 % (238/262)	9	EU035452

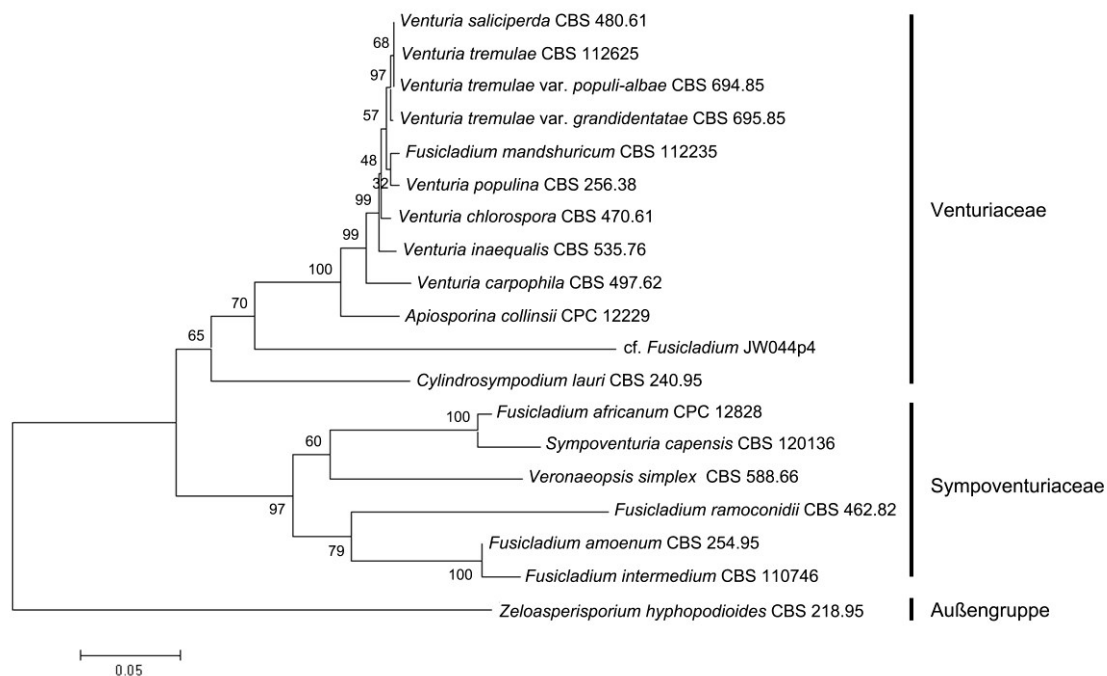
**Tabelle 39: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW044p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Fusicladium peltigericola</i> (CBS 128206)	97,1 %	93,8 % (553/589)	6	HQ599579
<i>Venturia collinsii</i> (CPC 12229)	100 %	93,8 % (568/605)	6	EU035443
<i>Venturia tremulae</i> (CBS 112625)	100 %	93,8 % (568/605)	6	EU035438
<i>Venturia saliciperda</i> (CBS 214.27)	100 %	93,8 % (568/605)	6	EU035470

### Phylogenetische Analysen

Zur Unterstützung der morphologischen Bestimmung des Isolates JW044p4 wurden phylogenetische Analysen basierend auf ITS nrDNA Sequenzen bzw. kombinierter ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten der Gattungen *Fusicladium* und *Venturia* und weiterer genetisch verwandter Gattungen (Tab. 280) unter Verwendung von *Zeloasperisporium hyphopodioides* (*Zeloasperisporiaceae*) als Außengruppe durchgeführt. In der phylogenetischen Analyse basierend auf kombinierten ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten erfolgte die Bildung eines in zwei Hauptgruppen gegliederten Stammbaums, wobei eine

der Gruppen der Familie Venturiaceae und die zweite der Familie Sympoventuriaceae zugeordnet werden konnte (Abb. 32). Die Gruppe der Venturiaceae beinhaltet die Sequenzen der Isolate der Arten *Apiosporina collinsii*, *Cylindrosyndonium lauri*, *Fusicladium mandshuricum*, *Venturia carpophila*, *V. chlorospora*, *V. populina*, *V. saliciperda*, *V. tremulae*, *V. tremulae* var. *populi-albae*, *V. tremulae* var. *grandidentatae* und die Sequenz des Stammes JW044p4, während die Gruppe der Sympoventuriaceae aus Sequenzen der Arten *Fusicladium africanum*, *F. amoenum*, *F. intermedium*, *F. ramoconidii*, *Sympoventuria capensis* und *Veronaeopsis simplex* gebildet wurde (Abb. 32). Innerhalb der Gruppe der Venturiaceae erfolgte die Gruppierung der DNA Sequenzen von Arten der Gattung *Venturia* in einem eigenen Clade, während die Sequenzen der Arten *A. collinsii*, *C. lauri* und die Sequenz des Stammes JW044p4 jeweils als eine eigene Linie dargestellt wurden (Abb. 32). Die aus Vertretern der Sympoventuriaceae bestehende Gruppe, wurde ebenfalls in zwei weitere Subgruppen untergliedert. Eine der Untergruppen beinhaltet die Sequenzen der Arten *Fusicladium amoenum*, *F. intermedium* und *F. ramoconidii* und die andere Gruppe die Sequenzen der Arten *F. africanum*, *Sympoventuria capensis* und *Veronaeopsis simplex* (Abb. 32).



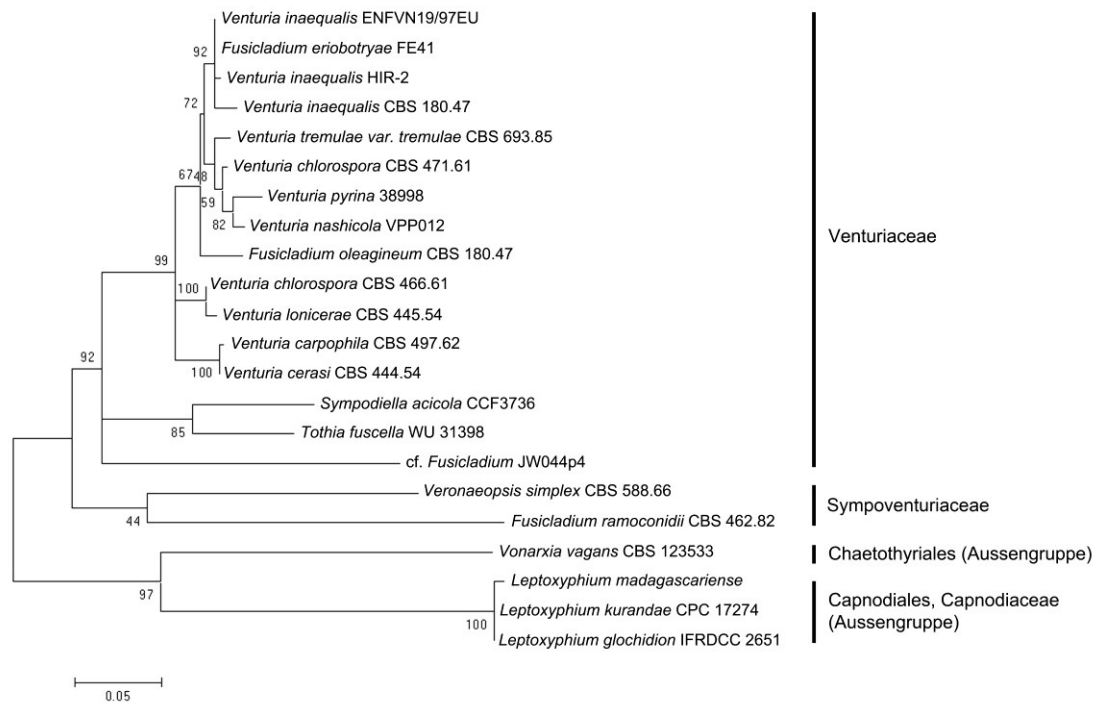
**Abbildung 32: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW044p4, ausgewählter Vertreter der Gattungen *Venturia* und *Fusicladium* und weiterer genetisch assoziierter Arten und Isolate, basierend auf kombinierten ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten unter Verwendung von *Zeloasperisporium hyphopodioides* (*Zeloasperisporiaceae*) als Außengruppe (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode basierend auf dem Tamura 3-Parameter Model**



in MEGA6 durchgeführt (Tamura 1992; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der Datensatz bestand aus 19 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 1008 informativen Positionen. Für die Modellierung der evolutionären Raten zwischen unterschiedlichen Positionen wurde eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,4723) verwendet, wobei die Möglichkeit der Existenz evolutionär invariabler Basen-Positionen mit in die Berechnungen aufgenommen wurde (+I, 34.0938 %). Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-5112.7555) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurden an den entsprechenden Knoten mitangegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. (Tamura 1992; Tamura et al. 2013).

In der phylogenetischen Analyse basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten des Isolates JW044p4 und weiterer DNA-Sequenzen ausgewählter Vertreter der Gattungen *Venturia*, *Fusicladium* und weiterer genetisch assoziierter Arten und Isolate unter Verwendung von Sequenzen von Arten der Gattungen *Leptoxyphium* (Capnodiales) und *Vonarxia* (Chaetothyriales) als Außengruppen (Tab. 280), erfolgte eine Gliederung der verwendeten Sequenzen innerhalb des erzeugten Stammbaums in zwei Hauptgruppen (Abb. 33). Eine der Gruppen konnte der Familie Sympoventuriaceae, bestehend aus Sequenzen der Arten *Fusicladium ramoconidii* und *Veronaeopsis simplex*, und die zweite der Familie Venturiaceae mit den Sequenzen der Arten *Fusicladium oleagineum*, *Sympodiella acicola*, *Tothia fuscella*, *Venturia carpophila*, *V. cerasi*, *V. chlorospora*, *V. eriobotryae*, *V. inaequalis*, *V. lonicerae*, *V. nashicola*, *V. pyrina* und dem Isolat JW044p4 zugeordnet werden (Abb. 33). Die Gruppe der Venturiaceae wurde in drei weitere Untergruppen unterteilt (Abb. 33), wobei eine der Gruppen aus Sequenzen von Stämmen der Gattungen *Venturia* und *Fusicladium* und die zweite Gruppe aus Sequenzen der Arten *Sympodiella acicola* und *Tothia fuscella* gebildet wurde. Die dritte Gruppe innerhalb der Venturiaceae beinhaltete nur die ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW044p4 (Abb. 33).

Die phylogenetischen Analysen basierend auf ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten zeigten die molekulare Zugehörigkeit des Stammes JW044p4 zu den Venturiaceae und die genetische Verwandtschaft mit *Venturia* und *Fusicladium* s.l. (Abb. 32, 33).



**Abbildung 33: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW044p4, ausgewählter Vertreter der Gattungen *Venturia* und *Fusicladium* und weiterer genetisch assoziierter Arten und Isolate basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten, unter Verwendung von Sequenzen von Stämmen der Gattungen *Leptoxyphium* (Capnodiales) und *Vonarxia* (Chaetothyriales) als Außengruppe (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode, basierend auf dem Kimura 2-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Kimura 1980; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode, basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der Datensatz bestand aus 22 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 315 informativen Positionen. Für die Modellierung der evolutionären Raten zwischen unterschiedlichen Positionen wurde eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,8651) verwendet, wobei die Möglichkeit der Existenz evolutionär invariabler Basen-Positionen mit in die Berechnungen aufgenommen wurde (+I, 30,9405 %). Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-1883,4982) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurden an den entsprechenden Knoten mitangegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. (Kimura 1980; Tamura et al. 2013).**

## Diskussion

Die Assoziierung des Isolates JW044p4 mit der Gattung *Fusicladium* beruht auf molekularen Daten (ITS und LSU nrDNA Sequenzen), morphologischen Merkmalen und

phylogenetischen Analysen basierend auf ITS nrDNA-Sequenzabschnitten und kombinierten Sequenzdaten der ITS und LSU nrDNA Sequenzen.

Das Isolat JW044p4 bildete dunkel pigmentierte, leicht verzweigte Konidiophore mit blastischer Konidiogenese ohne deutlich differenzierte konidiogene Loci mit Dentikeln, Narben oder annellidischen Strukturen wie sie für *Fusicladium* (Dentikel) und verschiedene unter *Fusicladium* synonymisierte Arten, wie *Spilocea* (annellidische Zellen) oder *Pseudocladosporium* (Narben und Ramokonidien) typisch wären (Crous et al. 2007d; Schubert et al. 2003; Seifert et al. 2011). Allerdings beruhen die dokumentierten morphologischen Merkmale der einzelnen Arten auf von Wirtspflanzen gesammelten Belegen und nicht auf in Kultur gebildeten morphologischen Strukturen (Schubert et al. 2003) und zudem bilden Stämme verschiedener *Fusicladium*-Arten in vitro häufig reduzierte und einfache Konidiophore, anstatt die in vivo gebildeten typischen morphologischen Elemente (Crous et al. 2007d), was einen Vergleich der untersuchten Strukturen und damit eine taxonomische Klassifizierung basierend auf morphologischen Merkmalen erschwert.

Die BlastSearch-Ergebnisse der ITS und LSU nrDNA Sequenzen des Stammes JW044p4 zeigten die größte Übereinstimmung mit Sequenzdaten von verschiedenen Gattungen der Venturiaceae, wie *Venturia*, *Tothia*, *Apiosporina* und *Fusicladium* (Tab. 36-39). Allerdings ist die maximale Übereinstimmung der Sequenzen des Isolates JW044p4 mit 93 Prozent (ITS nrDNA) bzw. 95 Prozent (LSU nrDNA) zu gering, um eine eindeutige taxonomische Bestimmung anhand der vorhandenen Daten vorzunehmen. Der große Unterschied der untersuchten DNA-Regionen und die isolierte Position des Stammes JW044p4 innerhalb der Venturiaceae in phylogenetischen Analysen (Abb. 32-33) legen zudem nahe, dass es sich bei dem Isolat um eine bisher nicht beschriebene Art bzw. Gattung handeln könnte. Für eine abschließende taxonomische Bewertung des Stammes JW044p4 und der Gattung *Fusicladium* sollte ein Vergleich von in vitro gebildeten morphologischen Merkmalen von Arten des *Fusicladium*-Komplexes und verwandten Gattungen, sowie phylogenetische Analysen basierend auf mehreren unterschiedlichen DNA-Regionen durchgeführt werden. Da dies im Rahmen der vorliegenden Arbeit nicht möglich war, wurde das Isolat JW044p4 vorläufig als cf. *Fusicladium* sp. bezeichnet.

Aus dem untersuchten Probenmaterial wurden neben dem Stamm JW044p4 weitere Pilzarten isoliert. So konnten zusätzlich zwei Stämme des anthropophilen Dermatophyten *Trichophyton rubrum* (JW044p1, JW044p3) und drei Isolate des geophilen sowie

keratinolytischen Schimmelpilzes *Chrysosporium tuberculatum* (JW044p2, JW044p5, JW044p6) kultiviert werden.

Wahrscheinlich handelt es sich bei dem Fall der Onychomykose um das Resultat einer Primärinfektion mit *T. rubrum* und einer sekundär erfolgten Besiedlung mit *C. tuberculatum*. Für eine abschließende Bewertung des pathogenen Potenzials des Stammes JW044p4 sollten eine weitere Probennahme und weitergehende Versuche durchgeführt werden (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

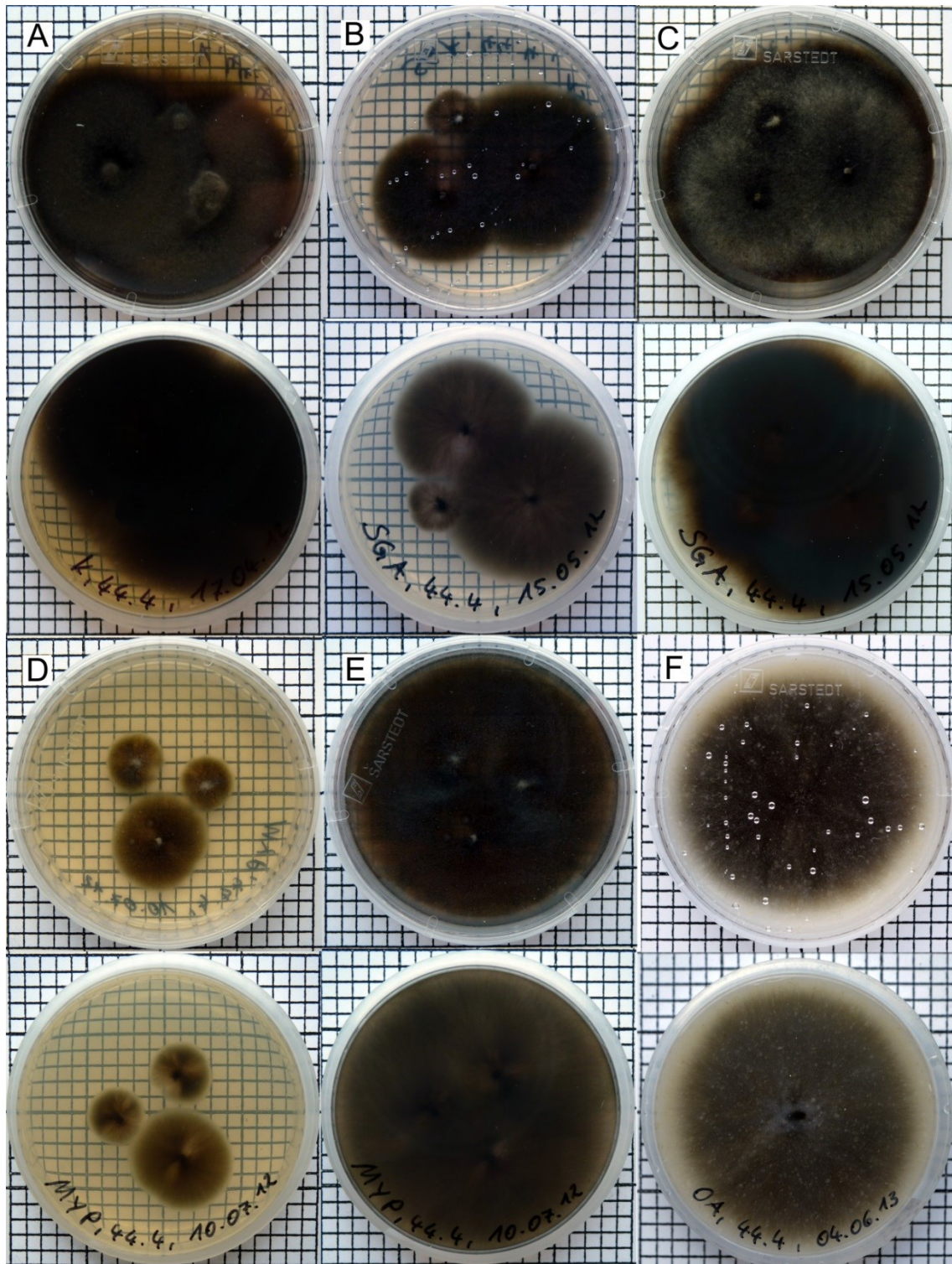
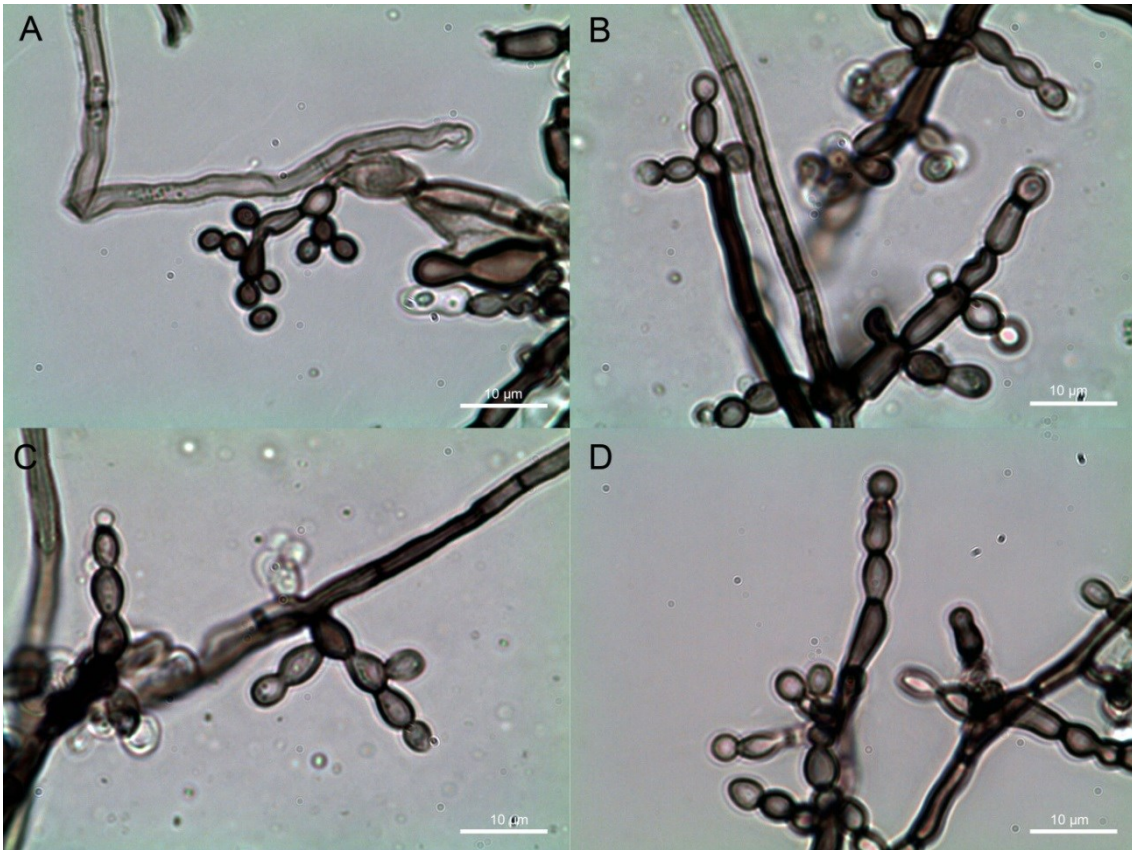


Abbildung 34: Kulturen von cf. *Fusicladium* (JW044p4) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kim-mig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (7 d). E: MYP (14 d). F: OA (21 d).



**Abbildung 35: Mikromorphologische Merkmale des Isolates JW044p4. A-D: Konidiophore in unterschiedlichen Entwicklungsstadien mit Konidien in Ketten. Maßstab = 10 µm.**

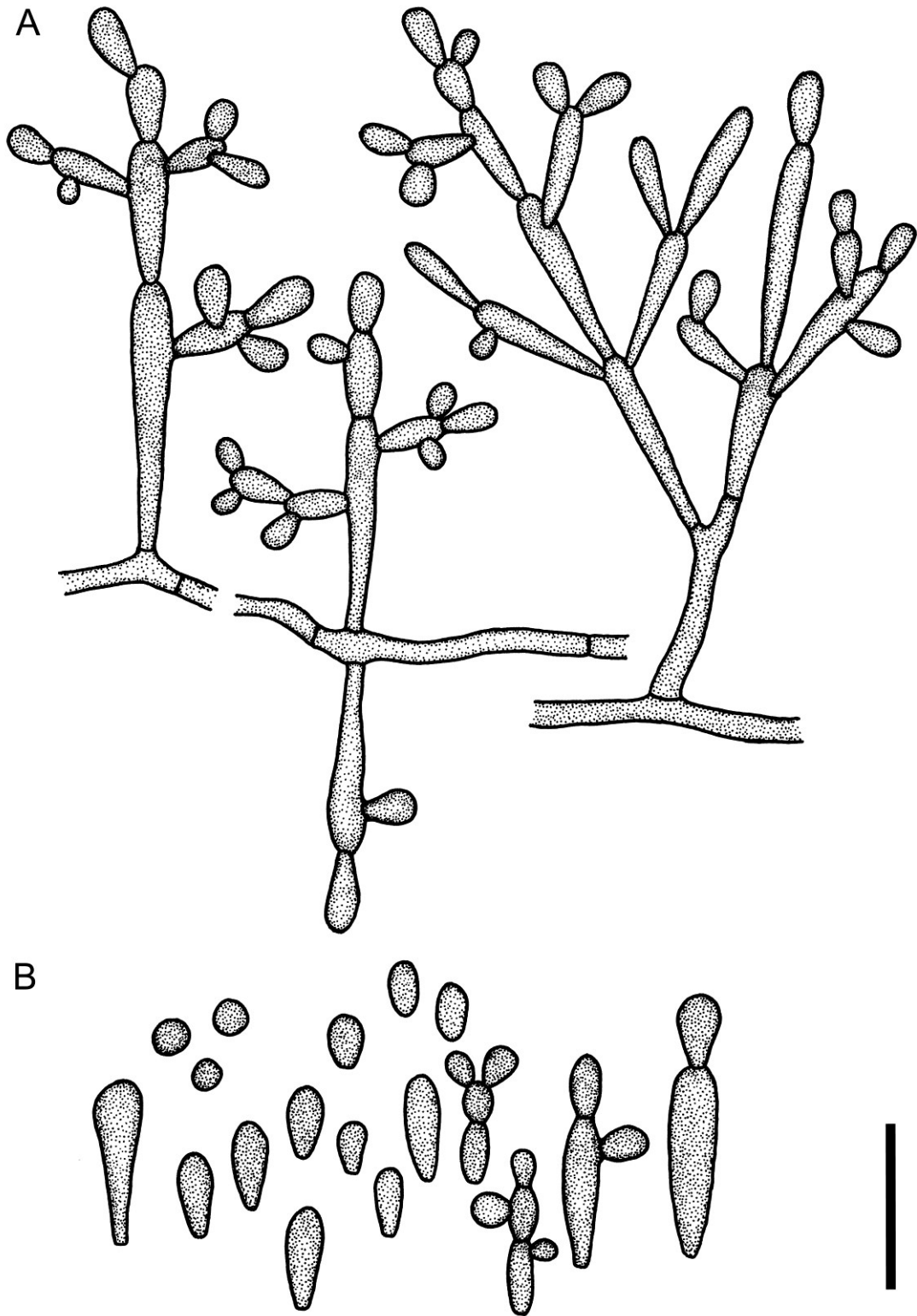


Abbildung 36: cf. *Fusicladium* (JW044p4). A: Konidiophore. B: Konidien. Maßstab = 10  $\mu$ m.

### **Dothideomycetidae, Incertae sedis**

Es wurde ein Stamm (JW058p2) isoliert, der innerhalb der Dothideomycetes der Familie Eremomycetaceae Malloch & Cain und der Gattung *Rhexothecium* Samson & Mouch. zugeordnet wurde (Tab. 10).

#### ***Rhexothecium* Samson & Mouch.**

Two new soil-borne cleistothecial Ascomycetes. Can. J. Bot. 53 (1975): 1634-1639.

Typus: *Rhexothecium globosum* Samson & Mouch.

Anamorph: *Trichosporiella*-artig (Guarro et al. 2012).

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Dothideomycetidae

Ordnung: Incertae sedis

Familie: Eremomycetaceae

(Systematik basierend auf eigenen molekularen und phylogenetischen Daten nach Giraldo et al. 2014, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2015).

Die Gattung *Rhexothecium* ist eine monotypische Gattung und wurde 1975 von Samson und Mouchacca basierend auf der Typusart *Rhexothecium globosum* Samson & Mouch. beschrieben (Guarro et al. 2012; Samson und Mouchacca 1975; IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

Bildung von filzig-wolligen oder haarigen, weißen bis hell gelblich-braunen, langsam bis moderat wachsenden Kolonien mit dunkel pigmentierten Ascomata (Guarro et al. 2012; Samson und Mouchacca 1975).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Rhexothecium* sind charakterisiert durch dunkel pigmentierte, oberflächlich oder submers gebildete, kugelförmige, nicht ostiolate Ascomata (Kleistothecien), obovoide, keulen- oder kugelförmige, unitunicate Asci, mit acht, einzelligen, subhyalinen bis gelblich pigmentierten, glattwandigen oder fein rau ornamentierten



Ascosporen und die Existenz eines *Trichosporiella*-artigen Anamorphstadiums (Guarro et al. 2012; Samson und Mouchacca 1975).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Die einzige bisher beschriebene Art der Gattung ist ein thermophiler, saprotropher Organismus und wurde in Ägypten und Kenia aus Erdproben isoliert (Guarro et al. 2012; Malloch und Sigler 1988; Mansower 2009; Mouchacca 1995; Moustafa und Abdel-Azeem 2011).

### **Isolate**

Es wurde ein Stamm (JW058p2) isoliert, der anhand morphologischer und molekularer Merkmale der Gattung *Rhexothecium* zugeordnet werden konnte (Tab. 10).

**cf. *Rhexothecium* sp.** (JW058p2)

**Abb. 39-43**

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Dothideomycetes

Unterklasse: Dothideomycetidae

Ordnung: Incertae sedis

Familie: Eremomycetaceae

Gattung: *Rhexothecium*

(Systematik basierend auf eigenen molekularen und phylogenetischen Daten, nach Giraldo et al. 2014b, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2015).

### **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** leicht erhabene überwiegend emers, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 30-35 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien cremefarben bis hell gelblich braun, mit weißem, haarig bis wolligem Luftmyzel und einer submersen Randzone; ältere Kolonien weiß, mit einer filzig wolligen Oberfläche und einem erhabenem, haarig-filzigem Zentrum; Kolonierückseite gelblich braun bis schwarz rötlich braun.

**SGA:** anliegende, leicht erhabene, überwiegend emers und moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 25-30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien

creme bis beigefarben, mit zottig filziger Kolonieoberfläche und einem leicht erhabenen Zentrum und einer hell gelblich braunen, submersen Randzone; ältere Kolonien hell braun, mit einer wollig filzigen Oberfläche, einem erhabenen haarig filzigem Zentrum und einer breiteren submersen Randzone; Kolonierückseite hell rötlich braun bis gelblich olivbraun.

**OA:** spärliche, langsam wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 15-20 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien rein weiß, mit radiär wachsenden Myzelsträngen, einer flaumigen bis fein haarig-granulären Oberfläche und einem fein filzig-haarigem Koloniezentrum; ältere Kolonien weiß bis schmutzig weiß, mit einer pudrig-granulären Oberfläche und feinen, radiären Hyphensträngen, in sehr alten Kulturen (> 3-6 Monate) erfolgt submers die Bildung von unzähligen, schwarzen Ascomata; Kolonierückseite unpigmentiert bis leicht cremefarben, in sehr alten Kulturen durch die Bildung von Ascomata schwarz gesprenkelt.

**MYP:** leicht erhabene, submers und emers, langsam bis moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 15-25 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien hell gelblich braun bis hell rötlich braun mit einer filzigen Oberflächentextur; ältere Kolonien etwas dunkler gefärbt und verstärktem, submersem Wachstum und einer zottig filzigen Oberfläche; Kolonierückseite hell gelblich rotbraun.

**Sonstiges:** der Stamm JW058p2 zeigt ein langsames bis moderates Wachstum auf Keratin-haltigen Materialien, wie Kuhhorn oder menschlichem Haar.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin, septiert, 1-2 µm breit; Bildung von Konidien entlang undifferenzierter Hyphen oder an einzelnen oder verzweigten, häufig in Gruppen gebildeten, konidiogenen Zellen mit polyblastischer Konidiogenese; konidiogene Zellen zylindrisch, clavat oder oval, von variabler Länge, 2-8,5 (10) × 1-2 µm, die Bildung von Konidien erfolgt primär acrogen und anschließend sukzessiv lateral an unterschiedlichen konidiogenen Loci, oft unter Bildung eines länglichen und dünnen Halses, die sekundäre Konidienbildung kann von einer sympodialen Bildung einer neuen konidiogenen Zelle begleitet werden; Konidien einzeln entlang undifferenzierter Hyphen oder in dichten Trauben an konidiogenen Zellen, hyalin bis subhyalin, in Masse hell gelblichgrün, in KOH hell

olivgrün bis dunkel grün, rund bis clavat, glatt bis grob warzig ornamentiert, mit oder ohne einem deutlich sichtbarem basalen Stumpf,  $(2,5) 3-5,5 (7) \times (2,5) 3-4 \mu\text{m}$ ; die Bildung von Ascomata (Kleistothecien) erfolgt überwiegend submers, dunkel schwarzolivbraun bis schwarz (in KOH-Lösung olivgrün), rund, 200-500  $\mu\text{m}$  im Durchmesser, mit einer pseudoparenchymatischen Wandstruktur, ohne Seten oder Anhängsel; Asci oval bis rund mit einem deutlichen basalen Zipfel,  $6-8,5 (10) \times 5-7 \mu\text{m}$ , vergänglich, mit acht Ascosporen; Ascosporen subhyalin bis hell grünlich gelblich, bohnenförmig bis oval,  $(3) 3,5-5 (6) \times 1,5-2 \mu\text{m}$ , bei lichtmikroskopischer Betrachtung glatt, auf rasterelektro-nen-mikroskopischen Aufnahmen fein riefig; Chlamydosporen vorhanden, glatt, mit deutlich verdickten Zellwänden, überwiegend in Ketten, interkalar durch die Transformation von Hyphenzellen gebildet, von variabler Größe.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1 (unbekannt); Die einzige bisher beschriebene Art der Gattung *Rhexothecium*, *Rhexothecium globosum*, ist ein saprotropher Organismus und wurde bisher in Ägypten und Kenia aus Erdproben isoliert (Guarro et al. 2012; Malloch und Sigler 1988; Mansower 2009; Mouchacca 1995; Moustafa und Abdel-Azeem 2011). Das Isolat JW058p2 zeigt in vitro Wachstum auf Keratin-haltigen Materialien, wie Kuhhorn und menschlichem Haar, und ist somit theoretisch in der Lage Haut- oder Nagelläsionen zu verursachen bzw. bestehende Läsionen zu besiedeln. Für eine abschließende Beurteilung der möglichen Pathogenität des Stammes JW058p2 müssten allerdings weitere Versuche durchgeführt werden.

### **Untersuchtes Material**

**JW058P:** Hautproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (39 Jahre) mit einer Hautmykose der Fußsohle des linken Fußes. Das Material wurde am 20.01.2011 in La Villa de Los Santos, Provinz Los Santos, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 31.03.2011 einmal aus Hautmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW058p2 subkultiviert.

### **Weitere untersuchte Stämme**

*Rhexothecium globosum* CBS 955.73

### Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW058p2 (ITS: 715 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Art *Arthrographis kalrae* (R.P. Tewari & Macph.) Sigler & J.W. Carmich. und somit die molekulare Verwandtschaft des Isolates JW058p2 mit Arten der Familie Eremomycetaceae (Tab. 40-41). Die untersuchte Sequenz zeigte keine Übereinstimmung mit Sequenzen anderer Mitglieder der Eremomycetaceae, da innerhalb der verfügbaren Datenbanken keine Sequenzdaten für die ITS-Region der entsprechenden Arten vorhanden waren (Stand 2015).

**Tabelle 40: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW058p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Arthrographis kalrae</i> (--)	81 %	93 % (545/586)	10	AB506810
<i>Arthrographis kalrae</i> (CBS 693.77)	81 %	93 % (545/586)	10	NR126108
<i>Arthrographis arxii</i> (IFM 47378)	81 %	92 % (549/599)	19	AB213442
<i>Arthrographis longispora</i> (UTHSC 05-3220)	60 %	94 % (503/541)	9	HG004555

**Tabelle 41: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW058p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Arthrographis kalrae</i> (CBS 234.76)	80,3 %	92,3 % (532/576)	5	AB116535
<i>Arthrographis kalrae</i> (IFM 52665)	80,3 %	92,3 % (532/576)	5	AB213456
<i>Arthrographis kalrae</i> (IFM 55615)	80,3 %	92,3 % (532/576)	5	AB495011
<i>Arthrographis kalrae</i> (CBS 112.39)	80,3 %	92,3 % (532/576)	5	AB116534

**Tabelle 42: Molekulare Distanzen basierend auf der ITS nrDNA Sequenz verschiedener Arten der Gattung *Arthrographis* und molekular verwandter Arten. Die Analyse beruht auf einem finalen Datensatz von 418 informativen Positionen, alle Bereiche mit Lücken oder fehlenden Daten wurden aus dem Datensatz entfernt. Die Anzahl von Basensubstitutionen pro Position wurde mit MEGA6 unter Verwendung des Tamura 3-Parameter Modells ermittelt. (Tamura 1992; Tamura et al. 2013).**

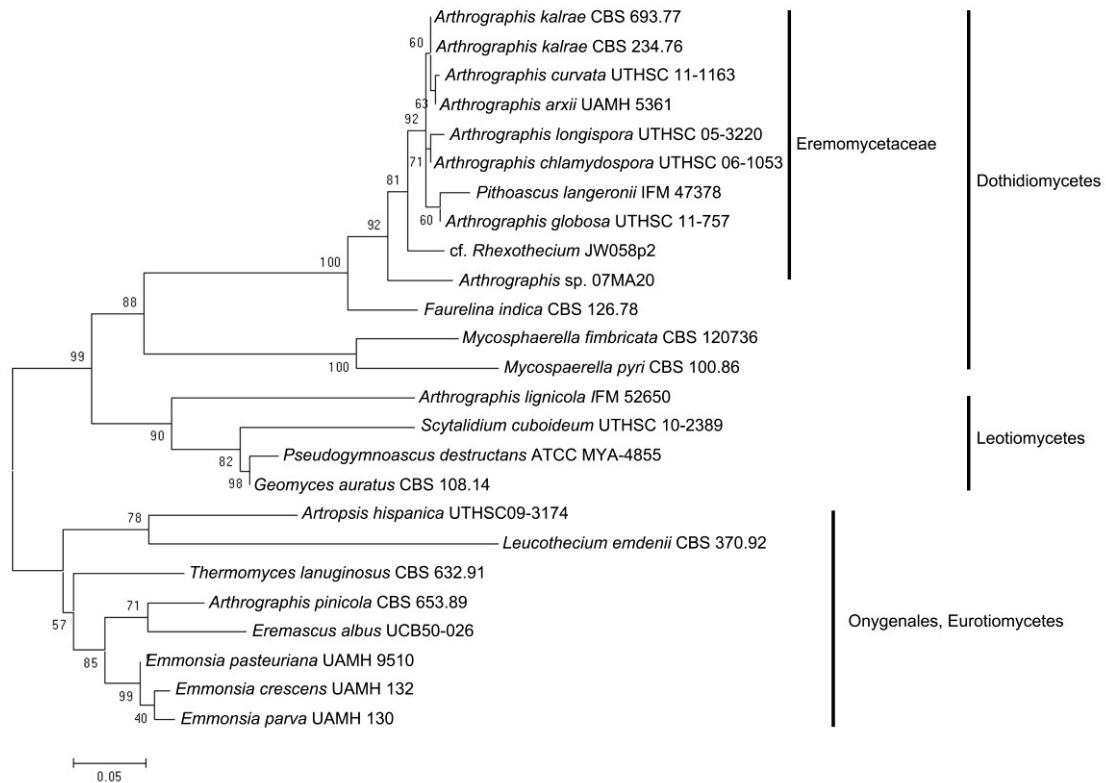
Art (Stamm)	Molekulare Distanzen (Substitutionen pro Position)									
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. cf. <i>Rhexothecium</i> sp. (JW058p2)										
2. <i>Arthrographis kalrae</i> (CBS 234.76)	0,06									
3. <i>Arthrographis kalrae</i> (CBS 693.77)	0,06	0,00								

Art (Stamm)	Molekulare Distanzen (Substitutionen pro Position)									
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
4. <i>Arthrographis arxii</i> (IFM 47378)	0,08	0,04	0,04							
5. <i>Arthrographis arxii</i> (UAMH 5361)	0,07	0,01	0,01	0,05						
6. <i>Arthrographis curvata</i> (UTHSC 11-1163)	0,07	0,01	0,01	0,05	0,00					
7. <i>Arthrographis longispora</i> (UTHSC 05-3220)	0,07	0,03	0,03	0,05	0,03	0,03				
8. <i>Arthrographis chlamydospora</i> (UTHSC 06-1053)	0,07	0,03	0,03	0,05	0,04	0,04	0,04			
9. <i>Arthrographis</i> sp. (07MA20)	0,14	0,12	0,12	0,15	0,13	0,13	0,12	0,12		
10. <i>Arthrographis globosa</i> (UTHSC 11-757)	0,07	0,02	0,02	0,03	0,02	0,02	0,03	0,04	0,13	
11. <i>Faurelina indica</i> (CBS 126.78)	0,19	0,20	0,20	0,24	0,21	0,21	0,21	0,22	0,21	0,22

### Phylogenetische Analysen

Zur Unterstützung der morphologischen Bestimmung des Isolates JW058p2 wurden phylogenetische Analysen basierend auf ITS nrDNA Sequenzen des Stammes JW058p2, der Gattung *Arthrographis* s.l. und weiterer genetisch und morphologisch assoziierter Arten und Isolate (Tab. 280) durchgeführt. Die phylogenetische Analyse von Arten der Gattung *Arthrographis* s.l. resultierte in einem in drei Gruppen gegliederten Stammbaum, wobei die entsprechende Aufteilung den verwendeten systematischen Klassen entspricht (Abb. 37). Eine der Gruppen besteht aus den Sequenzen unterschiedlicher Gattungen der Onygenales, wie *Arthrospis*, *Emmonsia* und *Leucothecium*, sowie aus Sequenzen von Stämmen der Arten *Arthrographis pinicola*, *Thermomyces lanuginosus* und *Eremascus albus*. Die zweite Gruppe beinhaltet die Sequenzen von Stämmen der Klasse Leotiomycetes zugeordneter Gattungen, wie *Geomyces* oder *Scytalidium*, und von Isolaten der Arten *Arthrographis lignicola* und *Pseudogymnoascus destructans*. Die dritte Gruppe besteht aus Sequenzen von Isolaten unterschiedlicher Arten den Dothideomycetes zugeordneter Gattungen, wie *Arthrographis* und *Mycosphaerella*, sowie den Sequenzen der Art *Faurelina indica* und des Isolates JW058p2 (Abb. 37). Innerhalb dieser Gruppe wurde aus den Sequenzen der Arten *Mycosphaerella fimbriata* und *M. pyri*, ebenso wie aus den nrDNA Sequenzen der Stämme der Gattung *Arthro-*

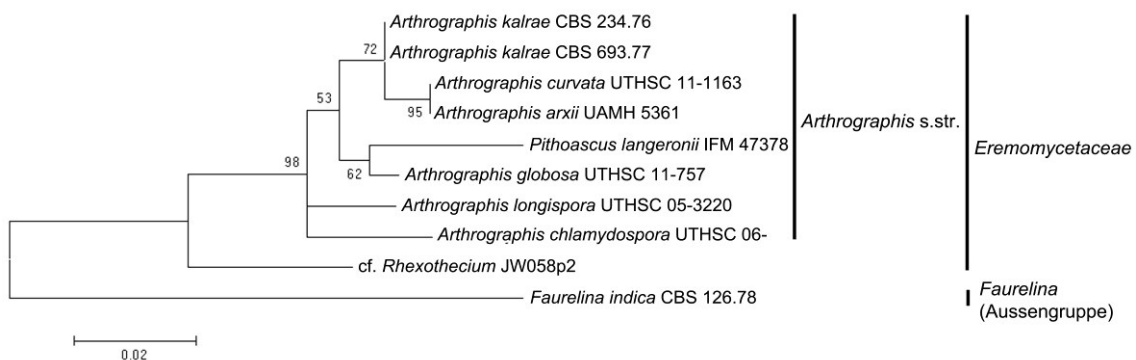
*graphis*, bis auf die Sequenz des Isolates „*Arthrographis* sp. 07MA20“, ein eigenes Clade gebildet. Die Sequenzen der Art *Faurelina indica* und der Stämme JW058p2 und „*Arthrographis* sp. 07MA20“ wurden jeweils als eigene genetische Linien dargestellt (Abb. 37).



**Abbildung 37: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW058p2, der Gattung *Arthrographis* s.l. und weiterer genetisch und morphologisch assoziierter Arten und Isolate basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode basierend auf dem Kimura 2-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Kimura 1980; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der Datensatz bestand aus 25 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 313 informativen Positionen. Eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,6769) wurde für die Modellierung evolutionärer Raten zwischen unterschiedlichen Positionen verwendet, wobei die Möglichkeit evolutionär invariabler Basen-Positionen mit in die Berechnungen aufgenommen wurde (+I, 26,6844 %). Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-2352,8899) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurden an den entsprechenden Knoten mitangegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. (Kimura 1980; Tamura et al. 2013).**

In einer weiteren phylogenetischen Analyse basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten des Isolates JW058p2 und Stämmen der Gattung *Arthrographis* s.str. (Giraldo et al. 2014b) unter Verwendung von *Faurelina indica* als Außengruppe (Tab. 280) erfolgte eine Gliederung des Phylogramms in zwei Gruppen (Abb. 38), wobei eine der Gruppen aus den nrDNA Sequenzen der Isolate der Gattung *Arthrographis* und die zweite aus der Sequenz des Stammes JW058p2 gebildet wurde (Abb. 38).

Die phylogenetischen Analysen basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten zeigten die genetische Verwandtschaft des Isolates JW058p2 mit der Gattung *Arthrographis* und die Zugehörigkeit zu den Eremomycetaceae.



**Abbildung 38: Phylogenetischer Stammbaum des Isolates JW058p2 und der Gattung *Arthrographis* s.str. (Giraldo et al. 2014b), basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten, unter Verwendung der Art *Faurelina indica* als Außengruppe (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode, basierend auf dem Tamura 3-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Tamura 1992; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode, basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der Datensatz bestand aus 11 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 418 informativen Positionen. Für die Modellierung der evolutionärer Raten zwischen den einzelnen Genlinien, wurde die Möglichkeit evolutionär invariabler Basen-Positionen mit in die Berechnungen aufgenommen (+I, 69,8553 %). Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-1172,6115) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurden an den entsprechenden Knoten angegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. (Giraldo et al. 2014b; Tamura 1992; Tamura et al. 2013).**

## Diskussion

Die Klassifizierung des Isolates JW058p2 als cf. *Rhexothecium* sp. beruht auf morphologischen Merkmalen. So zeigte der Vergleich der ITS nrDNA Sequenz mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken eine Übereinstimmung der Sequenz des Isolates JW058p2 von 92 Prozent bis 93 Prozent mit Arten der Gattung *Arthrographis* bzw. mit *Arthrographis kalrae* (Tab.1-2) und in phylogenetischen Analysen wurde die Sequenz des Stammes JW058p2 als ein gut unterstütztes Schwester-Clade zu Sequenzen unterschiedlicher Arten der Gattung *Arthrographis* s.str. dargestellt (Giraldo et al. 2014b) (Abb. 37-38). Die geringe Übereinstimmung der Sequenzdaten mit der Gattung *Arthrographis* bei gleichzeitigem Fehlen von Referenzsequenzen anderer Gattungen der Eremomycetaceae ermöglichte keine eindeutige taxonomische Klassifizierung des Isolates basierend auf der ITS nrDNA Sequenz. Allerdings ermöglichte die Positionierung des Isolates JW058p2 innerhalb der Eremomycetaceae eine Klassifizierung des Isolates über den Vergleich der morphologischen Merkmale der entsprechenden Gattungen.

Mitglieder der Familie Eremomycetaceae sind durch die Bildung von Kleistothecien, keulen-förmigen bis ovoiden und vergänglichen Asci, einzelligen, hyalinen bis hell gelblich-braunen Ascosporen und die Bildung eines *Arthrographis*- oder *Trichosporiella*-artigen Anamorphstadiums charakterisiert (Malloch und Sigler 1988). Die Familie Eremomycetaceae beinhaltet die Gattungen *Arthrographis* G. Cochet ex Sigler & J.W. Carmich., *Eremomyces* Malloch & Cain und *Rhexothecium* Samson & Mouch. (Giraldo et al. 2014b; Malloch und Sigler 1988). Die Gattung *Arthrographis* ist charakterisiert durch die Bildung von Arthrokonidien, die an kurzen und verzweigten Konidiophoren bzw. durch die Fragmentierung von Hyphenzellen gebildet werden (Sigler und Carmichael 1976). Einige Arten der Gattung zeigen zudem die Ausprägung eines *Trichosporiella*-artigen Synanamorphen und die Bildung von Kleistothecien mit einer pseudoparenchymatischen Wandstruktur und phaseoliformen bis allantoiden Ascosporen (Giraldo et al. 2014b; Malloch und Sigler 1988). Arten der Gattung *Eremomyces* bilden kein Anamorphstadium, sondern ausschließlich Ascomata mit einem *Cephalotheca*-artigen Peridium. Die einzige Art der Gattung *Rhexothecium*, *R. globosum* Samson & Mouch., ist durch ein *Trichosporiella*-artiges asexuelles Stadium charakterisiert, allerdings im Gegensatz zu Arten der Gattung *Arthrographis*, mit deutlich gestielten konidiogenen Loci und acrogener sowie lateraler Konidienbildung und Kleistothecien mit einer pseudoparenchymatischen Wandstruktur (Malloch und Cain 1970; Malloch und Sigler 1988). Die beobachteten morphologischen Strukturen des Isolates JW058p2 zeig-



ten die größte Übereinstimmung mit der Beschreibung von Arten der Gattung *Rhexothecium* (Malloch und Sigler 1988; Samson und Mouchacca 1975). So bildete das Isolat JW058p2 ebenfalls acrogen und lateral Blastokonidien an stielartigen Auswüchsen der konidiogenen Zellen und Ascomata mit einer pseudo-parenchymatischen Wandstruktur. *Rhexothecium globosum* unterscheidet sich allerdings von dem Stamm JW058p2 durch charakteristische scheibenförmige, glatte bis raue Ascosporen und glatte Konidien (Guarro et al. 2012; Malloch und Sigler 1988; Samson und Mouchacca 1975).

Das Isolat JW058p2 stellt somit sehr wahrscheinlich eine neue Art innerhalb der Gattung *Rhexothecium* dar, allerdings sollte für eine abschließende taxonomische Beurteilung des Stammes ein Vergleich mit weiteren lebenden Stämmen und von DNA Sequenzdaten des Isolates JW058p2 und der Art *R. globosum* durchgeführt werden. Da dies im Rahmen der vorliegenden Arbeit nicht abschließend möglich war, wurde der Stamm JW058p2 vorläufig als cf. *Rhexothecium* sp. bezeichnet.

Neben dem Stamm JW058p2 konnten aus dem gesammelten Material der Probe JW058P vier weitere Pilzstämmen isoliert werden. So wurden zwei Stämme der Art *Aspergillus flavus* (JW058p1, JW058p4), ein Isolat der Art *Aspergillus niger* (JW058p5) und ein Stamm der Art *Neoscytalidium dimidiatum* (JW0058p3) kultiviert. *N. dimidiatum* ist als Verursacher Haut- und Nagelmykosen beschrieben worden, während die isolierten Arten der Gattung *Aspergillus* eher als opportunistische Erreger und als Verursacher von Atemwegserkrankungen dokumentiert sind (de Hoog et al. 2014). Die Pathogenität des Isolates JW058p2 kann nicht beurteilt werden, da es sich bei dem Stamm um ein Einzelisolat einer sehr wahrscheinlich für die Wissenschaft neuen Art handelt und somit keine weiteren ökologischen und physiologischen Daten vorhanden sind. Allerdings zeigte der Stamm JW058p2 die Fähigkeit in vitro auf Keratin-haltigen Materialien, wie Kuhhorn und menschlichem Haar zu wachsen, weshalb eine mögliche Pathogenität des Isolates bzw. eine aktive Besiedlung bereits bestehender Läsionen der Haut oder Nägel nicht ausgeschlossen werden kann. Bei der Läsion JW058P handelt es sich allerdings vermutlich um das Resultat einer Infektion mit *N. dimidiatum*. Für eine abschließende Beurteilung der möglichen Pathogenität des Isolates JW058p2 und des Verursachers der Mykose sollten eine weitere Probennahme von der entsprechenden Läsion und weitergehende Versuche durchgeführt werden (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

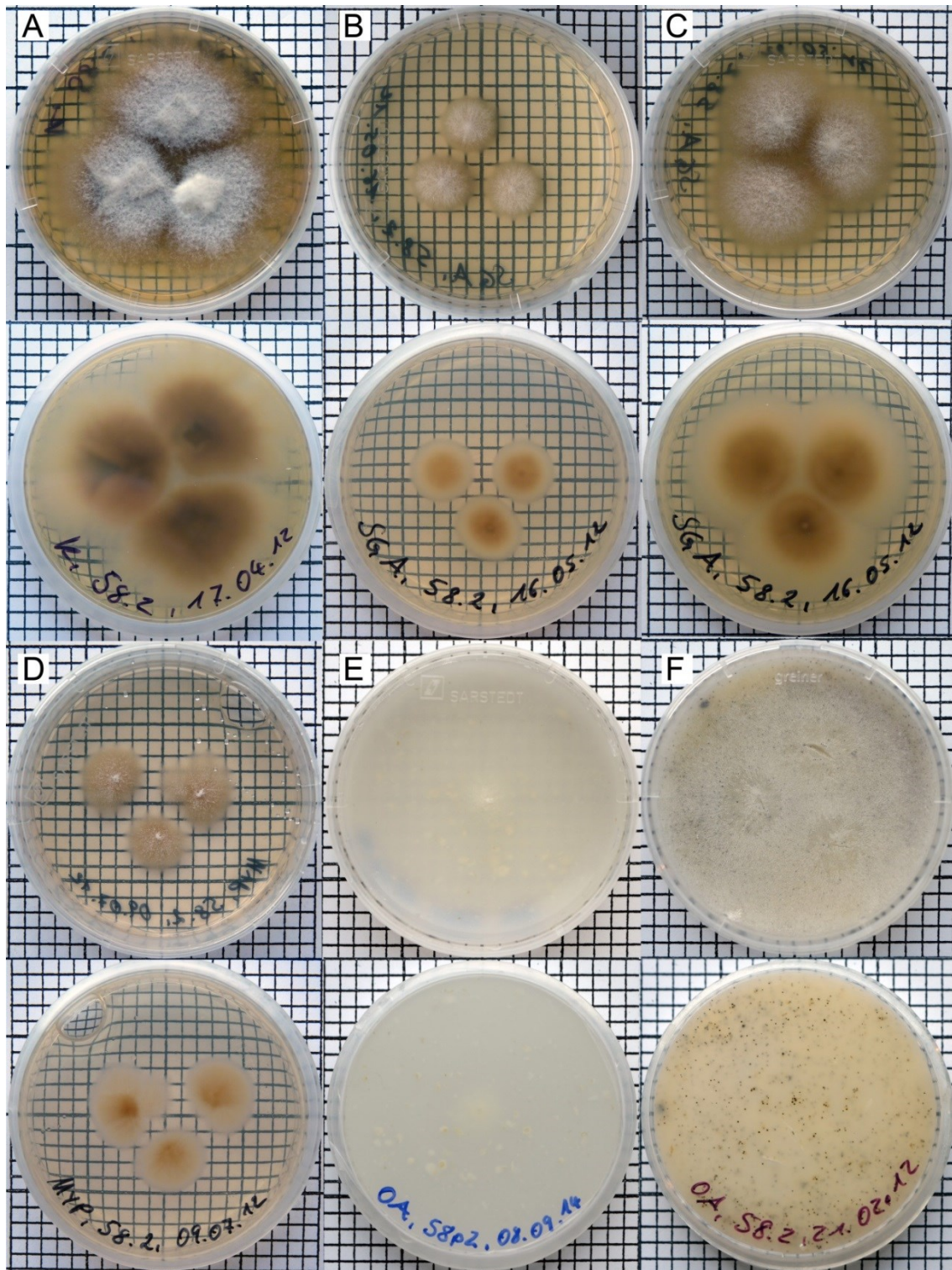


Abbildung 39: Kulturen von cf. *Rhexothecium* sp. (JW058p2) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (6 Monate). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

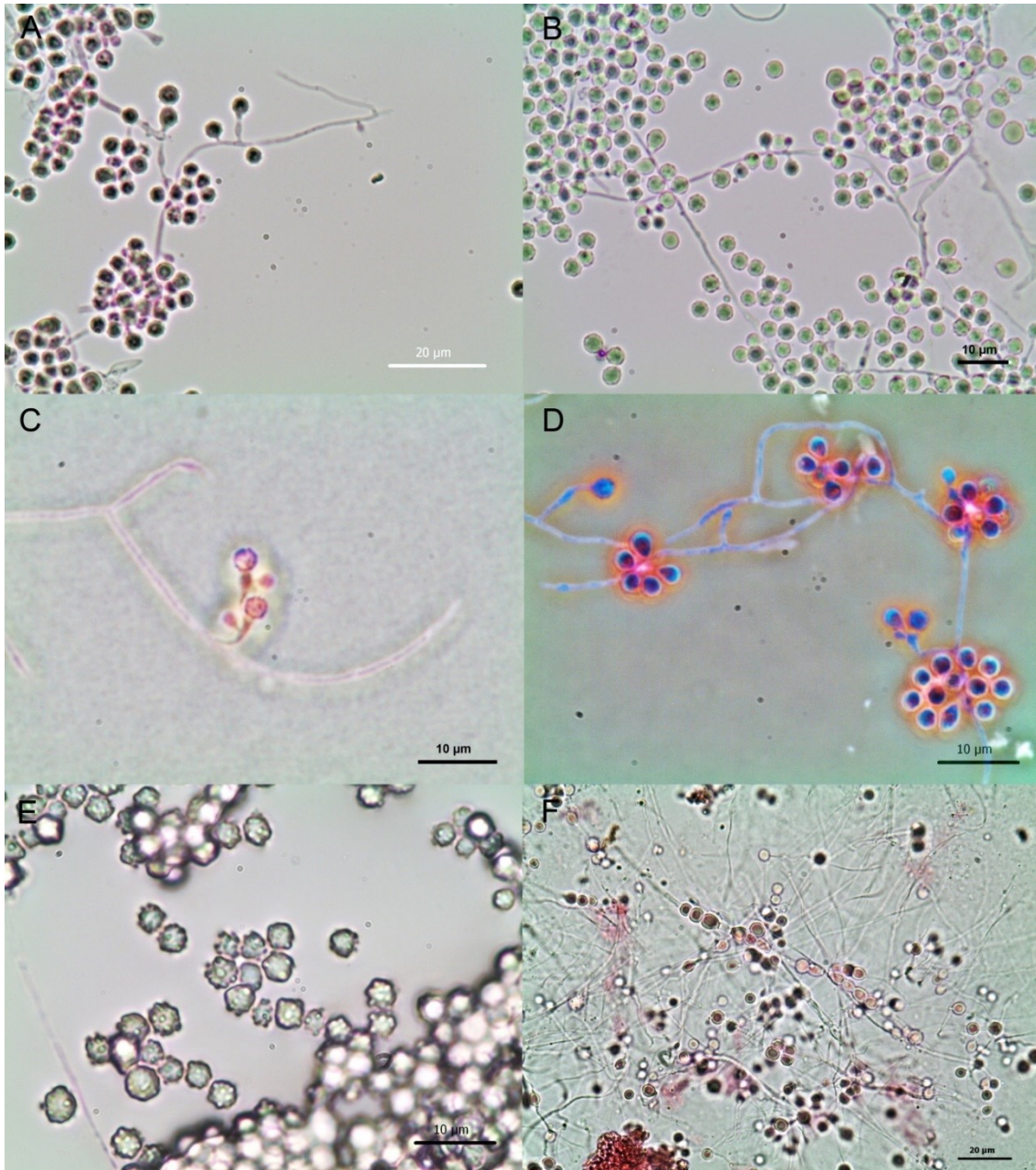


Abbildung 40: Mikromorphologische Strukturen von cf. *Rhexothecium* sp. (JW058p2) (Anamorph). A: Konidien an einfachen, zylindrischen konidiogenen Zellen, entlang undifferenzierter Hyphen oder in dichten Gruppen (in KOH). B: Konidien entlang undifferenzierter Hyphen (in KOH). C: Konidiogene Zellen mit acrogener und lateraler Konidienbildung und sympodialer Bildung einer neuen konidiogenen Zelle (Phasenkontrast). D: Konidiengruppen an einzelnen polyblastischen konidiogenen Zellen (Phasenkontrast). E: Konidien mit grob-warziger Ornamentierung (in einer Luftblase). F: Chlamydosporenketten an Hyphenzellen. A, B: in KOH. C,D,F: in Phloxin. A, F: Maßstab = 20 µm, B-E: Maßstab = 10 µm.

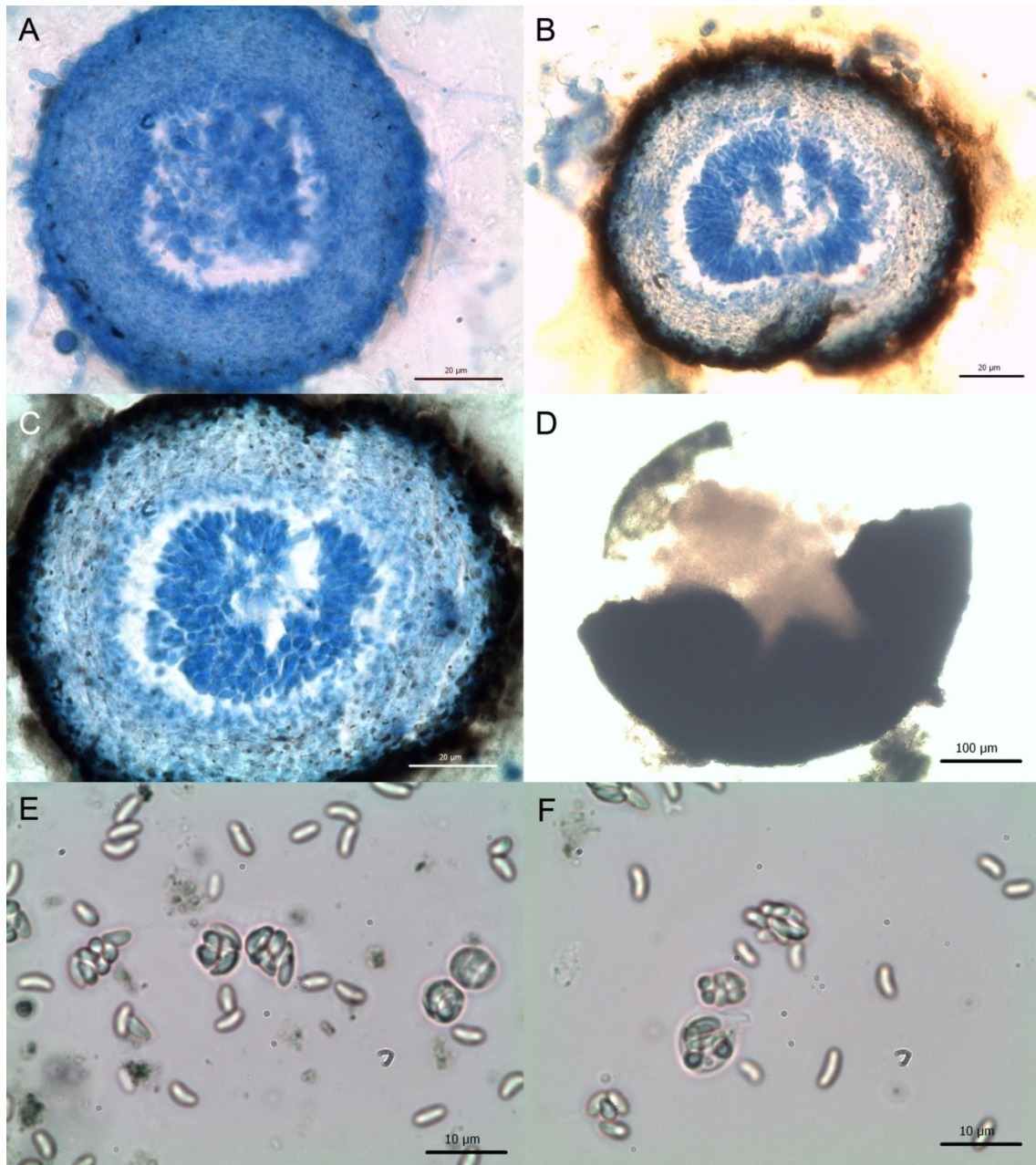


Abbildung 41: Mikromorphologische Strukturen von cf. *Rhexothecium* sp. (JW058p2) (Teleomorph). A-C: Semidünnschnitte von Kleistothecien in unterschiedlichen Entwicklungsstadien (Schnittdicke 15 µm). D: Reifes Kleistothecium (Quetschpräparat). E, F: Asci und freie Ascosporen. A-C: In Lactophenol-Lösung, Maßstab = 20 µm. D: in H<sub>2</sub>O, Maßstab = 100 µm. E, F: in H<sub>2</sub>O, Maßstab = 10 µm.

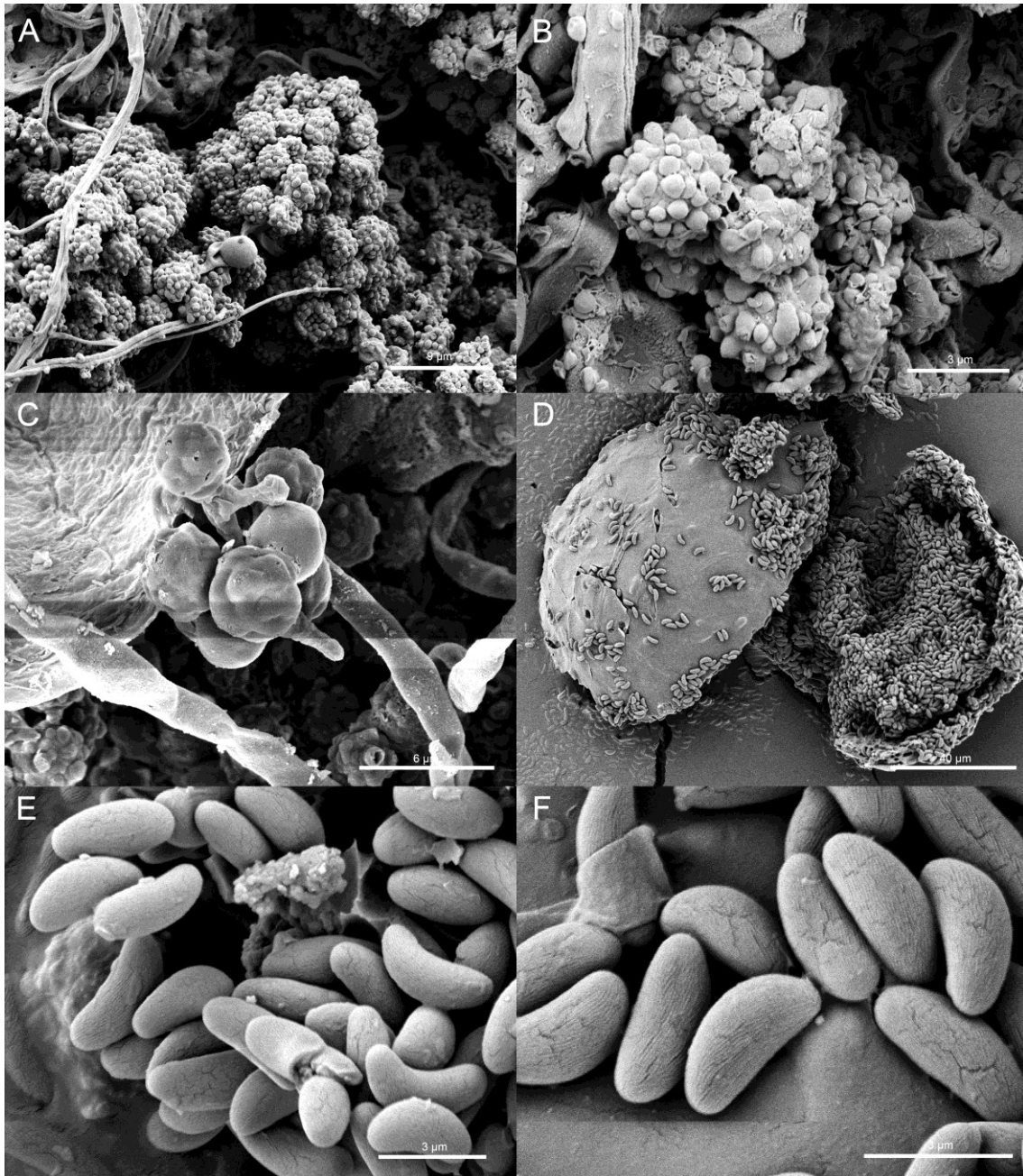


Abbildung 42: REM-Aufnahmen mikromorphologischer Strukturen von cf. *Rhexothecium* sp. (JW058p2). A: Gruppen von Blastokonidien. B: Konidien mit grob-warziger Ornamentierung. C: Konidiogene Zelle mit lateraler, blastischer Konidiogenese und Konidien in unterschiedlichen Entwicklungsstadien. D: Kleistothecium mit Ascosporen. E, F: Ascosporen mit fein riefiger Ornamentierung. A: Maßstab = 9 µm. B, E, F: Maßstab = 3 µm. C: Maßstab = 6 µm. D: Maßstab = 40 µm.

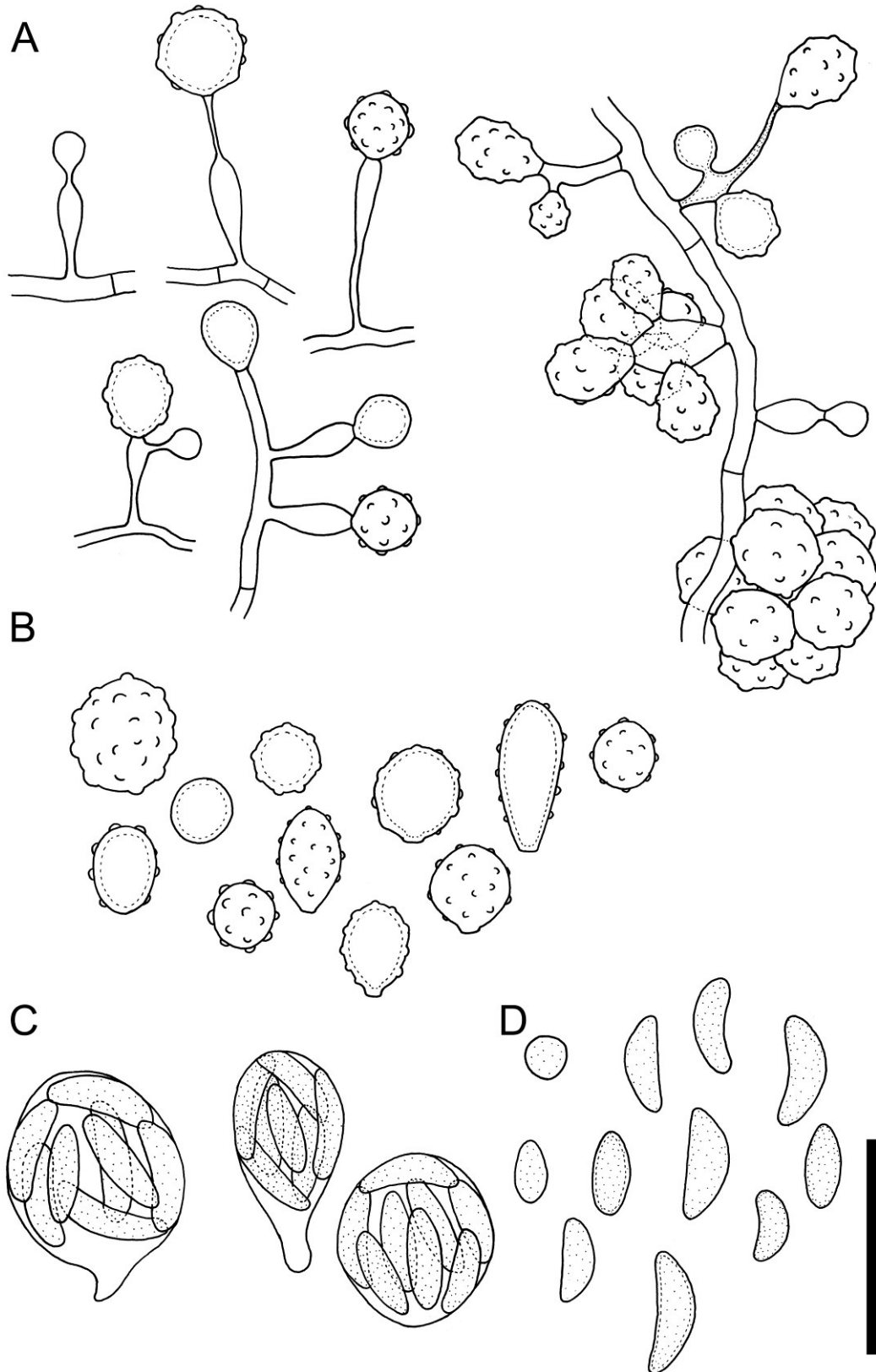


Abbildung 43: cf. *Rhexothecium* sp. (JW058p2). A: Konidiogene Zellen in unterschiedlichen Entwicklungsstadien. B: freie Konidien. C: Asci mit Ascosporen. D: freie Ascosporen. Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ .

### 3.4.2 Eurotiomycetes O. E. Erikss. & Winka

Supraordinal taxa of Ascomycota. Myconet 1 (1997): 1-16.

Insgesamt wurden 73 Stämme kultiviert, die innerhalb der Eurotiomycetes drei verschiedenen Ordnungen, vier Familien, sechs Gattungen und 15 Arten zugeordnet wurden (Tab. 10). Die entsprechenden Isolate werden in alphabetischer Reihenfolge der Ordnungen aufgeführt.

#### **Chaetothyriales** M.E. Barr

New taxa and combinations in the Loculoascomycetes. Mycotaxon 29 (1987): 501-505.

Es wurden insgesamt drei Stämme aus zwei verschiedenen Proben isoliert, die innerhalb der Chaetothyriales den Familien Herpotrichiellaceae Munk und Trichomeriaceae Chomnunti & K.D. Hyde und den Gattungen *Fonsecaea* Negronei und *Knufia* Hutchison & Unter. zugeordnet wurden (Tab. 10).

#### ***Fonsecaea*** Negronei

Revista Inst. Bacteriol. „Dr. Carlos G. Malbrán“ 7 (1936): 424.

Typus: *Fonsecaea pedrosoi* (Brumpt) Negronei

Teleomorph: unbekannt.

Synonym

***Botrytoides*** M. Moore & F.P. Almeida, Ann. Mo. Bot. Gdn. 23 (1936): 546.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Eurotiomycetes

Unterklasse: Chaetothyriomycetidae

Ordnung: Chaetothyriales

Familie: Herpotrichiellaceae

(Systematik und Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Fonsecaea* wurde von Negronei (1936) basierend auf der neu kombinierten Art *Fonsecaea pedrosoi* aufgestellt und beinhaltet aktuell drei akzeptierte Arten (Seifert

et al. 2011) und sieben (Mycobank: Stand 2014) bzw. 13 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen (Seifert et al. 2011).

### **Koloniemorphologie**

Moderat wachsende, samtige bis wattige oder filzig-wollige Kolonien mit einer oliv-schwarzen bis schwarzbraunen oder schwarzgrauen Färbung (de Hoog et al. 2014).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Fonsecaea* sind durch einfache, unverzweigte, hell bis dunkel olivfarbene pigmentierte Konidiophore und apikal an deutlichen Narben oder Dentikeln, einzeln oder in kurzen, verzweigten Ketten gebildete, einzellige, glatte und häufig schwächer pigmentierte Konidien charakterisiert. Bei einigen Arten kann zusätzlich ein *Phialophora*-artiger Synanamorph vorhanden sein (de Hoog et al. 2014; Seifert et al. 2011).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-2: Arten der Gattung *Fonsecaea* sind als Verursacher von Chromoblastomykosen und anderen Infektionen in überwiegend immunsupprimierten oder anderweitig prädisponierten Personen dokumentiert worden. Saprotrophe Organismen auf verschiedenen verrottenden pflanzlichen Materialien mit einem Hauptverbreitungsgebiet in tropischen und subtropischen Regionen (de Hoog et al. 2014; Seifert et al. 2011).

### **Isolate**

Insgesamt konnten zwei Stämme aus einer Probe isoliert werden, die basierend auf morphologischen Merkmalen der Gattung *Fonsecaea* zugeordnet wurden (Tab. 9). Die Isolate wurden anhand morphologischer Merkmale unter Verwendung der Angaben in de Hoog et al. (2000; 2014) und nrDNA Sequenzdaten als *Fonsecaea pedrosoi* klassifiziert (Tab. 10).



***Fonsecaea pedrosoi*** (Brumpt) Negroni

**Abb. 44-46**

Estudio micológico del primer caso Argentino de cromomicosis *Fonsecaea* (N.G.) *pedrosoi* (Brumpt, 1921). Rev. Inst. Bact. 7 (1936): 419.

Teleomorph-Stadium: unbekannt. Fuentes & Wolf publizierten 1956 eine Art der Gattung *Microascus* Zukal, *M. pedrosoi* Fuentes & Wolf als teleomorphes Stadium von *Hormodendron pedrosoi*, allerdings revidierten sie in einer späteren Veröffentlichung diese Beobachtung mit dem Vermerk, das entsprechende Isolat sei eine Kontamination mit *Microascus cinereus* Curzi (Fuentes und Wolf 1956b, 1956a).

Basionym

***Hormodendrum pedrosoi*** Brumpt, Précis de Parasitologie, 3<sup>rd</sup> ed., Paris, France (1922): 1105.

Synonyme

***Acrotheca pedrosoi*** (Brumpt) Fonseca & Leão, Compt. Rend. Soc. Biol., Paris (1923): 762.

***Carrionia pedrosoi*** (Brumpt) Bric.-Irag., Revista Clín. Louis Razetti (1942): 108.

***Gomphinarina pedrosoi*** (Brumpt) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 850.

***Hormodendroides pedrosoi*** (Brumpt) M. Moore & F.P. Almeida, Annals of the Missouri Botanical Garden 23 (1936): 547.

***Hormodendrum pedrosoi*** Brumpt, Précis de parasitology (1922): 1105.

***Phialophora pedrosoi*** (Brumpt) Redaelli & Cif., Trattato di Micopatologia Umana (1941): 592.

***Rhinocladiella pedrosoi*** (Brumpt) Schol-Schwarz, Antonie van Leeuwenhoek 34 (1968): 135.

***Trichosporum pedrosianum*** (Brumpt) M. Ota, Jap. J. Dermatol. Urol. (1927): 916.

***Trichosporum pedrosoi*** (Brumpt) Brumpt, Précis de parasitology (1927): 1333.

***Fonsecaea compactum*** (Carrion) Carrion (1940), Porto Rico J. Publ. Health Trop. Med. (1940): 359.

***Fonsecaea pedrosoi* var. *communis*** Carrion, Porto Rico J. Publ. Health Trop. Med. (1940): 360.

***Hormodendrum algeriense*** Montpell., Annl. Dermatol. Syph. (1927): 634.

***Hormodendrum compactum*** Carrion, Porto Rico J. Publ. Health Trop. Med. (1935): 543.

***Hormodendrum rossicum*** Jacz. & Merlin, Mater. Mikol. Fitopat. Ross. (1929): 100.

***Phialoconidiophora guggenheimia*** M. Moore & F.P. Almeida, Annals of the Missouri Botanical Garden 23 (1936): 547.

***Rhinocladiella compacta*** Carrion ex de Hoog, Studies in Mycology 15 (1977): 98.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Eurotiomycetes

Unterklasse: Chaetothyriomycetidae

Ordnung: Chaetothyriales

Familie: Herpotrichiellaceae

Gattung: *Fonsecaea*

(Systematik und Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

## **Koloniemorphologie**

**Kimig:** anliegende, überwiegend emers, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien dunkel graubraun, samtig, mit zottig filzigem, erhabenem Koloniezentrum; ältere Kolonien schwarz braun, mit samtiger Oberfläche und erhabenem, filzig pudrigem Zentrum; Kolonierückseite schwarzbraun bis schwarz.

**SGA:** anliegende bis submerse, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien grauoliv, mit zottig filzigem, erhabenem Koloniezentrum und olivschwarzer, submerser Randzone; ältere Kolonien olivschwarzbraun, anliegend, mit submerser Randzone, samtig haariger Oberfläche und erhabenem, hell graubraunem, filzigem Zentrum; Kolonierückseite olivschwarz bis schwarzbraun.

**OA:** erhabene, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 35 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien hell graubraun mit filzig haariger Oberflächentextur; ältere Kolonien dunkler gefärbt mit grau-olivbrauner, submerser Randzone, zottig filziger Oberfläche und erhabenem Zentrum; Kolonierückseite schwarzoliv bis schwarz.

**MYP:** erhabene, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 35 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien graubraun mit filzig haariger Textur; ältere Kolonien dunkler gefärbt mit olivbraunschwarzer, submerser Randzone, zottig filziger Oberfläche und erhabenem Zentrum; Kolonierückseite schwarzoliv bis schwarz.

## **Mikromorphologie**

Hyphen hell olivfarben bis olivbraun, septiert, bis 3 µm breit, gelegentlich mit warziger Ornamentierung; konidiogene Zellen terminal und vereinzelt interkalar an unverzweigten bis schwach verzweigten Konidiophoren mit polyblastischer Konidiogenese; Konidiophore 2-3 (4) µm breit und 15-30 (40) µm lang; konidiogene Zellen zylindrisch bis oval, mit deutlichen Dentikeln, (5) 6-10 (12) × 2,5-3,5 µm; Konidien in kurzen Ketten, subhyalin bis hell olivbraun, rund bis tropfenförmig, glatt, mit basalem Stumpf, (2) 3-5 (6) × (1) 1,5-2,5 (3) µm; Phialiden mit ovaler bis rundlicher Basis und deutlicher, trichterförmiger Collarete (*Phialophora*-Synanamorph), dunkel olivbraun, (4,5) 5,5-8,0 ×

2,5-3,5 µm, überwiegend einzeln oder in kleinen, lokalen Gruppen in älteren Kulturen (> 3 Monate); hefe-artige Zellen gelegentlich vorhanden.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-2; *Fonsecaea pedrosoi* ist als einer der Haupterreger von chronischen Chromblastomykosen in feucht-tropischen Regionen, mit einem Hauptverbreitungsgebiet in Südamerika, beschrieben worden. Allerdings wurden auch Fälle aus gemäßigteren Breiten in Nordamerika und in China, Japan und Korea dokumentiert. Infektionen erfolgen häufig durch traumatische Implantation oder durch Besiedlung bereits bestehender Verletzungen. Das natürliche Habitat dieses Pilzes ist verrottendes Holz und Erde (Al-Doory und Parion 1974; Bonifaz et al. 2001; Calero 1946, 1948; Carrión 1950; de Hoog et al. 2014, 2000; de Hoog et al. 2004; Iwatsu et al. 1981; Kim et al. 2011a; Kondo et al. 2005; Najafzadeh et al. 2009; Surash et al. 2005; Xi et al. 2009).

### **Untersuchtes Material**

**JW049P:** Hautproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (Alter unbekannt), mit einer chronischen Hautmykose am Rücken. Das Material wurde am 08.01.2010 in der Provinz Chiriquí, Panama durch Meike Piepenbring gesammelt. Der Pilz wurde am 01.02.2010 aus Probenmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW049p1 und JW049p2 subkultiviert.

### **Molekulare Identifizierung (Barcoding)**

Der Vergleich der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW049p1 (ITS: 1116 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigt eine Übereinstimmung von 99-100 Prozent mit Sequenzen von Stämmen der Art *Fonsecaea pedrosoi* (Tab. 43-44).

**Tabelle 43: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW049p1 (GenBank).**

<b>Stamm</b>	<b>Deckung</b>	<b>Übereinstimmung</b>	<b>Gaps</b>	<b>GenBank Nummer</b>
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (7165)	72 %	100 % (804/804)	0	HM748580
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (R01)	61 %	100 % (688/688)	0	KC493373
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (R05)	61 %	100 % (680/680)	0	KC493374
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (CBS 253.49)	45 %	100 % (511/511)	0	AY366921

**Tabelle 44: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW049p1 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (7165)	72 %	100 % (804/804)	0	HM748580
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (R05)	62 %	100 % (680/680)	0	KC493374
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (CBS 129306)	87,5 %	99,7 % (974/977)	0	--
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (CBS 125480)	86,7 %	99,7 % (965/968)	0	--

## Diskussion

Die Bestimmung des Isolates JW049p1 als *Fonsecaea pedrosoi* basierten auf morphologischen und molekularen Daten (ITS nrDNA Sequenz). So entsprachen die untersuchten morphologischen Strukturen der Beschreibung von *F. pedrosoi* in der Literatur (de Hoog et al. 2000, 2014), wobei die gemessenen Größen der Konidien eine größere Varianz als die in der Literatur angegebenen Werte aufwiesen (de Hoog et al. 2000, 2014). Der Vergleich der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW049p1 zeigte eine Übereinstimmung von 99 - 100 Prozent mit Sequenzen verschiedener Stämme der Art *F. pedrosoi* (Tab. 43-44) und unterstützt so die morphologische Bestimmung des Isolates.

*F. pedrosoi* ist als Haupterreger von Chromoblastomykosen in Lateinamerika dokumentiert worden und wurde als alleiniger Pilz aus der Läsion isoliert. Histologische Untersuchungen von Probenmaterial enthielten dunkel gefärbte Hyphen und bestätigten so *F. pedrosoi* als den Verursacher der Läsion (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

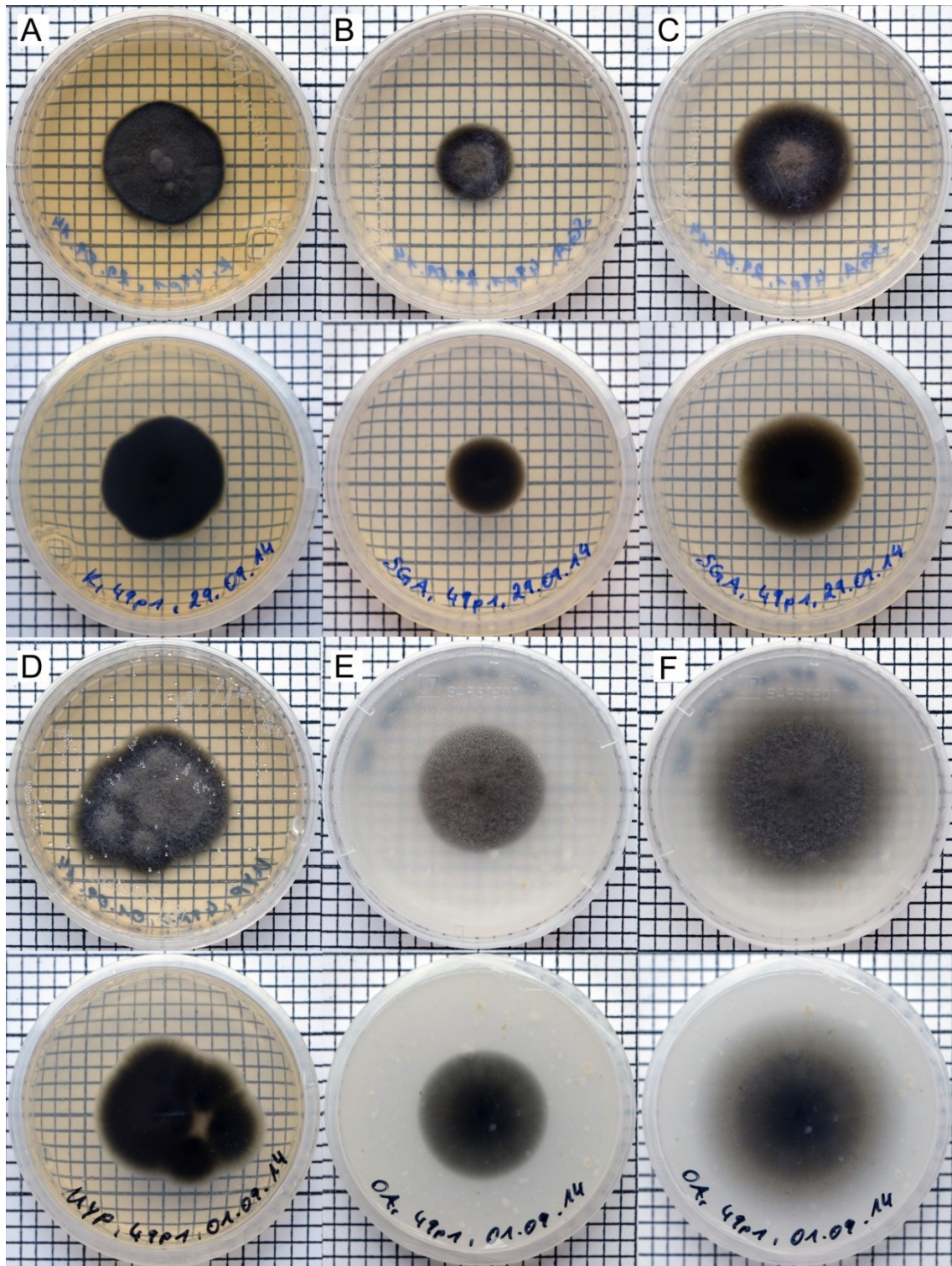
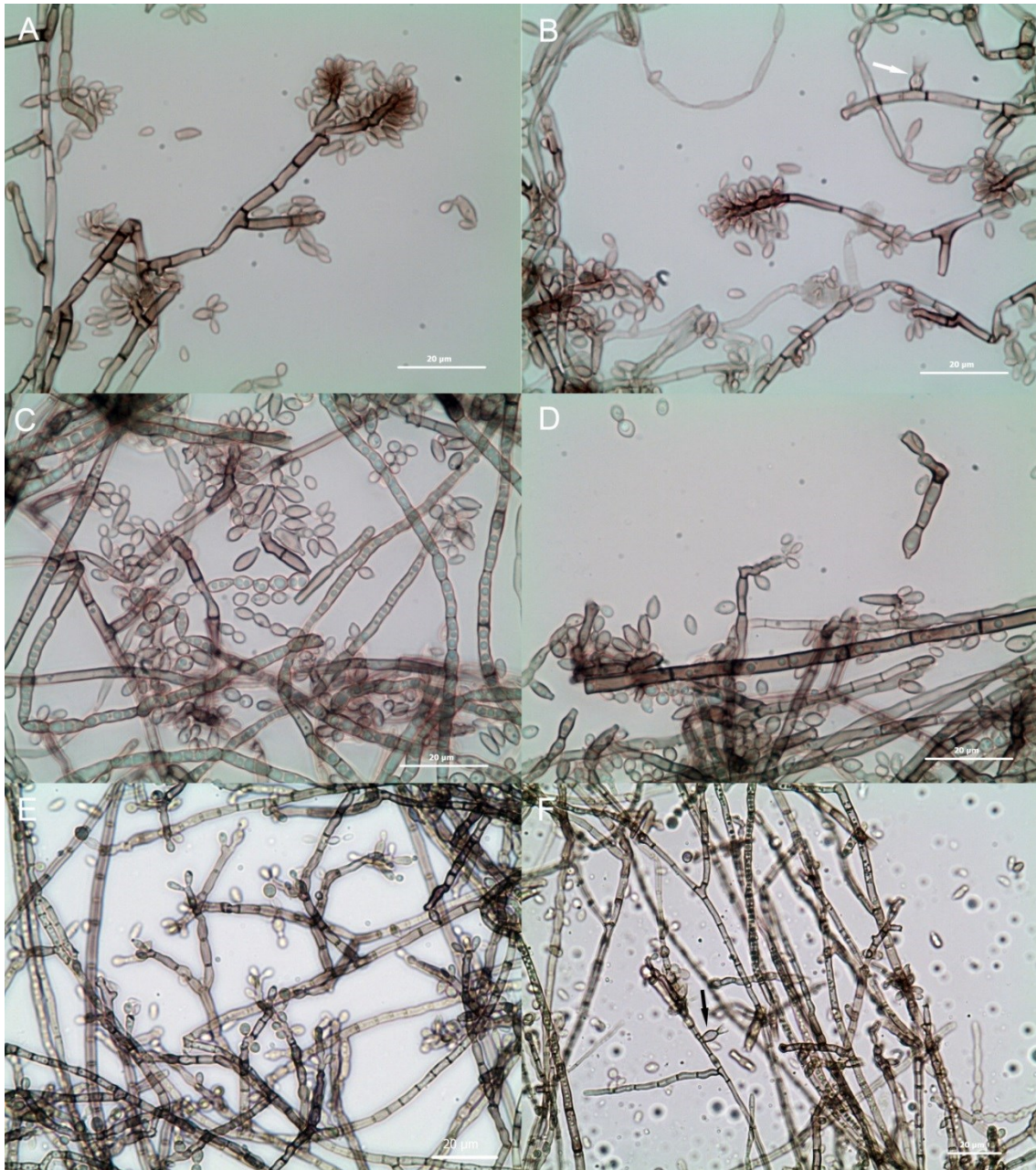


Abbildung 44: Kulturen von *Fonsecaea pedrosoi* (JW049p1) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d), B: SGA (7 d), C: SGA (14 d), D: MYP (14 d), E: OA (10 d), F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.



**Abbildung 45: Mikromorphologische Strukturen von *Fonsecaea pedrosoi* (JW049p1). A: Konidiophor mit Ramokonidien. B: Konidiophor und einzelne Phialide (Pfeil). C: Konidien in Ketten. D: Konidiogene Zelle mit deutlichen Dentikeln. E: Einfach verzweigte Konidiophore. F: Phialide (Pfeil). Maßstab = 20 µm.**

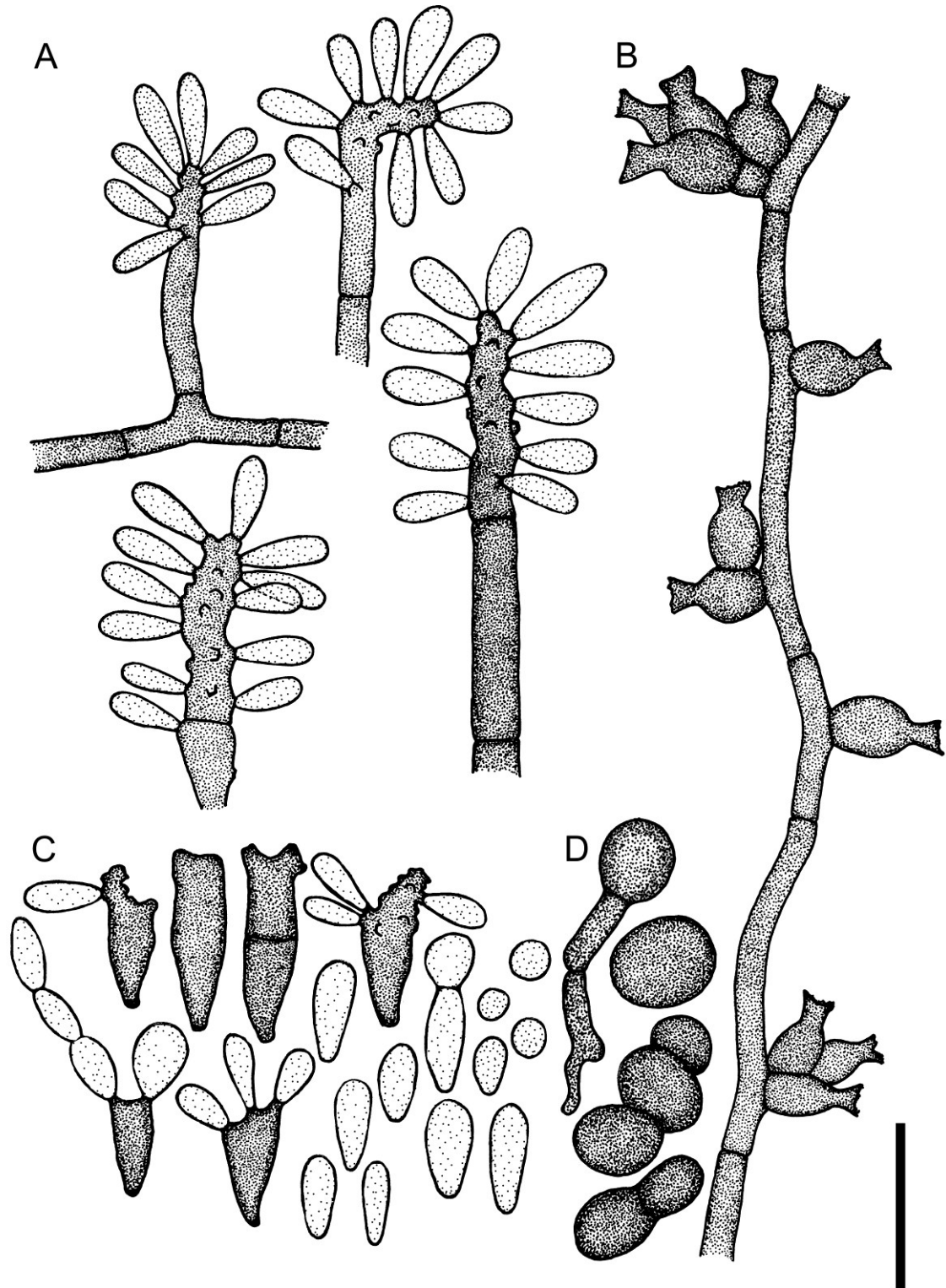


Abbildung 46: *Fonsecaea pedrosoi* (JW049p1). A: Konidiogene Zellen mit Konidien. B: Phialiden (*Phialophora*-Synanamorph). C: Konidien und Ramokonidien. D: Hefe-artige Zellen. Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ .

***Knufia*** Hutchison & Unter.

*Knufia cryptophialidica* gen. et sp. nov., a dematiaceous hyphomycete isolated from black galls of trembling aspen (*Populus tremuloides*). Mycologia 87 (1995): 902-908.

Typus: *Knufia cryptophialidica* L.J. Hutchison & Unter.

Teleomorph: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Eurotiomycetes

Unterklasse: Chaetothyriomycetidae

Ordnung: Chaetothyriales

Familie: Trichomeriaceae

(Systematik nach de Hubka et al. 2014, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Knufia* wurde von Hutchison und Untereiner (1995) als monotypische Gattung basierend auf der aus Gallen von Zitterpapeln isolierten Art *Knufia cryptophialidica* beschrieben (Hutchison et al. 1995). Phylogenetische Analysen der Gattung *Knufia* und weiterer assoziierter Gattungen bzw. Arten wurden von Gueidan et al. (2008), He et al. (2013), Réblová et al. (2013), Untereiner et al. (2011) und eine Revision der Gattung anhand molekularer und morphologischer Daten von Tsuneda et al. (2011) durchgeführt (Abbott 1927; Gueidan et al. 2008; He et al. 2013; Réblová et al. 2013; Tsuneda et al. 2011; Untereiner et al. 2011). Die Gattung *Knufia* beinhaltet aktuell acht akzeptierte Arten (Crous et al. 2013; He et al. 2013) und 12 (IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014) assoziierte Namen.

### **Mikromorphologie**

Bildung von samtigen bis filzigen, langsam und begrenzt wachsenden, grauen, schwarz-olivbraunen bis schwarzbraunen oder schwarzen Kolonien (de Hoog et al. 2014; He et al. 2013; Tsuneda et al. 2011).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Knufia* sind durch dunkel pigmentierte, braune bis braunschwarze, pseudomeristematische Zellgebilde, Endokonidien und thallische, Chlamydosporenartige Konidien, die durch den Zerfall von Hyphenzellen gebildet werden, charakterisiert (Tsuneda et al. 2011).



## Pathogenität und Ökologie

BSL-1 bis BSL-2; Arten der Gattung *Knufia* sind saprotrophe und extremophile Organismen mit einem breiten ökologischem Spektrum und wurden von den unterschiedlichsten Substraten, wie Felsoberflächen, Flechten, Holz verschiedener Baumarten, aus Schildläusen oder von Hautmykosen isoliert (Bogomolova und Minter 2003; de Hoog et al. 2014; Gueidan et al. 2008; Hallmann et al. 2011; He et al. 2013; Hutchison et al. 1995; Li und Chen 2010; Li et al. 2008; Onofri et al. 2013; Ruibal et al. 2008; Sterflinger et al. 1997).

## Isolate

Es wurde ein Stamm (JW080p1) isoliert, der morphologisch und molekular Ähnlichkeiten mit der Gattung *Knufia* aufweist (Tab. 9-10). Das Isolat wurde basierend auf morphologischen Merkmalen unter Verwendung der Angaben in der Literatur (Crous et al. 2013; He et al. 2013; de Hoog et al. 2014) und molekularen Daten (nrDNA Sequenzen) klassifiziert.

cf. *Knufia* sp. (JW080p1)

**Abb. 49-51**

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Eurotiomycetes

Unterklasse: Chaetothyriomycetidae

Ordnung: Chaetothyriales

Familie: Trichomeriaceae

Gattung: *Knufia*

(Systematik basierend auf eigenen molekularen und phylogenetischen Daten, nach Hubka et al. 2014, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

## Koloniemorphologie

**Kimigig:** erhabene, überwiegend emers, mehr oder weniger begrenzt und sehr langsam wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 5 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien dunkel grauolivbraun bis anthrazitfarben, samtig, Knopf-artig bis kissenförmig erhaben, mit einer flachen und anliegenden Randzone; Kolonien mit zunehmendem

Alter (> 3 Monate) schwarz pigmentiert, oft kahl, mit einer trockenen und brüchig-festen Konsistenz und gelegentlich mit einem eingesenktem Koloniezentrum; Kolonierückseite schwarzolivbraun.

**SGA:** erhabene, überwiegend emers, sehr langsam wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 5 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell grau-olivbraun bis anthrazit-farben, samtig, Knopf-artig erhaben und gelegentlich eingefaltet, mit einer olivschwarz gefärbten, anliegenden Randzone; ältere Kolonien meist dunkler gefärbt, dunkel schwarzbraun bis schwarz, samtig oder kahl, mit einer trockenen und brüchig-festen Konsistenz; Kolonierückseite schwarzolivbraun bis olivschwarz.

**OA:** erhabene, emers und submers, langsam wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 5-7 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien schwarzolivbraun bis schwarz, fest, mit hellgrauem, wollig filzigem Luftmyzel und einer anliegenden Randzone; ältere Kolonien mit verstärktem submersem Wachstum, anliegend und glatt, mit einem erhabenen und hellgrauem Luftmyzel bedecktem Zentrum und einer submersen Randzone; Kolonierückseite schwarz.

**MYP:** erhabene, überwiegend emers, sehr langsam wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von 2-5 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien hell graubraunoliv, samtig, Knopf-artig erhaben und mit einer anliegenden, glatten Randzone; ältere Kolonien schwarzbraun bis schwarz, kahl, fein samtig oder mit hell grauem, wollig filzigem Luftmyzel, deutlich erhaben und mit einer anliegenden Randzone; Kolonierückseite schwarzoliv bis schwarz.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hell braun bis dunkel braun, septiert, 2-6 µm breit, Übergang zu Ketten aus torulaten Zellen bis zu pseudomeristematischen Strukturen aus mehrfach transversal und longitudinal septierten, geschwollenen Zellen mit verdickten Wänden, Zellgröße variabel, (4) 5-20 (25) µm im Durchmesser.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-2 (unbekannt); Arten der Gattung *Knufia* wurden von unterschiedlichen Substraten, wie Felsoberflächen, Holz verschiedener Baumarten, aus Schildläusen, Flechten

oder von Hautläsionen isoliert und sind saprotrophe und extremophile Organismen mit einem breiten ökologischen Spektrum und einer weltweiten Verbreitung (Bogomolova und Minter 2003; de Hoog et al. 2014; Gueidan et al. 2008; Hallmann et al. 2011; He et al. 2013; Hutchison et al. 1995; Li et al. 2008; Li und Chen 2010; Onofri et al. 2013; Ruibal et al. 2008; Sterflinger et al. 1997).

### Untersuchtes Material

**JW080P:** Hautproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (35 Jahre) mit einer Mykose der Fußsohle und einer frontalen und distalen Läsionen des großen Zehennagels des rechten Fußes, gesammelt am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 30.03.2011 einmal aus Probenmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW080p1 subkultiviert.

### Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenz-Daten des Isolates JW080p1 (ITS: 686bp, LSU: 581 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigt die die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Brycekendrickomyces acaciae* Crous & M.J. Wingf., *Phaeococcomyces chersonesos* Bogom. & Minter, *Knufia petricola* (U. Wollenzien & de Hoog) Gorbushina & Gueidan, *Capronia peltigerae* (Fueckel) D. Hawksw., *Coniosporium epidermis* D.M. Li, de Hoog, Saunte & X.R. Chen, *Coniosporium perforans* Sterfl., *Glyphium elatum* (Grev.) H. Zogg, *Sarcinomyces petricola* U. Wollenzien & de Hoog und mit einer taxonomisch nicht bestimmten Art der Chaetothyriales (Tab. 45-48).

**Tabelle 45: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW080p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Phaeococcomyces chersonesos</i> (IMI 389175)	87 %	87 % (539/622)	28	AJ507323
<i>Knufia petricola</i> (B14)	87 %	86 % (536/620)	25	KM114551
<i>Knufia petricola</i> (A95)	84 %	87 % (522/602)	26	KF241847
<i>Knufia petricola</i> (CBS 600.93)	84%	87 % (519/599)	26	KJ651883

**Tabelle 46: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW080p1(GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Knufia perforans</i> (CBS 885.95)	100 %	97 % (564/584)	3	FJ358237
<i>Glyphium elatum</i> / <i>Knufia</i> sp. (CBS 268.34)	100 %	96 % (563/584)	3	AF346420
<i>Phaeococcomyces chersonesos</i> (IMI 389175)	100 %	96 % (561/583)	2	AJ507323
<i>Capronia peltigerae</i> (Paul Diederich 16353)	100 %	96 % (557/582)	1	KC139703

**Tabelle 47: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW080p1 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
OTU (RFLP63, unbeschriebene Art der Chaetothyriales)	85,4 %	83,9 % (500/598)	16	GU187884
<i>Coniosporium epidermis</i> (CBS 120353)	85,4 %	83,1 % (499/600)	21	--
<i>Phaeococcomyces</i> sp. (PLA4B)	87,2 %	81,9 % (498/608)	16	HM136659
<i>Brycekendrickomyces acaciae</i> (CBS 124104)	85,3 %	72,8 % (433/594)	14	FJ839641

**Tabelle 48: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW080p1 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Coniosporium perforans</i> (CBS 885.95)	99 %	96,6 % (562/582)	3	--
<i>Glyphium elatum</i> / <i>Knufia</i> sp. (CBS 268.34)	99 %	96,4 % (563/584)	3	AF346420
<i>Sarcinomyces petricola</i> (CBS 726.95)	100 %	96,2 % (561/583)	2	--
<i>Phaeococcomyces chersonesos</i> (IMI 389175)	100 %	96,2 % (561/583)	2	AJ507323

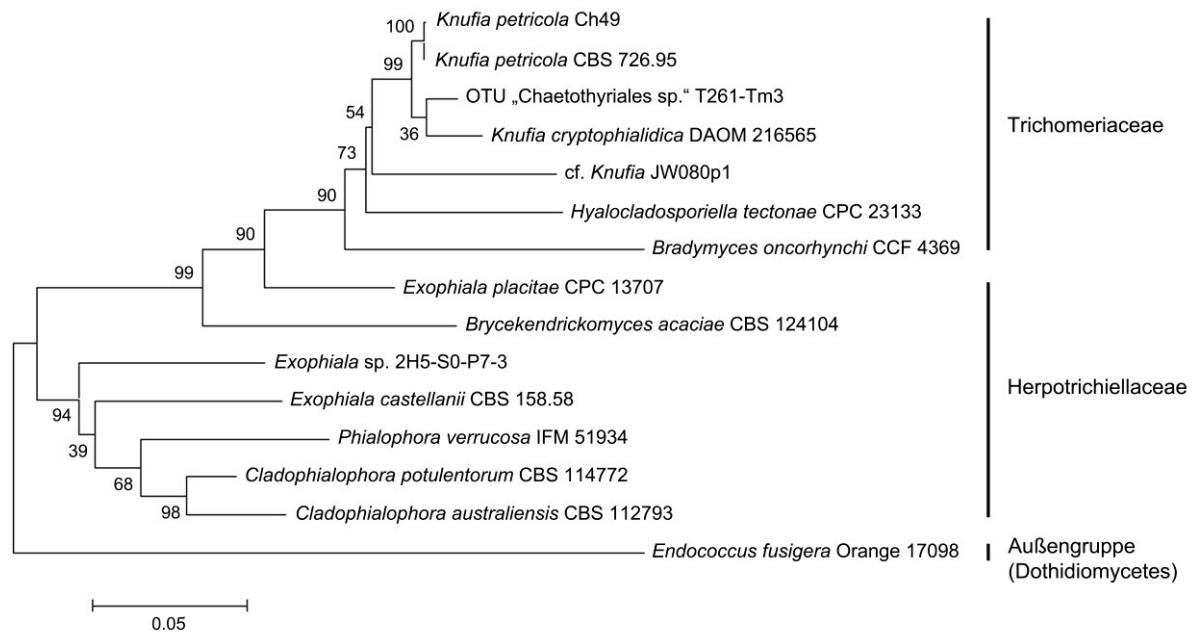
**Tabelle 49: Molekulare Distanzen basierend auf der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW080p1 und Arten der Gattungen *Bradomyces*, *Knufia* und *Trichomerium* (Trichomeriaceae). Die Analyse beruht auf einem finalen Datensatz von 426 informativen Positionen, alle Bereiche mit Lücken oder fehlenden Daten wurden entfernt. Die Anzahl von Basensubstitutionen pro Position wurde mit MEGA6 unter Verwendung des Kimura 2-Parameter Models ermittelt (Kimura 1980; Tamura et al. 2013).**

Molekulare Distanzen (Substitutionen pro Position)													
Art (Stamm)	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.	11.	12.	13.
1. JW080p1													
2. <i>Trichomerium deniqulatum</i> (MFLUCC10-0884)	0,23												
3. <i>Trichomerium foliicola</i> (MFLUCC10-0078)	0,26	0,04											
4. <i>Trichomerium gleosporum</i> (MFLUCC10-0087)	0,26	0,04	0,00										
5. <i>Knufia petricola</i> (IMI 389175)	0,14	0,13	0,17	0,17									
6. <i>Knufia petricola</i> (CBS 726.95)	0,13	0,13	0,17	0,17	0,00								
7. <i>Knufia peltigeræ</i> (UAMH 11090)	0,16	0,16	0,20	0,20	0,03	0,03							
8. <i>Knufia cryptophialidica</i> (DAOM 216555)	0,20	0,17	0,20	0,20	0,04	0,04	0,05						
9. <i>Knufia epidermidis</i> (CCFEE 5814)	0,18	0,17	0,22	0,22	0,05	0,04	0,07	0,08					
10. <i>Knufia perforans</i> (CBS 885.95)	0,12	0,15	0,19	0,19	0,02	0,02	0,04	0,06	0,05				
11. <i>Knufia endospora</i> (UAMH 10396)	0,20	0,18	0,22	0,22	0,04	0,04	0,05	0,00	0,08	0,06			
12. <i>Knufia aspidiotus</i> (BJ01A17)	0,20	0,16	0,20	0,20	0,06	0,06	0,06	0,07	0,11	0,07	0,07		

Molekulare Distanzen (Substitutionen pro Position)													
Art (Stamm)	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.	11.	12.	13.
13. <i>Bradomyces oncorhynchi</i> (CCF 4369)	0,32	0,25	0,29	0,29	0,18	0,18	0,18	0,20	0,23	0,18	0,19	0,17	
14. <i>Bradomyces alpinus</i> (CCFEE 5478)	0,34	0,25	0,30	0,30	0,18	0,18	0,17	0,19	0,24	0,19	0,21	0,18	0,03

### Phylogenetische Analysen

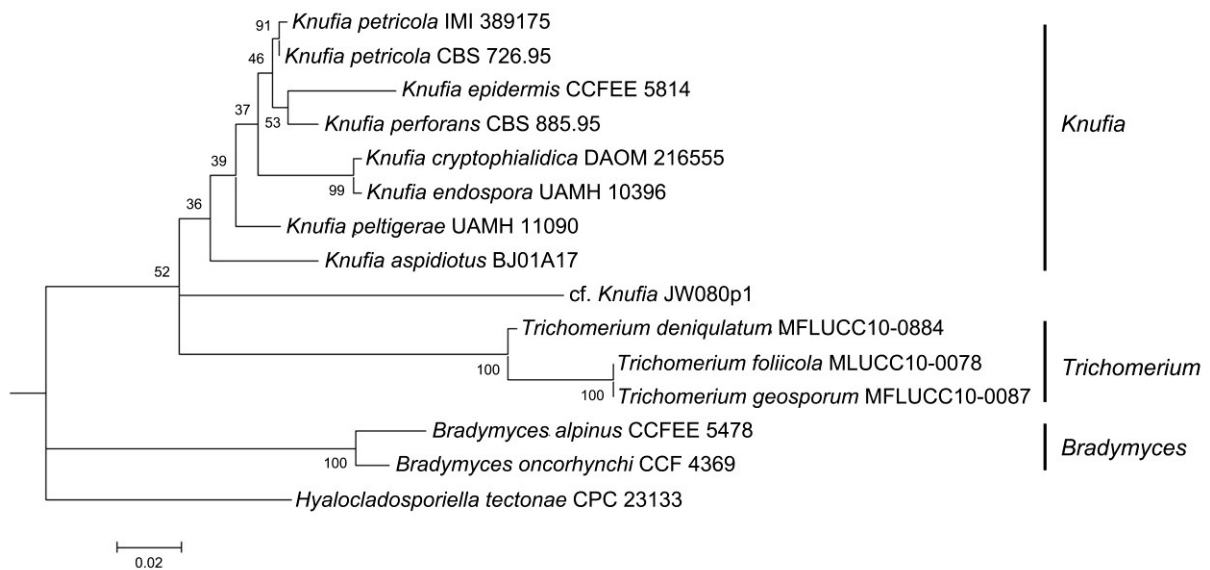
Zur Unterstützung der morphologischen Bestimmung des Isolates JW080p1 wurden phylogenetische Analysen basierend auf ITS nrDNA Sequenzen und kombinierten ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten von Arten der Gattungen *Knufia* und *Bradomyces* sowie weiterer genetisch assoziierter Arten der Trichomeriaceae und verschiedener Sequenzen von Stämmen der Herpotrichiellaceae unter Verwendung von *Endococcus fusigera* (Dothideomycetes) als Außengruppe (Tab. 280) durchgeführt. Die phylogenetische Analyse basierend auf kombinierten Sequenzdaten der ITS und LSU nrDNA resultierte in einem, in zwei den Familien Trichomeriaceae bzw. Herpotrichiellaceae entsprechenden Hauptgruppen untergliederten Stammbaum (Abb. 47). Die aus Sequenzen von Isolat-ten der Trichomeriaceae bestehende Gruppe wurde in eine die Sequenzen von Isolat-ten der Gattung *Knufia* enthaltende Untergruppe und drei weitere den Gattungen *Bradomyces*, *Hyalocladosporiella* und der Sequenz des Stammes JW080p1 entsprechende separaten Clades untergliedert. Die den Herpotrichiellaceae entsprechende Gruppe wurde aus einer weiteren Untergruppe und zwei separaten Clades gebildet (Abb. 47). Die Untergruppe beinhaltet die Sequenzen der im Rahmen der Analyse verwendeten Arten der Gattungen *Cladophialophora*, *Phialophora* und *Exophiala*. Die Sequenzen der Arten *C. australiensis*, *C. potulentorum* und *Phialophora verrucosa* wurden innerhalb dieser Gruppe in einem gemeinsamen Clade gruppiert, während die nrDNA Sequenzen der Art *E. castellanii* und des Isolates *Exophila* sp. 2H5-S0-P7-3 jeweils eigene genetische Linien bildeten (Abb. 47). Die nrDNA Sequenzabschnitte von Isolat-ten der Arten *Brycekendrickomyces acaciae* und *Exophiala placitae* wurden innerhalb des Stammbaums jeweils als eine eigene, separate Linie innerhalb der Herpotrichiellaceae dargestellt (Abb. 47).



**Abbildung 47: Phylogenetischer Stammbaum basierend auf kombinierten ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten, des Isolates JW080p1, ausgewählter Vertreter der Gattungen *Knufia* und *Bradymyces* sowie weiterer genetisch assoziierter Arten der Trichomeriaceae und verschiedener Sequenzen von Stämmen der Herpotrichiellaceae mit *Endococcus fusigera* (Dothideomycetes) als Außengruppe (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde unter Verwendung der Maximum Likelihood Methode, basierend auf dem Tamura 3-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Tamura 1992; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode, basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der Datensatz bestand aus 15 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 984 informativen Positionen. Für die Modellierung der evolutionären Raten zwischen unterschiedlichen Positionen wurde eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,6930) verwendet, wobei die Möglichkeit der Existenz evolutionär invariabler Basen-Positionen mit in die Berechnungen aufgenommen wurde (+I, 47,3795 %). Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-4663,8588) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurden an den entsprechenden Knoten angegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. (Tamura 1992; Tamura et al. 2013).**

Der in phylogenetischen Analysen basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten des Isolates JW080p1 und Stämmen von Arten der Gattungen *Bradymyces*, *Knufia* und *Trichomerium* unter Verwendung einer Sequenz der Art *Hyalocladosporiella tectonae* als Außengruppe (Tab. 280) generierte Stammbaum zeigt eine Gliederung in drei, den Gattungen *Bradymyces*, *Knufia* und *Trichomerium* entsprechenden Hauptgruppen (Abb. 48). Die aus den DNA Sequenzen der Isolate der Gattungen *Bradymyces* und *Trichomerium* be-

stehenden Gruppen zeigten eine gute Unterstützung, während die Gruppe der Sequenzen von Arten der Gattung *Knufia* eine polyphyletische Struktur und nur eine geringe Unterstützung zeigte. Die Sequenz des Stammes JW080p1 bildete innerhalb des Stammbaums eine separate mit den Gattungen *Knufia* und *Trichomerium* assoziierte Line (Abb. 48). Die in phylogenetischen Analysen basierend auf ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten generierten Stammbäume zeigten die genetische Verwandtschaft des Isolates JW080p1 mit der Gattung *Knufia* und die Zugehörigkeit des Stammes zu den Trichomeriaceae (Abb. 47, 48).



**Abbildung 48: Phylogenetischer Stammbaum basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten des Isolates JW080p1 und Stämmen verschiedener Arten der Gattungen *Bradymyces*, *Knufia*, *Hyalocladosporiella tectonae* und *Trichomerium* (Trichomeriaceae) (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde unter Verwendung der Maximum Likelihood Methode basierend auf dem Kimura 2-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Kimura 1980; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Minimum Evolution Methode (Rzhetsky und Nei 1992) basierend auf dem Kimura 2-Parameter Modell ermittelt, wobei die Berechnung der evolutionären Raten zwischen den einzelnen Positionen basierend auf einer Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,2734) erfolgte. Der verwendete Datensatz bestand aus 15 Nukleotid-Sequenzen, mit insgesamt 426 informativen Positionen. Eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,2348) wurde für die Modellierung evolutionärer Raten nicht übereinstimmender Positionen verwendet. Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-1692,8782) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume wurden an den entsprechenden Knoten mit angegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. (Kimura 1980; Tamura et al. 2013; Rzhetsky und Nei 1992).**



## Diskussion

Die Gruppierung des Isolates JW080p1 mit Arten der Gattung *Knufia* beruht auf dem Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzen mit Referenzsequenzen aus öffentlichen Datenbanken, morphologischen Merkmalen und phylogenetischen Analysen basierend auf der ITS nrDNA-Sequenz und kombinierten Sequenzdaten der ITS und LSU nrDNA (Abb. 47-48). So bildete das Isolat JW080p1 langsam wachsende Kolonien und dunkel pigmentierte Hyphen mit geschwollenen Hyphenzellen und pseudomeristematische Zellklumpen, wie sie typisch für die Gattung *Knufia* und andere Gattungen innerhalb der Formgruppe der schwarzen Hefen sind (de Hoog et al. 1999; Hubka et al. 2014; Hutchison et al. 1995; Sterflinger et al. 1999; Tsuneda et al. 2011). Auf Grund der geringen morphologischen Varianz dieser meristematischen Ascomyceten können die meisten assoziierten Gattungen und Arten nur durch die Analyse von DNA Sequenzdaten sicher taxonomisch charakterisiert werden (Sterflinger et al. 1999; Tsuneda et al. 2011), wobei die Sequenzen der LSU und ITS Region der ribosomalen DNA eine ausreichende Varianz besitzen, um eine taxonomische Klassifizierung bis auf Artebene zu ermöglichen (He et al. 2013; Selbmann et al. 2014).

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW080p1 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung der untersuchten DNA-Regionen mit Sequenzen der Arten *Brycekendrickomyces acaciae*, *Phaeococcomyces chersonesos*, *Knufia petricola*, *Capronia peltigerae*, *Coniosporium epidermis*, *Coniosporium perforans*, *Glyphium elatum*, *Sarcinomyces petricola* und mit einer taxonomisch nicht bestimmten Art der Chaetothyriales (Tab. 45-48). *P. chersonesos* und *S. petricola* wurden von Tsuneda et al. (2011) mit *Knufia petricola* synonymisiert und *Coniosporium epidermis*, *C. perforans* und *Capronia peltigerae* wurden basierend auf molekularen Daten in die Gattung *Knufia* aufgenommen (Réblová et al. 2013; Tsuneda et al. 2011). *Brycekendrickomyces acaciae* ist eine molekular verwandte Art innerhalb der Chaetothyriales und unterscheidet sich durch die Bildung differenzierter Konidiphore von dem Isolat JW080p1, der Gattung *Knufia* und weiteren assoziierten Gattungen (Crous et al. 2009a). Das als *Glyphium elatum* klassifizierte Isolat CBS 268.34 stellt sehr wahrscheinlich einen falsch identifizierten Stamm dar und wurde von Gueidan et al. (2008) und Tsuneda et al. (2011) als *Coniosporium* sp. klassifiziert. Die Übereinstimmung der Sequenzen des Isolates JW080p1 von 83 bis 87 Prozent (ITS nrDNA) bzw. 96 bis 97 Prozent (LSU nrDNA) mit den in den Datenbanken vorhandenen Sequenzen der Arten der Gattung *Knufia* und die Analyse der ITS nrDNA Region ausge-

wählter Arten der Trichomeriaceae mit MEGA 6 (Tab. 49) zeigte die molekulare Verwandtschaft des Isolates JW080p1 mit der Gattung *Knufia* und der Familie Trichomeriaceae, ermöglichte aber auf Grund der großen Unterschiede der DNA Sequenzen keine eindeutige taxonomische Klassifizierung des Isolates.

In phylogenetischen Analysen basierend auf kombinierten Sequenzdaten der ITS und LSU nrDNA verschiedener Gattungen der Herpotrichiellaceae und Trichomeriaceae, wurden die Sequenzen des Isolates JW080p1 und der Typus-Art der mit *Knufia* morphologisch und molekular nah verwandten Gattung *Bradomyces* Hubka, Réblová, Selbmann & M. Kolařík, *Bradomyces oncorhynchi* Hubka, Řehulka, Réblová & M. Kolařík, innerhalb der Trichomeriaceae jeweils als ein separates Schwesterclade zur Gattung *Knufia* dargestellt (Abb. 47). In Analysen der entsprechenden Gruppe basierend auf ITS nrDNA Sequenzen von Isolaten verschiedener Arten der Gattungen *Knufia*, *Trichomerium* und *Bradomyces*, wurde aus der nrDNA Sequenz des Isolates JW080p1 ebenfalls ein eigenes, mit den Arten der Gattung *Knufia* assoziiertes, allerdings schlecht unterstütztes Clade gebildet (Abb. 48). Der große Unterschied der untersuchten DNA-Regionen des Isolates JW080p1 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken und die basale Position des Stammes JW080p1 in phylogenetischen Analysen legen nahe, dass es sich bei dem Isolat um eine mit der Gattung *Knufia* assoziierte, bisher nicht beschriebene Gattung innerhalb der Trichomeriaceae handelt. Für eine abschließende taxonomische Bewertung des Stammes JW080p1 müsste ein Vergleich morphologischer Strukturen und eine Analyse verschiedener Genregionen der Arten der Gattungen *Knufia*, *Bradomyces* und weiterer assoziierter Gattungen durchgeführt werden. Da das im Rahmen der vorliegenden Arbeit nicht möglich war wurde das Isolat vorläufig als cf. *Knufia* sp. bezeichnet.

Aus dem gesammeltem Probenmaterial der Läsion JW080P konnten neben cf. *Knufia* sp. (JW080p1) drei weitere Pilzstämme verschiedener Hyphomyceten (JW080p2, JW080p4, JW080p5) und ein Stamm der Gattung *Aspergillus* (JW080p3) isoliert werden. Allerdings konnte auf Grund einer Kontamination dieser Stämme mit einer Art der Gattung *Fusarium* keine erfolgreich Subkultivierung und taxonomische Klassifizierung der entsprechenden Isolate durchgeführt werden. Für eine abschließende Beurteilung der Mykose und des pathogenen Potenzials des Stammes JW080p1 wäre eine weitere Probennahmen von der entsprechenden Läsionen und weitere Versuche nötig (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

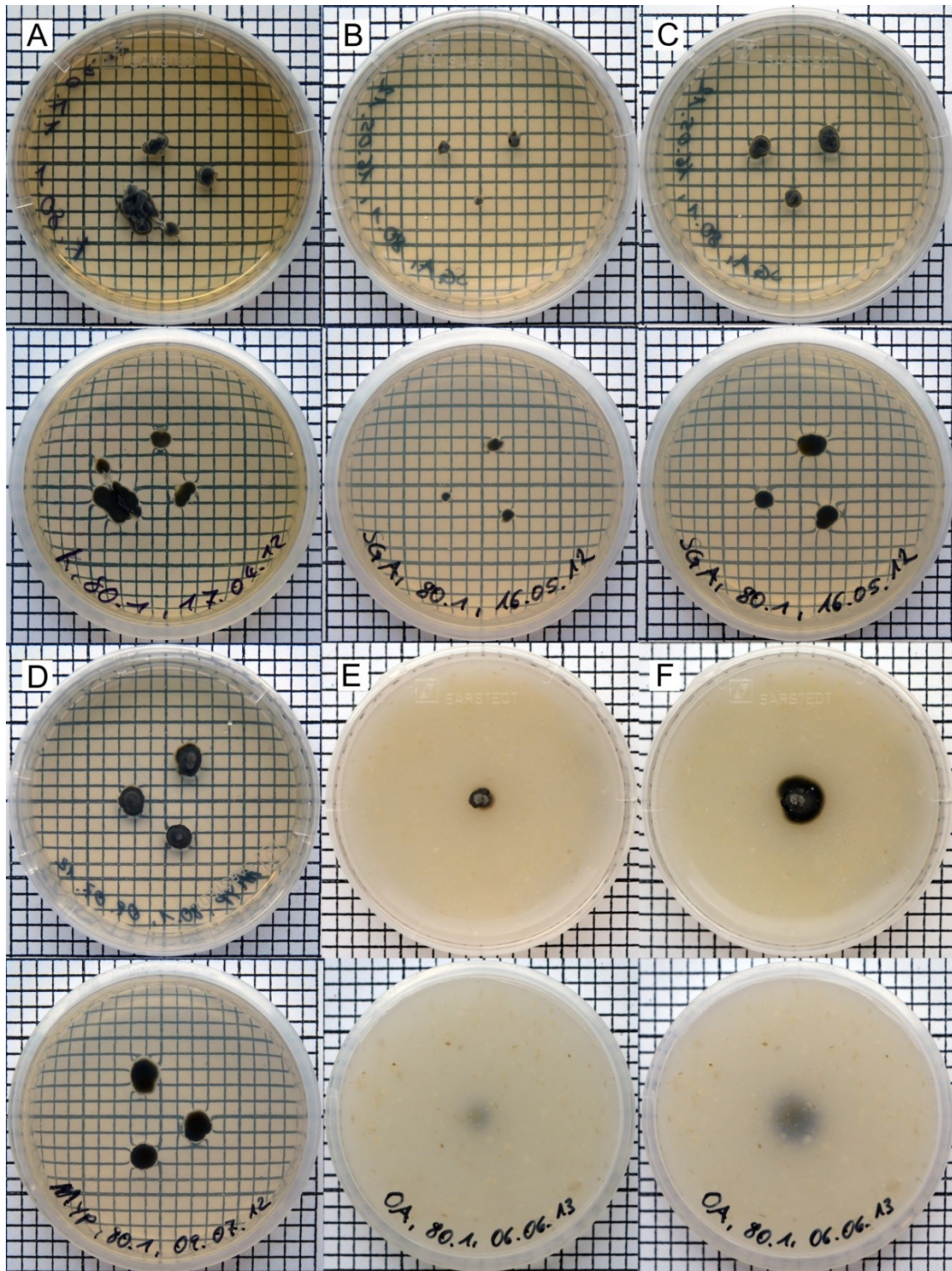


Abbildung 49: Kulturen von cf. *Knufia* sp. (JW080p1) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

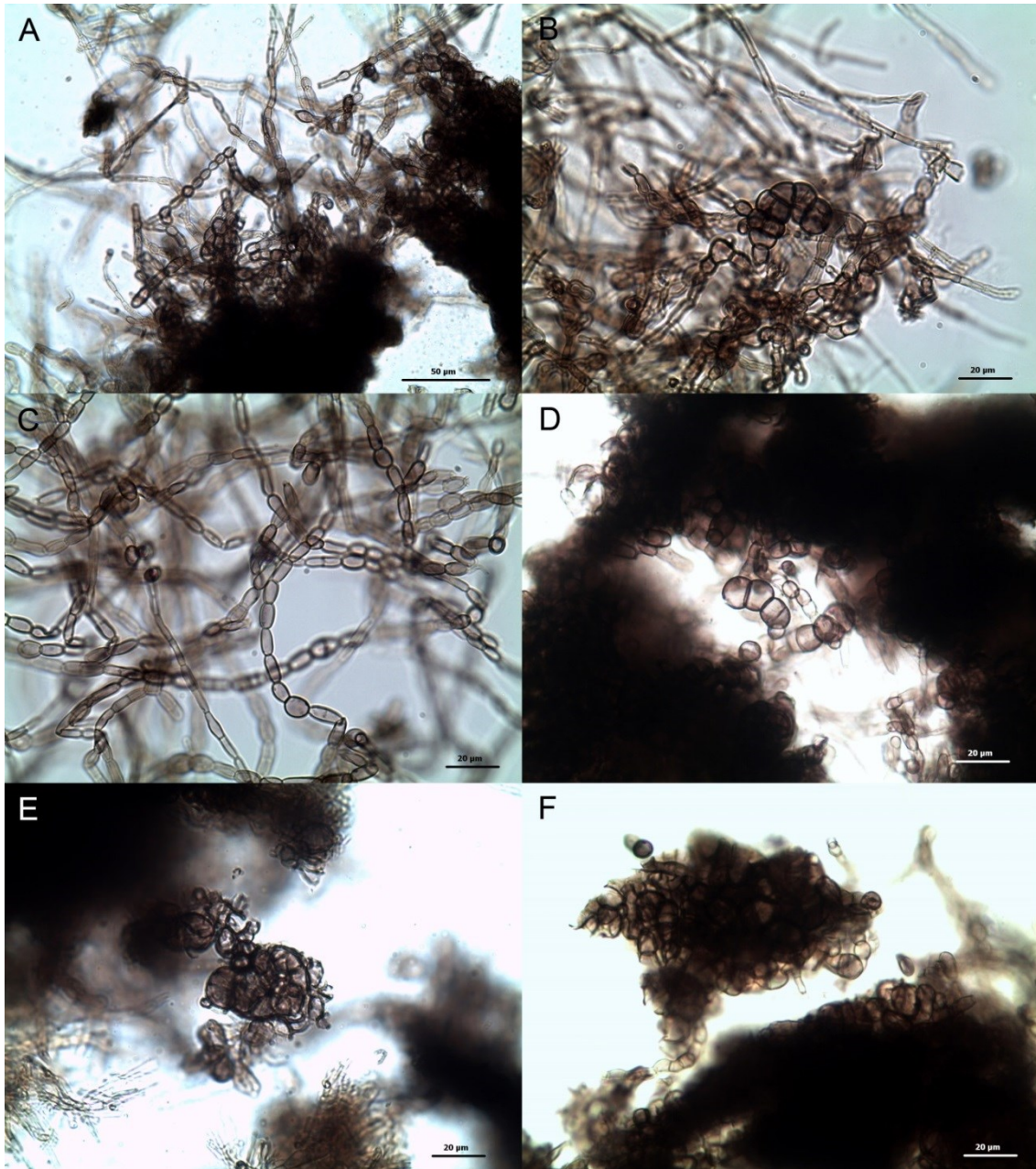


Abbildung 50: Mikromorphologische Strukturen von cf. *Knufia* sp. (JW080p1). A-C: Hyphenzellen in unterschiedlichen Stadien. B: Geschwollene Zellen mit longitudinalen und transversalen Septen. C: Torulate Hyphen. D-F: Elemente pseudomeristematischer Zellgebilde. D: Einzelne, geschwollene Hyphenzellen. E, F: Deutlich pseudomeristematische Hyphengebilde. A: Maßstab = 50 µm. B, C, E: Maßstab = 20 µm. D, F: Maßstab = 30 µm.

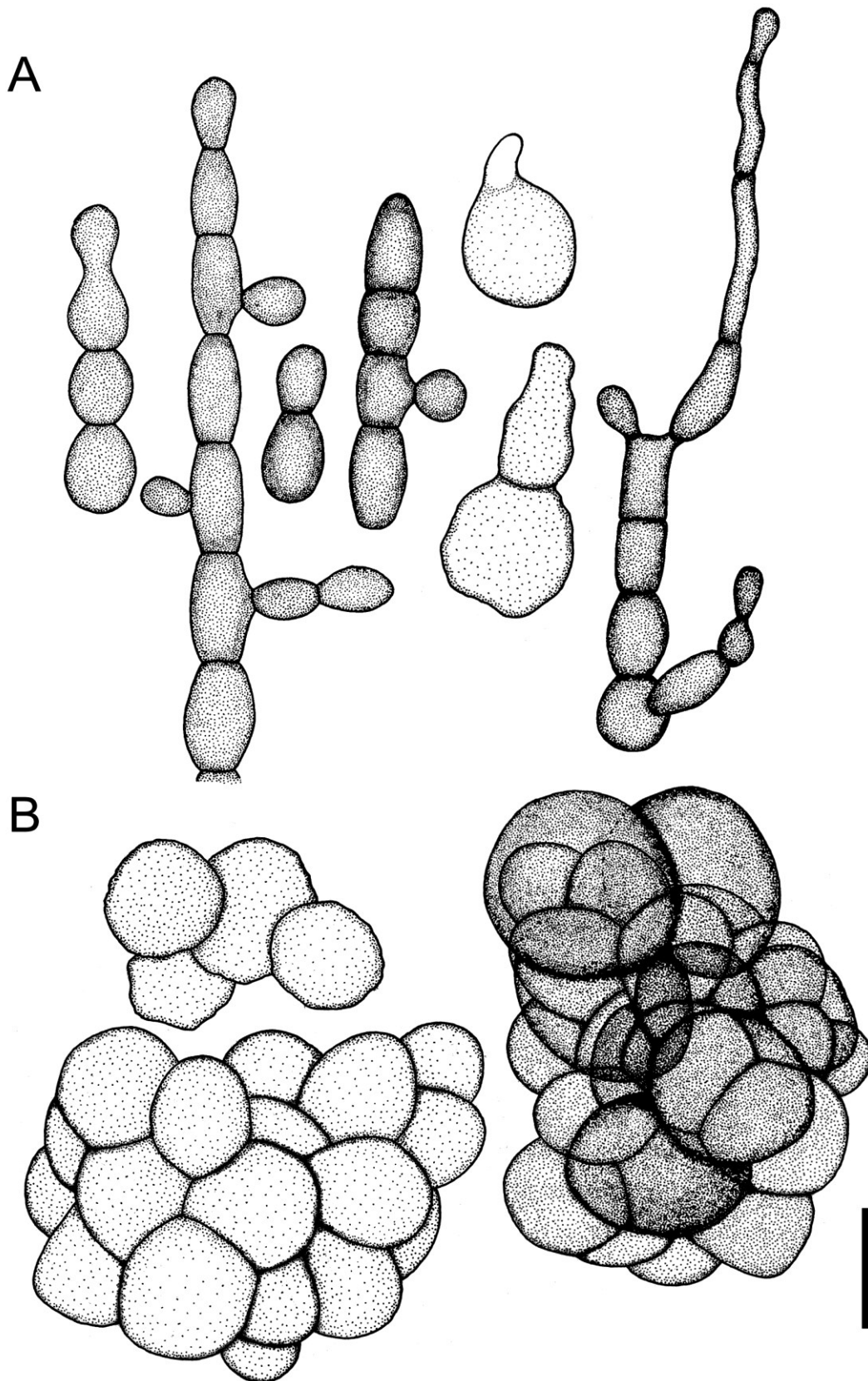


Abbildung 51: cf. *Knufia* sp. (JW080p1). A: Torulate Hyphen und einzelne Hyphenelemente. B: Pseudo-meristematische Zellstrukturen. Maßstab = 10  $\mu$ m.

## **Eurotiales** G.W. Martin ex Benny & Kimbr.

A synopsis of the orders and families of Plectomycetes with keys to genera. Mycotaxon. 12 (1980): 1-91.

Es wurden insgesamt 15 Stämme aus 13 verschiedenen Proben isoliert, die innerhalb der Eurotiales der Familie Aspergillaceae Link und den Gattungen *Aspergillus* P. Micheli ex Haller ex Fr. und *Penicillium* Link zugeordnet wurden (Tab. 10).

## **Aspergillus** P. Micheli ex Haller ex Fr.

Historia stirpium indigenarum Helvetiae inchoata (1768): 1-250.

Fr., Syst. Mycol. 3 (1832): 383.

Typus: *Aspergillus glaucus* (L.) Link

Teleomorph-Stadium: Insgesamt sind neun verschiedene teleomorphe Gattungen mit einem zugehörigen *Aspergillus*-Stadium innerhalb der Aspergillaceae beschrieben worden: *Eurotium* Link: Fr., *Chaetosartorya* Subram., *Emericella* Berk., *Fennellia* B.J. Wiley & E.G. Simmons, *Neosartorya* Malloch & Cain, *Petromyces* Malloch & Cain, *Scleroceleista* Subram. *Stilbothamnium* Henn., *Neopetromyces* Frisvad & Samson und *Neocarpenteles* Udagawa & Uchiy (Samson et al. 2014). Für detaillierte Angaben siehe Malloch und Cain (1972; 1973), Samson et al. (2014), Seifert et al. (2011) und Subramaniam (1972). Allerdings wurde von der „Internationalen Kommission für *Penicillium* und *Aspergillus*“ (ICPA) im Jahr 2014 beschlossen die Gattung *Aspergillus*, anstatt in kleinere Gattungen aufzuspalten, zu konservieren und somit alle assoziierten teleomorphen Stadien als Synonyme der Gattung *Aspergillus* zu betrachten (Samson et al. 2014).

Synonyme

*Acmosporium* Corda, Icones fungorum hucusque cognitorum 3 (1839): 11.

*Alliospora* Pim, J. Bot., London 21 (1883): 234.

*Aspergillus* P. Micheli, Nova Plantarum Genera (1729): 212, T. 92.

*Basidiella* Cooke, Grevillea 6 (1878): 118.

*Briarea* Corda, Deutschlands Flora, Abt. III. Die Pilze Deutschlands 2-6 (1831): 11.

*Chaetosartorya* Subram., Curr. Sci. 41 (1972): 761.

*Cladaspergillus* Ritgen, Schr. Marb. Ges. 2 (1831): 89.

*Dichotomomyces* Saito ex D.B. Scott, Trans. Brit. Mycol. Soc. 55 (1970): 313.

*Emericella* Berk., Introduction to Cryptogamic Botany (1857): 340.

*Euaspergillus* F. Ludw., Lehrbuch der Niederen Kryptogamen (1892): 258.

*Eurotium* Link, Magazin der Gesellschaft Naturforschenden Freunde Berlin 3 (1809): 31.

*Fennellia* B.J. Wiley & E.G. Simmons, Mycologia 65 (1973): 936.

*Gutturomyces* Rivolta, Dei Parassiti Vegetali (1873): 579.  
*Neocarpenteles* Udagawa & Uchiy., Mycoscience 43 (2002): 4.  
*Neoptromyces* Frisvad & Samson, Stud. Mycol. 45 (2000): 204.  
*Neosartorya* Malloch & Cain, Can. J. Bot. 50 (1973): 2620.  
*Petromyces* Malloch & Cain, Can. J. Bot. 50 (1973): 2623.  
*Phialosimplex* Sigler, Deanna A. Sutton, Gibas, Summerb. & Iwen, Med. Mycol. 48 (2010): 338.  
*Polypaecilum* G. Sm., Trans. Brit. Mycol. Soc. 44 (1961): 437.  
*Raperia* Subram. & Rajendran, Kavaka 3 (1976): 133.  
*Rhodocephalus* Corda, Icones fungorum hucusque cognitorum 1 (1837): 21.  
*Rhopalocystis* Grove, J. Econ. Biol. 6 (1911): 40.  
*Sceptromyces* Corda, Deutschlands Flora, Abt. III. Die Pilze Deutschlands 3-11 (1831): 7.  
*Stilbothamnium* Henn., Botanische Jahrbücher für Systematik Pflanzengeschichte und Pflanzengeographie 23 (1897): 542.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Eurotiomycetes

Unterklasse: Eurotiomycetidae

Ordnung: Eurotiales

Familie: Aspergillaceae (Trichocomaceae)

(Synonyme und Systematik nach Samson et al. 2014, Domsch et al. 2007, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Der Name *Aspergillus* wurde von Micheli (1729) eingeführt, die Gattung durch Haller (1768) validiert und von Fries (1832) sanktioniert, wobei die taxonomische Klassifizierung der Gattung auf der Typusart *Aspergillus glaucus* basiert (Samson et al. 2014; Seifert et al. 2011). Die Gattung *Aspergillus* beinhaltet aktuell etwa 250 akzeptierte Arten (Samson et al. 2014; Seifert et al. 2011) und 771 (MycoBank; Stand 2014) bzw. 941 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen und wurde basierend auf morphologischen und molekularen Daten in verschiedene Sektionen und Artgruppen unterteilt (Houbraken et al. 2014; Hubka et al. 2015; Peterson 2008; Raper und Fennell 1965).

### **Koloniemorphologie**

Bildung von primär wattigen, wolligen bis wachsig-festen, in der Regel rasch wachsenden, weißen, cremefarbenen oder hellbraunen bis hellgrauen Kolonien. Mit einsetzender Sporenbildung, erfolgt der Übergang zu einer pudrigen Kolonietextur und weißer, schwarzer, gelblicher, grauer oder grünlicher Koloniefarbe (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Samson et al. 2014; Seifert et al. 2011).

## **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Aspergillus* sind durch aufrechte, unverzweigte, häufig apikal geschwollene (Vesikel) Konidiophore ohne basales Septum charakterisiert, wobei der nicht vom Konidiophor durch Septen abgetrennte Teil der Tragehypho als Fußzelle bezeichnet wird. Bei Konidiophoren einiger Arten können die entsprechenden Merkmale reduziert sein, so dass keine Fußzelle oder Vesikel gebildet werden, oder die Konidiophore aus einzelnen konidiogenen Zellen, mit einem oder mehreren konidiogenen Loci bestehen. Konidiogene Zellen (Phialiden) werden simultan, entweder direkt auf dem Vesikel (uniseriat) oder an zusätzlichen Zellen (Metulae) (biseriat) gebildet. Die Bildung von Konidien erfolgt in trockenen Ketten, die sich zu Säulen zusammenlagern (columnar) oder in einzelnen Ketten verbleiben (radiär). Die Konidien sind einzellig, glatt oder ornamentiert, hyalin bis subhyalin oder pigmentiert. Zusätzlich können Sklerotien oder Zellen mit extrem verdickten Zellwänden (Hülle-Zellen) und Ascomata (Kleistothecien) gebildet werden. Kleistothecien haben variable Strukturen, häufig werden ihre Wände nur aus einer einzelnen Schicht eines dichten Hyphennetzwerks gebildet. Die Asci sind kugelförmig und enthalten meist acht Ascosporen. Ascosporen häufig lentikular, hyalin oder pigmentiert, mit variabler Größe und Ornamentierung (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Samson et al. 2014; Seifert et al. 2011).

## **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1 und BSL-2; Arten der Gattung *Aspergillus* sind als opportunistische Erreger überwiegend pulmonaler Mykosen, oder anderweitig mit dem Atemtrakt assoziierter Infektionen, wie z.B. Sinusitis, und als Verursacher kutaner und subkutaner Mykosen, ebenso wie von Onychomykosen dokumentiert worden (Antachopoulos et al. 2007; Crassard et al. 2008; de Hoog et al. 2000, 2014; Pini et al. 2008). Verschiedene Arten der Gattung finden Verwendung in der Biotechnologie zur Herstellung unterschiedlichster Substanzen, wie organische Säuren, Enzyme und Antibiotika oder zur fermentativen Herstellung verschiedener Lebensmittel. Arten der Gattung *Aspergillus* sind ubiquitäre, saprotrophe Organismen mit einer weltweiten Verbreitung und einer erhöhten Diversität in klimatisch wärmeren Gebieten und wurden von den unterschiedlichsten organischen Substraten, aus Erde, Dung und Luft isoliert (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Samson et al. 2014; Seifert et al. 2011).



## Isolate

Insgesamt wurden 13 Stämme isoliert, die neun verschiedenen Arten innerhalb der Gattung *Aspergillus* zugeordnet wurden (Tab. 9). Die Isolate wurden anhand morphologischer Merkmale unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in de Hoog et al. (2014) und Domsch et al. (2007), sowie nrDNA Sequenzdaten als *Aspergillus awamori* (JW045p1), *Aspergillus clavatus* (JW066p2, JW066p4, JW069p1), *Aspergillus flavus* (JW036p1, JW058p1, JW058p4, JW061p1), *Aspergillus heteromorphus* (JW061p9), *Aspergillus niger* (JW058p5), *Aspergillus ochraceus* (JW042p4) *Aspergillus sclerotiorum* (JW081p7) und *Aspergillus versicolor* (JW063p2, JW074p6) klassifiziert (Tab. 10).

*Aspergillus awamori* Nakaz.

**Abb. 52**

Rep. Govt Res. Inst. Dep. Agric., Formosa (1907): 1.

Synonyme

*Aspergillus awamori* var. *fuscus* Nakaz., Simo & A. Watan., Bull. Agric. Chem. Soc. Japan (1936): 959.

*Aspergillus awamori* var. *minimus* Nakaz., Simo & A. Watan., Bull. Agric. Chem. Soc. Japan (1936): 955.

*Aspergillus awamori* var. *piceus* Nakaz., Simo & A. Watan., Bull. Agric. Chem. Soc. Japan (1936): 956.

*Aspergillus longobasidia* Bainier, La Cellule 43 (1934): 227.

*Aspergillus miyakoensis* Nakaz., Simo & A. Watan., Bull. Agric. Chem. Soc. Japan (1936): 963.

*Aspergillus niger* var. *awamori* (Nakaz.) Al-Musallam, Revision of the black *Aspergillus* species (1980): 60.

*Aspergillus pseudocitricus* Mosseray, La Cellule 43 (1934): 228-229.

*Aspergillus pseudoniger* Mosseray, La Cellule 43 (1934): 203-285.

*Aspergillus usamii* Sakag., Iizuka & M. Yamaz. ex Iizuka & K. Sugiy., J. Agric. Chem. Soc. Japan (1960): 232.

(Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Für eine detaillierte morphologische Beschreibung siehe de Hoog et al. (2014).

## Untersuchtes Material

**JW045P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (47 Jahre) mit einer Nagelmykose des Daumens der rechten Hand und des großen und kleinen Zehennagels des rechten Fußes. Die Probe wurde am 16.09.2009 in David, Provinz Chiriquí,

Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 09.11.2009 aus Nagelmaterial des großen Zehennagels auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW045p1 subkultiviert.

*Aspergillus clavatus* Desm.

**Abb. 52**

Annales des Sciences Naturelles Botanique 2 (1834): 71.

Synonyme

*Aspergillus clavatus* var. *clavatus* Desm., Annls Sci. Nat., Bot. 2 (1834): 71.

*Aspergillus clavatus* var. *major* Torrend, Bull. Jard. bot. État Brux.(1914): 4.

(Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Für eine detaillierte morphologische Beschreibung siehe de Hoog et al. (2014) und Domsch et al. (2007).

### **Untersuchtes Material**

**JW066P:** Hautmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (79 Jahre) mit disseminierten Chromomykosen am Spann und unteren Schienbein beider Füße und Beine; gesammelt am 25.01.2011 in San Felix, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 28.02.2011 zweimal von Probenmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW066p2 und JW066p4 subkultiviert.

**JW069P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (58 Jahre) mit einer Nagelmykose des Daumens der rechten Hand. Die Probe wurde am 26.01.2011 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 31.03.2011 aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW069p1 subkultiviert.

*Aspergillus flavus* Link

**Abb. 52**

Observationes in ordines plantarum naturales. Dissertatio I. Mag. Gesell. naturf. Freunde, Berlin 3 (1809): 3-42.

Synonyme

*Aspergillus effusus* Tirab., Ann. Bot., Roma 7: 16 (1908)

*Aspergillus effusus* var. *effusus* Tirab., Ann. Bot., Roma 7 (1908): 16.

*Aspergillus fasciculatus* Bat. & H. Maia [als „*fasciculatum*“], Mycopath. Mycol. Appl. 8 (1957): 116.

*Aspergillus flavus* f. *fulvus* (T. Yamam.) Nehira, J. Ferment. Technol., Osaka 35 (1957): 56.

*Aspergillus flavus* f. *globosus* (Sakag. & K. Yamada) Nehira, J. Ferment. Technol., Osaka 35 (1957): 56.

*Aspergillus flavus* f. *magnasporus* (Sakag. & K. Yamada) Nehira, J. Ferment. Technol., Osaka 35 (1957): 56.

*Aspergillus flavus* f. *maydis* Cif., Boll. Soc. Bot. Ital. 7 (1921): 72.

*Aspergillus flavus* f. *microsporus* (Sakag. & K. Yamada) Nehira, J. Ferment. Technol., Osaka 35 (1957): 56.

*Aspergillus flavus* var. *asper* Y. Sasaki, J. Fac. Agric., Hokkaido Imp. Univ., Sapporo 49 (1950): 143.

*Aspergillus flavus* var. *columnaris* Raper & Fennell, Seed Sci. Technol. 16 (1988): 647.

*Aspergillus flavus* var. *flavus* Link, Mag. Gesell. naturf. Freunde, Berlin 3 (1809): 14.

*Aspergillus flavus* var. *microviridicitrinus* (Costantin & Lucet) Nehira [als „*micro-viridocitrinus*“], J. Ferment. Technol., Osaka 35 (1957): 56.

*Aspergillus flavus* var. *oryzae* (Ahlb.) Kurtzman, M.J. Smiley, Robnett & Wicklow, Mycologia 78 (1986): 957.

*Aspergillus flavus* var. *parvisclerotigenus* Mich. Saito & Tsuruta, Proc. Japanese Association of Mycotoxicology 37 (1993): 32.

*Aspergillus flavus* var. *proliferans* Anguli, Rajam, Thirum., Rangiah & Ramamurthi, Indian J. Microbiol. 5 (1965): 94.

*Aspergillus flavus* var. *rufus* Blochwitz

*Aspergillus flavus* var. *wehmeri* (Costantin & Lucet) Blochwitz

*Aspergillus humus* E.V. Abbott, Iowa St. Coll. J. Sci. 1 (1926): 22.

*Aspergillus luteus* (Tiegh.) C.W. Dodge, Med. Mycol. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 625.

*Aspergillus microviridicitrinus* Costantin & Lucet, Anns Sci. Nat., Bot. 2 (1905): 158.

*Aspergillus oryzae* (Ahlb.) Cohn, Jber. schles. Ges. vaterl. Kultur 61 (1884): 226.

*Aspergillus oryzae* f. *roseus* Murak., Mikroskop. Feinde Waldes 143 (1971): 4.

*Aspergillus oryzae* f. *rugosus* Murak., Mikroskop. Feinde Waldes 143 (1971): 3.

*Aspergillus oryzae* var. *basidiferus* Costantin & Lucet, Anns Sci. Nat., Bot. 2 (1905): 24-26, Tab. 5.

*Aspergillus oryzae* var. *brunneus* Murak., J. Gen. Appl. Microbiol., Tokyo 17 (1971): 304.

*Aspergillus oryzae* var. *effusus* (Tirab.) Y. Ohara, Research Bulletin of the Faculty of Agriculture, Gifu University 1 (1951): 81.

*Aspergillus oryzae* var. *fulvus* T. Yamam., Research Bulletin of the Faculty of Agriculture, Gifu University 35 (1957): 56.

*Aspergillus oryzae* var. *globosus* Sakag. & K. Yamada, J. Agric. Chem. Soc. Japan 20 (1944): 72.

*Aspergillus oryzae* var. *magnasporus* Sakag. & K. Yamada, J. Agric. Chem. Soc. Japan 20 (1944): 72.

*Aspergillus oryzae* var. *microsporus* Sakag. & K. Yamada, J. Agric. Chem. Soc. Japan 20 (1944): 73.

*Aspergillus oryzae* var. *microvesiculosus* Y. Ohara, J. Agric. Chem. Soc. Japan 26 (1952): 550.

*Aspergillus oryzae* var. *oryzae* (Ahlb.) Cohn, Jber. schles. Ges. vaterl. Kultur 61 (1884): 226.

*Aspergillus oryzae* var. *pseudoflavus* (Saito) Y. Ohara, Research Bulletin of the Faculty of Agriculture, Gifu University 2 (1953): 84.

*Aspergillus oryzae* var. *sporoflavus* Y. Ohara, Research Bulletin of the Faculty of Agriculture, Gifu University 2 (1953): 79.

*Aspergillus oryzae* var. *tenuis* Y. Ohara, J. Agric. Chem. Soc. Japan 26 (1952): 550.

*Aspergillus oryzae* var. *variabilis* (Gasperini) Y. Ohara, Research Bulletin of the Faculty of Agriculture, Gifu University 2: 84 (1953).

*Aspergillus oryzae* var. *viridis* Murak. [als „viride“], J. Gen. Appl. Microbiol., Tokyo 17: 303 (1971)

*Aspergillus oryzae* var. *wehmeri* (Costantin & Lucet) Y. Ohara, Research Bulletin of the Faculty of Agriculture, Gifu University 2 (1953): 80.

*Aspergillus parvisclerotigenus* (Mich. Saito & Tsuruta) Frisvad & Samson, in Frisvad, Skouboe & Samson, Syst. Appl. Microbiol. 28 (2005): 451.

*Aspergillus pseudoflavus* Saito, Centbl. Bakt. ParasitKde, Abt. II, 18 (1907): 34.

*Aspergillus variabilis* Gasperini

*Aspergillus wehmeri* Costantin & Lucet

*Eurotium oryzae* Ahlb., Dingler's Polytechn. J. 230 (1878): 330.

*Monilia flava* (Link) Pers., Mycol. eur. (Erlanga) 1 (1822): 30.

*Petromyces flavus* B.W. Horn, I. Carbone & G.G. Moore, Mycologia 101 (2009): 424.

*Sterigmatocystis lutea* Tiegh., Bull. Soc. bot. Fr. 24 (1877): 103.

*Sterigmatocystis pseudoflava* (Saito) Sacc., Syll. fung. (Abellini) 22 (1913): 1260.

*Sterigmatocystis variabilis* (Gasperini) Sacc., Syll. fung. (Abellini) 10 (1892): 525.  
(Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Für eine detaillierte morphologische Beschreibung siehe de Hoog et al. (2014) und Domsch et al. (2007).

### **Untersuchtes Material**

**JW036P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (89 Jahre) mit einer Mykose der Haut und des großen Zehennagels des rechten Fußes. Die Probe wurde am 06.09.2009 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 09.11.2009 aus Hautproben auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW036p1 subkultiviert.

**JW058P:** Hautproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (39 Jahre) mit einer Hautmykose der Fußsohle des linken Fußes. Das Material wurde am 20.01.2011 in La Villa de Los Santos, Provinz Los Santos, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am 31.03.2011 aus Hautmaterial auf Nährmedien mit und ohne Cycloheximid isoliert und als JW058p1 und JW058p4 subkultiviert.

**JW061P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (35 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Nagelmykose des großen Ze-

hennagels. Die Probe wurde am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 31.03.2011 aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW061p1 subkultiviert.

*Aspergillus giganteus* Wehmer

**Abb. 52**

Die Pilzgattung *Aspergillus*. Mem. Soc. Phys. Hist. nat. Genève (1901): 85.

Für eine detaillierte morphologische Beschreibung siehe Raper und Fennell (1965).

### **Untersuchtes Material**

**JW059P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (65 Jahre) mit einer Mykose der Haut und des großen Zehennagels des rechten Fußes. Die Probe wurde am 20.01.2011 in La Villa de Los Santos, Provinz Los Santos, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 31.03.2011 aus Nagelproben auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW059p1 subkultiviert.

*Aspergillus heteromorphus* Bat. & H. Maia

**Abb. 52**

Alguns *Aspergillus* contaminantes de culturas. Anais Soc. Biol. Pernambuco. 15 (1957): 181-237.

Für eine detaillierte morphologische Beschreibung siehe Raper und Fennell (1965).

### **Untersuchtes Material**

**JW061P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (35 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Nagelmykose des großen Zehennagels. Die Probe wurde am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 31.03.2011 aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW061p9 subkultiviert.

*Aspergillus niger* Tiegh.

**Abb. 52**

Description d'une nouvelle espèce d'*Aspergillus*: *A. niger*. Annals. Sci. Nat., Bot. 8 (1867): 240-244.

Synonyme

*Sterigmatocystis nigra* (Tiegh.) Tiegh., Bull. Soc. Bot. Fr. 24 (1877): 102.

*Aspergillopsis nigra* (Tiegh.) Speg., Anales Mus. Nac. Hist. Nat. Buenos Aires 20 (1910): 435.

*Rhopalocystis nigra* (Tiegh.) Grove, J. Econ. Biol. 6 (1911): 41.

*Aspergillus pyri* W.H. English

*Aspergillus fuliginosus* Peck, Bull. Buffalo Soc. Nat. Sci. 1 (1873): 69.

*Aspergillus cinnamomeus* E. Schieman, Publ. Z. indukt. Abstamm. u. VererbLehre (1912).

*Aspergillus fuscus* E. Schieman, Publ. Z. indukt. Abstamm. u. VererbLehre (1912).

*Aspergillus niger* var. *altipes* E. Schieman, Mutationen bei *Aspergillus niger* v. Tieghem. Diss. (1912).

*Aspergillus schiemanii* Thom (1916) in Thom & Currie, J. Agric. Res. 7 (1916): 11.

(Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Für eine detaillierte morphologische Beschreibung siehe de Hoog et al. (2014) und Domsch et al. (2007).

### Untersuchtes Material

**JW058P:** Hautproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (39 Jahre) mit einer Hautmykose der linken Fußsohle. Das Material wurde am 20.01.2011 in La Villa de Los Santos, Provinz Los Santos, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am 31.03.2011 aus Hautmaterial auf Nährmedien ohne Cycloheximid isoliert und als JW058p5 subkultiviert.

*Aspergillus ochraceus* K. Wilh.

Beiträge zur Kenntnis der Pilzgattung *Aspergillus* (1877):1-70.

Synonyme

*Aspergillus alutaceus* Berk. & M.A. Curtis, Grevillea 3 (1875): 108.

*Aspergillus ochraceus* var. *microsporus* Tirab., Annali Bot. 7 (1908): 14.

*Sterigmatocystis japonica* Aoki et al., J. Seric. Sci. Japan (1951): 273-382.

*Sterigmatocystis ochracea* (G. Wilh.) Tiegh. (1877).

(Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Für eine detaillierte morphologische Beschreibung siehe de Hoog et al. (2014) und Domsch et al. (2007).

### Untersuchtes Material

**JW042P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (41 Jahre) mit einer Mykose der Haut und des großen Zehennagels des rechten Fußes; gesammelt am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Das Isolat wurde am 09.11.2009 aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW042p4 subkultiviert.

*Aspergillus sclerotiorum* G.A. Huber

**Abb. 52**

*Aspergillus sclerotiorum*, n. sp., and its relation to decay of apples. *Phytopathology* 23 (1933): 306-308.

Für eine detaillierte morphologische Beschreibung siehe de Hoog et al. (2014), Domsch et al. (2007), Raper und Fennell (1965).

### Untersuchtes Material

**JW081P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (62 Jahre) mit einer Mykose des großen Zehennagels des rechten Fußes; gesammelt am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 20.03.2011 aus Probenmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW081p7 subkultiviert.

*Aspergillus* cf. *versicolor* (Vuill.) Tirab.

**Abb. 52**

*Annali Bot. Roma* 7 (1908): 9.

Basionym:

*Sterigmatocystis versicolor* Vuill., *Erreur Dét. Asp. Paras. Homme* (1903): 15.

Synonyme:

*Aspergillus amoenus* M. Roberg, *Hedwigia* 70 (1931): 138.

*Aspergillus lateralis* (Harkn.) Peek & Solheim, *Mycologia* 50(6): 855 (1959)

*Aspergillus lateralis* (Harkn.) Peek, *University of Wyoming Publ. Sci., Bot.* 19 (1955): 92.

*Aspergillus versicolor* var. *fulvus* Nakaz. et al., *J. Agric. Chem. Soc. Japan* 88 (1932): 7.

*Aspergillus versicolor* var. *magnus* Y. Sasaki, *J. Fac. Agric., Hokkaido Imp. Univ., Sapporo* 49 (1950): 142.

*Aspergillus versicolor* var. *rutilobrunneus* J.N. Rai, S.C. Agarwal & J.P. Tewari, *J. Indian Bot. Soc.* 50 (1971): 68.

*Aspergillus versicolor* var. *versicolor* (Vuill.) Tirab., Ann. Bot., Roma 7: 9 (1908).

*Sterigmatocystis versicolor* Vuill., Erreur Dét. Asp. Paras. Homme (1903): 15.

*Theclospora lateralis* Harkn., Bull. Calif. Acad. Sci. 1(1885): 163.

(Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Für eine detaillierte morphologische Beschreibung siehe de Hoog et al. (2014), Domsch et al. (2007), Raper und Fennell (1965).

### **Untersuchtes Material**

**JW063P:** Hautmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (77 Jahre) mit einer Mykose der Haut und des kleinen Zehennagels des linken Fußes; gesammelt am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama. Der Stamm wurde am 31.03.2011 einmal aus Hautproben auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW063p2 subkultiviert.

**JW074P:** Haut- und Nagelproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (40 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Onychomykose des rechten, großen Zehennagels; gesammelt am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 31.03.2011 aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW074p6 subkultiviert.

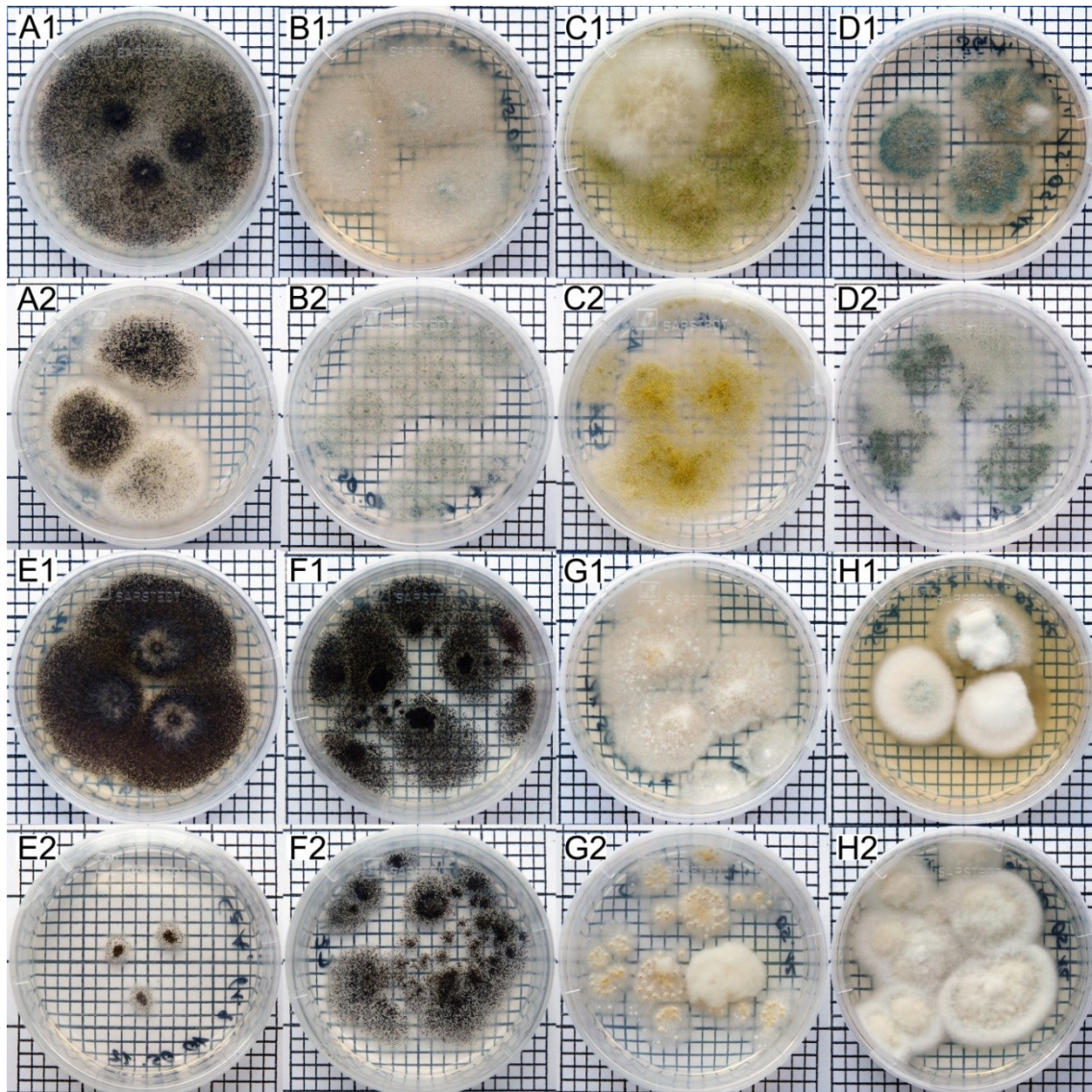
### **Diskussion**

Die Klassifizierung der Isolate als *Aspergillus awamori* (JW045p1), *Aspergillus clavatus* (JW066p2, JW066p4, JW069p1), *Aspergillus flavus* (JW036p1, JW058p1, JW058p4, JW061p1), *Aspergillus giganteus* (JW059p1), *Aspergillus heteromorphus* (JW061p9), *Aspergillus niger* (JW058p5), *Aspergillus sclerotiorum* (JW081p7) und *Aspergillus versicolor* (JW063p2, JW074p6) basiert auf morphologischen Merkmalen, wie Kolonienmorphologie sowie mikromorphologischen Strukturen und wurde durch den Vergleich von nrDNA Sequenzdaten der entsprechenden Stämme unterstützt (Daten nicht angegeben).

Alle im Rahmen dieser Untersuchung in Panama isolierten Arten der Gattung *Aspergillus*, bis auf *A. giganteus* und *A. heteromorphus*, wurden als Verursacher unterschiedlicher Krankheitsbilder, wie bronchialer und pulmonaler Aspergillosen, kutaner und subkutaner Mykosen, sowie verschiedener systemischer und invasiver Infektionsformen überwiegend bei immunsupprimierten oder anderweitig stark geschwächten Personen beschrieben (de Hoog et al. 2014). Lediglich *A. niger*, *A. sclerotiorum* und *A. versicolor* sind als Verursacher von Nagelmykosen an sonst gesunden Personen dokumentiert



worden (de Hoog et al. 2014). Da jedoch von den entsprechenden Mykosen ebenfalls Dermatophyten oder andere pathogene Pilzarten isoliert wurden kann bei einem Großteil der Isolate davon ausgegangen werden, dass es sich bei den *Aspergillus*-Stämmen um Kontaminationen des Probenmaterials handelt. Allerdings kann eine sekundäre Besiedlung chronischer Mykosen durch opportunistische Pilze, wie die isolierten Arten der Gattung *Aspergillus*, nicht ausgeschlossen werden (Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012; Hwang et al. 2012; Hilmioğlu-Polat et al. 2005; Summerbell et al. 2005).



**Abbildung 52:** Kulturen von *Aspergillus* spp. auf verschiedenen Nährmedien. A: *Aspergillus awamori* (JW045p1). A1: SGA (7 d). A2: CzA (5 d). B: *Aspergillus clavatus* (JW066p4). B1: SGA (7 d). B2: CzA (5 d). C: *Aspergillus flavus* (JW061p1). C1: SGA (7 d). C2: CzA (5 d). D: *Aspergillus giganteus* (JW059p1). D1: SGA (7 d). D2: CzA (5 d). E: *Aspergillus heteromorphus* (JW061p9). A1: SGA (7 d). A2: CzA (5 d). F: *Aspergillus niger* (JW058p5). A1: SGA (7 d). A2: CzA (5 d). G: *Aspergillus sclerotiorum* (JW0481p7). G1: SGA (7 d). G2: CzA (10 d). H: *Aspergillus versicolor* (JW063p2). A1: SGA (7 d). A2: CzA (5 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

## **Onygenales** Cif. ex Benny & Kimbr.

A synopsis of the orders and families of Plectomycetes with keys to genera. Mycotaxon 12 (1980): 1-91.

Es wurden insgesamt 53 Stämme aus 23 verschiedenen Proben isoliert, die innerhalb der Onygenales der Familie Arthrodermataceae Locq. ex Currah und den Gattungen *Chrysosporium* Corda und *Trichophyton* Malmsten zugeordnet wurden (Tab. 10).

### ***Trichophyton*** Malmsten

Arch. Anat. Physiol. Wiss. Med. (1848): 14.

Typus: *Trichophyton tonsurans* Malmsten

Teleomorph: *Arthroderma* Curr. (de Hoog et al. 2014, Seifert et al. 2011).

#### Synonyme

***Achorion*** Remak, Diagnostische und pathogenetische Untersuchungen, in der Klinik des Herrn Geh. Rath's Dr. Schonlein (1845), B: 193.

***Aleurosporia*** Grigoraki, C. R. Hebd. Séanc. Acad. Sci. (Paris) 179 (1924): 1425.

***Arthrosporia*** Grigoraki, Anns Sci. Nat., Bot. 7 (1925): 414.

***Bodinia*** M. Ota & Langeron, Anns. Parasit. Hum. Comp. 1 (1923): 329.

***Chlamydoaleurosporia*** Grigoraki, Anns. des Sci. Nat. Bot. 7 (1925): 412.

***Ectotrichophyton*** Castell. & Chalm., Man. Trop. Med. (London) (1919): 1002.

***Ectotrichophyton* subgen. *Microtrichophyton*** Castell. & Chalm., Man. Trop. Med. (1919): 1004.

***Endodermophyton*** Castell., Man. Trop. Med. (London) (1910): 610.

***Favotrichophyton*** (Castell. & Chalm.) Neveu-Lem., Précis Parasitol. Hum. (Paris) (1921): 55.

***Grubyella*** M. Ota & Langeron, Anns. Parasit. Hum. Comp. 1 (1923): 330.

***Kaufmannwolfia*** Galgoczy & E.K. Novák, As. Országos Közegészségügyi Intézet Működése (1962): 225.

***Keratinomyces*** Vanbreus., Bull. Acad. R. Sci. Belg., Cl. Sci. 38 (1952): 1075.

***Langeronia*** Vanbreus., Anns. Parasit. Hum. Comp. 25 (1950): 506.

***Lophophyton*** Matr. & Dassonv., Rev. Gén. Bot. (1899): 432 (b).

***Megatrichophyton*** Neveu-Lem., Précis Parasitol. Hum., edn. 2 (Paris) (1921): 46.

***Microoides*** de Vroey [als „Microïdes“], Ann. Soc. Belg. Méd. Trop. 50 (1970): 24.

***Microtrichophyton*** (Castell. & Chalm.) Neveu-Lem., Précis Parasitol. Hum., edn. 2 (Paris) (1921): 46.

***Neotrichophyton*** Castell. & Chalm., Man. Trop. Med., 3rd edn (London) (1919): 1001.

***Pinoyella*** Castell. & Chalm., Man. Trop. Med., 3rd edn. (London) (1919): 1023.

***Sabouraudiella*** Boedijn, Mycopath. Mycol. Appl. 6 (1953): 123.

*Schoenleinium* Johan-Olsen, Zentbl. Bakt. ParasitKde, Abt. I, 3 (1897): 276.

*Spiralia* Grigoraki, Annl. Sci. Nat. Bot. 7 (1925): 409.

*Trichomyces* Malmsten, Arch. Anat. Physiol. Wiss. Med. (1848): 14.

*Vanbreuseghemia* Balab., Mycopath. Mycol. Appl. 25 (1965): 345.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Eurotiomycetes

Unterklasse: Eurotiomycetidae

Ordnung: Onygenales

Familie: Arthrodermataceae

(Synonyme und Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Trichophyton* wurde 1884 von Malmsten basierend auf der Typusart *Trichophyton tonsurans* beschrieben (Ajello 1968; Seifert et al. 2011), wobei eine taxonomische Revision der Gattung basierend auf morphologischen Merkmalen durch Ajello (1968) und mehrere Teilrevisionen einzelner Arten und Artkomplexe basierend auf morphologischen, molekularen und physiologischen Merkmalen durch Anzawa et al. (2011), Beguin et al. (2012), Georg (1954), Gräser et al. (1999b; 2008), Kano et al. (2012), Kawasaki et al. (2008) und Symoens et al. (2011) durchgeführt wurden. Die Gattung *Trichophyton* beinhaltet etwa 30 akzeptierte, verschiedene human- und tierpathogene, sowie apathogene, keratinolytische und geophile Arten (Seifert et al. 2011) und 192 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 258 (IndexFungorum: Stand 2014) verschiedene assoziierte Namen.

### **Koloniemorphologie**

Bildung von wattigen, filzig-wolligen, samtigen oder kahlen, langsam bis moderat wachsenden, weißen, cremefarbenen, gelblichen, braunen, rötlichen oder violetten Kolonien mit einer gelblichen bis braunen, roten oder cremefarbenen Rückseite (de Hoog et al. 2000; 2014).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Trichophyton* sind charakterisiert durch hyaline, zylindrische bis zigarrenförmige, mehrzellige und glattwandigen Makrokonidien und keulen- bis birnenförmige oder runde, einzellige Mikrokonidien an undifferenzierten Hyphen, zylindrische Arthrosporen und dickwandige Chlamydosporen oder durch charakteristische thallische Strukturen wie Geweih-artige, endständig dichotom verzweigte, geschwollene

vegetative Hyphen oder gegenläufige Hyphenverzweigungen (de Hoog et al. 2014; Ajello 1968; Seifert et al. 2011).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSI-1 und BSL-2; Arten der Gattung *Trichophyton* sind als Haupterreger kutaner und gelegentlich subkutaner Mykosen sowie Onychomykosen des Menschen und verschiedener Tierarten dokumentiert worden (de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1987; Seebacher et al. 2008; Seeliger und Heymer 1981). Saprotrophe und keratinolytische, häufig ebenfalls aus Erdproben, Hausstaub und von Keratin-haltigen Substraten in der Umwelt, wie Federn, Haare oder Horn, isolierte Organismen mit einer weltweiten Verbreitung (de Hoog et al. 2000, 2014; Domsch et al. 2007; Seifert et al. 2011).

### **Isolate**

Insgesamt wurden 50 Stämme isoliert die der Gattung *Trichophyton* zugeordnet wurden (Tab. 9). Die Isolate wurden anhand morphologischer Merkmale unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in de Hoog et al. (2014), und nrDNA Sequenzdaten als *Trichophyton interdigitale* sensu Gräser und *Trichophyton rubrum* klassifiziert, wobei 17 Isolate als *T. interdigitale* und 33 Stämme als *T. rubrum* bestimmt wurden (Tab. 10).

### **Phylogenetische Analyse ausgewählter Arten der Gattung *Trichophyton***

Zur Unterstützung der morphologischen Bestimmung der in Panama isolierten Stämme der Gattung *Trichophyton* wurden phylogenetische Analysen basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten der Isolate JW041p11, JW044p3, JW051p3, JW056p4, JW057p1, JW061p3, JW062p14, JW070p3, JW074p7, JW062p8, JW063p4, JW063p5, JW063p6, JW063p7, JW067p2, JW067p3, JW067p7, JW067p8, JW075p1, JW075p3, JW075p4, JW075p5, JW075p6 und JW081p4, Sequenzen des *Trichophyton mentagrophytes*-Komplexes s.l., sowie Sequenzen weiterer morphologisch und genetisch verwandter Arten unter Verwendung von Sequenzen des *Trichophyton terrestre*-Komplexes und der Art *Arthroderma tuberculatum* (Syn: *Chrysosporium tuberculatum*) als Außengruppe (Tab. 280), durchgeführt. Der generierte phylogenetische Stammbaum wurde in vier Hauptgruppen untergliedert (Abb. 53). Eine der Gruppen enthält die Sequenzen der Arten *Trichophyton concentricum*, *T. erinacei* und *Arthroderma benhamiae*, wobei innerhalb dieser Gruppe die Sequenzen der Art *T. concentricum*, sowie die der Arten *T. eri-*

*nacei* und *A. benhamiae* einem eigenem, separatem Clade zugeordnet wurden. Die Sequenzen der Art *Trichophyton verrucosum* wurden ebenfalls in eine eigene, basale, eher mit den Sequenzen der Arten *T. erinacei* und *A. benhamiae* assoziierte Gruppe untergliedert (Abb. 53). Eine weitere Gruppe wurde aus Sequenzen der Arten *Trichophyton rubrum*, *T. rubrum* var. *nigricans* und *Trichophyton violaceum*, sowie den nrDNA Sequenzen der als *T. rubrum* klassifizierten Stämme JW041p11, JW044p3, JW051p3, JW056p4, JW057p1, JW061p3, JW062p14, JW070p3 und JW074p7 gebildet, wobei die Sequenzen der Stämme der Art *T. rubrum*, ebenso wie die Sequenz der Art *T. violaceum* jeweils in einem separatem Clade gruppiert wurden. Die letzte der Gruppen besteht aus den DNA Sequenzen verschiedener Isolate der Arten *Trichophyton interdigitale*, *Arthroderma vanbreuseghemii* (*Trichophyton mentagrophytes*), *Arthroderma simii* (*Trichophyton simii*), *Trichophyton schönleinii* und *Trichophyton quinckeanum* (*Trichophyton mentagrophytes* sensu Gräser), wobei eine Gliederung dieses Clades in fünf weitere Untergruppen erfolgte (Abb. 53). Eine der Gruppen besteht aus den DNA Sequenzen der Isolate der Art *T. quinckeanum*, des Neotyps der Art *T. mentagrophytes* (CBS 318.56), sowie der nrDNA Sequenz des Stammes CBS 101546 der von Gräser et al. (1999) unter dem Namen *T. mentagrophytes* synonymisierten Art *T. sarkisovii* und den Sequenzen der Isolate der Art *T. schönleinii*, wobei die Sequenzen von *T. schönleinii* in eine separate Linie gegliedert wurden (Abb. 53). Eine weitere Untergruppe wurde aus den DNA Sequenzen der Art *A. simii* (*T. simii*) gebildet. Die Sequenzen von Isolaten der Arten *Trichophyton interdigitale* und *Arthroderma vanbreuseghemii* (*T. mentagrophytes*) wurden in einem weiteren aus zwei Untergruppen bestehendem Clade angeordnet (Abb. 53). Eine dieser Untergruppen wurde aus den Sequenzen der im Rahmen der Untersuchung verwendeten Stämme der Art *T. interdigitale*, einschließlich des Neotypus-Stammes CBS 428.63 und der Isolate JW062p8, JW063p4, JW063p5, JW063p6, JW063p7, JW067p2, JW067p3, JW067p7, JW067p8, JW075p1, JW075p3, JW075p4, JW075p5, JW075p6 und JW081p4 gebildet, während die andere Gruppe aus den Sequenzen der Stämme der Art *A. vanbreuseghemii* (*T. mentagrophytes*) besteht (Abb. 53).



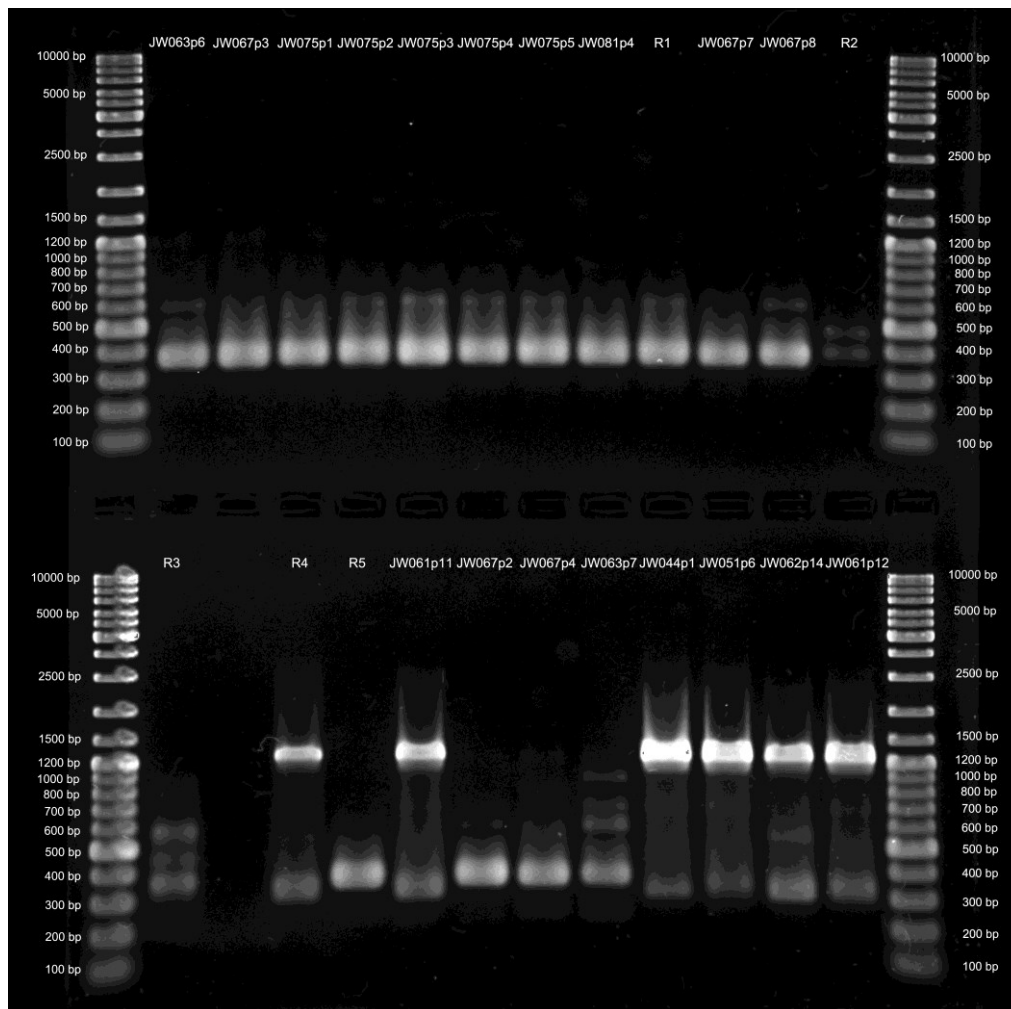
Abbildung 53: Phylogenetischer Stammbaum basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten der in Panama isolierten Dermatophyten-Stämme sowie weiterer genetisch und morphologisch verwandter

Arten (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode basierend auf dem Tamura 3-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Tamura 1992; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der finale Datensatz bestand aus 61 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 505 informativen Positionen. Für die Modellierung evolutionärer Raten zwischen unterschiedlichen Positionen wurde eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,2563) verwendet, wobei alle Positionen als evolutionär relevant betrachtet wurden. Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-2055,9582) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, innerhalb der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurde an den entsprechenden Knoten mitangegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. Die Art *Trichophyton interdigitale* nach (Gräser et al. 1999b; 2008) ist hellgrau, während die Art *Trichophyton mentagrophytes* sensu Gräser dunkelgrau unterlegt ist (Gräser et al. 1999b; 2008). Die alternative Klassifizierung des *Trichophyton mentagrophytes*-Komplexes s.l. basiert auf Beguin et al. (2012) und Symoens et al. (2011). (Beguin et al. 2012; Gräser et al. 2008; Gräser et al. 1999b; Tamura 1992; Tamura et al. 2013; Symoens et al. 2011).

### **PCR-fingerprinting (RAPD) ausgewählter Stämme der Arten *Trichophyton interdigitale* und *T. rubrum***

Zur Unterstützung der morphologischen Klassifizierung und der Genotypisierung der aus Panama stammenden Dermatophyten-Isolate anhand der ITS und LSU nrDNA Regionen wurde eine PCR basierte Analyse eines Abschnitts des ribosomalen Operons, bestehend aus den „Internal-Transcribed-Spacer“-Regionen (ITS1 und ITS2), der 5.8S rDNA und der D1/D2-Domäne der großen ribosomalen Untereinheit (LSU) der nrDNA, unter Verwendung der repetitiven Sequenzabfolge (GACA)<sub>4</sub> als Primer durchgeführt. Die PCR basierte Analyse führte zur Bildung von fünf verschiedenen Banden-Mustern, wobei in zwei Gruppen jeweils die gleichen DNA-Fragmente gebildet wurden, während bei drei Stämmen individuelle Banden-Muster erzeugt wurden (Abb. 54). So wurden bei den Stämmen JW063p6, JW067p2, JW067p3, JW067p4, JW067p7, JW067p8, JW075p1, JW075p2, JW075p3, JW075p4, JW075p5 und JW081p4, sowie bei den als Referenzstämmen der Art *Trichophyton interdigitale* verwendeten Isolaten (R1: *Trichophyton interdigitale* var. *nodulare* F4c, R5: *Trichophyton interdigitale* F3d) zwei DNA-Fragmente von ca. 600 bp und ca. 400 bp Länge gebildet, wobei die Amplifikation des 400 bp großen DNA-Fragmentes bei allen Isolaten deutlich ausgeprägt war, während das 600 bp große DNA-Fragment bei einigen Stämmen nur sehr schwach amplifiziert

wurde. Bei dem Referenzstamm für die Art *Trichophyton rubrum* (R4: *Trichophyton rubrum* var. *nigricans* F2d) und den Isolaten JW044p1, JW051p6, JW061p11, JW061p12 und JW062p14 wurden vier verschiedene DNA-Fragmenten von ca. 1.300 bp, ca. 750 bp, ca. 550 bp und ca. 350 bp Länge erzeugt, wobei die Fragmente von 750 bp und 350 bp Länge überwiegend nur sehr schwach amplifiziert wurden. Bei den als *Arthroderma vanbreuseghemii* (*Trichophyton mentagrophytes*) klassifizierten Stämmen wurden jeweils unterschiedliche DNA-Fragmente amplifiziert. So wurden bei dem Stamm R2 (*Trichophyton mentagrophytes*) zwei Fragmente von ca. 400 bp und ca. 500 bp Länge gebildet, während beim Stamm R3 (*Trichophyton mentagrophytes* var. *asteroides* F3b) drei Fragmente von ca. 600 bp, ca. 450 bp und ca. 350 bp Länge beobachtet wurden. Bei dem Isolat JW063p7 erfolgte die Bildung von vier DNA-Fragmenten von ca. 850 bp, ca. 700 bp, ca. 600 bp und ca. 400 bp Länge (Abb. 54, Tab. 50).



**Abbildung 54:** Gelelektrophoretische Analyse der unter Verwendung eines DNA-Abschnitts von ca. 1400 bp Länge, bestehend aus der ITS-Region und der D1/D2-Domäne der LSU nrDNA, und der repetitiven Sequenz (GACA)<sub>4</sub> als Primer gebildeten PCR-Fragmente. Referenzstämme: R1:



*Trichophyton interdigitale* var. *nodulare* F4c, R2: *Trichophyton mentagrophytes*, R3: *Trichophyton mentagrophytes* var. *asteroides* F3b, R4: *Trichophyton rubrum* var. *nigricans* F2d, R5: *Trichophyton interdigitale* F3d.

**Tabelle 50: Klassifizierung der untersuchten Dermatophyten-Stämme basierend auf den unter Verwendung eines DNA-Abschnitts von ca. 1.400 bp Länge, bestehend aus der ITS-Region und der D1/D2-Domäne der LSU nrDNA, und der repetitiven Sequenz (GACA)<sub>4</sub> als Primer amplifizierten DNA-Fragmente.**

Art	PCR-Fragmente	Stämme
<i>Trichophyton interdigitale</i> (Referenzstämme R1, R5)	ca. 600 bp (schwach amplifiziert) ca. 400 bp (stark amplifiziert)	JW063p6, JW067p2, JW067p3, JW067p4, JW067p7, JW067p8, JW075p1, JW075p2, JW075p3, JW075p4, JW075p5, JW081p4
<i>Trichophyton interdigitale</i> (Genotyp II)	ca. 850 bp ca. 700 bp ca. 600 bp ca. 400 bp (stark amplifiziert)	JW063p7
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> ( <i>Arthroderma vanbreuseghemii</i> )*		
Referenzstamm R2	ca. 500 bp ca. 400 bp	
Referenzstamm R3	ca. 600 bp ca. 450 bp ca. 350 bp	
<i>Trichophyton rubrum</i> (Referenzstamm R4)	ca. 1.300 bp (stark amplifiziert) ca. 750 bp (schwach amplifiziert) ca. 550 bp (schwach amplifiziert) ca. 350 bp (stark amplifiziert)	JW044p1, JW051p6, JW061p11, JW061p12, JW062p14

\* Nach Gräser et al. (1999) ebenfalls als *Trichophyton interdigitale* (*Arthroderma vanbreuseghemii*) klassifiziert, nach Symons et al. (2011) und Beguin et al. (2012) handelt es um eine eigenständige genetische Gruppe innerhalb des *Trichophyton mentagrophytes*-Komplexes (Beguin et al. 2012; Gräser et al. 1999b; Gräser et al. 2008; Symoens et al. 2011).

### ***Trichophyton interdigitale* Priestley**

**Abb. 55-65**

Ringworm and allied parasitic skin-diseases in Australia. Med. J. Australia 2 (1917): 475.

Teleomorph-Stadium: *Arthroderma vanbreuseghemii* Takashio (umstritten). *Arthroderma vanbreuseghemii* wurde im Jahr 1973 von Takashio als teleomorphes Stadium von *Trichophyton mentagrophytes* (C.P. Robin) R. Blanch. beschrieben (Takashio 1973) und von Gräser et al. (1999b) bei der Neotypisierung des *Trichophyton mentagrophytes*-Komplexes basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten der Art *Trichophyton interdigitale* (*Trichophyton mentagrophytes* var. *interdigitale* (Priestley) Georg) als teleomorphes Stadi-

um zugeordnet (Gräser et al. 1999b). Symoens et al. (2011) bezeichnen *T. interdigitale* ebenfalls wie Gräser et al. (1999) als eigenständige Art betrachten aber *T. interdigitale* auf Grund der Bildung von sterilen Kleistothecien in Kreuzungsexperimenten zwischen Teststämmen von *T. interdigitale* und *A. vanbreuseghemii* als humanisierte Variante des Anamorphs von *A. vanbreuseghemii*, den sie im Gegensatz zu Gräser et al. (1999) und Nenoff et al. (2007) als eigene genetische Linie ansehen (Gräser et al. 1999b; Nenoff et al. 2007; Symoens et al. 2011). Anzawa et al. (2011) bestätigen die molekulare Verwandtschaft von *T. interdigitale* mit *A. vanbreuseghemii* unter Verwendung von Restriktions-Fragment-Längen Polymorphismen und ITS nrDNA Sequenzdaten, erkennen allerdings ebenfalls die Neotypisierung von *Trichophyton mentagrophytes* durch Gräser et al. (1999) nicht an (Anzawa et al. 2011). Anzawa et al. (2011) weisen zwar auch wie Symoens et al. (2011) auf die Existenz unterschiedlicher Genlinien innerhalb des *Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes hin, bezeichnen aber *T. interdigitale* auf Grund fehlender Korrelation der verschiedenen Genotypen mit morphologischen und epidemiologischen Eigenschaften und der sexuellen Kompatibilität und Kompetenz der untersuchten Stämme ebenso wie Georg (1954) lediglich als eine Variante der genetisch und morphologisch heterogenen Art *Trichophyton mentagrophytes* sensu Georg, die sie als anamorphes Stadium von *Arthroderma vanbreuseghemii* ansehen (Anzawa et al. 2011; Georg 1954). Beguin et al. (2012) erkennen ebenfalls die Neotypisierung des *Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes durch Gräser et al. (1999) nicht an, da es sich bei dem von Gräser et al. (1999) gewählten Neotyp von *Trichophyton mentagrophytes* um ein Isolat der Art *Trichophyton quinckeanum* (Zopf) D.M. MacLeod & Muende handelt, die nach Beguin et al. (2012) als eigenständige Art und nicht als Variante von *Trichophyton mentagrophytes* angesehen werden kann (Beguin et al. 2012). Zudem handelt es sich laut Beguin et al. (2012) bei *Arthroderma vanbreuseghemii* nicht um das teleomorphe Stadium von *Trichophyton interdigitale*, sondern um eine separate genetische Linie. Allerdings bestätigen sie *A. vanbreuseghemii* als den nächsten molekularen Verwandten von *Trichophyton interdigitale* (Beguin et al. 2012). Kano et al. (2012) zeigten durch die Untersuchung der für die Kreuzungsgruppen spezifischen Genbereiche von anthropophilen (*T. interdigitale*) und zoophilen Isolaten (*A. vanbreuseghemii*), dass innerhalb der von ihnen untersuchten Population, in der Gruppe der anthropophilen Isolate im Gegensatz zu den zoophilen Stämmen nur ein Kreuzungstyp vertreten und die entsprechende Genregion in den Stämmen beider Infektionsquellen 100 Prozent identisch war (Kano et al. 2012). Hieraus schlussfolgern Kano et al. (2012), dass sich *T. interdigitale* auf Grund einer Degenerierung der für die sexuelle Rekombination notwendigen Gene und einer damit verbundenen gesteigerten Heterozygotität einzelner Allele von *T. mentagrophytes* (*A. vanbreuseghemii*) zu einer eigenen anthropophilen Linie entwickelt haben könnte (Kano et al. 2012).

#### Synonyme

***Bodinia abissinica*** A. Agostini, Atti dell'Istituto Botanico della Università e Laboratorio Crittogamico di Pavia 2 (1931): 123.

***Epidermophyton interdigitale*** (Priestley) MacCarthy, Arch. Derm. Syph., Berlin 6 (1925): 24.

***Epidermophyton interdigitale* var. *interdigitale*** (Priestley) MacCarthy, Arch. Derm. Syph., Berlin 6 (1925): 24.

***Kaufmannwolfia interdigitalis*** (Priestley) Galgoczy & R.O. Novak, in Bakacs, Arch. Soc. Sci. Lit. (1962): 224.

*Microoides interdigitalis* (Priestley) De Vroey, Ann. Soc. belg. Méd. trop. 50(1970): 25.  
*Sabouraudiella interdigitalis* (Priestley) Boedijn, Mycopath. Mycol. appl. 6 (1953): 125.  
*Sabouraudites interdigitalis* (Priestley) M. Ota & Langeron, Anns Parasit. hum. comp. 1 (1923): 328.  
*Trichophyton batonrougei* Castell., J. Trop. Med. Hyg. (1939): 373.  
*Trichophyton candelabrum* Listemann, Castellania 1 (1973): 53.  
*Trichophyton kraidenii* J. Kane, J.A. Scott & Summerb., Mycotaxon 45 (1992): 309.  
*Trichophyton mentagrophytes* var. *interdigitale* (Priestley) Moraes [als „*intedigitale*“], Anais Bras. Derm. Sif. 25(1950): 230.  
*Trichophyton mentagrophytes* var. *interdigitale* (Priestley) Georg, J. Invest. Dermatol. 23 (1954): 123-41.  
*Trichophyton mentagrophytes* var. *nodulare* Georg & Meachling, J. Invest. Dermatol. 13 (1949): 349.  
*Trichophyton verrucosum* var. *autotrophicum* D.B. Scott, Trans. Brit. Mycol. Soc. 67 (1976): 343.  
*Trichophyton mentagrophytes* var. *goetzii* Hantschke, Mykosen 12 (1969): 103.  
*Trichophyton rotundum* MacCarthy, Ann. Dermatol. Syph. 5 (1925): 49.

Nach Nenoff et al. (2007) und Gräser et al. (2008) einschließlich:

*Trichophyton mentagrophytes* var. *mentagrophytes* (C.P. Robin) Sabour., in Bouchard, Traite de Pathologie generale 2 (1895): 912.

*Trichophyton mentagrophytes* var. *asteroides* (Sabour.) Neveu-Lem., Précis Parasitol. Anim. Domest. (1912): 69.

*Trichophyton mentagrophytes* var. *granulosum* (Sabour.) Neveu-Lem., Précis Parasitol. Anim. Domest. (1912): 71.

(Synonyme nach Beguin et al. 2012, Gräser et al. 1999, 2008, Nenoff et al. 2007, Summerbell et al. 2002, IndexFungorum und MycoBank, Stand 2014).

## Typ I

(Stämme: JW062p8, JW063p4, JW063p5, JW063p6, JW063p7, JW067p2, JW067p8, JW075p3, JW075p6, JW081p4).

## Koloniemorphologie

**Kimmig:** emerses und submerses, moderates Koloniewachstum von etwa 35-40 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien weiß, anliegend bis erhaben, mit wattig wolliger Kolonietextur; ältere Kolonien weiß oder beige bis hell ockerfarben, wattig wollig oder mit filzig pudriger Kolonieoberfläche; Kolonierückseite hell gelblich cremefarben bis hell gelblich braun.

**SGA:** emerses und submerses, moderates Koloniewachstum von etwa 30-35 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien weiß, anliegend bis erhaben, mit wattig wolliger oder

puddriger Kolonietextur; ältere Kolonien weiß oder beige bis hell ockerfarben, wattig wollig oder mit pudriger Kolonieoberfläche; Kolonierückseite hell cremefarben bis hell gelblich braun.

**OA:** emerses und submerses, rasches Koloniewachstum von ca. 60 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien weiß, spärlich bis dicht wachsend, mit filzig pudriger oder wattig pudriger Kolonieoberfläche; Rückseite hell gelblich braun.

**MYP:** moderat wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 35 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien weiß oder hell gelblich braun, wollig filzig oder pudrig filzig, mit deutlicher submerser Wachstumszone, wattige Stämme zeigen häufig ein dichteres Koloniewachstum als granuläre bzw. pudrige Stämme; ältere Kolonien weiß oder hell gelblich braun, wattig wollig oder filzig pudrig; Kolonierückseite cremefarben bis hell gelblich braun.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin, septiert, 1-3 µm breit, gelegentlich mit Knoten-artigen Hyphenstrukturen, in älteren Kulturen erfolgt häufig die Bildung von Spiralhyphen; Konidienbildung entweder entlang undifferenzierter Hyphen oder an verzweigten Hyphen in traubiger Anordnung, die Bildung von Konidien ist oft reduziert; Mikrokonidien hyalin, überwiegend tropfenförmig, selten kugelförmig, 2-3 × 3-4 µm; Makrokonidien sind in der Regel nicht vorhanden oder werden selten und meist in reduzierter Anzahl gebildet; Arthrokonidien und Chlamydosporen vorhanden.

### **Typ II**

(Stämme: JW067p3, JW067p4, JW067p7, JW075p1, JW075p2, JW075p4, JW075p5).

### **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** anliegende bis erhabene, überwiegend emers, langsam bis moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 20-30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien cremefarben bis gelblich braun, wattig wollig bis pudrig, radiär gefurcht oder unregelmäßig gefaltet, pudrige Kolonien häufig sternenförmig; ältere Kolonien stärker gefurcht, häufig mit deutlich faserigem Rand; Kolonierückseite gelbbraun bis dunkel braun.

**SGA:** anliegende bis leicht erhabene, langsam bis moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 25 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien weiß bis beige oder gelblich braun, wattig bis pudrig; ältere Kolonien häufig etwas stärker pigmentiert und mit zunehmend pudrigerer Kolonieoberfläche; Kolonierückseite hell bräunlich gelb bis gelbbraun.

**OA:** anliegende bis leicht erhabene, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 30-40 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien weiß bis hell beige mit pudrig filziger bis wattiger Oberflächentextur; ältere Kolonien weiß bis beige oder mit beige Koloniebereichen, gipsig pudrig oder wattig; Kolonierückseite hell gelblich braun.

**MYP:** leicht erhabene oder anliegende, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 30-40 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien weiß bis schmutzig weiß oder gelblich braun mit filzig haariger bis pudriger Textur; ältere Kolonien mit dunkler gefärbten Arealen, pudrig filziger Oberfläche und erhabenem Zentrum; Kolonierückseite leicht gelblich bis hell gelblich braun.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin, septiert, bis 1-3 µm breit, häufig mit keulenförmig geschwollenen Hyphen (Raketthyphen), Hyphen oft stark septiert und gelegentlich mit unregelmäßiger, astiger Verzweigung, Spirallyphen werden häufig gebildet; Bildung von Mikro- und Makrokonidien, wobei Mikrokonidien entlang von undifferenzierten Hyphen oder in dichter, Trauben-artiger Anordnung an endständigen Hyphen gebildet werden, die Bildung von Makrokonidien erfolgt ebenfalls endständig an einfachen, undifferenzierten Hyphen; Mikrokonidien hyalin, überwiegend kugelförmig, selten tropfenförmig, 2 (2,5) × 2 µm; Makrokonidien hyalin, keulenförmig bis zigarrenförmig, dünnwandig, glatt, aus 4-8 Zellen bestehend, (20) 30-55 (60) × (5) 6-8 µm, häufig zu einzelnen Chlamydosporen-artigen Zellen zerfallend.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-2; *Trichophyton (mentagrophytes var.) interdigitale* ist neben *T. rubrum* weltweit einer der häufigsten Dermatophyten und als Verursacher von häufig chronischen Myko-

sen der Haut, wie *Tinea pedis*, *Tinea corporis* und *Tinea cruris*, sowie von Onychomykosen dokumentiert (Campbell et al. 1996; de Hoog et al. 2014; Nolting und Fegeler 1987; Seeliger und Heymer 1981; Weitzman und Summerbell 1995). Die ursprünglich als anthropophiler Dermatophyt von Priestly (1917) beschriebene Art *T. interdigitale* wird nach Gräser et al. (1999b; 2008) und de Hoog et al. (2014) in eine anthropophile und in eine zoophile Subpopulation unterteilt, wobei die zoophilen Stämme mit Mäusen und streunenden Hunden und Katzen assoziiert werden (de Hoog et al. 2014; Gräser et al. 1999b; 2008; Nenoff et al. 2007). Nach Anzawa et al. (2011) stellt *T. interdigitale* eine Varietät des zoophilen Dermatophyten *Arthroderma vanbreuseghemii* dar (Anzawa et al. 2011). Nach Symoens et al. (2011) und Kano et al. (2012) handelt es sich bei *T. interdigitale* um eine in Koevolution mit *Homo sapiens* entstandene „humanisierte“ Variante des zoophilen Dermatophyten *Arthroderma vanbreuseghemii* (Kano et al. 2012; Symoens et al. 2011).

### **Untersuchtes Material**

**JW062P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (55 Jahre) mit einer Mykose der Haut und des kleinen Zehennagels des rechten Fußes; gesammelt am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama. Der Stamm wurde am 30.03.2011 aus Hautmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW062p8 subkultiviert.

**JW063P:** Hautmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (77 Jahre) mit einer Mykose der Haut und des kleinen Zehennagels des linken Fußes; gesammelt am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama. Die Stämme wurden am 31.03.2011 einmal aus Probenmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid (JW063p4) und aus Hautproben auf Medium mit Cycloheximid (JW063p5, JW063p6, JW063p7) isoliert und als JW063p4, JW063p5, JW063p6 und JW063p7 subkultiviert.

**JW067P:** Hautproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (34 Jahre) mit einer Mykose der Haut und des großen Zehennagels des rechten Fußes; gesammelt am 26.01.2011 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 30.03.2011 zweimal aus Probenmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid (JW067p3, JW067p4) und dreimal aus Probenmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW067p2, JW067p3, JW067p4, JW067p7 und JW067p8 subkultiviert.

**JW075P:** Hautproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (38 Jahre) mit einer *Tinea pedis* des rechten Fußes und Mykosen der Zehennägel. Das Material wurde am

28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am 31.03.2011 dreimal aus Probenmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid (JW075p1, JW075p2, JW075p3) und dreimal aus Material auf Nährmedium ohne Cycloheximid (JW075p4, JW075p5, JW075p6) isoliert und als JW075p1, JW075p2, JW075p3, JW075p4, JW075p5 und JW075p6 subkultiviert.

**JW081P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (62 Jahre) mit einer Mykose des großen Zehennagels des rechten Fußes; gesammelt am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 28.03.2011 aus Probenmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW081p4 subkultiviert.

### **Molekulare Identifizierung (Barcoding)**

Der Vergleich der untersuchten nrDNA Sequenzbereiche der Isolate JW062p8 (ITS: 638 bp), JW063p4 (ITS: 663 bp, LSU: 590), JW063p5 (ITS: 709 bp, LSU: 594 bp), JW063p6 (ITS: 692 bp, LSU: 592 bp), JW063p7 (ITS: 679 bp), JW067p2 (ITS: 690 bp, LSU: 589 bp), JW067p3 (ITS: 660 bp), JW067p7 (ITS: 661 bp, LSU: 593 bp), JW067p8 (ITS: 697 bp, LSU: 587 bp), JW075p1 (ITS: 667 bp, LSU: 588 bp), JW075p2 (ITS: 611 bp, LSU: 594 bp), JW075p3 (ITS: 629 bp, LSU: 590 bp), JW075p4 (ITS: 710 bp, LSU: 593 bp), JW075p5 (ITS: 635 bp, 564 bp), JW075p6 (ITS: 691 bp, LSU: 593 bp) und JW081p4 (ITS: 703 bp, LSU: 591 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigt eine Übereinstimmung von 99 - 100 Prozent mit Sequenzen von Stämmen verschiedener Arten des *Trichophyton interdigitale*-*Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes, wie *Trichophyton interdigitale*, *Trichophyton mentagrophytes* (*Arthroderma vanbreuseghemii*) und weiteren Sequenzen von Stämmen die unter verschiedenen mit *T. interdigitale* synonymisierten Namen, wie *Trichophyton candelabrum* Listemann, *Trichophyton krajdinii* J. Kane, J.A. Scott & Summerb. und *Trichophyton verrucosum* var. *autotrophicum* D.B. Scott in GenBank hinterlegt sind (Tab. 51-108).

**Tabelle 51: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW062p8 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (WM 04.491)	100 %	100 % (638/638)	0	KP068999
<i>Trichophyton interdigitale</i> (YY01437442)	100 %	100 % (638/638)	0	KC923427
<i>Trichophyton interdigitale</i> (YY01437472)	100 %	100 % (638/638)	0	KC923426
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 4411)	100 %	100 % (638/638)	0	GU646873

**Tabelle 52: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW062p8 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 232.76)	100 %	100 % (638/638)	0	--
<i>Arthroderma vanbreuseghemii</i> (CBS 117725)	100 %	100 % (638/638)	0	GU646873
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	100 %	100 % (638/638)	0	AF170462
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 110.65)	100 %	100 % (638/638)	0	AB369903

**Tabelle 53: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW063p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 558.66)	99 %	99 % (659/664)	4	Z98001
<i>Trichophyton interdigitale</i> (YY01437442)	99 %	99 % (656/661)	4	Z98001
<i>Trichophyton interdigitale</i> (YY01663857)	99 %	99 % (656/661)	4	KC923427
<i>Trichophyton interdigitale</i> (UOA/HCPF 14717)	99 %	99 % (653/657)	2	KC253947

**Tabelle 54: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW063p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	100 %	100 % (590/590)	0	AY213631
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 53931)	100 %	99 % (589/590)	0	AB363760
<i>Trichophyton interdigitale</i> (UWFP 763)	100 %	99 % (589/590)	0	AY062120
<i>Trichophyton interdigitale</i> (JCM 1891)	94 %	99 % (589/590)	0	AB075330

**Tabelle 55: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW063p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	93,4 %	99,7 % (618/620)	1	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1210)	90,9 %	99,7 % (602/604)	1	JQ407202
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 2562)	90,2 %	99,7 % (597/599)	1	JQ407195
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 3227)	85,1 %	99,7 % (597/599)	1	JQ407197



**Tabelle 56: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW063p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdinii</i> (UAMH 8539)	100 %	100 % (590/590)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	100 %	100 % (590/590)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	100 %	100 % (590/590)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	99,7 %	100 % (590/590)	0	--

**Tabelle 57: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW063p5 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41271)	100 %	99 % (708/709)	0	AB458202
<i>Trichophyton krajdinii</i> (UAMH 8546)	100 %	99 % (708/709)	0	AF170461
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 59062)	100 %	99 % (707/709)	0	AB566303
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 58446)	100 %	99 % (707/709)	0	AB566301

**Tabelle 58: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW063p5 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	99 %	100 % (593/593)	0	AY213631
<i>Trichophyton krajdinii</i> (UAMH 3244)	97 %	100 % (580/580)	0	AY176740
<i>Trichophyton interdigitale</i> (ATCC 28146)	98 %	100 % (588/588)	0	KJ722761
<i>Trichophyton interdigitale</i> (RCPF 1229)	96 %	100 % (574/574)	0	KC461912

**Tabelle 59: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW063p5 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (UAMH 8543)	100 %	99,9 % (708/709)	0	AF170465
<i>Trichophyton interdigitale</i> (UAMH 8546)	100 %	99,9 % (708/709)	0	AF170461
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 558.66)	100 %	99,9 % (708/709)	0	AF170466
<i>Trichophyton interdigitale</i> (UAMH 8539)	100 %	99,9 % (708/709)	0	AF170462

**Tabelle 60: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW063p5 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdinii</i> (CBS 475.93)	99,8 %	100 % (593/593)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	99,8 %	100 % (593/593)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	99,8 %	100 % (593/593)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	99,8 %	100 % (593/593)	0	--

**Tabelle 61: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW063p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Arthroderma vanbreuseghemii</i> (IFM 41276)	100 %	99 % (690/692)	0	AB458207
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41274)	100 %	99 % (690/692)	0	AB458205
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41271)	100 %	99 % (690/692)	0	KP132851
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 53931)	100 %	99 % (690/692)	0	AB369903

**Tabelle 62: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW063p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	100 %	100 % (592/592)	0	AY213631
<i>Trichophyton interdigitale</i> (ATCC 28146)	100 %	100 % (584/584)	0	KJ722761
<i>Trichophyton interdigitale</i>	100 %	99 % (591/592)	0	AY062120
<i>Trichophyton interdigitale</i> (JCM 1891)	100 %	99 % (591/592)	1	AB075330

**Tabelle 63: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW063p6 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1227)	90,2 %	99,8 % (623/624)	0	KP132809
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 100378)	90,1 %	99,8 % (623/624)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1210)	89,1 %	99,8 % (616/617)	0	JQ407202
<i>Trichophyton krajenii</i> (UAMH 8539)	87 %	99,8 % (690/692)	0	AF170462

**Tabelle 64: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW063p6 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Arthroderma vanbreuseghemii</i> (CBS 475.93)	100 %	100 % (592/592)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	100 %	100 % (592/592)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	100 %	100 % (592/592)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	100 %	100 % (592/592)	0	--

**Tabelle 65: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW063p7 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 558.66)	100 %	99 % (678/680)	1	Z98001
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41276)	100 %	99 % (678/681)	2	AB458207
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41274)	100 %	99 % (678/681)	2	AB458205
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41271)	100 %	99 % (678/681)	2	AB458202

**Tabelle 66: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW063p7 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Arthroderma vanbreuseghemii</i> (IHEM 3227)	91 %	99,9 % (617/618)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1210)	91 %	99,9 % (617/618)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1237)	91 %	99,9 % (617/618)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 558.66)	99,8 %	99,7 % (678/680)	1	AF170466

**Tabelle 67: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41271)	100 %	99 % (690/692)	2	AB458202
<i>Trichophyton krajdienii</i> (UAMH 8546)	100 %	99 % (690/692)	2	AF170461
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 59062)	100 %	99 % (689/692)	2	AB566303
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 58446)	100 %	99 % (689/692)	2	AB566301

**Tabelle 68: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW067p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	100 %	100 % (589/589)	0	AY213631
<i>Trichophyton interdigitale</i> (RCPF 1301)	98 %	100 % (583/583)	0	KP308373
<i>Trichophyton interdigitale</i> (ATCC 28146)	98 %	100 % (583/583)	0	KJ722761
<i>Trichophyton interdigitale</i> (BCRC 31782)	94 %	100 % (556/556)	0	EU362736

**Tabelle 69: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1227)	90,4 %	100 % (624/624)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1723)	87 %	100 % (602/602)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 2562)	86,8 %	100 % (599/599)	0	JQ407195
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 2497)	86,8 %	100 % (599/599)	0	--

**Tabelle 70: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW067p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdienii</i> (CBS 475.93)	100 %	100 % (589/589)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	100 %	100 % (589/589)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	100 %	100 % (589/589)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	100 %	100 % (589/589)	0	--

**Tabelle 71: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i>	99 %	99 % (659/661)	2	JN133969
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (ATCC MYA 4439)	99 %	99 % (659/661)	2	FJ746658
<i>Arthroderma vanbreuseghemii</i> (IFM 41274)	99 %	99 % (659/661)	2	AB458205
<i>Arthroderma vanbreuseghemii</i> (IFM 41271)	99 %	99 % (659/661)	2	AB458202

**Tabelle 72: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p3 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 620)	93,6 %	100 % (618/618)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1210)	93,6 %	100 % (618/618)	0	JQ407202
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 2562)	93,6 %	100 % (618/618)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 3227)	93,6 %	100 % (618/618)	0	--

**Tabelle 73: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p7 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (UOA/HCPF 14717)	100 %	99 % (654/657)	2	KC253947
<i>Trichophyton interdigitale</i>	100 %	99 % (656/657)	1	JN133969
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41276)	100 %	99 % (656/657)	1	AB458207
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41271)	100 %	99 % (656/657)	1	AB458202

**Tabelle 74: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW067p7 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	99 %	100 % (592/592)	0	AY213631
<i>Trichophyton krajenii</i> (UAMH 3244)	97 %	100 % (580/580)	0	AY176740
<i>Trichophyton interdigitale</i> (ATCC 28146)	98 %	100 % (587/587)	0	KJ722761
<i>Trichophyton interdigitale</i> (RCPF 1229)	96 %	100 % (574/574)	0	KC461912

**Tabelle 75: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p7 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 620)	93,5 %	100 % (618/618)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1210)	93,5 %	100 % (618/618)	0	JQ407202
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 3290)	93,5 %	100 % (618/618)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 2790)	93,5 %	100 % (618/618)	0	--

**Tabelle 76: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW067p7 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	99,8 %	100 % (592/592)	0	--
<i>Trichophyton krajdinii</i> (CBS 475.93)	99,8 %	100 % (592/592)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	99,8 %	100 % (592/592)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	99,8 %	100 % (587/587)	0	--

**Tabelle 77: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p8 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41271)	100 %	99 % (696/697)	1	AB458202
<i>Trichophyton krajdinii</i> (UAMH 8546)	100 %	99 % (696/697)	1	AF170461
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 59062)	100 %	99 % (695/697)	1	AB566303
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 58446)	100 %	99 % (695/697)	1	AB566301

**Tabelle 78: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW067p8 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	99 %	100 % (587/587)	0	AY213631
<i>Trichophyton interdigitale</i> (ATCC 28146)	99 %	100 % (583/583)	0	KJ722761
<i>Trichophyton interdigitale</i> (JCM 1891)	99 %	100 % (584/584)	0	AB075330
<i>Trichophyton interdigitale</i>	100 %	99 % (586/587)	0	AY062120

**Tabelle 79: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p8 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdinii</i> (IHEM 1227)	89,5 %	100 % (624/624)	0	KP132809
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 3227)	88,8 %	100 % (619/619)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 558.66)	100 %	99,8 % (696/697)	1	AF170466
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IMI 186973)	99,8 %	99,8 % (695/696)	1	AB458199

**Tabelle 80: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW067p8 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdenu</i> (CBS 475.93)	100 %	100 % (587/587)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	100 %	100 % (587/587)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	100 %	100 % (587/587)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	99,8 %	100 % (586/586)	0	--

**Tabelle 81: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (YY01663857)	99 %	99 % (662/663)	1	KC923423
<i>Trichophyton krajdenu</i> (YY01668796)	99 %	99 % (662/663)	1	KC833521
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 558.66)	98 %	100 % (659/659)	0	Z98001
<i>Trichophyton interdigitale</i> (YY01437442)	99 %	99 % (661/662)	1	KC923427

**Tabelle 82: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	100 %	100 % (588/588)	0	AY213631
<i>Trichophyton krajdenu</i> (IFM 53931)	100 %	99 % (587/588)	0	AB363760
<i>Trichophyton interdigitale</i>	100 %	99 % (587/588)	0	AY062120
<i>Trichophyton interdigitale</i> (JCM 1891)	99 %	100 % (587/588)	1	AB075330

**Tabelle 83: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p1 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 558.66)	98,8 %	100 % (659/659)	0	Z98001
<i>Trichophyton interdigitale</i> (478)	98,6 %	100 % (658/658)	0	JN133998
<i>Trichophyton interdigitale</i> (475)	98,6 %	100 % (658/658)	0	JN133997
<i>Trichophyton interdigitale</i> (439)	98,6 %	100 % (658/658)	0	JN133992

**Tabelle 84: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p1 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdinii</i> (CBS 475.93)	100 %	100 % (588/588)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	100 %	100 % (588/588)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	100 %	100 % (588/588)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	99,8 %	100 % (587/587)	0	--

**Tabelle 85: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (WM 04.491)	100 %	99 % (611/612)	1	KP068999
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (SNB-TM1)	100 %	99 % (611/612)	1	KF360239
<i>Trichophyton interdigitale</i> (15-ID6 :1208-2-11-2)	100 %	99 % (611/612)	1	AB812618
<i>Trichophyton interdigitale</i> (YY01437442)	100 %	99 % (611/612)	1	KC923427

**Tabelle 86: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	100 %	100 % (594/594)	0	AY213631
<i>Trichophyton krajdinii</i> (UAMH 3244)	98 %	100 % (584/584)	0	AY176740
<i>Trichophyton interdigitale</i> (ATCC 28191)	94 %	100 % (559/559)	0	EU362736
<i>Trichophyton interdigitale</i> (RCPF 1229)	80 %	100 % (574/574)	0	KC461912

**Tabelle 87: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p2 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (TMC-25)	95,1 %	100 % (581/581)	0	DQ786680
<i>Trichophyton interdigitale</i> (TMC-18)	95,1 %	100 % (581/581)	0	DQ786673
<i>Trichophyton interdigitale</i> (TMC-3)	95,1 %	100 % (581/581)	0	DQ786658
<i>Trichophyton interdigitale</i> (TMC-6)	95,1 %	100 % (581/581)	0	DQ786661

**Tabelle 88: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdinii</i> (CBS 475.93)	100 %	100 % (594/594)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	100 %	100 % (594/594)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	100 %	100 % (594/594)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	99,5 %	100 % (591/591)	0	--

**Tabelle 89: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (YY01437442)	99 %	99 % (627/629)	2	KC923427
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (SNB-TM1)	99 %	99 % (624/625)	1	KF360239
<i>Trichophyton interdigitale</i> (YY01663857)	99 %	99 % (626/628)	2	KC923423
<i>Trichophyton interdigitale</i> (YY01668796)	99 %	99 % (626/628)	2	KC833525

**Tabelle 90: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	100 %	100 % (590/590)	0	AY213631
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 53931)	100 %	99 % (589/590)	0	AB363760
<i>Trichophyton interdigitale</i> (JCM 1891)	100 %	99 % (589/590)	1	AB075330
<i>Trichophyton interdigitale</i> (JCM 1891)	99 %	100 % (584/584)	0	KJ722761

**Tabelle 91: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p3 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (TMC-14)	93,6 %	100 % (589/589)	0	DQ786669
<i>Trichophyton interdigitale</i> (TMC-3)	93,6 %	100 % (589/589)	0	DQ786658
<i>Trichophyton interdigitale</i> (TMC-6)	93,6 %	100 % (589/589)	0	DQ786661
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1210)	93,6 %	100 % (589/589)	0	JQ407202



**Tabelle 92: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p3 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdenu</i> (CBS 475.93)	100 %	100 % (590/590)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	100 %	100 % (590/590)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	100 %	100 % (590/590)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	99,7 %	100 % (588/588)	0	--

**Tabelle 93: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41271)	100 %	99 % (709/710)	1	AB458202
<i>Trichophyton krajdenu</i> (UAMH 8546)	100 %	99 % (709/710)	1	AF170461
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 59062)	100 %	99 % (708/710)	1	AB566303
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 58446)	100 %	99 % (708/710)	1	AB566301

**Tabelle 94: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	100 %	100 % (593/593)	0	AY213631
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 53931)	100 %	99 % (592/593)	0	AB363760
<i>Trichophyton interdigitale</i> (JCM 1891)	100 %	99 % (592/593)	1	AB075330
<i>Trichophyton interdigitale</i> (ATCC 28146)	99 %	100 % (584/584)	0	KJ722761

**Tabelle 95: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (UAMH 8543)	99 %	100 % (703/703)	0	AF170465
<i>Trichophyton interdigitale</i> (UAMH 8544)	99 %	100 % (703/703)	0	AF170466
<i>Trichophyton krajdenu</i> (UAMH 8539)	99 %	100 % (703/703)	0	AF170462
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41271)	99 %	100 % (703/703)	0	AB458202

**Tabelle 96: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdinii</i> (CBS 475.93)	100 %	100 % (593/593)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	100 %	100 % (593/593)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	100 %	100 % (593/593)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	100 %	100 % (593/593)	0	--

**Tabelle 97: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p5 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1729)	100 %	99 % (635/637)	2	KP132813
<i>Trichophyton krajdinii</i> (IHEM 1726)	100 %	99 % (635/637)	2	KP132812
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1719)	100 %	99 % (635/637)	2	KP132810
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1224)	100 %	99 % (635/637)	2	KP132807

**Tabelle 98: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p5 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (ATCC 28146)	100 %	100 % (564/565)	1	KJ722761
<i>Trichophyton interdigitale</i> (JCM 1891)	100 %	99 % (564/565)	1	AB075330
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 53931)	100 %	99 % (563/565)	1	AB363760
<i>Trichophyton interdigitale</i>	100 %	99 % (563/565)	1	AY062120

**Tabelle 99: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p5 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	94,6 %	100 % (601/601)	0	--
<i>Trichophyton krajdinii</i> (CBS 475.93)	94,6 %	100 % (601/601)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	94,6 %	100 % (601/601)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1237)	94,3 %	100 % (599/599)	0	JQ407201

**Tabelle 100: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p5 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdinii</i> (CBS 475.93)	98,4 %	100 % (555/555)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	98,4 %	100 % (555/555)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	98,4 %	100 % (555/555)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	97,5 %	100 % (550/550)	0	--

**Tabelle 101: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41276)	100 %	100 % (691/691)	0	AB458207
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41274)	100 %	100 % (691/691)	0	AB458205
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41271)	100 %	100 % (691/691)	0	AB458202
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41259)	100 %	100 % (691/691)	0	AB458190

**Tabelle 102: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	99 %	99 % (592/593)	1	AY213631
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 53931)	99 %	99 % (591/593)	1	AB363760
<i>Trichophyton interdigitale</i>	99 %	99 % (591/593)	1	AY062120
<i>Trichophyton interdigitale</i> (JCM 1891)	99 %	99 % (591/593)	1	AB075330

**Tabelle 103: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW075p6 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41275)	100 %	100 % (691/691)	0	AB458206
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41276)	100 %	100 % (691/691)	0	AB458207
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41274)	100 %	100 % (691/691)	0	AB458205
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41271)	100 %	100 % (691/691)	0	AB458202

**Tabelle 104: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW075p6 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdinii</i> (CBS 475.93)	99,8 %	99,8 % (592/593)	1	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	99,8 %	99,8 % (592/593)	1	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	99,8 %	99,8 % (592/593)	1	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	98,9 %	99,8 % (587/588)	1	--

**Tabelle 105: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW081p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41276)	100 %	99 % (702/706)	4	AB458207
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41274)	100 %	99 % (702/706)	4	AB458205
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41271)	100 %	99 % (702/706)	4	AB458202
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 41259)	100 %	99 % (702/706)	4	AB458190

**Tabelle 106: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW081p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ATCC 36058)	100 %	100 % (591/591)	0	AY213631
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 53931)	100 %	99 % (590/591)	0	AB363760
<i>Trichophyton interdigitale</i>	100 %	99 % (590/591)	0	AY062120
<i>Trichophyton interdigitale</i> (ATCC 28146)	98 %	100 % (584/584)	0	KJ722761

**Tabelle 107: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW081p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IHEM 1227)	88,9 %	99,8 % (691/694)	1	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (UAMH 8546)	85,6 %	99,5 % (691/694)	3	AF170466
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 53931)	85,6 %	99,5 % (691/694)	3	AF170465
<i>Trichophyton interdigitale</i> (UAMH 8539)	85,6 %	99,5 % (691/694)	3	AF170462

**Tabelle 108: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW081p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton krajdienii</i> (CBS 475.93)	100 %	100 % (591/591)	0	--
<i>Trichophyton candelabrum</i> (CBS 647.73)	100 %	100 % (591/591)	0	--
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 428.63)	100 %	100 % (591/591)	0	--
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CBS 113880)	99,6 %	100 % (589/589)	0	--

### Molekulare Identifizierung (RAPD)

Die PCR basierte Analyse eines Abschnitts des ribosomalen Operons, bestehend aus den „Internal-Transcribed-Spacer“-Regionen (ITS1 und ITS2), der 5.8S rDNA und der D1/D2-Domäne der großen ribosomalen Untereinheit (LSU) der nrDNA, ausgewählter Dermatophyten-Stämme unter Verwendung des Primers GACA<sub>(4)</sub> führte zur Bildung charakteristischer Bandenmuster (Abb. 54, Tab. 50). Hierbei wurden bei den Stämmen

JW063p6, JW067p2, JW067p3, JW067p4, JW067p7, JW067p8, JW075p1, JW075p2, JW075p3, JW075p4, JW075p5 und JW081p4, sowie bei den als Referenzstämme der Art *Trichophyton interdigitale* verwendeten Isolaten R1 und R5 (R1: *Trichophyton interdigitale* var. *nodulare* F4c, R5: *Trichophyton interdigitale* F3d) jeweils zwei DNA-Fragmente von ca. 600 bp und ca. 400 bp Länge amplifiziert, wobei die Amplifikation des 400 bp großen DNA-Fragmentes bei allen Isolaten deutlich ausgeprägt war, während das 600 bp große DNA-Fragment bei einigen Stämmen nur sehr schwach amplifiziert wurde (Abb. 54). Bei dem Isolat JW063p7 erfolgte die Bildung von vier DNA-Fragmenten von ca. 850 bp, ca. 700 bp, ca. 600 bp und ca. 400 bp Länge (Abb. 54, Tab. 50).

### **DNA-Polymorphismen**

Die ITS nrDNA Sequenzen der untersuchten Isolate unterscheiden sich nur durch Einzel-DNA-Polymorphismen. So zeigten die DNA-Sequenzen der Stämme R2, R3, IFM 58270, CD392, IHEM 14193, IHEM 19024 und IHEM 19701 ebenso wie die von Heidemann et al. (2010) klassifizierten *Trichophyton interdigitale* Genotypen III, III\* und IV eine Substitution an Position 9 des Alignments, ein Adenin anstatt eines Guanins, und eine weitere Substitution an Position 106, ein Adenin anstatt eines Cytosins (Abb. 55). Die Sequenzabschnitte der Stämme IHEM 14193 und IHEM 19701 wiesen ebenso wie die DNA-Sequenz des *T. interdigitale* Genotyps IV zwei weitere Substitutionen auf, ein Thymin an Position 139 und ein Cytosin an Position 176, allerdings zeigte die ITS nrDNA Sequenz des Genotyps IV eine zusätzliche Insertion eines Adenins an Position 217. Die DNA-Sequenz des Referenzstammes R2 (*T. mentagrophytes*) wies drei weitere Insertionen auf, ein Cytosin an Position 35 und 93 und ein Thymin an Position 117, der Stamm R1 (*T. interdigitale* var. *nodulare*) die Insertion eines Thymins an Position 598 und der Stamm R5 (*T. interdigitale*) die Insertion eines Cytosins an Position 35. Die DNA-Sequenz des Isolates JW081p4 zeigte die Insertion eines Cytosins an Position 561 und die Sequenzen der Isolate JW063p4, JW063p5, JW063p6, JW063p7 eine weitere Basensubstitution an Position 433, ein Thymin anstatt eines Cytosins (Abb. 56).

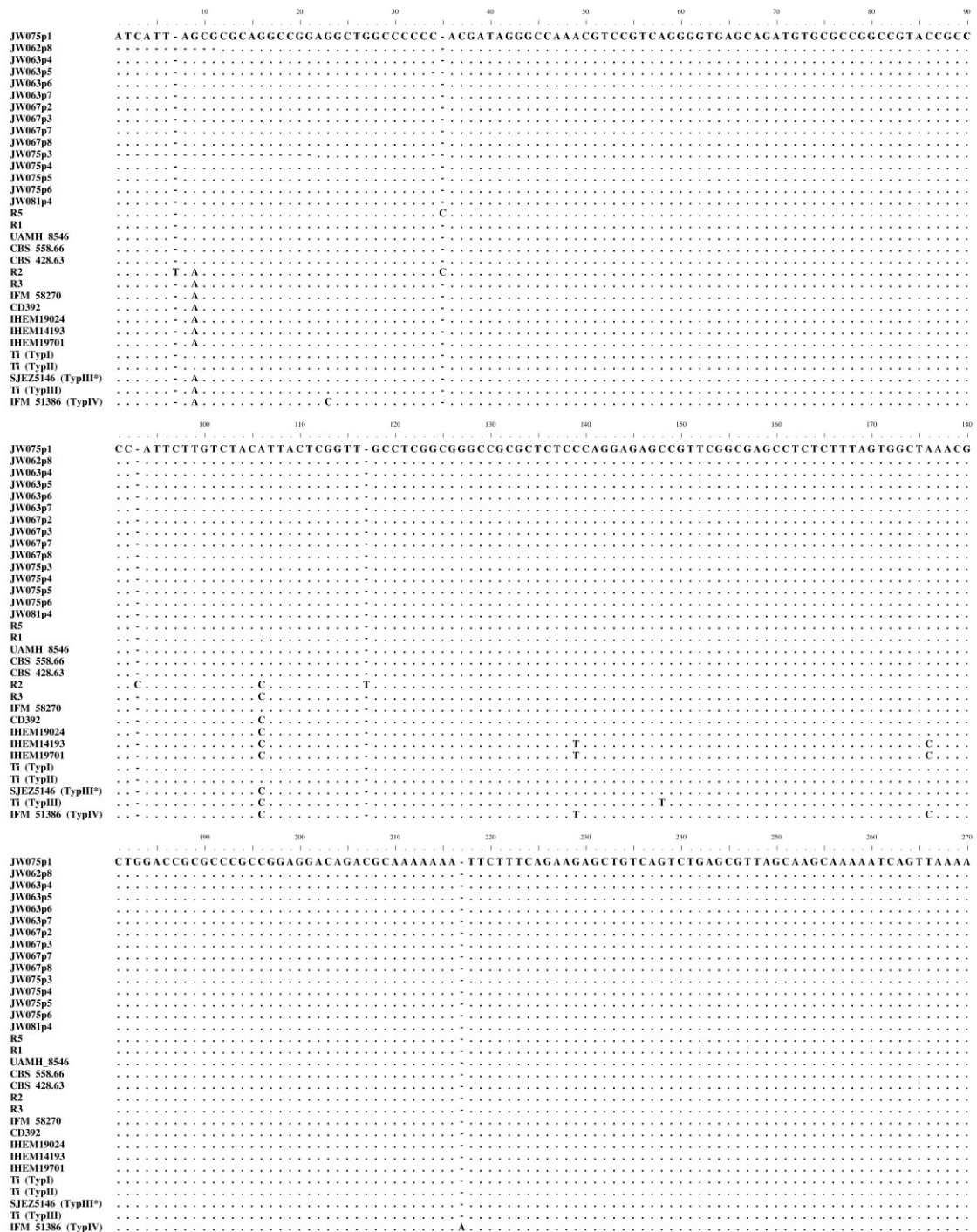


Abbildung 55: Alignment der ITS nrDNA Sequenz der als *Trichophyton interdigitale* sensu Gräser klassifizierten Isolate aus Panama und weiterer ausgewählter Stämme des *Trichophyton interdigitale*-*Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes. R1: *T. interdigitale* var. *nodulare* F4c, R2: *T. mentagrophytes*, R3: *T. mentagrophytes* var. *asteroides* F3b, R5: *T. interdigitale* F3d, UAMH 8546: *T. kraidenii*, CBS 558.66: *T. interdigitale*, CBS 428.63: *T. interdigitale* (Neotyp), IFM 58270: *T. interdigitale*, CD392: *A. vanbreuseghemii*, IHEM19024: *A. vanbreuseghemii*, IHEM14193: *A. vanbreuseghemii*, IHEM19701: *A. vanbreuseghemii*. *Trichophyton interdigitale* (Ti) nach Heidemann et al. (2009): SJEZ5146: *T. interdigitale* Typ III\*, IFM 51386: *T. interdigitale* Typ IV. Typ I und Typ II: anthropophile Isolate, Typ III, Typ III\*, Typ IV: zoophile Isolate (Heidemann et al. 2010).

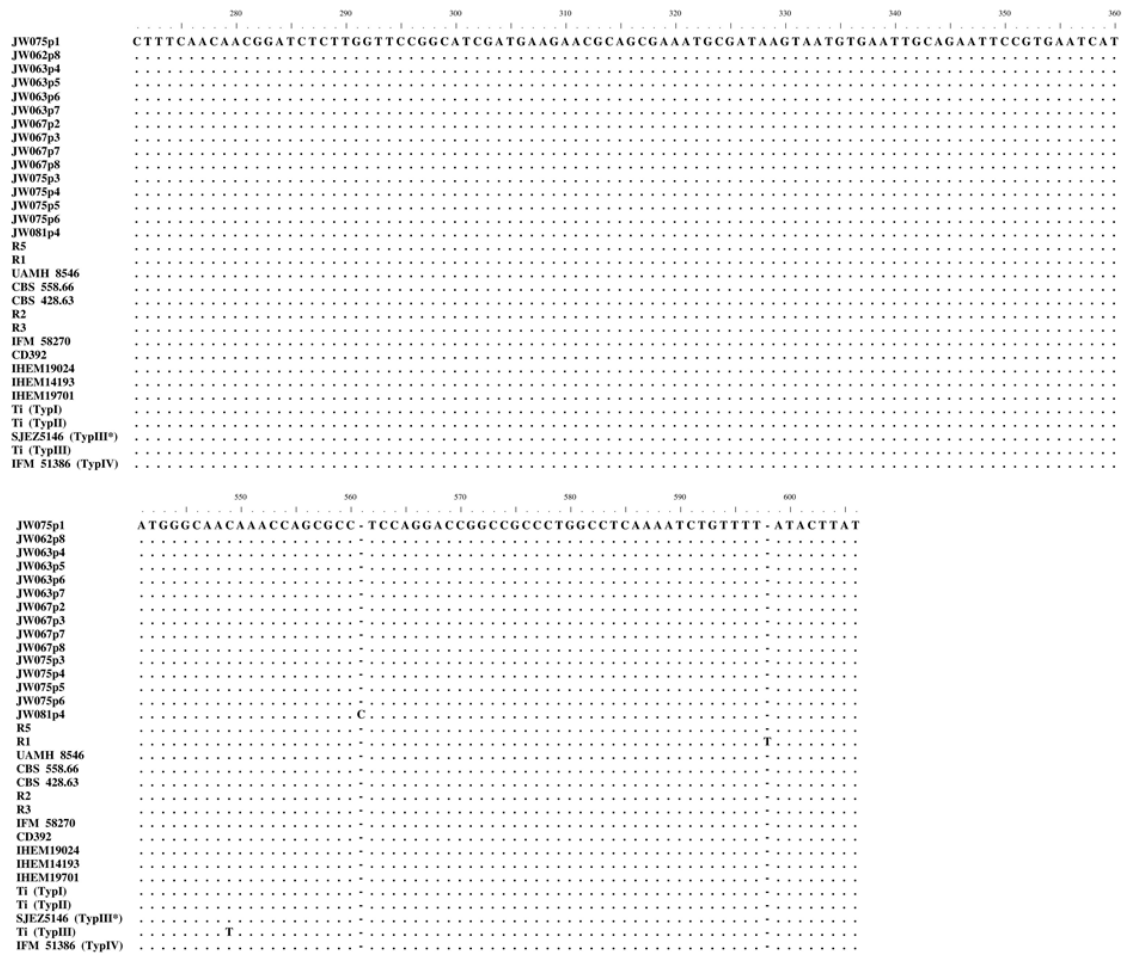


Abbildung 56: Alignment der ITS nrDNA Sequenz der als *Trichophyton interdigitale* sensu Gräser klassifizierten Isolate aus Panama und weiterer ausgewählter Stämme des *Trichophyton interdigitale-Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes (Fortsetzung). R1: *T. interdigitale* var. *nodulare* F4c, R2: *T. mentagrophytes*, R3: *T. mentagrophytes* var. *asteroides* F3b, R5: *T. interdigitale* F3d, UAMH 8546: *T. kraidenii*, CBS 558.66: *T. interdigitale*, CBS 428.63: *T. interdigitale* (Neotyp), IFM 58270: *T. interdigitale*, CD392: *A. vanbreuseghemii*, IHEM19024: *A. vanbreuseghemii*, IHEM14193: *A. vanbreuseghemii*, IHEM19701: *A. vanbreuseghemii*. *Trichophyton interdigitale* (Ti) nach Heidemann et al. (2009): SJEZ5146: *T. interdigitale* Typ III\*, IFM 51386: *T. interdigitale* Typ IV. Typ I und Typ II: anthropophile Isolate, Typ III, Typ III\*, Typ IV: zoophile Isolate (Heidemann et al. 2010).

## Diskussion

Die taxonomische Klassifizierung der Isolate JW062p8, JW063p4, JW063p5, JW063p6, JW063p7, JW067p2, JW067p3, JW067p4, JW067p7, JW067p8, JW075p1, JW075p2, JW075p3, JW075p4, JW075p5, JW075p6 und JW081p4 wurde basierend auf morphologischen und molekularen Daten (ITS und LSU nrDNA Sequenzen und RAPD-Muster) und phylogenetischen Analysen durchgeführt. So entsprachen die beobachteten morphologischen Merkmale, wie die Bildung typischer kugel- bis tropfenförmiger

Mikrokonidien, Spirallyphen, die Koloniemorphologie und die positive Reaktion auf Urease-Agar der Beschreibung von Isolaten des *Trichophyton interdigitale-Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes in der Literatur (Campbell et al. 1996; de Hoog et al. 2014; Gräser et al. 1999b; Gräser et al. 2008; Tietz und Ulbricht 1999). Die Stämme JW062p8, JW063p4, JW063p5, JW063p6, JW063p7, JW067p2, JW067p8, JW075p3, JW075p6 und JW081p4 (Typ I) entsprachen hierbei makro- und mikromorphologisch der „anthropophilen Variante“ und die Isolate JW067p3, JW067p4, JW067p7, JW075p1, JW075p2, JW075p4 und JW075p5 (Typ II) der „zoophilen Variante“ der Art *Trichophyton interdigitale* sensu Gräser (de Hoog et al. 2014; Gräser et al. 2008; Nenoff et al. 2007). Allerdings ist die Kolonie- und Mikromorphologie von Isolaten des *Trichophyton interdigitale-Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes generell sehr heterogen und zudem neigen Isolate des Komplexes bei häufiger Subkultivierung zur Degeneration charakteristischer morphologischer Elemente, wie Ausbildung und Anzahl der Konidien und zu einem Wechsel der Kolonietextur von pudrig zu wattig wollig (Georg 1954; Heidemann et al. 2010; Tietz und Ulbricht 1999). Zudem konnte durch Georg (1954) in experimentellen Infektionsversuchen gezeigt werden, dass die für anthropophile Isolate (*Trichophyton interdigitale*) typische Kolonie- und Mikromorphologie durch mehrmalige Passage in Meerschweinchen in eine für zoophile Isolate (*Trichophyton mentagrophytes* sensu Kano) typische Kolonie- und Mikromorphologie umgewandelt werden kann, weshalb eine taxonomische und epidemiologische Differenzierung von Isolaten dieser Gruppe allein basierend auf morphologischen Merkmalen nicht möglich ist (Georg 1954). Nach Heidemann et al. (2010) können anthropophile und zoophile Stämme von *T. interdigitale* sensu Gräser allerdings anhand charakteristischer ITS nrDNA Sequenzpolymorphismen unterschieden werden (Heidemann et al. 2010).

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzen der Isolate mit öffentlich verfügbaren Sequenzdaten zeigte eine Übereinstimmung von 99 - 100 Prozent mit Sequenzen von Stämmen verschiedener Arten des *Trichophyton interdigitale-Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes, wie *Trichophyton interdigitale*, *Trichophyton mentagrophytes*\* und weiteren Sequenzen von Stämmen die unter verschiedenen mit *T. interdigitale* synonymisierten Namen, wie *Trichophyton candelabrum*, *Trichophyton krajenii* und *Trichophyton verrucosum* var. *autotrophicum* (Tab. 51-108) in GenBank hinterlegt wurden und unterstützt so die Gruppierung der Isolate innerhalb des *Trichophyton interdigitale-Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes.



In phylogenetischen Analysen basierend auf ITS nrDNA-Sequenzdaten wurde aus den Sequenzen der Isolate aus Panama gemeinsam mit Sequenzen anderer Stämme der Arten *T. interdigitale* und *Arthroderma vanbreuseghemii* (*Trichophyton mentagrophytes* sensu Kano) ebenfalls ein gemeinsames, aus zwei Untergruppen mit jeweils moderater Bootstrap-Unterstützung bestehendes Clade gebildet (Abb. 53). Eine der Untergruppen beinhaltet alle als *Trichophyton interdigitale* klassifizierten Stämme, einschließlich des von Gräser et al. (1999) festgelegten Neotyps (CBS 428.63), und die Isolate JW062p8, JW063p4, JW063p5, JW063p6, JW063p7, JW067p2, JW067p3, JW067p7, JW067p8, JW075p1, JW075p3, JW075p4, JW075p5, JW075p6 und JW081p4. Die zweite Untergruppe beinhaltet als *Arthroderma vanbreuseghemii* („*Trichophyton mentagrophytes*“) klassifizierte Isolate und die im Rahmen dieser Arbeit als Referenzstämme für die Art „*Trichophyton mentagrophytes*“ verwendeten Stämme R2 und R3 (Abb. 53). Die phylogenetischen Analysen unterstützen ebenfalls die Einordnung der Isolate in den *Trichophyton interdigitale*-*Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplex und zeigten die genetische Assoziation der Isolate aus Panama mit dem Neotypen der Art *T. interdigitale* (CBS 428.63) sensu Gräser.

Die in PCR-Reaktionen unter Verwendung eines DNA-Abschnitts von etwa 1.400 bp Länge bestehend aus der ITS-Region und der D1/D2-Domäne der nrDNA als Template und der repetitiven Sequenz (GACA)<sub>4</sub> als Primer (Shehata et al. 2008) erzeugten DNA-Fragmente der Isolate JW063p6, JW067p2, JW067p3, JW067p4, JW067p7, JW067p8, JW075p1, JW075p2, JW075p3, JW075p4, JW075p5 und JW081p4 zeigten ein mit denen im Rahmen dieser Untersuchung als Referenzstämme für die Art *Trichophyton interdigitale* verwendeten Isolate übereinstimmendes DNA-Fragment-Muster und somit den gleichen ITS Genotyp (Abb. 54, Tab. 50). Das Isolat JW063p7 zeigte allerdings neben dem für *T. interdigitale* typischem Bandenmuster zusätzlich die Bildung von zwei weiteren DNA-Fragmenten, was möglicherweise auf einen zusätzlichen ITS Genotyp innerhalb der Population der Isolate aus Panama hinweist oder einen Amplifizierungsfehler während der PCR-Reaktion darstellt (Abb. 54, Tab. 50). Interessanterweise bildeten die im Rahmen dieser Untersuchung als „*Trichophyton mentagrophytes*“ verwendeten Referenzstämme, die nach Gräser et al. (2008) ebenfalls der Art *Trichophyton interdigitale* zugeordnet werden, ein von den *T. interdigitale*-Referenzstämmen abweichendes DNA-Fragmentmuster und in phylogenetischen Analysen ebenfalls eine eigene phylogenetische Gruppe, was die Annahme unterstützen würde, dass es sich bei *Trichophyton interdigitale* und *Arthroderma vanbreuseghemii* um genetisch nah miteinander

verwandte, aber unterschiedliche Arten handeln könnte (Beguin et al. 2012; Gräser et al. 2008; Kano et al. 2012; Symoens et al. 2011).

Der direkte Vergleich des Alignments der ITS nrDNA Sequenzen verschiedener Stämme des *Trichophyton interdigitale*-*Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes, unter Einbezug von durch Heidemann et al. (2010) charakterisierter DNA Sequenzen zoophiler und anthropophiler Isolate der Art *Trichophyton interdigitale* sensu Gräser zeigte nur geringe Unterschiede in den Sequenzen der untersuchten Stämme (Abb. 55, 56). So unterscheiden sich die DNA-Abschnitte der Isolate JW062p8, JW063p4, JW063p5, JW063p6, JW063p7, JW067p2, JW067p3, JW067p7, JW067p8, JW075p1, JW075p3, JW075p4, JW075p5, JW075p6 und JW081p4 von den *Arthroderma vanbreuseghemii*-Stämmen IHEM 14193 und IHEM 19701, den Referenzstämmen und weiteren als *Trichophyton mentagrophytes* (*Arthroderma vanbreuseghemii*) klassifizierten Isolaten entsprechend der Beobachtung von Heinemann et al. (2010) nur durch Einzel-DNA-Polymorphismen (Heidemann et al. 2010). So wiesen die DNA-Sequenzen der Stämme R2, R3, IFM 58270, CD392 und IHEM 19024 eine Substitution an Position 9 des Alignments, ein Adenin anstatt eines Guanins, und eine weitere Substitution, ein Adenin anstatt eines Cytosins, an Position 106 auf (Abb. 55) und zeigten damit das nach Heidemann et al. (2010) für *T. interdigitale* Typ III\*, eine Subgruppe innerhalb der zoophilen Isolate, charakteristische DNA-Substitutionsmuster (Heidemann et al. 2010). Das Substitutionsmuster der Stämme IHEM 14193 und IHEM 19701 entsprach dem von Heidemann et al. (2010) beschriebenen Genotypen Typ IV, wobei die DNA-Sequenzen nicht die charakteristische Insertion eines Adenins (Position 217, Abb. 55) aufwiesen (Heidemann et al. 2010). Die DNA-Sequenzen der Isolate JW062p8, JW063p4, JW063p5, JW063p6, JW063p7, JW067p2, JW067p3, JW067p7, JW067p8, JW075p1, JW075p3, JW075p4, JW075p5, JW075p6 und JW081p4 lassen sich nach Heidemann et al. (2010) dem Substitutionsmuster des ITS nrDNA Genotyps II von *Trichophyton interdigitale* und somit der anthropophilen Genlinie der Art *T. interdigitale* zuordnen (Heidemann et al. 2010). Allerdings unterscheidet sich der Stamm JW081p4 durch die Insertion eines Cytosins an Position 561, die Isolate JW063p4, JW063p5, JW063p6, JW063p7 durch eine weitere Basensubstitution an Position 433, ein Thymin anstatt eines Cytosins, der Referenzstamm R2 (*T. mentagrophytes*) durch drei weitere Insertionen, ein Cytosin an Position 35 und 93 und ein Thymin an Position 117, der Stamm R1 (*T. interdigitale* var. *nodulare*) durch die Insertion eines Thymins an Position 598 und der Stamm R5 (*T. interdigitale*) durch die Insertion eines Cytosins an Position 35, von

den durch Heidemann et al. (2010) beschriebenen ITS Genotypen (Abb. 55, 56). Zudem wurde durch Anzawa et al. (2011) gezeigt, dass innerhalb des *Trichophyton interdigitale*-*Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes eine bestimmte Koloniemorphologie, die Varianz der morphologischen Merkmale, die Isolationsquelle eines Stammes oder die sexuelle Kompatibilität und Kompetenz nicht an einen spezifischen ITS Genotyp geknüpft sind und die Varianz der ITS nrDNA Sequenz innerhalb des *Trichophyton interdigitale*-*Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes größer ist als von Heidemann et al. (2010) beschrieben (Anzawa et al. 2011; Heidemann et al. 2010). Somit kann eine epidemiologische Klassifizierung in anthropophile bzw. zoophile Genlinien und die Unterscheidung unterschiedlicher Arten basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten nicht unterstützt werden (Anzawa et al. 2011). Zudem wurde durch Kawasaki et al. (2008) gezeigt, dass die phylogenetische Position von Isolaten des *Trichophyton interdigitale*-*Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes in Abhängigkeit von der verwendeten Genregion variieren kann und somit alleine basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten keine ausreichend stabilen taxonomischen Schlussfolgerungen in Bezug auf die Artabgrenzung des *Trichophyton interdigitale*-*Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes getätigt werden können (Kawasaki et al. 2008). In Kreuzungsexperimenten von *Trichophyton rubrum* mit *Arthroderma simii* durch Anzawa et al. (2010) und *Arthroderma vanbreuseghemii*, *Arthroderma simii* und *Arthroderma benhamiae* durch Kawasaki et al. (2010) konnten erfolgreich fertile Hybriden der Kreuzungspartner gebildet und somit der Austausch von Genen zwischen allen verwendeten Isolaten nachgewiesen werden (Anzawa et al. 2010; Kawasaki et al. 2010). Diese Beobachtungen zeigen, dass das Artkonzept innerhalb der Gattung *Trichophyton* und im speziellen des *Trichophyton interdigitale*-*Arthroderma vanbreuseghemii*-Komplexes wahrscheinlich auf einer Überklassifizierung der entsprechenden Isolate beruht und unter Beteiligung von molekularen, physiologischen und biologischen Daten, wie sexuelle Kompatibilität und Kompetenz, einer erneuten Revision unterzogen werden sollte. Trotz des international umstrittenen taxonomischen Status der Art *Trichophyton interdigitale* wurden die Isolate JW062p8, JW063p4, JW063p5, JW063p6, JW063p7, JW067p2, JW067p3, JW067p4, JW067p7, JW067p8, JW075p1, JW075p2, JW075p3, JW075p4, JW075p5, JW075p6 und JW081p4 entsprechend der aktuell in Deutschland in der medizinischen Mykologie verwendeten Nomenklatur als *T. interdigitale* klassifiziert (de Hoog et al. 2014; Gräser et al. 2008; Nenoff et al. 2007).

*Trichophyton (mentagrophytes* var.) *interdigitale* ist als der zweithäufigste Verursacher von Haut- und Nagelmykosen des Menschen dokumentiert worden und wurde insgesamt in 12,8 Prozent (n = 5) der untersuchten Läsionen mit positiven Kultivierungsergebnissen nachgewiesen. Nur bei einer der Läsionen wurden aus dem gesammelten Probenmaterial lediglich Stämme der Art *T. interdigitale* isoliert (JW075P), während aus dem Material der restlichen Proben mehrere Pilze kultiviert wurden. So konnten aus dem Material der Probe JW062P 13 weitere Pilzstämme isoliert werden, vier Stämme des Dermatophyten *Trichophyton rubrum* (JW062p4, JW062p12, JW062p13, JW062p14), drei Isolate der Art *Curvularia lunata* (JW062p2, JW062p3, JW062p9), ein Isolat der Art *Curvularia geniculata* (JW062p11), zwei Stämme der Gattung *Verticillium* (JW062p6, JW062p7) und drei sterile Isolate (JW062p1, JW062p5, JW062p10). Aus dem gesammelten Material der Probe JW063P wurden zusätzlich ein Stamm der Gattung *Candida* (JW063p1), ein Isolat der Art *Aspergillus versicolor* (JW063p2) und ein steriles Myzel (JW063p3) isoliert. Aus dem Probenmaterial der Läsion JW067P wurden neben fünf Stämmen von *T. interdigitale*, zwei Kultivate des Dermatophyten *T. rubrum* (JW067p1, JW067p6), ein Isolat der Art *Cladosporium sphaerospermum* (JW067p5) und zwei sterile Isolate (JW067p9, JW067p10) kultiviert. Aus dem Material der Probe JW081P konnten zusätzlich ein Stamm des Dermatophyten *T. rubrum* (JW081p3), zwei Stämme der Gattung *Acremonium* (JW081p2, JW081p11), ein Isolat der Art *Aspergillus sclerotiorum* (JW081p7), zwei Isolate der Art *Fusarium solani* (JW081p9, JW081p10) und vier sterile Isolate (JW081p1, JW081p5, JW081p6, JW081p8) kultiviert werden.

Bei den untersuchten Läsionen handelte es sich um chronische Mykosen, die überwiegend als das Ergebnis einer Infektion der Haut oder des Nagels durch *Trichophyton interdigitale* betrachtet werden können. Allerdings konnte bei drei der untersuchten Mykosen (JW062P, JW067P, JW081P) eine Mischinfektion mit dem Dermatophyten *Trichophyton rubrum* nachgewiesen werden.

Der Großteil der weiteren Pilzisolat ist wahrscheinlich eher als eine Kontamination des gesammelten Probenmaterials bzw. der Läsion zu betrachten, obwohl eine sekundäre Besiedlung von chronischen Haut- und Nagelmykosen durch opportunistische, keratinophile Pilze wie z.B. Arten der Gattung *Acremonium* (JW081p2, JW081p11), *Aspergillus* (JW063p2, JW081p7) oder *Fusarium* (JW081p9, JW081p10) nicht ausgeschlossen werden kann (de Hoog et al. 2014; Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012; Hilmioğlu-Polat et al. 2005; Hwang et al. 2012; Summerbell et al. 2005; 2012). Für eine abschlie-

ßende pathologische Bewertung der isolierten opportunistischen Pilzstämmen, müssten allerdings weitere Probennahmen der entsprechenden Läsionen durchgeführt werden (Daniel et al. 1998; Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012; Summerbell et al. 2005).

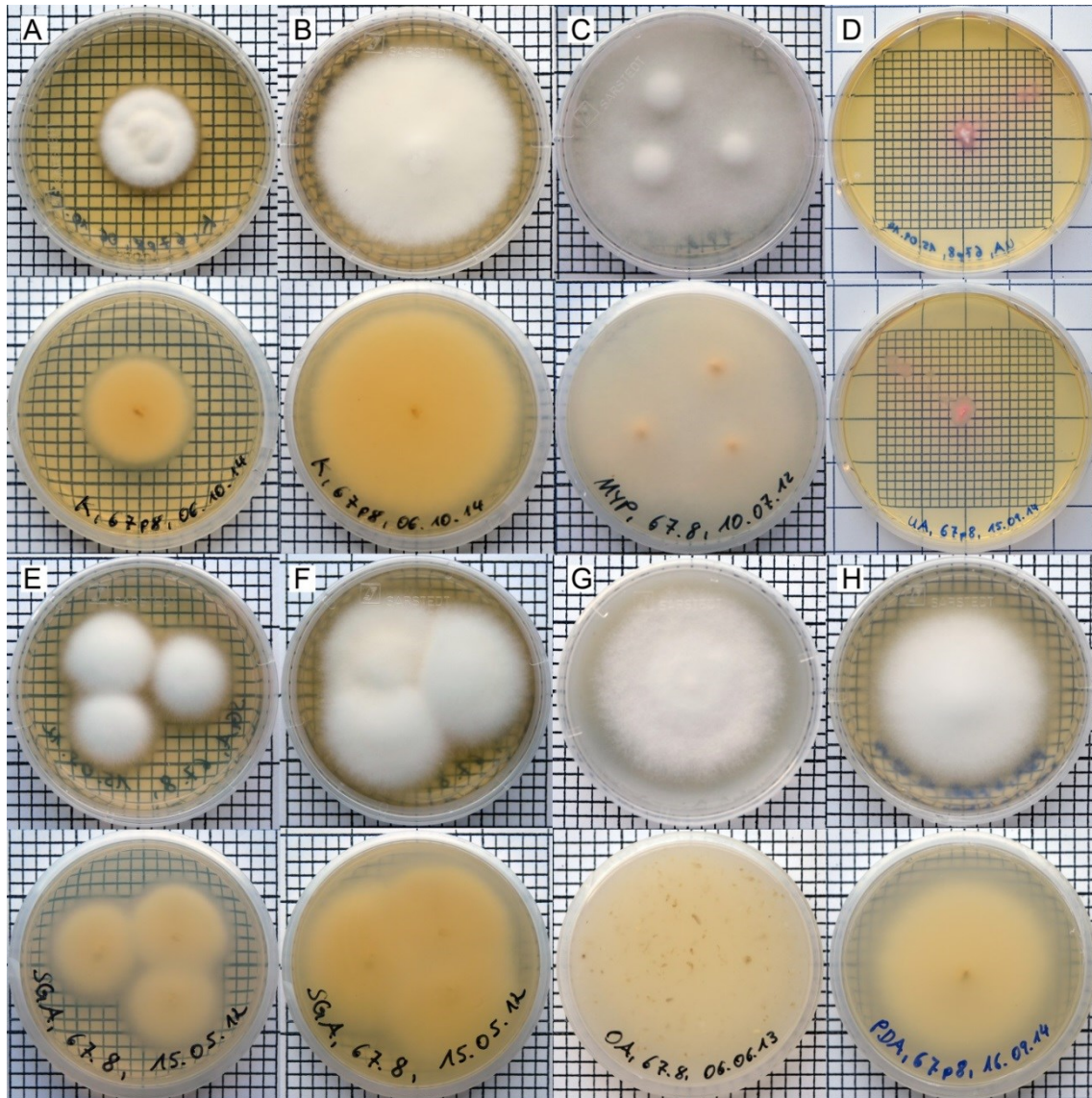


Abbildung 57: Kulturen von *Trichophyton interdigitale* Typ I (JW067p8) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (7 d). B: Kimmig-Agar (14 d). C: MYP (14 d). D: UA (14 d). E: SGA (7 d). F: SGA (14 d). G: OA (10 d). H: PDA (14 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

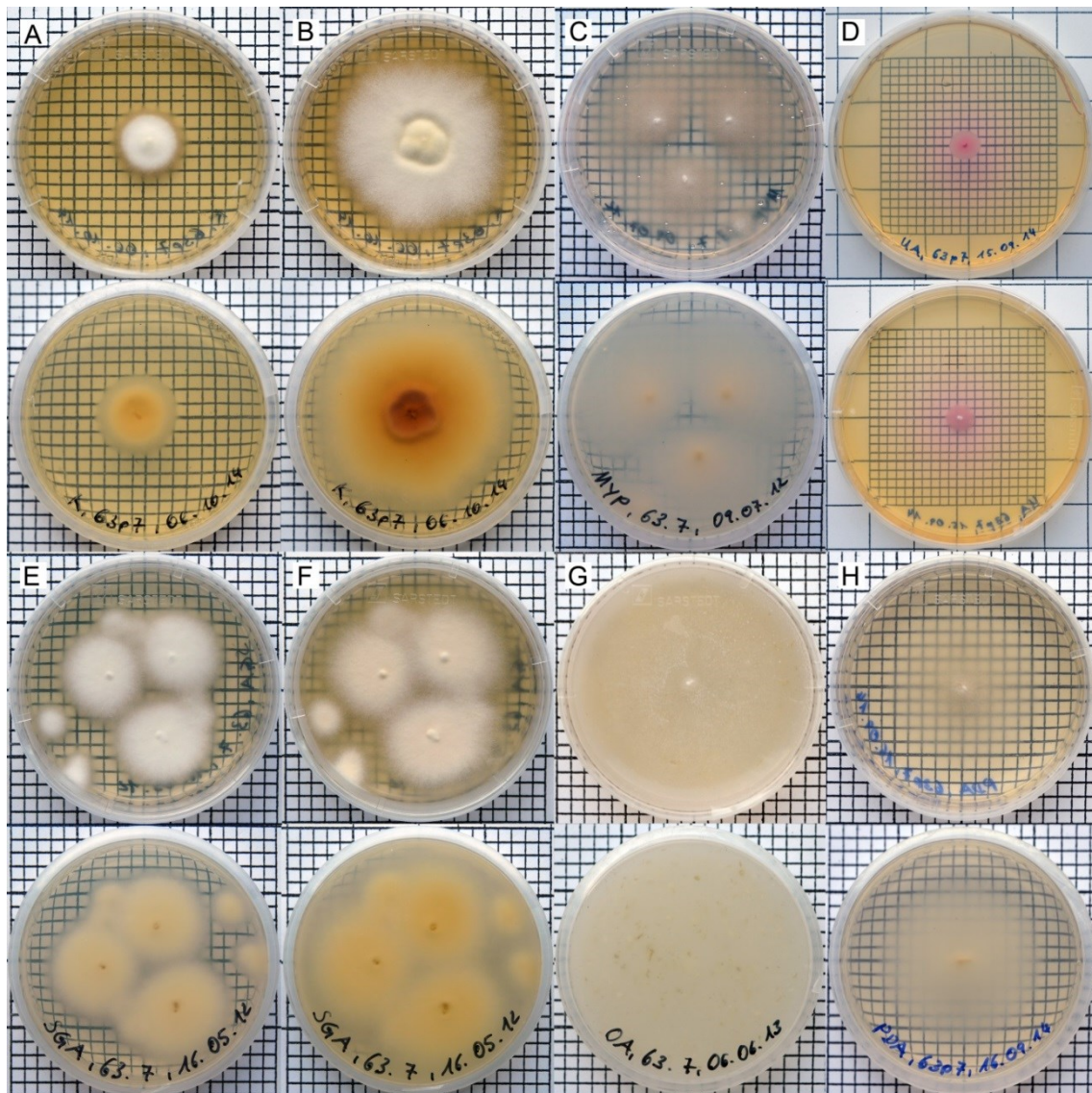


Abbildung 58: Kulturen von *Trichophyton interdigitale* Typ I (JW063p7) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (7 d). B: Kimmig-Agar (14 d). C: MYP (14 d). D: UA (14 d). E: SGA (7 d). F: SGA (14 d). G: OA (10 d). H: PDA (14 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

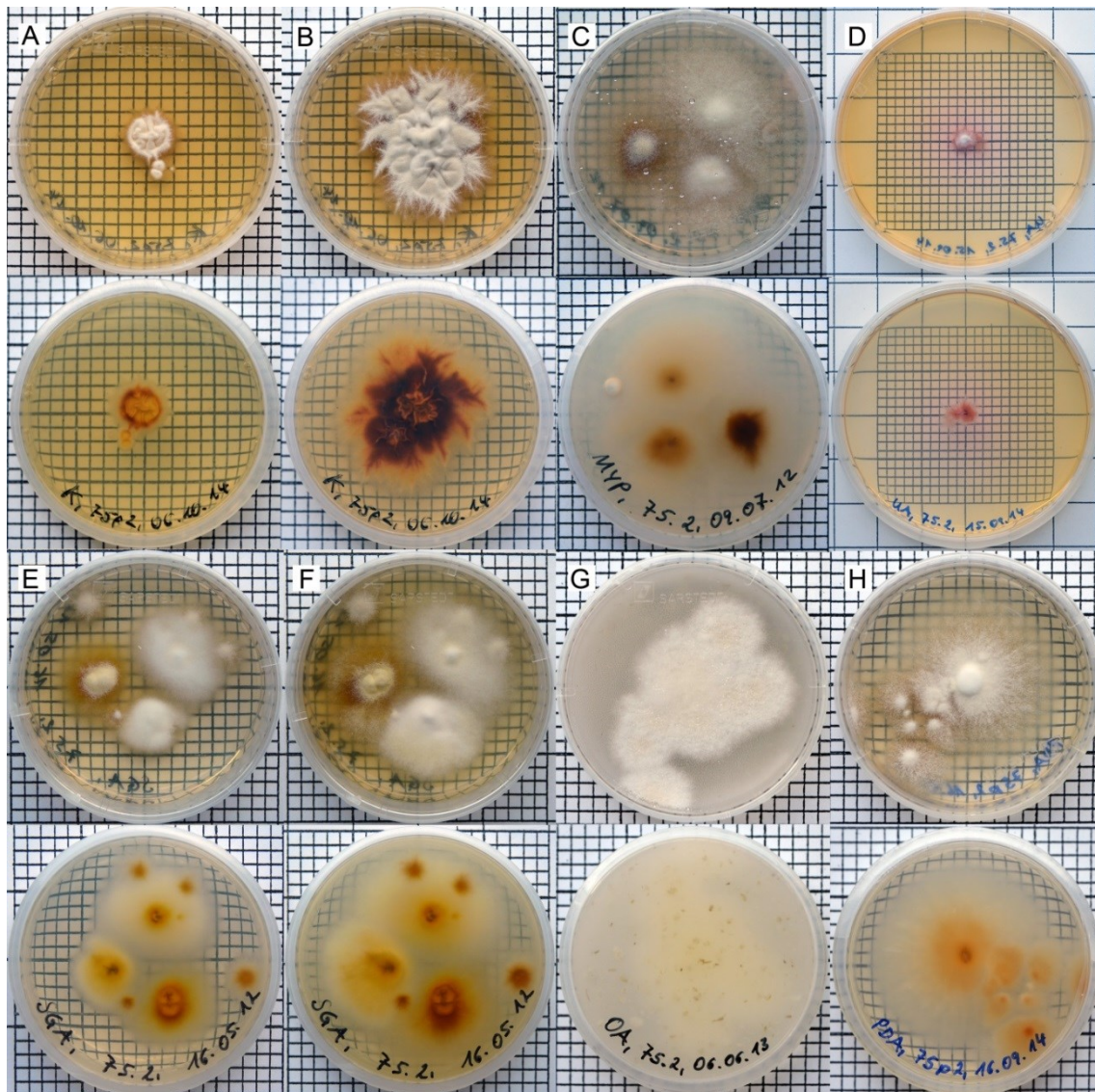


Abbildung 59: Kulturen von *Trichophyton interdigitale* Typ II (JW075p2) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (7 d). B: Kimmig-Agar (14 d). C: MYP (14 d). D: UA (14 d). E: SGA (7 d). F: SGA (14 d). G: OA (10 d). H: PDA (14 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

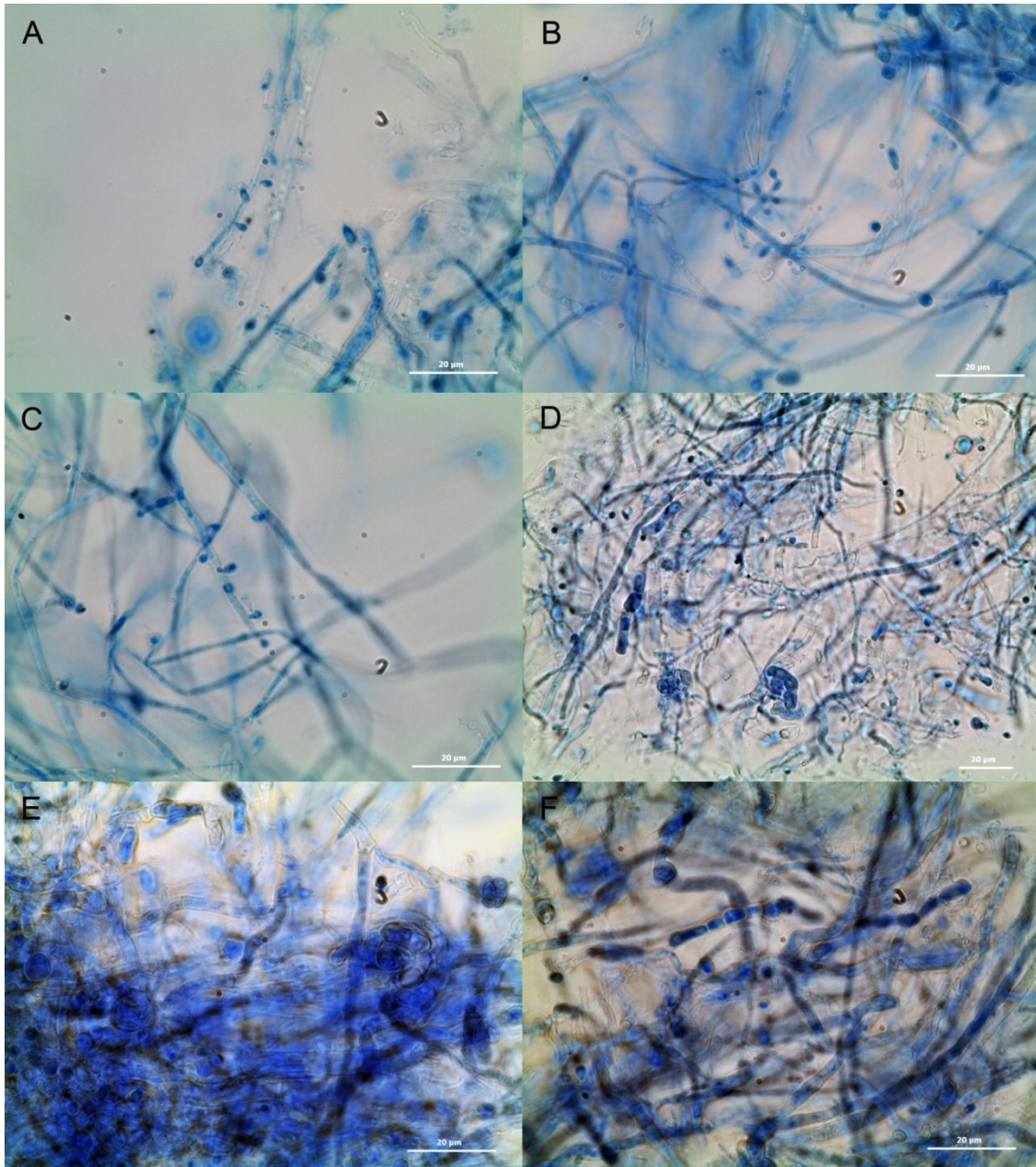
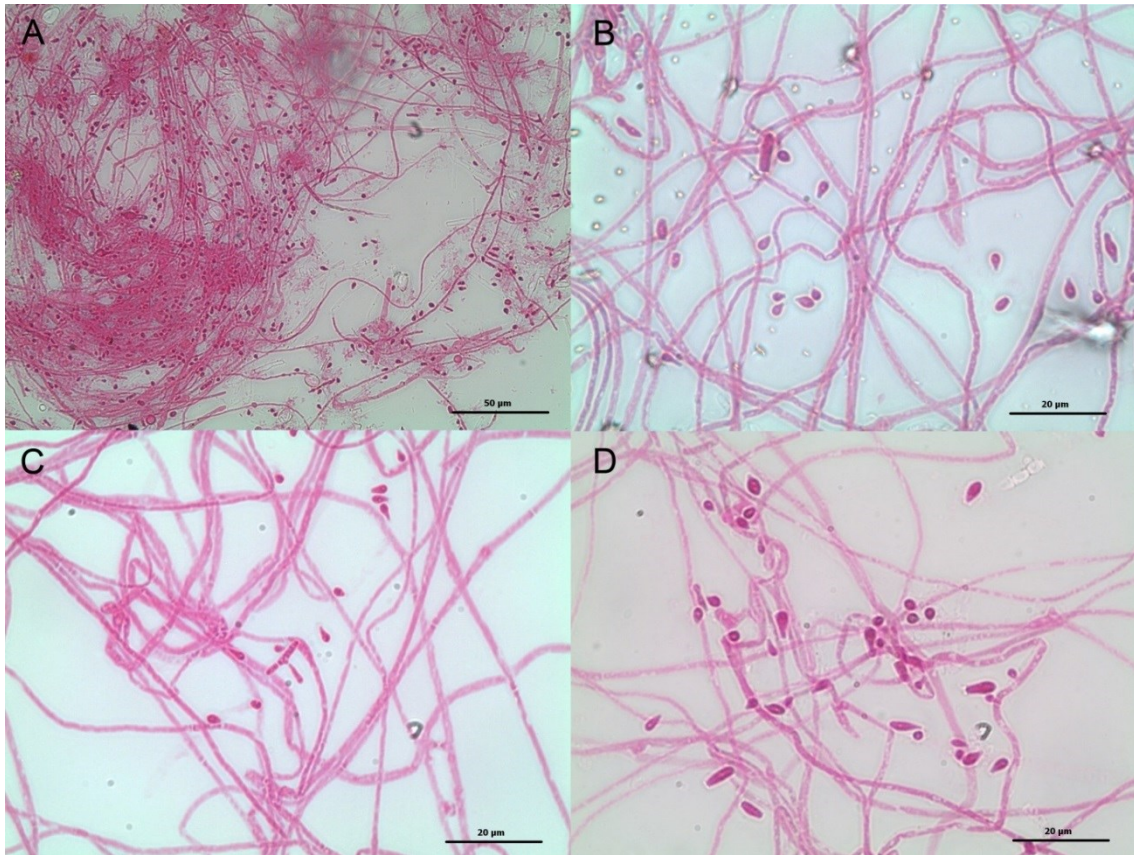


Abbildung 60: Mikromorphologische Strukturen von *Trichophyton interdigitale* Typ I (JW063p7). A-C: Hyphen mit Mikrokonidien. D-E: Knoten-artige Strukturen vegetativer Hyphen. F: Arthrokonidien. A-F: Gefärbt mit Baumwollblau in Lactophenol-Lösung. Maßstab = 20 µm.





**Abbildung 61: Mikromorphologische Strukturen von *Trichophyton interdigitale* Typ I (JW067p8).  
A: Hyphen mit Mikrokonidien. B-D: Freie Mikrokonidien. A-D: Gefärbt mit Phloxin. A: Maßstab  
= 50 µm, B-D: Maßstab = 20 µm.**

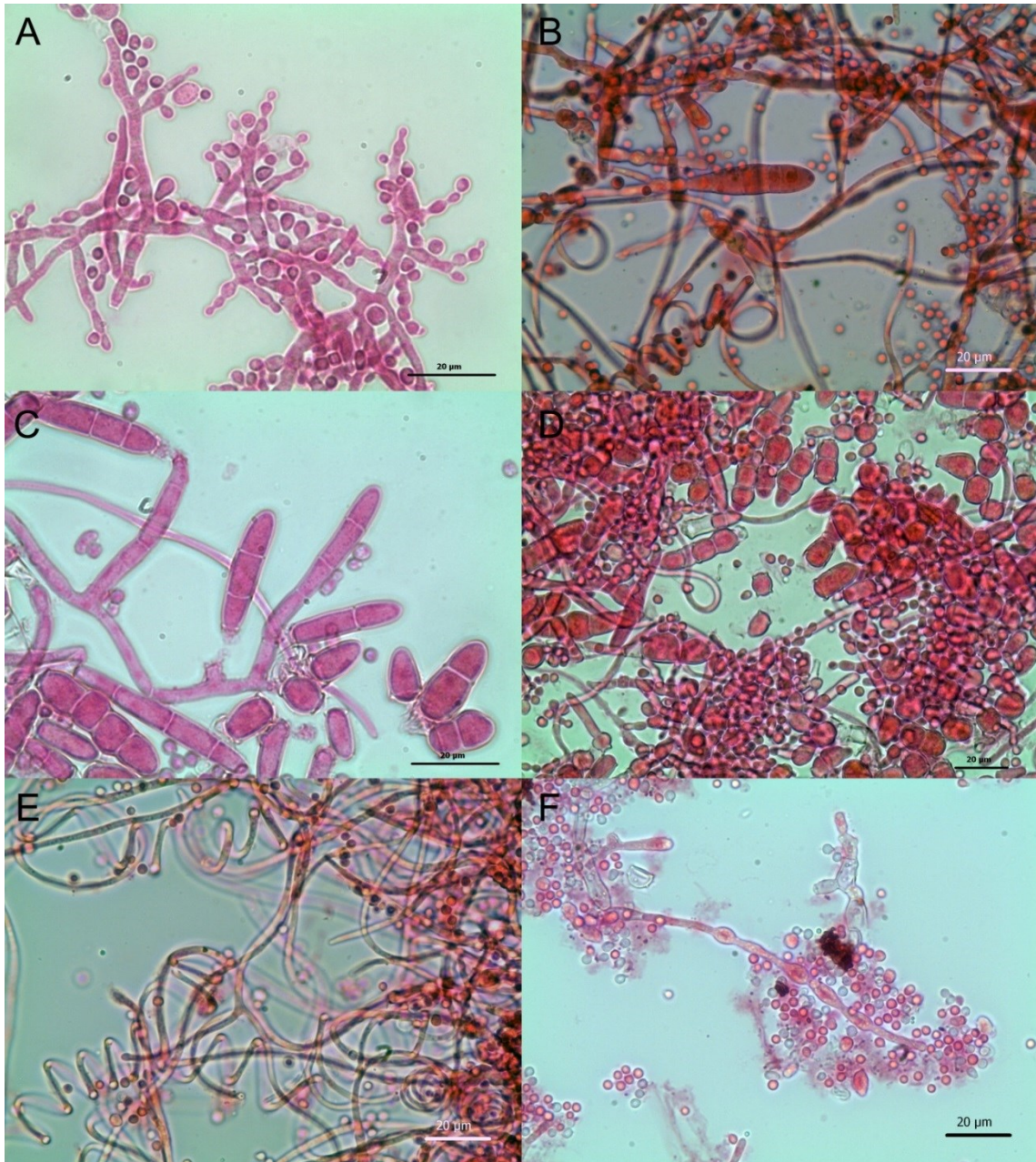


Abbildung 62: Mikromorphologische Strukturen von *Trichophyton interdigitale* Typ II (JW067p7). A: Hyphen mit Mikrokonidien in Botrytis-Form. B-C: Makrokonidien. D: Makrokonidien in Chlamydosporen-artige Zellen zerfallend. E: Spiralyphen. F: Chlamydosporen-artige Zellen an vegetativem Myzel. A-F: Gefärbt mit Phloxin. Maßstab = 20 µm.

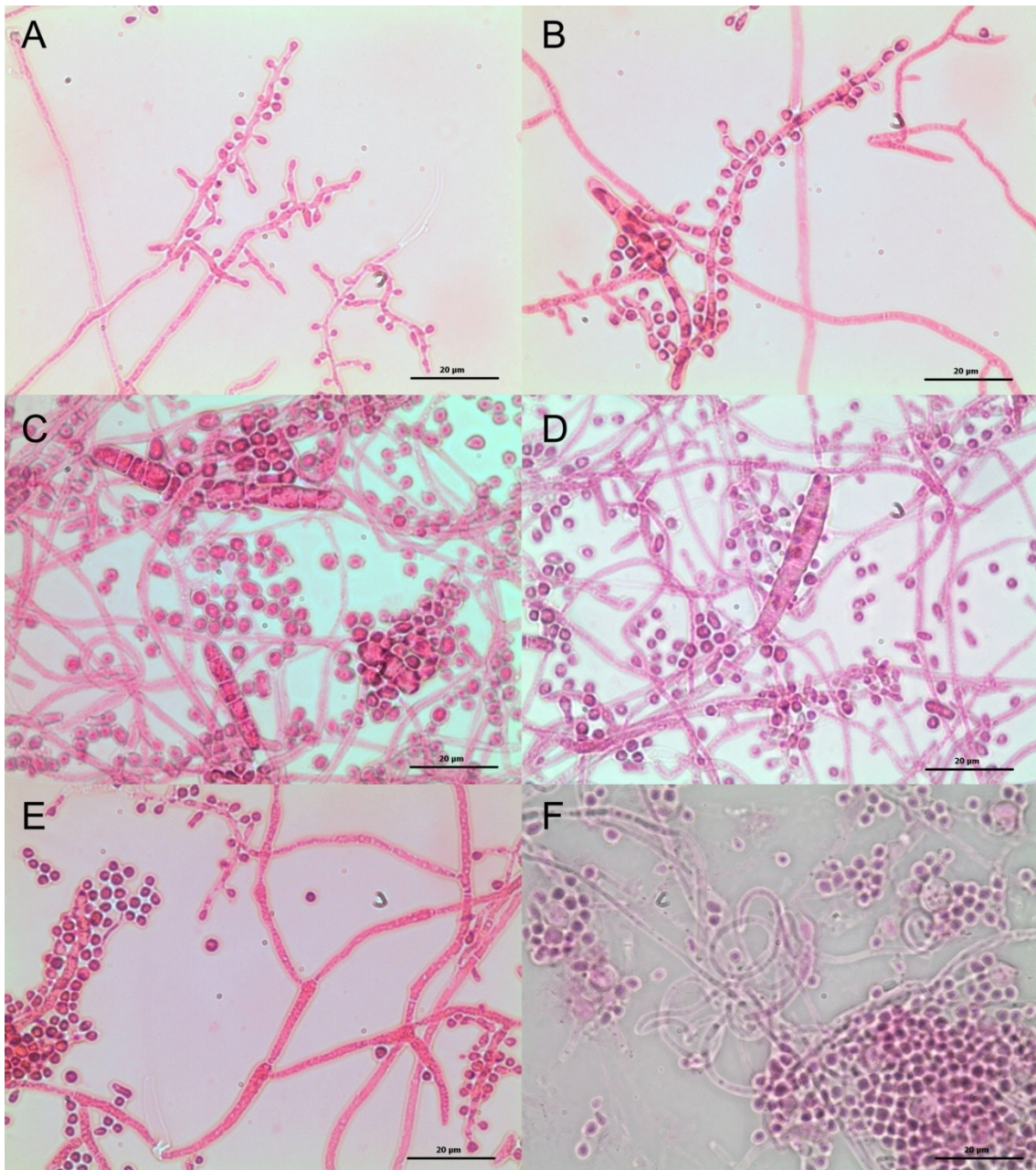


Abbildung 63: Mikromorphologische Strukturen von *Trichophyton interdigitale* Typ II (JW075p1). A-B: Hyphen mit Mikrokonidien. C-D: Makrokonidien. E: Racket-Myzel. F: Spiralhyphen. A-F: Gefärbt mit Phloxin. Maßstab = 20 µm.

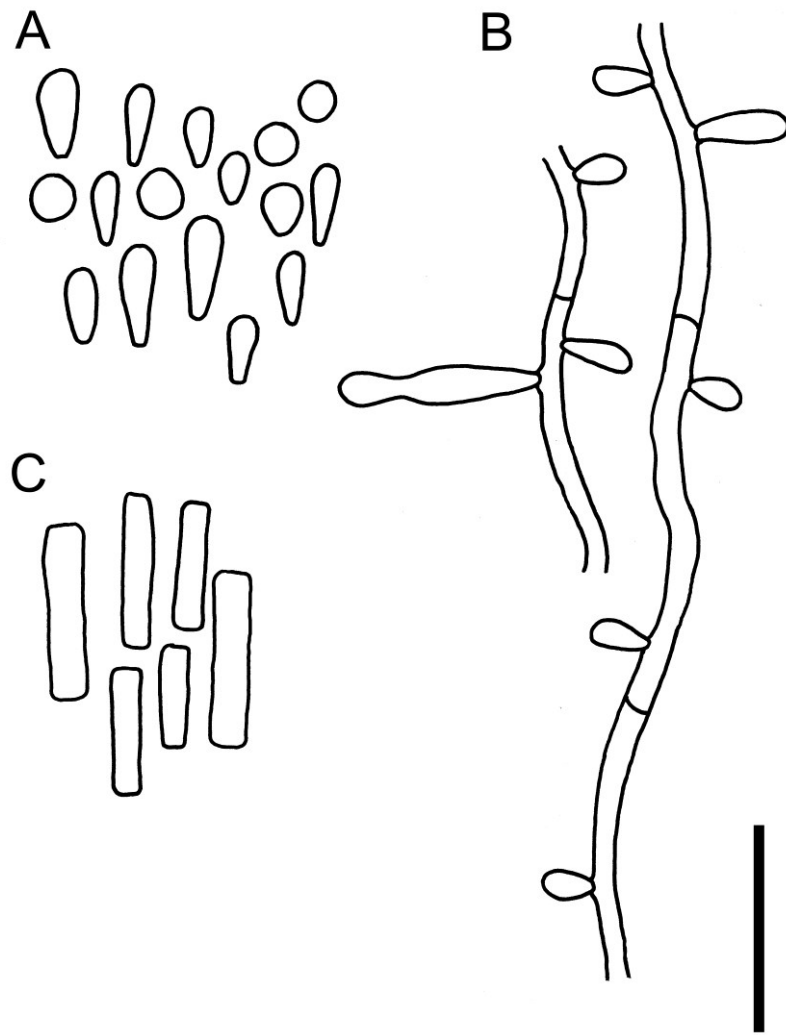


Abbildung 64: *Trichophyton interdigitale* (Typ I). A: Mikrokonidien. B: Mikrokonidien entlang undifferenzierter Hyphen. C: Arthrokonidien. Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ .

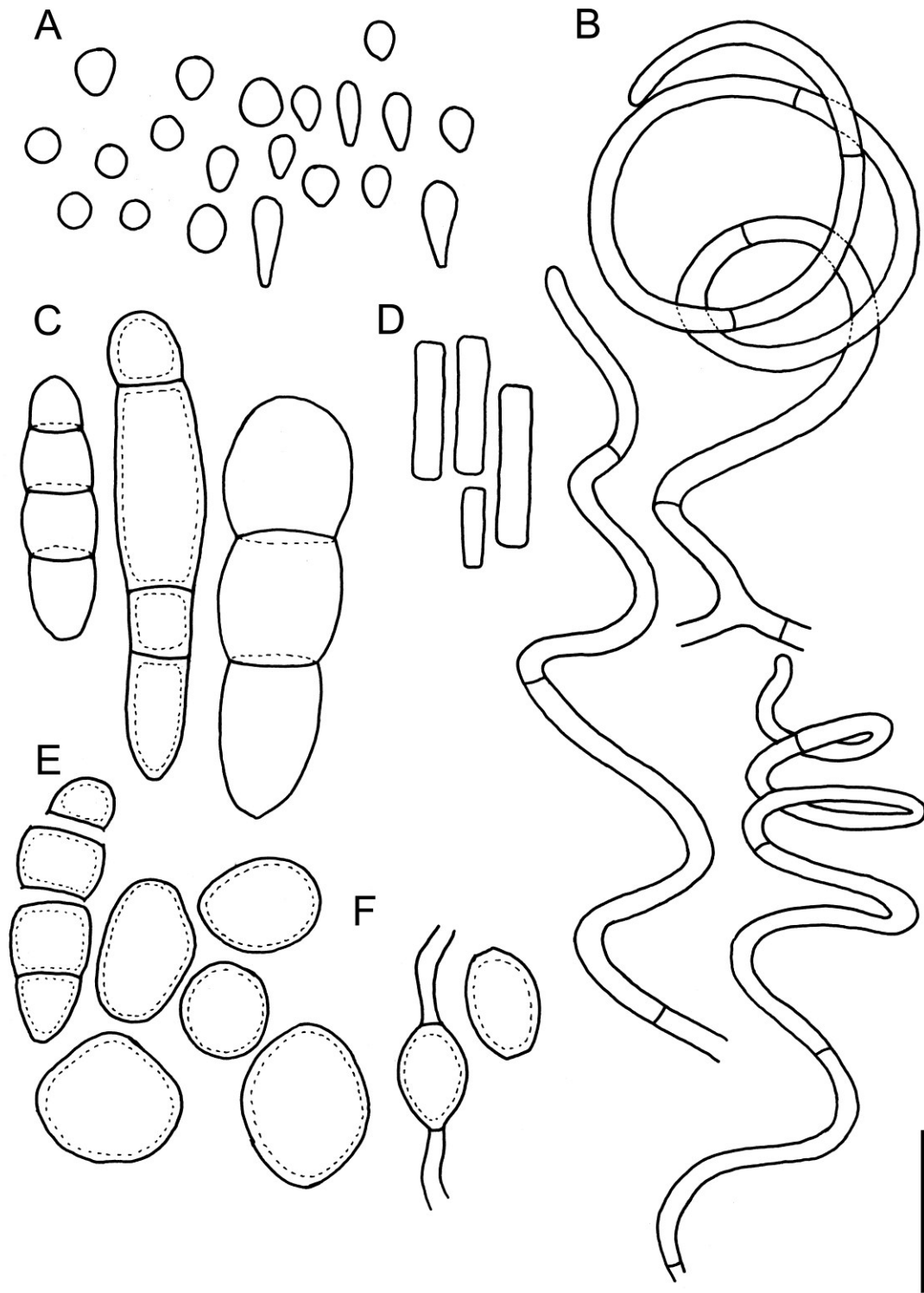


Abbildung 65: *Trichophyton interdigitale* (Typ II). A: Mikrokonidien. B: Spirallyphen. C: Makrokonidien. D: Arthrokonidien. E: Makrokonidien, in Chlamydosporen-artige Zellen zerfallend und freie Chlamydosporen. F: Chlamydosporen-artige Zellen an vegetativen Hyphen. Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ .

***Trichophyton rubrum*** (Castell.) Sabour.

**Abb. 66-72**

In: Ajello (1968) Sabouraudia 6: 147-59: *Trichophyton rubrum* (Castell.) Sabour., Trichophytic eruption caused by the *Trichophyton rubrum* of Castellani (*Epidermophyton purpureum*, Bang). British Journal of Dermatology 23 (1911): 389-390.

In: Index of Fungi, Petrak's Supplement 160 (1930-1939): *Trichophyton rubrum* (Castell.) Semon, Tinea unguium. British Journal of Dermatology 34 (1922): 397-400.

Teleomorph-Stadium: unbekannt. Anzawa et al. (2010) zeigten in experimentellen Kreuzungsversuchen mit Teststämmen der Arten *Arthroderma simii* und *Trichophyton rubrum* erfolgreich die Bildung von Hybrid-Stämmen und damit die genetische Kompatibilität der untersuchten Stämme (Anzawa et al. 2010).

Basionym:

***Epidermophyton rubrum*** Castell., Philipp. J. Sci., B, Med. Sci. 5 (1910): 203.

Synonyme:

***Epidermophyton lanoroseum*** MacCarthy, Ann. Dermatol. Syph. (1925): 53.

***Epidermophyton pernettii*** Castell., Br. J. Derm. Syph. (1910): 148.

***Epidermophyton plurizoniforme*** MacCarthy, Ann. Dermatol. Syph. (1925): 37.

***Epidermophyton purpureum*** (H. Bang) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals 3 (1935): 485.

***Epidermophyton rubrum*** Castell., Philipp. J. Sci., B, Med. Sci. 5 (1910): 203.

***Sabouraudiella rubra*** (Castell.) Boedijn, Mycopath. Mycol. appl. 6 (1953): 125.

***Sabouraudites ruber*** (Castell.) M. Ota & Langeron, Anns Parasit. hum. comp. 1 (1923): 328.

***Sabouraudites ruber* var. *albus*** T. Hashim., Irizawa & M. Ota ex Nann., Trattato di Micopatologia Umana (Firenze) 4 (1934): 168.

***Sabouraudites ruber* var. *blanche*** T. Hashim., Irizawa & M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 30 (1930): 1.

***Sabouraudites ruber* var. *ruber*** (Cazalbou) Nann., Repertorio sistematico dei miceti dell'uomo e degli animale Siena 4 (1934): 171.

***Trichophyton circonvolutum*** Sabour., Maladies du Cuir Chevelu 3 (1910): 320.

***Trichophyton coccineum*** Y. Katô, Trans. 6th Congr. Far East Assoc. Trop. Med., Tokyo (1925): 861.

***Trichophyton fischeri*** J. Kane, Sabouraudia 15 (1977): 239.

***Trichophyton fluviomuniense*** Pereiro, Sabouraudia 6 (1968): 315.

***Trichophyton gourvilii* var. *intermedium*** Biguet et al., Anns Parasitol. Humaine Comp. (1960): 419.

***Trichophyton kagawaense*** H. Fujii, Jap. J. Dermatol. Urol. (1931): 305-357.

***Trichophyton kanei*** Summerb., Mycotaxon 28 (1987): 511.

***Trichophyton kuryangei*** Vanbreus. & S.A. Rosenthal, Anns Parasit. hum. comp. 36 (1961): 802.

***Trichophyton marginatum*** Muijs, Ned. Tijdschr. Geneesk. (1921): 2205.

- Trichophyton megninii* R. Blanch., Traité de Pathologie Générale 2 (1895): 915.
- Trichophyton multicolor* O. Magalh. & J.A. Neves, Memórias do Instituto Oswaldo Cruz 20 (1927): 271.
- Trichophyton pedis* M. Ota, Bull. Soc. Pathol. Exot. (1922): 594.
- Trichophyton pervesii* [als „pervesi“] Catanei, Archives de l'Institut Pasteur d'Algerie 15 (1937): 267.
- Trichophyton purpureum* H. Bang, Ann. Dermatol. Syph. (1910): 238.
- Trichophyton raubitschekii* J. Kane, Salkin, Weitzman & Smitka, Mycotaxon 13 (1982): 260.
- Trichophyton rodhainii* Vanbreus. [als „rodhaini“], Annl. Parasit. hum. comp. 24 (1949): 244.
- Trichophyton rosaceum* Sabour., Annals Derm. Syph. 5 (1894): 92.
- Trichophyton roseum* E. Bodin, Les champignons parasites de l'homme (1902): 120.
- Trichophyton rubidum* Priestley, Med. J. Aust. (1917): 474.
- Trichophyton rubrum* var. *flavum* Szilagyi & Reiss, Mycopath. Mycol. appl. 36 (1968): 193.
- Trichophyton rubrum* var. *nigricans* Frágner, Česká Mykol. 20 (1966): 27.
- Trichophyton rubrum* var. *oceanicum* Domp., Drouhet & C. Moreau, Bull. Soc. fr. Derm. Syph. 82 (1976): 426.
- Trichophyton rubrum* var. *rodhainii* (Vanbreus.) Armijo & J.-M. Lachapelle, Annales de Dermatologie et de Venereologie 108 (1981): 990.
- Trichophyton rubrum* var. *rubrum* (Castell.) Sabour., Brit. J. Dermatol. 23 (1911): 389. (nicht verfügbar).
- Trichophyton vinosum* Sabour., Maladies du Cuir Chevelu 3 (1910): 386.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Eurotiomycetes

Unterklasse: Eurotiomycetidae

Ordnung: Onygenales

Familie: Arthrodermataceae

Gattung: *Trichophyton*

(Systematik und Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

## Koloniemorphologie

**Kimmig:** erhabene, überwiegend emers, langsam bis moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von 20-30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien rein weiß, creme- oder purpurfarben, samtig haarig bis wattig wollig oder pudrig; ältere Kolonien weiß, gelegentlich mit einer leichten Rosa-färbung oder beige bis rosa gefärbten Ringen und wattiger Oberfläche, oder creme- bzw. purpurfarben, mit samtig pudriger bis pudriger Kolonieoberfläche; Kolonierückseite gelb bis bräunlich oder dunkel rötlich braun, häufig mit einem dunkler gefärbtem Zentrum.

**SGA:** erhabene bis anliegende, submers und emers, langsam bis moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 20-30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolo-

nien weiß, mit wollig haarigem bis wattig wolligem Luftmyzel; ältere Kolonien mit weißem, wollig wattigem Zentrum und leicht rosa pigmentiertem, samtigem bis wollig haarigem Randbereich; Kolonierückseite hell zitronengelb bis gelbbraun oder weinrot bis rotbraun.

**OA:** erhabene, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 40-45 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien rein weiß mit filziger bis wattiger Oberflächentextur, vereinzelt sehr spärlich wachsend; Kolonierückseite gelblich bis rötlich braun.

**MYP:** erhabene, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien rein weiß, mit filzigem, haarigem oder wattigem Luftmyzel, ältere Kolonien weiß bis schwach rosa gefärbt, häufig mit verstärktem submersem Wachstum; Kolonierückseite gelblich bis schwach rosa, gelblich olivbraun oder hell rot bis dunkel weinrot.

**PDA:** erhabene, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von etwa 40 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien rein weiß, mit filzig wattiger Oberfläche; ältere Kolonien weiß bis rosa, wattig, wollig oder filzig, mit Bildung eines hell bis dunkel weinroten Pigments innerhalb von zwei bis sechs Wochen; Kolonierückseite gelblich bis gelblich braunoliv oder rötlich braun bis blutrot oder weinrot.

**Sonstiges:** in der Regel Urease-negativ, allerdings existieren innerhalb der Population von *T. rubrum* auch Urease-positive Stämme (var. *raubitscheckii*). Isolate von *T. rubrum* verlieren häufig nach mehreren Subkultivierungen ihre ursprüngliche Pigmentierung und bilden dann überwiegend weiße und wattige bis samtige Kolonien (de Hoog et al. 2014; Seeliger und Heymer 1981).

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin, septiert, bis 1-3 µm breit, glatt, häufig mit Bildung von Arthrokonidien; Bildung von Mikro- und Makrokonidien, wobei die Bildung der unterschiedlichen Konidientypen reduziert bzw. abhängig vom Stamm und den Kultivierungsbedingungen sein kann; Mikrokonidien einzeln an undifferenzierten Hyphen, hyalin, pyriform bis clavate, glatt, dünnwandig, mit basalem Stumpf, (2) 2,5-5 (6) × 1,5-3 µm; Makrokonidien häufig nicht vorhanden oder nur sehr spärlich ausgebildet, hyalin, zigarrenförmig



bis zylindrisch, glatt, dünnwandig, von variabler Größe, häufig in Einzelzellen zerfallend, (25) 35-50 (60) × 6-8 µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-2; *Trichophyton rubrum* ist als eine der häufigsten Dermatophytenarten und der Hauptverursacher von Onychomykosen und chronischen Mykosen der Haut, wie Tinea pedis, Tinea manuum, Tinea corporis und Tinea cruris dokumentiert. Häufig erfolgt die primäre Infektion im Bereich der interdigital oder plantar Region der Füße und kann bei einem chronischen Verlauf der Infektion auch die Fußnägel befallen oder über mechanische Transmission auf andere Körperteile übertragen werden. *T. rubrum* ist ein saprotropher, keratinolytischer, anthropophiler Dermatophyt mit einer weltweiten Verbreitung (Alteras und Saryt 1979; Alvarez et al. 2004; Brillhante et al. 2005; de Hoog et al. 2014; Havlickova et al. 2008; Maraki et al. 2007; Mügge et al. 2006; Nawal et al. 2012; Ngwogu et al. 2014; Ngwogu und Otokunefor 2007; Nolting und Fegeler 1987; Sabadin et al. 2011; Seebacher et al. 2008; Seeliger und Heymer 1981; Sinski und Flouras 1984; Summerbell et al. 1989).

### **Untersuchtes Material**

**JW035P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (52 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Nagelmykose des großen Zehennagels. Die Probe wurde am 06.09.2009 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 09.11.2009 aus Hautmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW035p2 subkultiviert.

**JW039P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (39 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Nagelmykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Die Probe wurde am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 09.11.2009 aus Hautmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW039p2 subkultiviert.

**JW040P:** Hautproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (45 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Nagelmykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Das Material wurde am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 09.11.2009 aus Hautmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW040p1 subkultiviert.

**JW041P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (65 Jahre) mit einer Tinea pedis des linken Fußes und einer Nagelmykose des großen Zehennagels. Die Probe wurde am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Die Stämme wurden am 09.11.2009 aus Hautmaterial (JW041p1, JW041p2) und Nagelmaterial (JW041p7, JW041p11) auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW041p1, JW041p2, JW041p7 und JW041p11 subkultiviert.

**JW044P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (40 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Nagelmykose des großen Zehennagels. Die Probe wurde am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Die Stämme wurden am 09.11.2009 aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid (JW044p1) und von Probenmaterial auf Medium ohne Cycloheximid (JW044p3) isoliert und als JW044p1 und JW044p3 subkultiviert.

**JW045P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (47 Jahre) mit einer Nagelmykose des Daumens der rechten Hand und des großen und kleinen Zehennagels des rechten Fußes. Die Probe wurde am 16.09.2009 in David, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 09.11.2009 aus Nagelmaterial des großen Zehennagels auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW045p2 subkultiviert.

**JW051P:** Hautmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (25 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes. Die Probe wurde am 17.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Die Stämme wurden am 30.03.2011 aus Hautmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW051p3, JW051p4 und JW051p6 subkultiviert.

**JW056P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (89 Jahre) mit einer Nagelmykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Die Probe wurde am 17.01.2011 in David, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 30.03.2011 aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW056p4 subkultiviert.

**JW057P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (87 Jahre) mit einer Nagelmykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Die Probe wurde am 17.01.2011 in David, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Die Stämme wurden am 31.03.2011 aus Probenmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW057p1 und JW057p2 subkultiviert.

**JW061P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (35 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Nagelmykose des großen Ze-

hennagels. Die Probe wurde am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama gesammelt. Die Stämme wurden am 31.03.2011 aus Haut- (JW061p3, JW061p4) und Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW061p3, JW061p4, JW061p11 und JW061p12 subkultiviert.

**JW062P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (55 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Nagelmykose des großen Zehennagels. Die Probe wurde am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama gesammelt. Die Stämme wurden am 31.03.2011 aus Haut- (JW062p4) und Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW062p4, JW062p12, JW062p13 und JW062p14 subkultiviert.

**JW064P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (27 Jahre) mit einer Nagelmykose des großen Zehennagels des linken Fußes. Die Probe wurde am 22.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama gesammelt. Der Stamm wurde am 31.03.2011 aus Material auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW064p1 subkultiviert.

**JW067P:** Hautproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (34 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Nagelmykose des großen Zehennagels. Die Probe wurde am 26.01.2011 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Die Stämme wurden am 31.03.2011 aus Probenmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW067p1 und JW067p6 subkultiviert.

**JW070P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (40 Jahre) mit einer Nagelmykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Die Probe wurde am 26.01.2011 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Die Stämme wurden am 31.03.2011 aus Probenmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW070p3 und JW070p4 subkultiviert.

**JW074P:** Haut- und Nagelproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (40 Jahre) mit Tinea pedis und einer Nagelmykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Die Probe wurde am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Die Stämme wurden am 31.03.2011 aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit und ohne Cycloheximid isoliert und als JW074p4 und JW074p7 subkultiviert.

**JW081P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (62 Jahre) mit einer Nagelmykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Die Probe wurde am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am

31.03.2011 aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW081p3 subkultiviert.

**JW082P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (26 Jahre) mit einer Nagelmykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Die Probe wurde am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am 31.03.2011 aus Probenmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW082p1 subkultiviert.

### Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der nrDNA Sequenzabschnitte der Isolate JW035p2 (ITS: 728 bp, LSU: 609 bp), JW039p2 (ITS: 706 bp, LSU: 603 bp), JW041p2 (ITS: 646 bp, LSU: 596 bp), JW041p7 (ITS: 718 bp), JW041p11 (ITS: 682 bp, LSU: 555 bp), JW044p1 (ITS: 559 bp, LSU: 484 bp), JW044p3 (ITS: 667 bp, LSU: 553 bp), JW045p2 (ITS: 601 bp, LSU: 569 bp), JW051p3 (ITS: 709 bp, LSU: 597 bp), JW051p4 (ITS: 610 bp, LSU: 596 bp), JW051p6 (ITS: 708 bp, LSU: 592 bp), JW056p4 (ITS: 713 bp, LSU: 600 bp), JW057p1 (ITS: 708 bp, LSU: 405 bp), JW057p2 (ITS: 652 bp, LSU: 459 bp), JW061p3 (ITS: 655 bp), JW061p4 (ITS: 655 bp, LSU: 558 bp), JW061p12 (LSU: 553 bp), JW062p4 (LSU: 609 bp), JW062p12 (ITS: 612 bp), JW062p14 (ITS: 626 bp, LSU: 597 bp), JW064p1 (ITS: 408 bp), JW067p1 (ITS: 714 bp), JW067p6 (ITS: 718 bp, LSU: 563 bp), JW070p3 (ITS: 724 bp, LSU: 399 bp), JW070p4 (ITS: 670 bp), JW074p4 (ITS: 675 bp) und JW074p7 (ITS: 634 bp, LSU: 598 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Art *Trichophyton rubrum* und weiteren unter einem mit *T. rubrum* synonymisierten Namen, wie *Trichophyton fischeri*, *Trichophyton kanei* und *Trichophyton raubitscheckii*, in GenBank interlegten Sequenzen (Tab. 109-198).

**Tabelle 109: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW035p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	99 %	100 % (724/724)	0	AF170459
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	99 %	99 % (721/724)	3	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (IFM 45885)	97 %	100 % (712/712)	0	AJ270805
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 392.58)	97 %	100 % (711/711)	0	Z97993

**Tabelle 110: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW035p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	99 % (607/609)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	99 % (607/609)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	99% (595/597)	0	KF278472
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	97,2 %	99 % (583/586)	0	AY176744

**Tabelle 111: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW035p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 392.58)	97 %	100 % (711/711)	0	Z97993
<i>Trichophyton rubrum</i>	97 %	100 % (711/711)	0	AF168123
<i>Trichophyton rubrum</i>	97,5 %	100 % (710/710)	0	U18352
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 07.306)	86,7 %	99,7 % (706/706)	0	FM178326

**Tabelle 112: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW035p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 517.63)	100 %	99,7 % (607/609)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> var. <i>flavum</i> (CBS 117539)	100 %	99,7 % (607/609)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	100 %	99,7 % (607/609)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 102856)	100 %	99,7 % (607/609)	0	--

**Tabelle 113: BlastSearch Ergebnisse der ITS rDNA Sequenz des Isolates JW039p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	100 %	100 % (706/706)	0	JN831359
<i>Trichophyton rubrum</i> (IFM 45885)	99 %	100% (704/704)	0	AJ270805
<i>Trichophyton rubrum</i>	99 %	100 % (701/701)	0	AF168123
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 392.58)	99 %	100 % (701/701)	0	Z97993

**Tabelle 114: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW039p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	99 %	100 % (597/597)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	99 %	100 % (597/597)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (591/591)	0	KF278472
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	96 %	99 % (581/582)	0	AY176744

**Tabelle 115: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW039p2 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton kanei</i> (UAMH 8538)	100 %	100 % (706/706)	0	AF170460
<i>Trichophyton raubitschekii</i> (UAMH 8545)	100 %	100 % (706/706)	0	AF170468
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 8547)	100 %	100 % (706/706)	0	AF170471
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28188)	100 %	100 % (706/706)	0	AF170472

**Tabelle 116: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW039p2 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115318)	99,2 %	100 % (598/598)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 102856)	99 %	100 % (597/597)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115314)	99 %	100 % (597/597)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	99 %	100 % (597/597)	0	--

**Tabelle 117: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW041p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 14017)	100 %	98 % (634/648)	4	KC254102
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 376.49)	100 %	98 % (633/646)	4	AJ270806
<i>Trichophyton rubrum</i> (774)	100 %	98 % (634/650)	6	JN134065
<i>Trichophyton raubitschekii</i> (NSMC-PFK-001.1)	100 %	98 % (632/648)	6	JX827168

**Tabelle 118: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW041p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	100 % (596/596)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	100 % (596/596)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (590/590)	0	KF278472
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	97 %	99 % (581/582)	0	AY176744

**Tabelle 119: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW041p2 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA 14017)	99,4 %	97,8 % (634/648)	4	KC254102
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 376.49)	99 %	97,9 % (633/646)	4	AJ270806
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 360.62)	90,9 %	97,1 % (622/640)	4	AJ270797
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 19715)	90,9 %	97,1 % (622/640)	4	AM049996

**Tabelle 120: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW041p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> var. <i>flavum</i> (CBS 117539)	99,2 %	100 % (596/596)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	100 %	100 % (596/596)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 102856)	100 %	100 % (596/596)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> var. <i>flavum</i> (CBS 517.63)	100 %	100 % (596/596)	0	--

**Tabelle 121: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW041p7 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	99 %	99 % (712/715)	3	AF170459
<i>Trichophyton rubrum</i> (IFM 45885)	98 %	99 % (709/712)	3	AJ270805
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	99 %	99 % (710/715)	5	AJ270804
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	99 %	99 % (709/715)	6	JX431933

**Tabelle 122: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW041p7 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 1739)	85 %	100 % (611/611)	0	KP132838
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13801)	85 %	100 % (611/611)	0	EU872176
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13716)	85 %	100 % (611/611)	0	FJ356084
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13722)	85 %	100 % (611/611)	0	FJ356085

**Tabelle 123: BlastSearch Ergebnisse der ITS rDNA Sequenz des Isolates JW041p11 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (BMU 01672)	100 %	99 % (679/683)	3	EF631619
<i>Trichophyton raubitschekii</i> (BMU 04334)	100 %	99% (679/683)	3	EU921292
<i>Trichophyton rubrum</i> (IFM 45885)	100 %	99 % (679/683)	3	AJ270805
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	100 %	99 % (679/683)	3	AF170459

**Tabelle 124: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW041p11 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	99 %	100 % (552/552)	0.0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	99 %	100 % (552/552)	0.0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	99 %	99 % (551/552)	0.0	AY176744
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	99 %	100 % (547/547)	0.0	KF278472

**Tabelle 125: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW041p11 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13741)	88,1 %	100 % (601/601)	0	FJ356086
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13722)	88,1 %	100 % (601/601)	0	FJ356085
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 8545)	88,1 %	100 % (601/601)	0	AF170468
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13801)	88,1 %	100 % (601/601)	0	EU872176

**Tabelle 126: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW041p11 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 102856)	99,5 %	100 % (552/552)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115314)	99,5 %	100 % (552/552)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115316)	99,5 %	100 % (552/552)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	99,5 %	100 % (552/552)	0	--

**Tabelle 127: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW044p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (2013131)	100 %	99 % (555/561)	2	KP012334
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.348)	100 %	99 % (555/561)	2	KP132851
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 15030)	100 %	99 % (555/561)	2	KP132849
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHM 2769)	100 %	99 % (555/561)	2	KP132847

**Tabelle 128: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW044p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	99 %	100 % (484/484)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	99 %	100 % (484/484)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	99 %	99 % (483/484)	0	AY176744
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (477/477)	0	KF278472

**Tabelle 129: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW044p1 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (M1001 5782)	100 %	98,9 % (555/561)	2	JX122327
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 8538)	100 %	98,9 % (555/561)	2	AF170460
<i>Trichophyton rubrum</i> (NCPF 295)	100 %	98,9 % (555/561)	2	EU181449
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 8547)	100 %	98,9 % (555/561)	2	AF170471



**Tabelle 130: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW044p1 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 130921)	99,8 %	100 % (484/484)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> var. <i>flavum</i> (CBS 117539)	99,8 %	100 % (484/484)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 130933)	99,8 %	100 % (484/484)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 130929)	99,8 %	100 % (484/484)	0	--

**Tabelle 131: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW044p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 07.306)	100 %	99 % (667/671)	4	FM178326
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 552)	100 %	99% (667/671)	4	AY213689
<i>Trichophyton rubrum</i> (--)	100 %	99 % (667/671)	4	AF168123
<i>Trichophyton fischeri</i> (CBS 288.86)	100 %	99 % (667/671)	4	AJ270793

**Tabelle 132: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW044p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	99 % (553/555)	2	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	99 % (553/555)	2	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	100 %	99 % (552/555)	2	AY176744
<i>Trichophyton raubitscheckii</i> (OMH 6-1286)	100 %	99 % (551/555)	3	AY176743

**Tabelle 133: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW044p3 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.348)	91,9 %	100 % (613/613)	0	KP132851
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	91,9 %	100 % (613/613)	0	GU291266
<i>Trichophyton rubrum</i> (KMU 3332)	91,9 %	100 % (613/613)	0	AB194245
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13801)	91,9 %	100 % (613/613)	0	EU872176

**Tabelle 134: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW044p3 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 392.58)	99,3 %	100 % (549/549)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115317)	98,2 %	100 % (543/543)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115316)	98,2 %	100 % (543/543)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 117539)	98,2 %	100 % (543/543)	0	--

**Tabelle 135: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW045p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.348)	100 %	100 % (601/601)	0	KP132851
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 15030)	100 %	100% (601/601)	0	KP132849
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 2769)	100 %	100 % (601/601)	0	KP132847
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 2745)	100 %	100 % (601/601)	0	KP132846

**Tabelle 136: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW045p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	100 % (596/596)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	100 % (596/596)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (591/591)	0	AY176744
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	98 %	99 % (580/581)	0	AY176744

**Tabelle 137: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW045p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13716)	100 %	100 % (601/601)	0	KP132851
<i>Trichophyton rubrum</i> var. <i>nigricans</i> (CBS 100237)	100 %	100 % (601/601)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 552)	100 %	100 % (601/601)	0	AY213689
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13772)	100 %	100 % (601/601)	0	FJ356085

**Tabelle 138: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW045p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> var. <i>flavum</i> (CBS 17539)	100 %	100 % (596/596)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 102856)	100 %	100 % (596/596)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 517.63)	100 %	100 % (596/596)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115314)	100 %	100 % (596/596)	0	--

**Tabelle 139: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW051p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	99 %	99 % (706/709)	2	AF170459
<i>Trichophyton rubrum</i> (IFM 45885)	99 %	99 % (703/706)	2	AJ270805
<i>Trichophyton rubrum</i>	98%	99 % (699/702)	2	AF168123
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	99 %	99 % (704/709)	4	AJ270804

**Tabelle 140: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW051p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	100 % (597/597)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	100 % (597/597)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (591/591)	0	KF278472
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	98 %	99 % (581/582)	0	AY176744

**Tabelle 141: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW051p3 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 1739)	86,2 %	100 % (611/611)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 2770)	86,2 %	100 % (611/611)	0	KP132848
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 24583)	85,6 %	100 % (607/607)	0	KP132841
<i>Trichophyton raubitscheckii</i> (IHEM 24956)	84,6 %	100 % (600/600)	0	--

**Tabelle 142: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW051p3 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	100 %	100 % (597/597)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115314)	100 %	100 % (597/597)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 517.63)	100 %	100 % (597/597)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 102856)	100 %	100 % (597/597)	0	--

**Tabelle 143: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW051p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (M1002 4058)	100 %	99 % (610/611)	1	JX122332
<i>Trichophyton rubrum</i> (M1000 8197)	100 %	99 % (610/611)	1	JX122323
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.348)	100 %	99 % (610/612)	2	KP132851
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 15030)	100 %	99 % (610/612)	2	KP132849

**Tabelle 144: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW051p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	100 % (596/596)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	100 % (596/596)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (590/590)	0	KF278472
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	97 %	99 % (581/582)	0	AY176744

**Tabelle 145: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW051p4 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 2578)	98,4 %	100 % (600/600)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (M1001 6415)	98,4 %	100 % (600/600)	0	JX122329
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.879)	98,4 %	100 % (600/600)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.348)	98,4 %	100 % (600/600)	0	--

**Tabelle 146: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW051p4 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	100 %	100 % (596/596)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115314)	100 %	100 % (596/596)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 517.63)	100 %	100 % (596/596)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 102856)	100 %	100 % (596/596)	0	--

**Tabelle 147: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW051p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	100 %	100 % (708/708)	0	AF170459
<i>Trichophyton rubrum</i> (IFM 45885)	99 %	100 % (705/705)	0	AJ270805
<i>Trichophyton rubrum</i>	99%	100 % (702/702)	0	AF168123
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 392.58)	98 %	99 % (702/702)	0	Z97993

**Tabelle 148: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW051p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	100 % (592/592)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	100 % (592/592)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (587/587)	0	KF278472
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	98 %	100 % (580/581)	0	AY176744

**Tabelle 149: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW051p6 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	100 %	100 % (708/708)	0	AF170459
<i>Trichophyton kanei</i> (UAMH 8538)	100 %	100 % (708/708)	0	AF170460
<i>Trichophyton raubitschekii</i> (CBS 100084)	100 %	100 % (708/708)	0	AF170470
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 117539)	97,6 %	100 % (708/708)	0	--

**Tabelle 150: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW051p6 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> var. <i>flavum</i> (CBS 117539)	100 %	100 % (592/592)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115318)	100 %	100 % (592/592)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115314)	100 %	100 % (592/592)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 130921)	100 %	100 % (592/592)	0	--

**Tabelle 151: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW056p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.879)	95 %	100 % (683/683)	0	KP069000
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 552)	95 %	100 % (683/683)	0	AY213689
<i>Trichophyton rubrum</i> (NCPF 295)	95 %	100 % (682/682)	0	EU181449
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	94 %	100 % (673/673)	0	KF278457

**Tabelle 152: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW056p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	100 % (600/600)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	100 % (600/600)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	99 %	100 % (594/594)	0	KF278472
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	97 %	99 % (581/582)	0	AY176744

**Tabelle 153: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW056p4 (MycoBank)**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton violaceum</i> (WM 06.879)	96 %	100 % (685/685)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (513)	95,8 %	100 % (683/683)	0	JN134045
<i>Trichophyton rubrum</i> (527)	95,8 %	100 % (683/683)	0	JN134046
<i>Trichophyton rubrum</i> (530)	95,8 %	100 % (683/683)	0	JN134047

**Tabelle 154: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW056p4 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	100 %	100 % (600/600)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 517.63)	100 %	100 % (600/600)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 102856)	100 %	100 % (600/600)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115314)	100 %	100 % (600/600)	0	--

**Tabelle 155: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW057p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	99 %	99 % (707/710)	3	AF170459
<i>Trichophyton rubrum</i> (IFM 45885)	99 %	99 % (704/707)	3	AJ270805
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 288.86)	98 %	99 % (699/701)	2	AJ270793
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	99 %	99 % (705/710)	5	AJ270804

**Tabelle 156: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW057p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	100 % (405/405)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	100 % (405/405)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	100 %	99 % (404/405)	0	AY176744
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (400/400)	0	KF278472

**Tabelle 157: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW057p1 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 2745)	86,3 %	100 % (611/611)	0	--
<i>Trichophyton kanei</i> (IHEM 2770)	86,3 %	100 % (611/611)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 1739)	86,3 %	100 % (611/611)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 5867K)	85,1 %	100 % (598/598)	0	--

**Tabelle 158: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW057p1 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 132252)	100 %	100 % (405/405)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> var. <i>flavum</i> (CBS 117539)	100 %	100 % (405/405)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115318)	100 %	100 % (405/405)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 130927)	100 %	100 % (405/405)	0	--

**Tabelle 159: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW057p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (YY01436205)	100 %	99 % (651/653)	2	KC923435
<i>Trichophyton rubrum</i> (YY01437280)	100 %	99 % (651/653)	2	KC923430
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.348)	100 %	99 % (651/653)	2	KP132851
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 15030)	100 %	99 % (651/653)	2	KP132849

**Tabelle 160: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW057p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (451/451)	0.0	KF278472
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	100 % (459/459)	0.0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	100 % (459/459)	0.0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	100 %	99 % (458/459)	0.0	AY176744

**Tabelle 161: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW057p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13801)	93,1 %	100 % (607/607)	0	EU872176
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13812)	93,1 %	99,5 % (607/607)	0	FJ360686
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13800)	93,1 %	99,5 % (607/607)	0	EU872175
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13785)	93,1 %	99,5 % (607/607)	0	FJ360685

**Tabelle 162: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW057p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 130927)	100 %	100 % (459/459)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115314)	100 %	100 % (459/459)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 517.63)	100 %	100 % (459/459)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	100 %	99,8 % (459/459)	0	--

**Tabelle 163: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW061p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.879)	99 %	100 % (651/651)	0	KP069000
<i>Trichophyton rubrum</i> (UZ735)	99 %	100 % (651/651)	0	KM396283
<i>Trichophyton rubrum</i> (YY01436205)	99 %	99 % (654/655)	1	KC923435
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28188)	99 %	99 % (654/655)	1	EU200370

**Tabelle 164: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW061p3 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 125605)	99,4 %	100 % (651/651)	0	-
<i>Trichophyton rubrum</i> (633)	99,4 %	100 % (651/651)	0	JN134055
<i>Trichophyton rubrum</i> (534)	99,4 %	100 % (651/651)	0	JN134048
<i>Trichophyton rubrum</i> (329)	99,4 %	100 % (651/651)	0	JN134045

**Tabelle 165: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW061p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (YY01436205)	100 %	100 % (655/655)	0	KC923435
<i>Trichophyton rubrum</i> (YY01437280)	100 %	100 % (655/655)	0	KC923430
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 15030)	100 %	99 % (655/656)	1	KP132849
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.879)	100 %	99 % (655/656)	1	KP069000

**Tabelle 166: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW061p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	99 %	99 % (556/558)	2	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	99 %	99 % (556/558)	2	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	99 %	99 % (555/558)	2	AY176744
<i>Trichophyton raubitscheckii</i> (OMH 6-1286)	99 %	99 % (554/558)	3	AY176743

**Tabelle 167: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW061p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 392.58)	99,2 %	100 % (650/650)	0	Z97993
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 218.65)	99,2 %	100 % (650/650)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 288.86)	99,2 %	100 % (650/650)	0	AJ270793
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 100081)	99,2 %	100 % (650/650)	0	AF170459

**Tabelle 168: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW061p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 392.58)	99,1 %	100 % (553/553)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 102856)	98 %	100 % (547/547)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 100237)	98 %	100 % (547/547)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115316)	98 %	100 % (547/547)	0	--

**Tabelle 169: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW061p12 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	99 % (553/554)	1	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	99 % (553/554)	1	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	100 %	99 % (552/554)	1	AY176744
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	99 % (547/548)	1	KF278472



**Tabelle 170: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW061p12 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	98,7 %	100 % (546/546)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 191.69)	98,7 %	100 % (546/546)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 100237)	98,7 %	100 % (546/546)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 189.69)	98,7 %	100 % (546/546)	0	--

**Tabelle 171: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW062p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	99 %	100 % (608/608)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	99 %	100 % (608/608)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (598/598)	0	KF278472
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	96 %	99 % (584/585)	0	AY176744

**Tabelle 172: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW062p4 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> var. <i>flavum</i> (CBS 117539)	99,8 %	100 % (608/608)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 517.63)	99,8 %	100 % (608/608)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	99,8 %	100 % (608/608)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115314)	99,8 %	100 % (608/608)	0	--

**Tabelle 173: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW062p12 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.348)	100 %	99 % (612/614)	2	KP132851
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 15030)	100 %	99 % (612/614)	2	KP132849
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 2769)	100 %	99 % (612/614)	2	KP132847
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.839)	100 %	99 % (612/614)	2	KP069001

**Tabelle 174: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW062p12 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.352)	97,2 %	100 % (595/595)	0	KP132852
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.885)	97,2 %	100 % (595/595)	0	KP069005
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 5867A)	97,2 %	100 % (595/595)	0	KC254101
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 2770)	97,2 %	100 % (595/595)	0	KP132848

**Tabelle 175: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW062p14 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.348)	100 %	99 % (626/627)	1	KP132851
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 15030)	100 %	99 % (626/627)	1	KP132849
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 2769)	100 %	99 % (626/627)	1	KP132847
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 2633)	100 %	99 % (626/627)	1	KP132845

**Tabelle 176: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW062p14 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	100 % (597/597)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	100 % (597/597)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (591/591)	0	AY176744
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	97 %	99 % (581/582)	0	AY176744

**Tabelle 177: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW062p14 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (189)	98,2 %	100 % (615/615)	0	JN134030
<i>Trichophyton rubrum</i> (191)	98,2 %	100 % (615/615)	0	JN134031
<i>Trichophyton rubrum</i> (192)	98,2 %	100 % (615/615)	0	JN134032
<i>Trichophyton rubrum</i> (82)	98,2 %	100 % (615/615)	0	JN134027

**Tabelle 178: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW062p14 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 102856)	100 %	100 % (597/597)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115314)	100 %	100 % (597/597)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 517.63)	100 %	100 % (597/597)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	100 %	100 % (597/597)	0	--

**Tabelle 179: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW064p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (2013131)	100 %	98 % (400/408)	0	KP012334
<i>Trichophyton rubrum</i> (2013130)	100 %	98 % (400/408)	0	KP012333
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.348)	100 %	98 % (400/408)	0	KP132851
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 15030)	100 %	98 % (400/408)	0	KP132849

**Tabelle 180: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW064p1 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (Instand 08/A)	100 %	98 % (400/408)	0	JX122308
<i>Trichophyton rubrum</i> (Neqas 9835)	100 %	98 % (400/408)	0	JX122312
<i>Trichophyton raubitscheckii</i> (NSMC-PFK-001.1)	100 %	98 % (400/408)	0	JX827168
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 14017)	100 %	98 % (400/408)	0	KC254102

**Tabelle 181: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	99 %	99 % (712/715)	1	AF170459
<i>Trichophyton rubrum</i> (IFM 45885)	99 %	99 % (706/709)	1	AJ270805
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 288.86)	98 %	99 % (703/705)	2	AJ270793
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	99 %	99 % (709/714)	3	AJ270804

**Tabelle 182: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p1 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (YY01437280)	93,9 %	100 % (671/671)	0	KC923430
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13801)	93,9 %	100 % (657/657)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 13800)	92 %	100 % (657/657)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 04.474)	91,1 %	100 % (651/651)	0	AJ853746

**Tabelle 183: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	99 %	100 % (714/714)	0	AF170459
<i>Trichophyton rubrum</i> (IFM 45885)	99 %	100 % (712/712)	0	AJ270805
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	99 %	99 % (712/714)	2	AJ270804
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 392.58)	97 %	100 % (701/701)	0	Z97993

**Tabelle 184: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW067p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	100 % (562/566)	4	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	100 % (562/566)	4	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	100 %	99 % (561/566)	4	AY176744
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	98 %	100 % (552/556)	4	KF278472

**Tabelle 185: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW067p6 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (--)	97,6 %	100 % (701/701)	0	AF168123
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 392.58)	97,6 %	100 % (701/701)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 07.306)	96,9 %	100 % (696/696)	0	FM178326
<i>Trichophyton rubrum</i> (555)	94,5 %	100 % (701/701)	0	JN134049

**Tabelle 186: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW067p6 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 130921)	95 %	99,6 % (534/536)	2	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 130933)	95 %	99,6 % (534/536)	2	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115317)	95 %	99,6 % (534/536)	2	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115318)	95 %	99,6 % (534/536)	2	--

**Tabelle 187: BlastSearch Ergebnisse der ITS rDNA Sequenz des Isolates JW070p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	99 %	100 % (718/718)	0	AF170459
<i>Trichophyton rubrum</i> (IFM 45885)	98 %	100 % (711/711)	0	AJ270805
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	98 %	99 % (714/716)	2	AJ270804
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	98 %	99 % (715/718)	3	JX431933

**Tabelle 188: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW070p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	99 %	100 % (396/396)	0	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	99 %	100 % (396/396)	0	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	99 %	99 % (395/396)	0	AY176744
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	97 %	100 % (390/390)	0	KF278472

**Tabelle 189: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW070p3 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (ATCC 32871)	99,2 %	100 % (718/718)	0	AF170459
<i>Trichophyton kanei</i> (UAMH 8538)	99,2 %	100 % (718/718)	0	AF170460
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 100081)	99,2 %	100 % (718/718)	0	AF170459
<i>Trichophyton raubitschekii</i> (UAMH 8545)	99,2 %	100 % (718/718)	0	AF170468

**Tabelle 190: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW070p3 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Microsporium ferrugineum</i> (CBS 110399)	99,2 %	100 % (396/396)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> var. <i>flavum</i> (CBS 117539)	99,2 %	100 % (396/396)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115318)	99,2 %	100 % (396/396)	0	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 130927)	99,2 %	100 % (396/396)	0	--

**Tabelle 191: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW070p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i>	98 %	100 % (658/658)	0	EU590657
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 04.474)	97 %	100 % (650/650)	0	AJ853746
<i>Trichophyton rubrum</i> (IHEM 2633)	96 %	99 % (644/644)	0	KP132845
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 06.351)	95 %	99 % (639/639)	0	EF568094

**Tabelle 192: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW070p4 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (YY01436205)	99,5 %	100 % (667/667)	0	KC923435
<i>Trichophyton rubrum</i> (--)	98,5 %	100 % (660/660)	0	JN134050
<i>Trichophyton rubrum</i> (194)	99,2 %	100 % (660/660)	0	JN134034
<i>Trichophyton rubrum</i> (WM 07.306)	99,2 %	100 % (660/660)	0	--

**Tabelle 193: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW074p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (BMU 01672)	100 %	100 % (675/675)	0	EF631619
<i>Trichophyton raubitscheckii</i> (BMU 04334)	100 %	100 % (675/675)	0	EU921292
<i>Trichophyton rubrum</i> (IFM 45885)	100 %	100 % (675/675)	0	AJ270805
<i>Trichophyton fischerii</i> (ATCC 32871)	100 %	100 % (675/675)	0	AF170459

**Tabelle 194: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW074p4 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (BMU01672)	100 %	100 % (675/675)	0	EF631619
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28188)	100 %	100 % (675/675)	0	AF170472
<i>Trichophyton raubitscheckii</i> (BMU04334)	100 %	100 % (675/675)	0	EU921292
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 100081)	100 %	100 % (675/675)	0	AF170459

**Tabelle 195: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW074p7 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (M1004 3076)	100 %	99 % (634/637)	3	JX122343
<i>Trichophyton rubrum</i> (M1003 8936)	100 %	99 % (634/637)	3	JX122342
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 392.58)	100 %	100 % (634/637)	3	JX122311
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 5867A)	100 %	99 % (634/638)	4	GQ376106

**Tabelle 196: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW074p7 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 118892)	100 %	99 % (598/599)	1	JX431933
<i>Trichophyton rubrum</i> (UWFP 763)	100 %	99 % (598/599)	1	AY213629
<i>Trichophyton rubrum</i> (ATCC 28191)	97 %	99 % (593/594)	1	KF278472
<i>Trichophyton rubrum</i> (UAMH 2129)	99 %	99 % (579/581)	1	AY176744

**Tabelle 197: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW074p7 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton fischeri</i> (M1001 6415)	94,6 %	100 % (600/600)	0	JX122329
<i>Trichophyton kanei</i> (z0907 1149)	94,6 %	100 % (600/600)	0	JX122344
<i>Trichophyton rubrum</i> (UOA/HCPF 5867A)	94,6 %	100 % (600/600)	0	KC254101
<i>Trichophyton raubitscheckii</i> (WM 06.839)	94,6 %	100 % (600/600)	0	KP069001

**Tabelle 198: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW074p7 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)	100 %	99,8 % (598/599)	1	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 517.63)	100 %	99,8 % (598/599)	1	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 117539)	100 %	99,8 % (598/599)	1	--
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 115314)	100 %	99,8 % (598/599)	1	--

## Diskussion

Die Bestimmung der Isolate JW035p2, JW039p2, JW040p1, JW041p1, JW041p2, JW041p7, JW041p11, JW044p1, JW044p3, JW045p2, JW051p3, JW051p4, JW051p6, JW056p4, JW057p1, JW057p2, JW061p3, JW061p4, JW061p11, JW061p12, JW062p4, JW062p12, JW062p13, JW062p14, JW064p1, JW067p1, JW067p6, JW070p3, JW070p4, JW074p4, JW074p7, JW081p3 und JW082p1 als *Trichophyton rubrum* beruht auf der Auswertung mikromorphologischer Merkmale, der Kolonienmorphologie

auf verschiedenen Nährmedien und der Sequenzabfolge der ITS und LSU nrDNA der untersuchten Isolate. So entsprachen die gebildeten morphologischen Strukturen wie keulenförmige Mikrokonidien entlang undifferenzierter Hyphen, die Form der Makrokonidien und die Bildung eines roten, in das Nährmedium diffundierenden Farbstoffs der Beschreibung von *T. rubrum* in der Literatur (Campbell et al. 1996; de Hoog et al. 2014; Seeliger und Heymer 1981). Wobei allein die charakteristische Pigmentbildung auf Kohlenhydrat-reichen Nährmedien, auch bei morphologisch nicht klar differenzierbaren Stämmen, eine eindeutige Klassifizierung von Isolate als *T. rubrum* ermöglicht (de Hoog et al. 2014; Sudman und Schmitt 1965; Tietz und Ulbricht 1999). Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzen der einzelnen Isolate mit öffentlich verfügbaren Sequenzdaten zeigte ebenfalls eine Übereinstimmung von 99 - 100 Prozent mit Sequenzen von Isolaten der Art *T. rubrum*, die teilweise unter mit *T. rubrum* synonymisierten Namen, wie *T. fischeri*, *T. kanei* oder *T. raubitscheckii* in GenBank hinterlegt sind (Tab. 109-198). In phylogenetischen Analysen basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten ausgewählter Isolate, wurde aus den Sequenzen der Art *T. rubrum* ein monophyletisches, gut unterstütztes Clade gebildet (Abb. 53) und die durch PCR-Analysen erzeugten DNA-Fragmente (Abb. 54, Tab. 50) zeigten ebenfalls ein identisches Fragmentmuster bei allen verwendeten Isolaten der Art *T. rubrum*.

*Trichophyton rubrum* ist als primärer Verursacher von humanen Haut- und Nagelmykosen dokumentiert worden und wurde insgesamt bei 43,6 Prozent (17) der untersuchten Läsionen mit positiven Kultivierungsergebnissen nachgewiesen. Lediglich von drei Läsionen wurden aus dem gesammelten Probenmaterial nur Stämme der Art *T. rubrum* isoliert (JW057P, JW064P, JW082P), während aus dem Material der restlichen Proben weitere Pilzstämme kultiviert werden konnten. So wurden aus dem Material der Probe JW035P ebenfalls ein Stamm der Art *Scopulariopsis carbonaria* (JW035p1) und ein steriles Myzel (JW035p3) isoliert. Aus dem gesammelten Material der Probe JW039P wurden neben *T. rubrum* drei Isolate der Art *Chaetomium globosum* (JW039p3, JW039p4, JW039p7), zwei Stämme der Art *Scopulariopsis carbonaria* (JW039p1, JW039p5), ein steriles Myzel (JW039p6) und ein Isolat der Gattung *Candida* (JW039p8) kultiviert. Aus dem Probenmaterial der Läsion JW040P konnte zusätzlich die Art *Wardomyces litoralis* (JW040p2) isoliert werden. Aus dem Material der Probe JW041P wurden neben den vier Isolaten der Art *T. rubrum* 13 weitere Stämme anderer Pilzarten kultiviert, so konnten vier Stämme der Gattung *Candida* (JW041p3, JW041p13, JW041p14, JW041p16), drei Kultivate der Art *Acremonium collariferum*

(JW041p8, JW041p10, JW041p17), drei sterile Myzelien (JW041p4, JW041p6, JW041p12), zwei Stämme der Gattung *Trichosporon* (JW041p5, JW041p9) und ein Kultivat der Gattung *Sporobolomyces* (JW041p14) isoliert werden. Aus den Proben der Läsion JW044P wurden zusätzlich zu den zwei *T. rubrum* Isolaten, drei Stämme der geophilen und keratinolytischen Art *Chrysosporium tuberculatum* (*Arthroderma tuberculatum*) (JW044p2, JW044p5, JW044p6) und ein Isolat des Gattungs-Komplexes *Fusicladium* (JW044p4) kultiviert. Aus dem Material der Probe JW045P wurden neben *T. rubrum* ein Stamm des *Aspergillus niger*-Komplexes (JW045p1) und ein Stamm der Gattung *Candida* (JW045p3) isoliert. Aus der gesammelten Probe der Läsion JW051P wurden zusätzlich zu den drei *T. rubrum*-Stämmen, zwei sterile Myzelien (JW051p1, JW051p5) und ein Isolat der Gattung *Candida* (JW051p2) kultiviert. Aus dem Probenmaterial der Läsion JW056P konnten *T. rubrum* und drei weitere, sterile Pilzstämme (JW056p1, JW056p2, JW056p3) isoliert werden. Aus den Proben der Läsion JW061P wurden neben vier Isolaten von *T. rubrum*, zwei Stämme der Art *Curvularia lunata* (JW061p5, JW061p6), drei sterile Myzelien (JW061p7, JW061p8), ein Isolat der Art *Aspergillus flavus* (JW061p1) und ein Stamm der Art *Neoscytalidium dimidiatum* (JW061p10) isoliert. Aus dem Material der Probe JW062P wurden zusätzlich zu vier Isolaten der Art *T. rubrum*, ein Stamm des ebenfalls anthropophilen Dermatophyten *Trichophyton interdigitale* (*Trichophyton mentagrophytes*-Komplex) (JW062p8), drei Isolate der Art *Curvularia lunata* (JW062p2, JW062p3, JW062p9), zwei Stämme der Gattung *Verticillium* (JW062p6, JW062p7), zwei sterile Myzelien (JW062p1, JW062p10) und ein Isolat der Art *Curvularia geniculata* (JW062p11) kultiviert. Aus den gesammelten Proben der Läsion JW067P konnten neben den zwei *T. rubrum*-Stämmen, mehrere Isolate des *Arthroderma vanbreuseghemii*-*Trichophyton interdigitale*-Komplexes (Typ I: JW067p2, JW067p8; Typ II: JW067p3, JW067p4, JW067p7), zwei sterile Myzelien (JW067p9, JW067p10) und ein Stamm der Art *Cladosporium sphaerospermum* (JW067p5) isoliert werden. Aus dem Material der Läsion JW070P wurden neben zwei Isolaten der Art *T. rubrum*, zwei *Chaetomium globosum* Stämme (JW070p1, JW070p2) und ein steriler Pilzstamm (JW070p5) kultiviert. Aus dem Material der Probe JW074P wurden neben zwei *T. rubrum* Isolaten, zwei sterile Pilzstämme (JW074p2, JW074p3), ein Isolat der Art *Aspergillus versicolor* (JW074p6) und eine *Chalara*-Morphe (JW074p5) kultiviert. Aus dem Material der Läsion JW081P wurden ebenfalls ein Isolat der Art *Trichophyton interdigitale* (JW081p4), zwei Stämme der Gattung *Acremonium* (JW081p2, JW081p11), vier sterile Isolate (JW081p1, JW081p5,



JW081p6, JW081p8), zwei Stämme der Art *Fusarium solani* (JW081p10, JW081p11) und ein Isolat der Art *Aspergillus sclerotiorum* (JW081p7) kultiviert.

Die Läsionen sind primär das Ergebnis einer Infektion der Haut oder Nägel durch *Trichophyton rubrum*, wobei drei der untersuchten Mykosen (JW062P, JW067P, JW081P) eine Mischinfektion mit *Trichophyton interdigitale* darstellen. Die Läsion JW044P ist sehr wahrscheinlich das Resultat einer primären Infektion mit *T. rubrum* und einer sekundären Besiedlung bzw. Infektion des Nagels durch die Art *Chrysosporium tuberculatum*, während bei den Läsionen JW039P, JW061P und JW070P möglicherweise eine sekundäre Infektion mit den Arten *Chaetomium globosum* (JW039P, JW070P) bzw. *Neoscytalidium dimidiatum* (JW061P) vorliegt (de Hoog et al. 2014; Gentles und Evans 1970; Gupta et al. 2012; Hwang et al. 2012; Lagacé und Cellier 2012).

Der Großteil der weiteren isolierten Pilze ist wahrscheinlich eher als eine Kontamination des gesammelten Probenmaterials zu betrachten, obwohl eine sekundäre Besiedlung von Haut- und Nagelläsionen durch opportunistische, keratinophile Pilze wie z.B. *Acremonium collariferum* (JW041P) oder *Scopulariopsis carbonaria* (JW035P, JW039P) besonders bei einem chronischen Krankheitsverlauf nicht ausgeschlossen werden kann (Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012; Hwang et al. 2012; Hilmioğlu-Polat et al. 2005; Lagacé und Cellier 2012; Filipello Marchisio und Fusconi 2001; Summerbell et al. 2005; Weisenborn et al. 2010b). Für eine abschließende pathologische Bewertung der isolierten Pilzstämmen müssten allerdings weitere Probennahmen der entsprechenden Läsionen durchgeführt werden (Daniel et al. 1998; Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012; Summerbell et al. 2005).

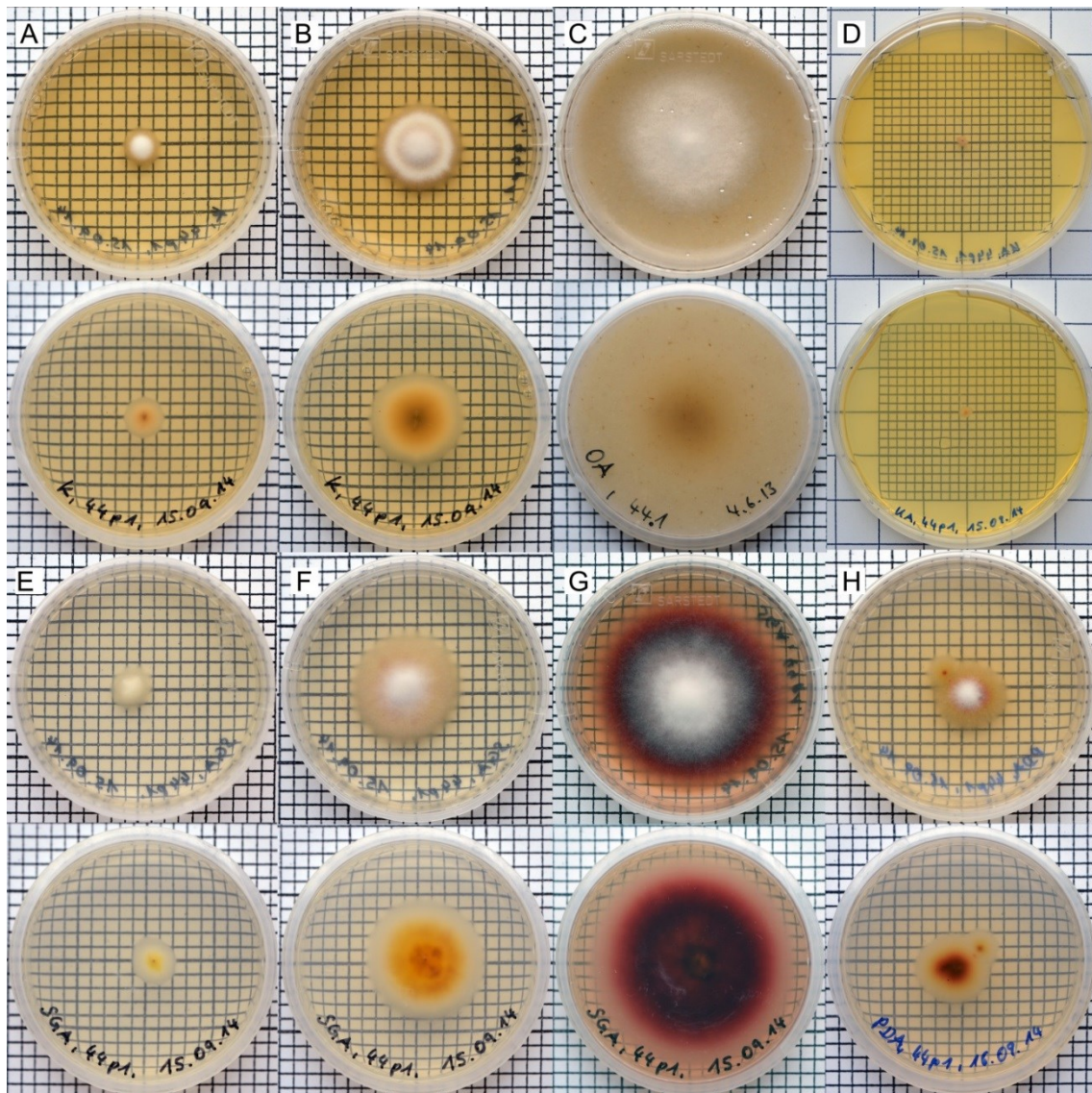


Abbildung 66: Kulturen von *Trichophyton rubrum* (JW044p1) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (7 d). B: Kimmig-Agar (14 d). C: OA (10 d). D: UA (14 d). E: SGA (7 d). F: SGA (14 d). G: SGA (4 Wochen). H: PDA (14 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

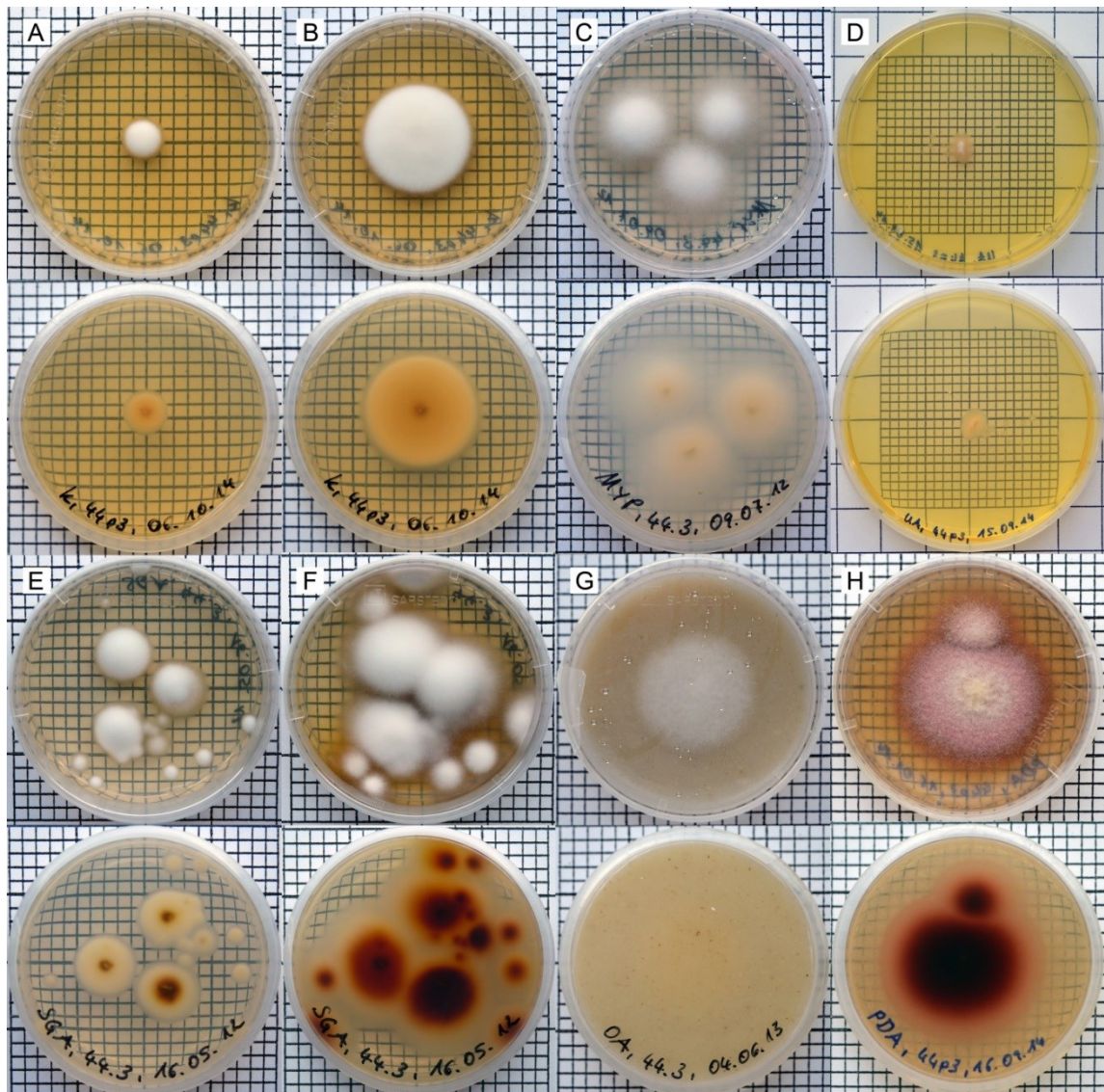


Abbildung 67: Kulturen von *Trichophyton rubrum* (JW044p3) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (7 d). B: Kimmig-Agar (14 d). C: MYP (14 d). D: UA (14 d). E: SGA (7 d). F: SGA (14 d). G: OA (10 d). H: PDA (4 Wochen). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

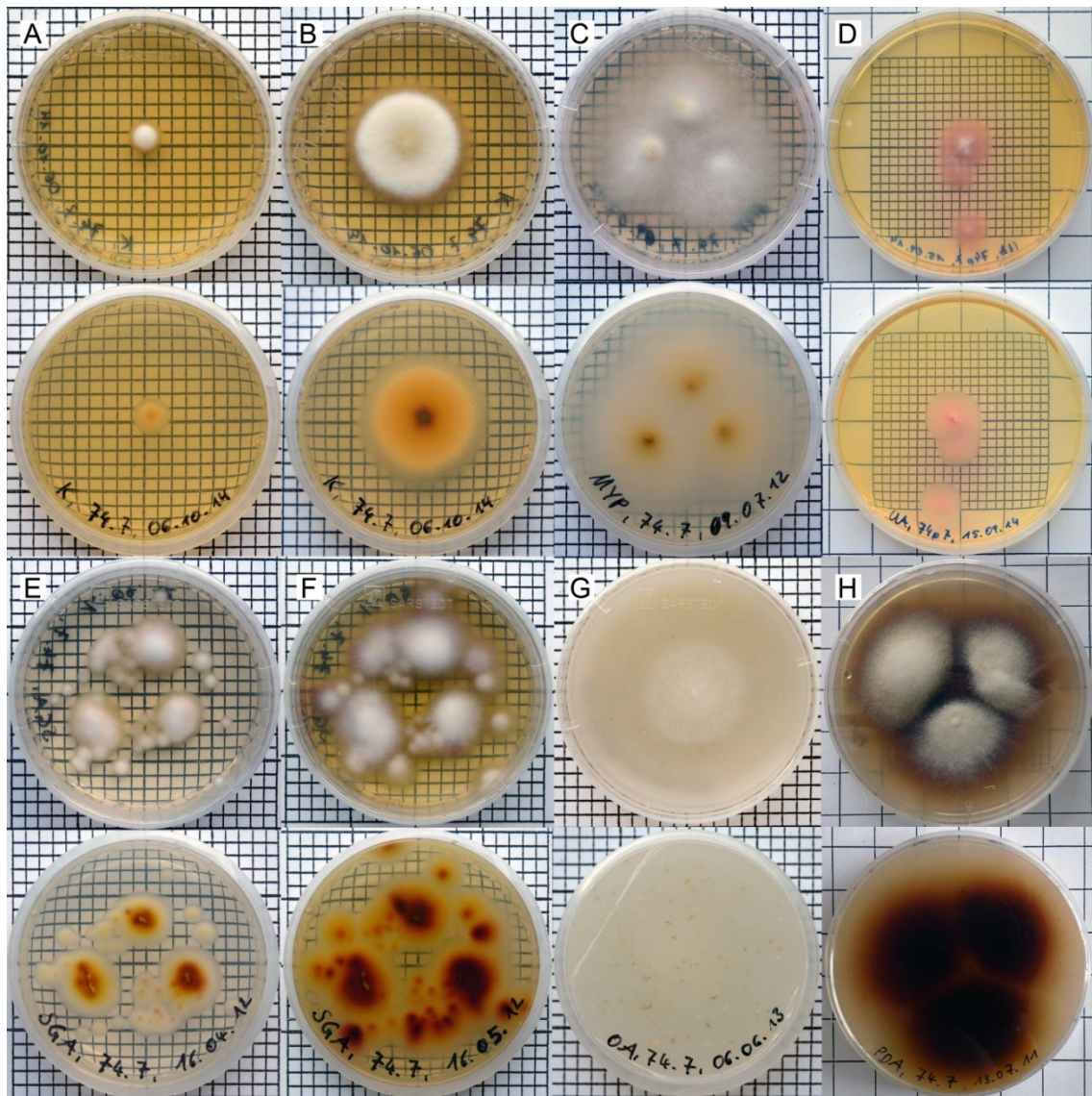


Abbildung 68: Kulturen von *Trichophyton rubrum* (JW074p7) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (7 d). B: Kimmig-Agar (14 d). C: MYP (14 d). D: UA (14 d). E: SGA (7 d). F: SGA (14 d). G: OA (10 d). H: PDA (4 Wochen). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

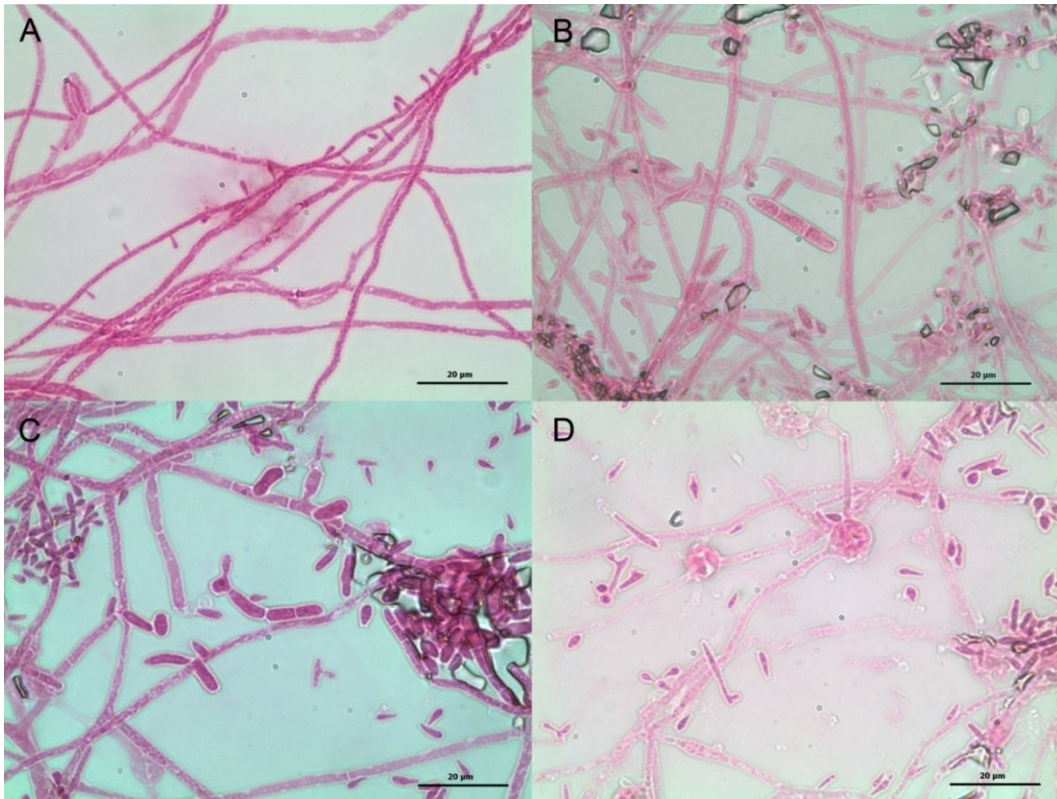


Abbildung 69: Mikromorphologische Strukturen von *Trichophyton rubrum* (JW044p3). A: Hyphen mit Mikrokonidien. B: Makrokonidie. C: Makrokonidien in Einzelzellen zerfallend. D: Chlamydosporen. A-D: Gefärbt mit Phloxin. Maßstab = 20 µm.

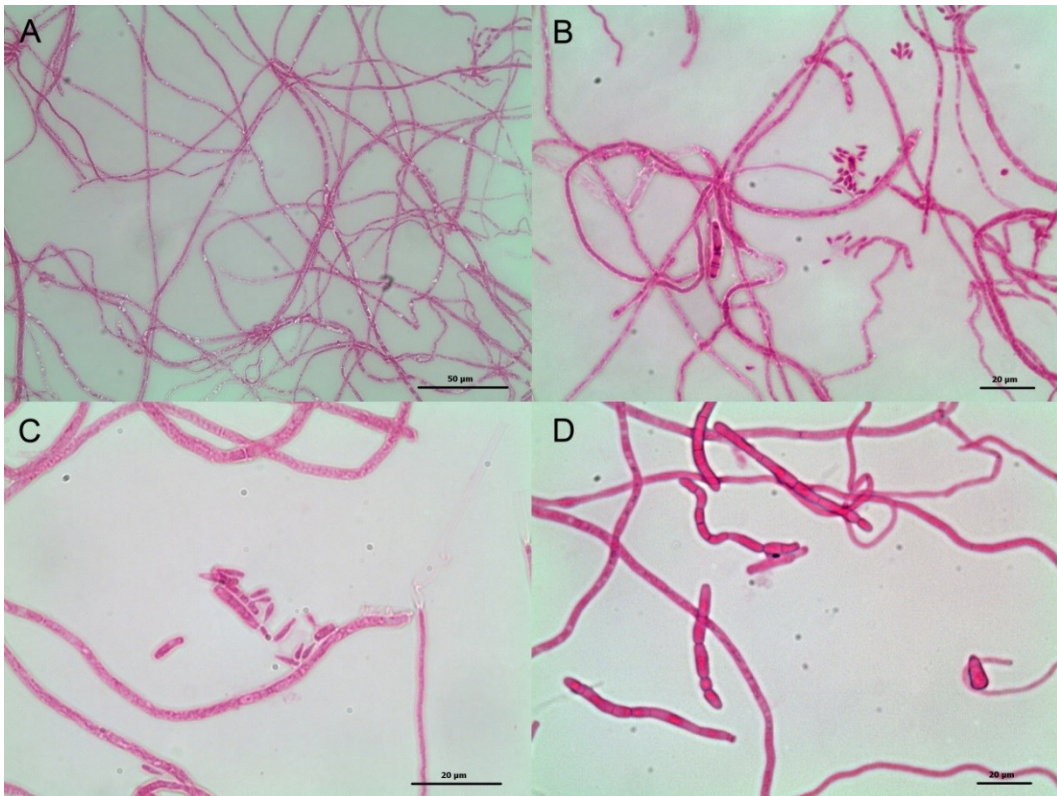


Abbildung 70: Mikromorphologische Strukturen von *Trichophyton rubrum* (JW074p7) A: vegetative Hyphen. B, C: Mikrokonidien. C: Hyphen in Arthrokonidien zerfallend. D: Chlamydosporen. A-D: Gefärbt mit Phloxin. Maßstab = 20 µm.

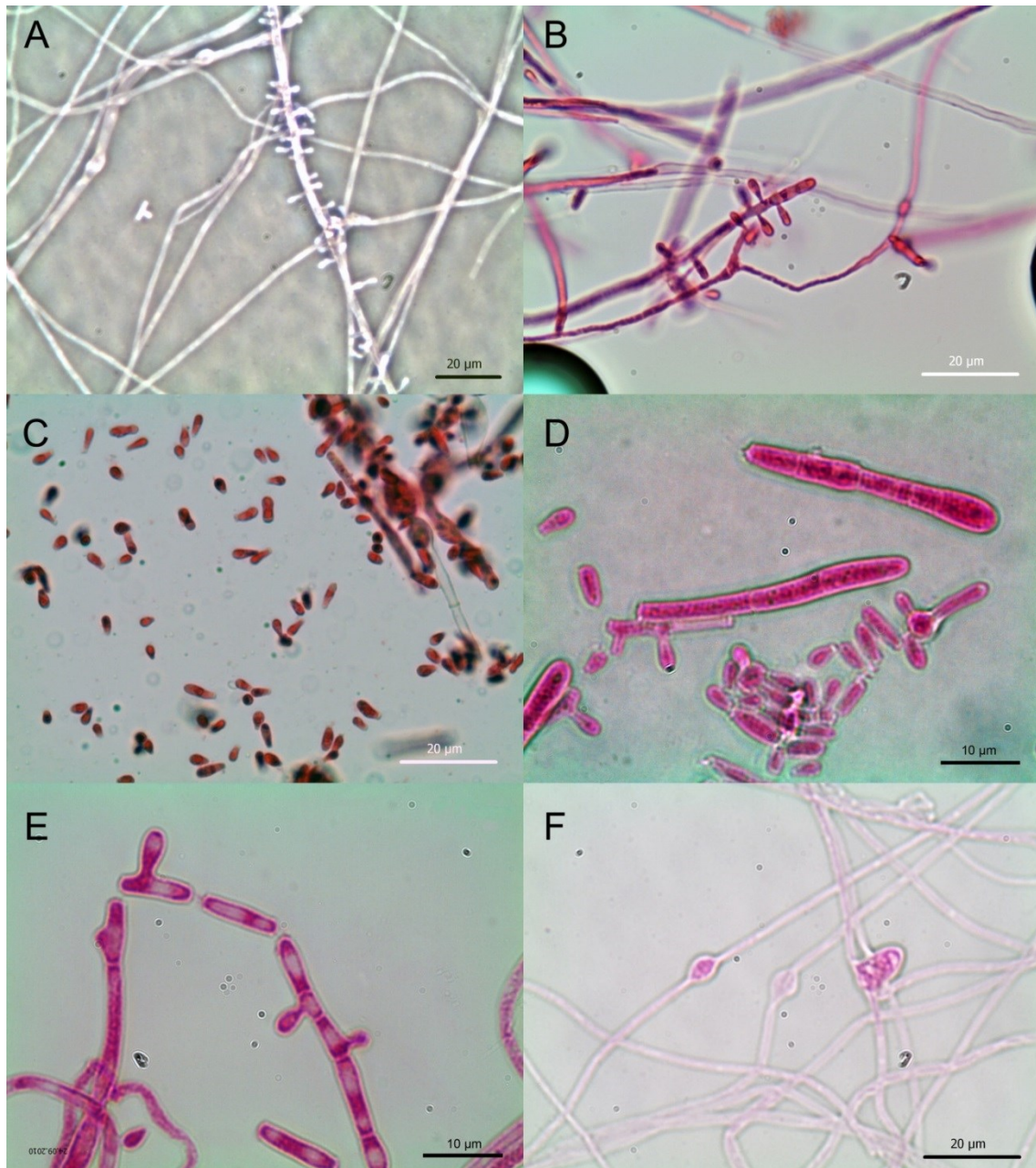


Abbildung 71: Mikromorphologische Strukturen von *Trichophyton rubrum* (JW062p12). A, B: Hyphen mit Mikrokonidien C: freie Mikrokonidien. D: Makrokonidien. E: Hyphen in Arthrokonidien zerfallend. F: Chlamydosporen. A: Phasenkontrast, B-F: Gefärbt mit Phloxin. Maßstab = 20 µm.

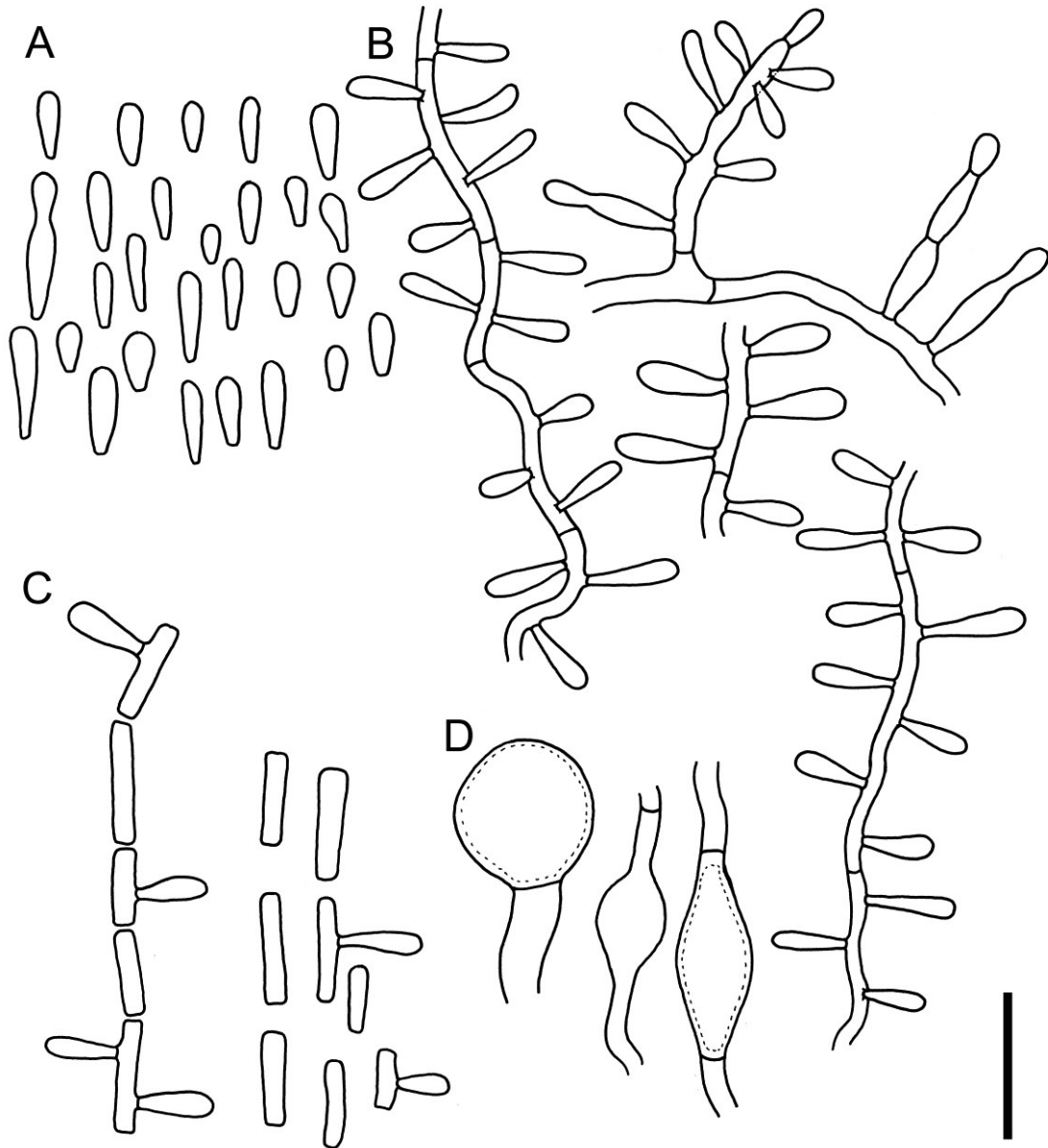


Abbildung 72: *Trichophyton rubrum* (JW044p3, JW074p7). A: Mikrokonidien. B: Mikrokonidien an Hyphen. C: Hyphe in Arthrokonidien zerfallend und freie Arthrokonidien. D: Chlamydoconidien. Maßstab = 10 µm.

## ***Chrysosporium*** Corda

Deutschlands Flora, Abt. III. Die Pilze Deutschlands 3-13 (1833): 65-96.

Typus: *Chrysosporium corii* Corda

Teleomorph-Stadium: *Chrysosporium* ist eine polyphyletische Gattung und bisher wurden 11 verschiedene teleomorphe Gattungen innerhalb der Arthrodermataceae, Onygenaceae, Gymnoascaceae (Onygenales) und Ascosphaeraceae (Ascosphaerales) mit einem assoziierten *Chrysosporium* Stadium beschrieben: *Amaurascopsis* Guarro, Gené & De Vroey, *Amauroascus* J. Schröt., *Aphanoascus* Zúkal, *Arthroderma* Curr., *Ctenomyces* Eidam, *Neogymnomyces* G.F. Orr, *Pectinotrichum* Varsavsky & G.F. Orr, *Renispora* Sigler & J.W. Carmich., *Uncinocarpus* Sigler & G.F. Orr, *Nannizziopsis* Currah und *Bettsia* Skou (de Hoog et al. 2014; Seifert et al. 2011).

Synonyme

*Aleurophora* O. Magalh., Brasil-Med. 30 (1916): 369.

*Atrichophyton* Castell. & Chalm., Man. Trop. Med., 3. Edn. (London) (1919): 1008.

*Rhinocladiella* Kamyschko, Bot. Mater. Otd. Sporov. Rast. Bot. Inst. Komarova Akad. Nauk S.S.S.R. 13 (1960): 165.

*Rhinocladiopsis* Kamyschko, Bot. Mater. Otd. Sporov. Rast. Bot. Inst. Komarova Akad. Nauk S.S.S.R. 14 (1961): 243.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Eurotiomycetes

Unterklasse: Eurotiomycetidae

Ordnung: Onygenales

Familie: Incertae sedis

(Synonyme und Systematik basierend auf molekularen Daten (nrDNA Sequenz), nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Chrysosporium* wurde von Corda (1833) basierend auf der Typusart *Chrysosporium corii* aufgestellt und anhand morphologischer Merkmale von Carmichael (1962), Sigler und Carmichael (1976), van Oorschot (1980) und basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten von Vidal et al. (2000) revidiert und beinhaltet aktuell etwa 65 akzeptierte Arten (Seifert et al. 2011) und 94 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 97 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen.



### **Koloniemorphologie**

Bildung von rasch wachsenden, wattigen bis filzig wolligen, weißen, cremefarbenen bis hell pigmentierten Kolonien mit einer gelblich braunen Rückseite (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007).

### **Mikromorphologie**

Die Gattung *Chrysosporium* ist durch überwiegend einzellige und gelegentlich zweizellige, hyaline, glattwandige oder ornamentierte, kugelförmige, keulenförmige oder pyriforme Konidien, die an undifferenzierten Hyphen oder kurzen Stielen gebildet werden, interkalare und dickwandige Konidien und Chlamydosporen charakterisiert (Barron 1968; de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Chrysosporium* sind keratinophile Organismen mit einer weltweiten Verbreitung und wurden aus Böden, von Keratin-haltigen Substraten, wie Federn und Haaren und von lebenden Tieren isoliert (Anbu et al. 2004; Chabasse 1988; Chabasse et al. 1989; de Hoog et al. 2014; Mandeel et al. 2011; Vidal et al. 1999).

### **Isolierte Arten**

Die isolierten Stämme der Gattung *Chrysosporium* wurden basierend auf morphologischen Merkmalen unter Verwendung des taxonomischen Schlüssels in Domsch et al. (2007), weiterer Literaturquellen sowie nrDNA Sequenzdaten als *Chrysosporium tuberculatum* klassifiziert (Campbell et al. 1996; Carmichael 1962; Domsch et al. 2007; Kuehn 1960).

***Chrysosporium tuberculatum*** (Kuehn) Dominik

**Abb. 73-75**

*Arthroderma tuberculatum* Kuehn: Observation on Gymnoascaceae. VIII. A new species of *Arthroderma*. Mycopathologia et Mycologia Applicata 13 (1960): 189-197.

*Chrysosporium tuberculatum* (Kuehn) Dominik: *Chrysosporium* Corda 1833. Zesz. nauk. wyisz. Szk. roln. Szczec. 24 (1968): 37-66.

Teleomorph-Stadium: *Arthroderma tuberculatum* Kuehn (1960)

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Eurotiomycetes

Unterklasse: Eurotiomycetidae

Ordnung: Onygenales

Familie: Arthrodermataceae

Gattung: *Chrysosporium*/*Arthroderma*

(Systematik basierend auf eigenen molekularen Daten, nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** moderates bis schnelles, überwiegend emerses Koloniewachstum von 25-40 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien erhaben, zu Beginn weiß mit filzig wattiger Oberfläche und gelblich brauner Rückseite, mit zunehmendem Alter creme bis hell braun und mit granularer Oberfläche; ältere Kolonien häufig auf Grund von Degenerationserscheinungen wattig und weiß und mit begrenztem Wachstum.

**SGA:** relativ schnelles, überwiegend emerses Koloniewachstum von etwa 45 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien weiß bis cremefarben, mit filziger Kolonieoberfläche und farblos bis gelblicher Rückseite; ältere Kolonien cremefarben bis gelblich braun, mit wattig filziger bis granularer Kolonietextur und hell gelblich brauner Rückseite.

**OA:** schnelles, emerses Wachstum von etwa 70 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien flach, zu Beginn weiß mit filziger Kolonietextur, mit zunehmendem Alter beige bis hell braun mit granularer Oberfläche und filziger, weißer Randzone; Kolonierückseite farblos bis hell gelbbraun.

**MYP:** rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 40 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien spärlich, flach, mit filziger Kolonieoberfläche, schmutzig weiß, mit leicht erhabenem Zentrum und gelblich brauner Rückseite.

**Sonstiges:** positive Abbau-Reaktion auf Urease-Medium innerhalb von 5 d und gutes Wachstum auf Keratin-haltigen Materialien.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin, septiert, glatt, dünnwandig, bis 3 µm breit; Bildung von Konidien direkt an undifferenzierten Hyphen oder an kurzen Stielen; Konidien hyalin, in Massen hell beige, mit kurzen Hilum, birnenförmig bis oval, dickwandig, mit echinulater bis grob warziger Ornamentierung, (6) 6,5-10,5 (13) × (5) 5,5-8,5 (9) µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Zwei Fälle mit Infektionen (Haut- und Nagelmykosen) durch *Chrysosporium tuberculatum* beim Menschen und experimentelle Infektionen bei Meerschweinchen sind bisher dokumentiert worden (Blomqvist 1969; Chabasse et al. 1989; Keddie et al. 1963). Der Organismus ist ein geophiler und keratinolytischer Pilz mit einer weltweiten Verbreitung und wurde häufig aus Erde, den Federn lebender Vögel und von anderen Kleintieren isoliert (Anbu et al. 2004; Chabasse 1988; Domsch et al. 2007; Kurup und Schmitt 1970; Mandeel et al. 2011; Sur und Ghosh 1980).

### **Untersuchtes Material**

**JW044P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (42 Jahre) mit einer Hautmykose und einer Onychomykose des großen Zehennagels des rechten Fußes; gesammelt am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Stamm JW044p2 wurden am 09.11.2009 von Proben auf Medium mit Cycloheximid und die Stämme JW044p5 und JW044p6 am 17.11.2009 von Medium ohne Cycloheximid isoliert.

### **Molekulare Identifizierung (Barcoding)**

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzabfolge des Isolates JW044p6 (ITS: 682 bp, LSU: 607 bp) mit Sequenzen aus öffentlich zugänglichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Arthroderma cuni-*

*culi* C.O. Dawson, *Arthroderma ciferrii* Varsavsky & Ajello, *Arthroderma tuberculatum* und *Onygena corvina* Alb. & Schwein (Tab. 199-202).

**Tabelle 199: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW044p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Arthroderma tuberculatum</i> (CBS 473.77)	92%	99 % (623/632)	1	NR077140
<i>Arthroderma tuberculatum</i> (IMI 86177)	86%	97 % (573/589)	2	AJ390383
<i>Arthroderma cuniculi</i> (CBS 492.71)	99%	90 % (623/693)	25	NR077138
<i>Chrysosporium vespertilium</i> (RV 27093)	99%	89% (615/688)	27	AJ007846

**Tabelle 200: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW044p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Arthroderma tuberculatum</i> (CBS 473.77)	99 %	99 % (602/606)	0	KC989710
<i>Onygena corvina</i> (CBS 281.48)	99 %	98 % (591/604)	1	FJ358287
<i>Arthroderma ciferrii</i> (CBS 272.66)	99 %	97 % (586/606)	0	KC989711
<i>Arthroderma uncinatum</i> (CBS 615.65)	98 %	97 % (580/600)	2	AB075329

**Tabelle 201: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW044p6 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Arthroderma tuberculatum</i> (CBS 312.65)	98%	98,8% (661/669)	0	--
<i>Arthroderma tuberculatum</i> (CBS 313.65)	88%	98,7 % (593/601)	0	--
<i>Arthroderma tuberculatum</i> (CBS 473.77)	93%	98,6 % (623/632)	1	AJ877221
<i>Arthroderma tuberculatum</i> (CBS 418.66)	97,6 %	97,3 % (653/671)	5	--

**Tabelle 202: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW044p6 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Arthroderma tuberculatum</i> (CBS 312.65)	98%	99,8 %	0	--
<i>Arthroderma tuberculatum</i> (CBS 313.65)	88%	99,8 %	0	--
<i>Arthroderma tuberculatum</i> (CBS 473.77)	93%	99,3 %	0	--
<i>Arthroderma tuberculatum</i> (CBS 473.77)	93%	99,3 %	0	--

## Diskussion

Die taxonomische Klassifizierung der Isolate JW044p2, JW044p5 und JW044p6 als *Arthroderma tuberculatum/Chrysosporium tuberculatum* wurde anhand von morphologischen und molekularen Daten (ITS nrDNA und LSU nrDNA Sequenzen) ermittelt. So entsprachen die untersuchten morphologischen Elemente der panamaischen Isolate in Bezug auf Form und Größe der Beschreibung von *C. tuberculatum* in der Literatur, wobei die gemessenen Sporengrößen mit 1-2 µm Abweichung etwas kleiner als die angegebenen Werte waren (Campbell et al. 1996; Carmichael 1962; Domsch et al. 2007; Kuehn 1960). Der Vergleich der Sequenzen der ITS und LSU nrDNA des Isolates JW044p6 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 99 - 100 % mit Sequenzen der Art *A. tuberculatum/C. tuberculatum* (Tab. 199-202) und unterstützt so die morphologische Bestimmung der Isolate.

*C. tuberculatum* ist als keratinophiler, geophiler Organismus weltweit von unterschiedlichen Keratin-haltigen Substraten dokumentiert worden (Ajello et al. 1965; Anbu et al. 2004; Chabasse 1988; Kurup und Schmitt 1970; Mandeel et al. 2011; Sur und Ghosh 1980). Aus dem untersuchten Probenmaterial konnten zusätzlich weitere Pilzarten isoliert werden. So wurden zwei Stämme der Art *Trichophyton rubrum* (JW044p1, JW044p3) und ein weiterer Hyphomycet (JW044p4) kultiviert. In mikroskopiertem Probenmaterial konnten hyaline und septierte Pilzhyphen nachgewiesen werden, was einen pilzlichen Ursprung der Läsion bestätigen würde. Wahrscheinlich handelt es sich bei dem Fall der Onychomykose um das Resultat einer Primärinfektion mit *T. rubrum* und einer sekundär erfolgten Besiedlung mit *C. tuberculatum*. Für eine abschließende Bewertung des Krankheitsfalles müsste eine weitere Probennahme durchgeführt werden (Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012; Summerbell et al. 2005).

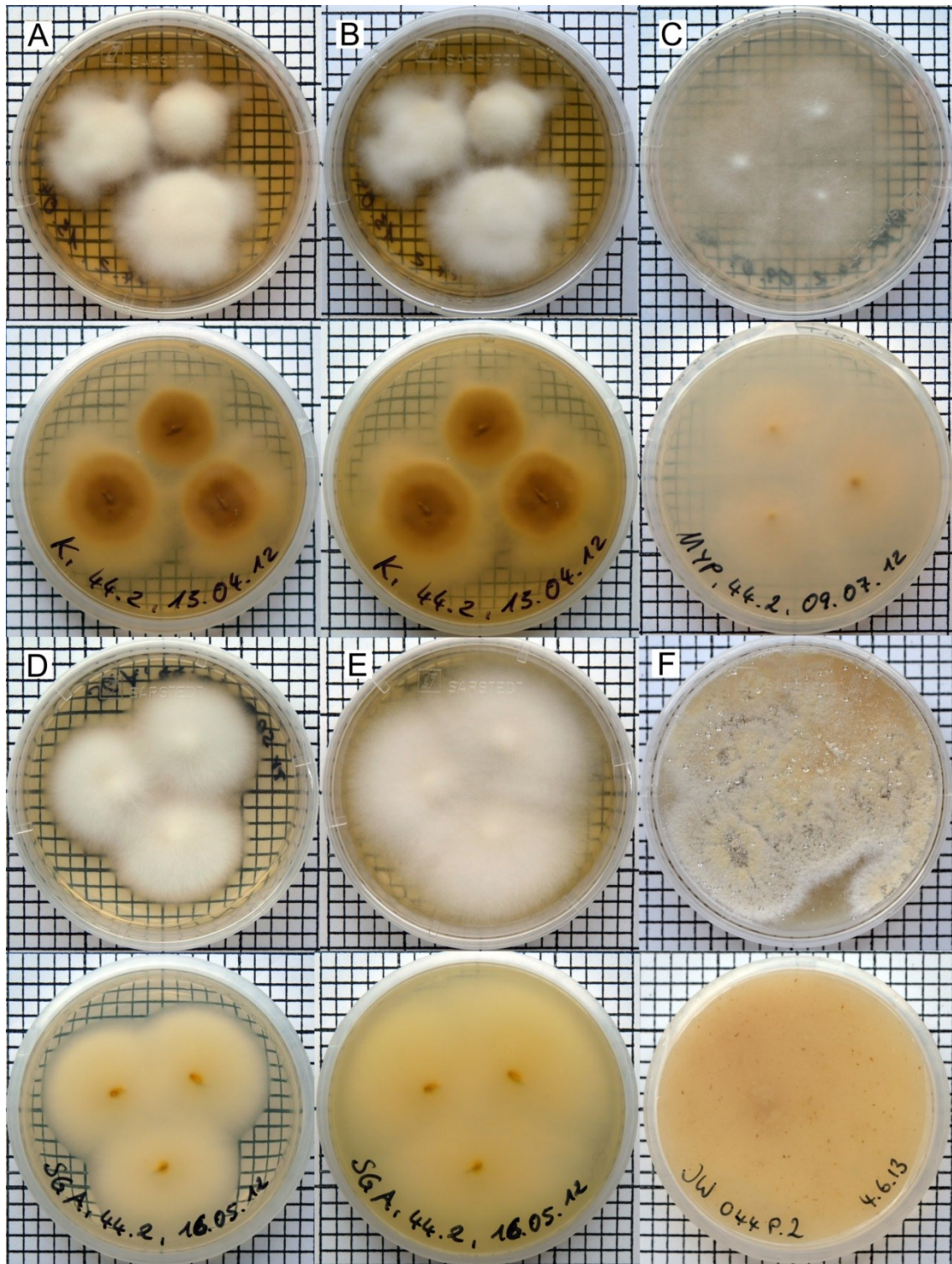


Abbildung 73: Kulturen von *Chrysosporium tuberculatum* (JW044p2) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (7 d). B: Kimmig-Agar (14 d). C: MYP (14 d). D: SGA (7 d). E: SGA (14 d). F: OA (10 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

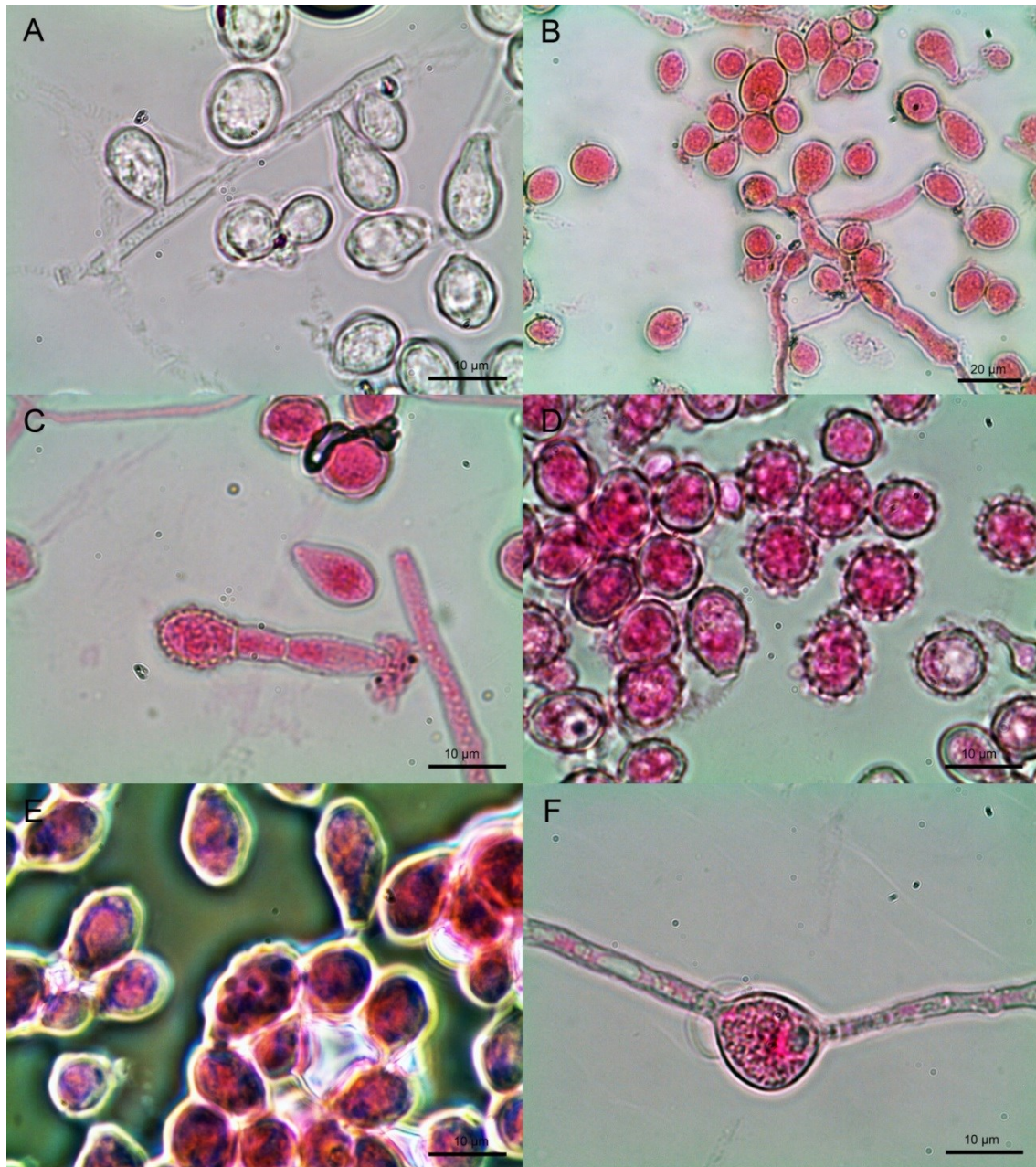


Abbildung 74: Mikromorphologische Strukturen von *Chrysosporium tuberculatum* (JW044p2, JW044p6). A-E: Konidien (B-D: Gefärbt mit Phloxin, E: Phloxin und Phasenkontrast). F: Chlamydospore, gefärbt mit Phloxin. A, C-F: Maßstab = 10 µm; B: Maßstab = 20 µm.

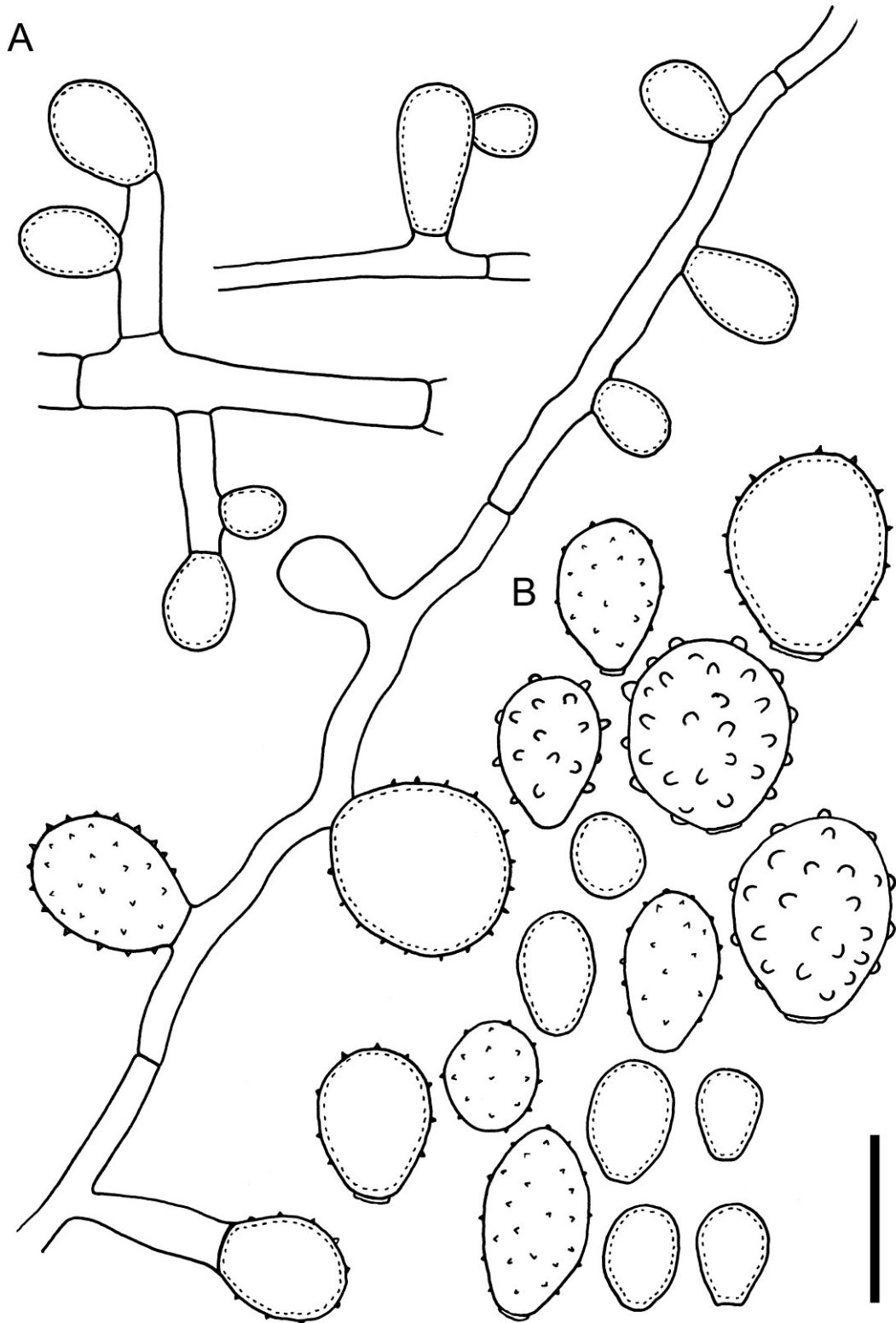


Abbildung 75: *Chrysosporium tuberculatum* (JW044p2, JW044p6). A: Konidien mit konidiogenen Elementen. B: Freie Konidien. Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ .



### 3.4.3 Saccharomycetes O. E. Erikss. & Winka

Supraordinal taxa of Ascomycota. Myconet 1 (1997): 1-16.

Insgesamt wurden 14 Stämme kultiviert, die einer Ordnung, einer Gattungen und drei Arten innerhalb der Saccharomycetes zugeordnet werden konnten, wobei acht Isolate nicht taxonomisch bearbeitet wurden (Tab. 10). Die entsprechenden Isolate sind in alphabetischer Reihenfolge aufgeführt.

#### Saccharomycetales Kudrjanzev

Die Systematik der Hefen (1960): 1-324.

Es wurden insgesamt 14 Stämme aus 11 verschiedenen Proben isoliert, die innerhalb der Saccharomycetales der Gattung *Candida* Berkhout zugeordnet wurden (Tab. 10).

#### *Candida* Berkhout

De schimmelgeslachten *Monilia*, *Oidium*, *Oospora* en *Torula* (1923): 1-71.

Typus: *Candida vulgaris* Berkhout (Syn: *Candida tropicalis* (Castell.) Berkhout)

Teleomorph: Insgesamt wurden 13 verschiedene mit der Gattung *Candida* assoziierte teleomorphe Stadien beschrieben: *Arxiozyma* van der Walt & Yarrow, *Citeromyces* Santa María, *Clavispora* Rodr. Mir., *Debaryomyces* Lodder & Kreger-van Rij ex Kreger-van Rij, *Issatchenkia* Kudryavtsev, Chung-kuo Ti Chen-chun, *Kluyveromyces* van der Walt, *Pichia* E.C. Hansen, *Saccharomyces* Meyen ex Hansen, *Stephanoascus* M.T. Sm. et al., *Torulasporea* Lindner, *Wickerhamiella* van der Walt & Liebenberg, *Yarrowia* van der Walt & Arx, *Zygoascus* M.T. Sm. (de Hoog et al. 2014).

Synonyme

*Asporomyces* Chaborski, Rech. Levures Thermophiles Cryophiles, (Thèse Genève) (1918): 26.

*Azymocandida* E.K. Novák & Zsolt, Acta Microbiol. Hung. 7 (1961): 100.

*Azymoprocandida* E.K. Novák & Zsolt, Acta Microbiol. Hung. 7 (1961): 100.

*Blastodendrion* (M. Ota) Cif. & Redaelli, Atti Ist. bot. R. Univ. Pavia (1925): 193.

*Candida* Cif. & Redaelli

*Castellania* C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 246.

*Enantiothamnus* Pinoy, Annals Derm. Syph. 5 (1911): 602.

*Endoblastoderma* B. Fisch. & Brebeck, Morph., Biol. System. Kahmpilze (Jena) (1894): 1-52.

*Epochnium* Link, Mag. Gesell. Naturf. Freunde Berlin 3 (1809): 18.

*Eutorula* H. Will, Zentbl. Bakt. ParasitKde, Abt. II, 46 (1916): 241.  
*Eutorulopsis* Cif., Atti Ist. bot. R. Univ. Pavia 3 (1925): 143.  
*Geotrichoides* Langeron & Talice, Anns. Parasit. Hum. Comp. 10 (1932): 62.  
*Halobysus* Zukal, Öst. Bot. Z. 43 (1893): 279.  
*Microanthomyces* Grüss, Jb. Wiss. Bot. 66 (1926): 177.  
*Monilia* Bonord., Handbuch der allgemeinen Mykologie (1851): 76.  
*Myceloblastanon* M. Ota [als „Myzeloblastenon“], Dermat. Wochenschr. 78 (1924): 224.  
*Myceloblastanon* subgen. *Blastodendrion* M. Ota, Dermat. Wochenschr. 78 (1924): 216-264.  
*Mycocandida* Langeron & Talice, Anns. Parasit. Hum. Comp. 10 (1932): 56.  
*Mycocryptococcus* Pollacci & Nann., Atti R. Accademia Fisiocrittica Siena, Serie X (1927): 35-43.  
*Mycotorula* H. Will, Centbl. Bakt. ParasitKde, Abt. II, 46 (1916): 263.  
*Mycotorula* subgen. *Mycotoruloides* (Langeron & Talice) Verona, Nuovo G. bot. ital. 40 (1933).  
*Mycotoruloides* Langeron & Talice, Anns. Parasit. Hum. Comp. 10 (1932): 48.  
*Parasaccharomyces* Beurm. & Gougerot, Tribune Méd., (Paris) 42 (1909): 502.  
*Paratorulopsis* E.K. Novák & Zsolt, Acta Microbiol. Hung. 7 (1961): 101.  
*Parendomyces* Queyrat & Laroche, Bull. Mém. Soc. Med. Hôpit. Paris 28 (1909): 136.  
*Procandida* E.K. Novák & Zsolt, Acta Microbiol. Hung. 7 (1961): 100.  
*Pseudomonilia* A. Geiger, Zentbl. Bakt. ParasitKde, Abt. II, 27 (1910): 134.  
*Syringospora* Quinq., Arch. Physiol. Norm. Pathol. 1 (1868): 293.  
*Thailandia* Vardhan., Sydowia 13 (1956): 102.  
*Thromboocytozoons* Tchacarof, (1963).  
*Torulopsis* Berl., Giorn. Vitic. Enol. 54 (1894).

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Saccharomycetes

Unterklasse: Saccharomycetidae

Ordnung: Saccharomycetales

Familie: Incertae sedis

(Synonyme und Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Candida* wurde von Berkhout (1923) für neun verschiedene, zuvor in der Gattung *Monilia* Bonord. klassifizierte und durch die Bildung von echten Hyphen und knospenden Zellen charakterisierte Isolate aufgestellt (Barnett 2004; Berkhout 1923). Der Name *Candida* wurde mit der Art *Candida vulgaris* (Syn: *Candida tropicalis*) als Lectotypus gegenüber den Namen *Syringospora* Quinq. (1868), *Parendomyces* Beurm. & Gougerot (1909), *Parasaccharomyces* Beurm. & Gougerot (1909), *Pseudomonilia* A. Geiger (1910) konserviert (Rogers 1953; MycoBank: Stand 2014) und die Diagnose der Gattung durch Yarrow und Meyer (1978) verändert, um nur knospende Zellen und Pseudomyzel bildende Arten der Gattung *Torulopsis* Berl. mit in die Gattung *Candida*

aufnehmen zu können (Yarrow und Meyer 1978). Diezmann et al. (2004) und Kurtzman und Robnett (1998) zeigten durch phylogenetische Analysen basierend auf nrDNA Sequenzdaten von Isolaten der Gattung *Candida* und weiterer assoziierter Gattungen innerhalb der Saccharomycetales, dass es sich bei *Candida* und anderen Hefe-Gattungen, wie *Pichia* E.C. Hansen, *Kluyveromyces* van der Walt oder *Zygosaccharomyces* B.T.P. Barker, um polyphyletische Gruppen handelt (Diezmann et al. 2004; Kurtzman und Robnett 1997). Die Gattung *Candida* beinhaltet aktuell 314 akzeptierte Arten (Kurtzman et al. 2011) und 836 (Mycobank: Stand 2014) bzw. 869 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen.

### **Koloniemorphologie**

Arten der Gattung *Candida* sind charakterisiert durch weiche, schleimige bis wachsige oder trockene, weiße bis cremefarbene oder hell schmutzig-weiße und gelegentlich leicht rötliche Kolonien (de Hoog et al. 2014; Kurtzman et al. 2011).

### **Mikromorphologie**

Überwiegend erfolgt die Bildung von einzelligen, kugelförmigen bis zylindrischen, hyalinen oder subhyalinen, knospenden Zellen. Andere morphologische Merkmale wie Chlamydosporen, Pseudomyzel oder echtes Myzel wurden ebenfalls bei einigen Arten der Gattung beschrieben (de Hoog et al. 2014; Kurtzman et al. 2011; Yarrow und Meyer 1978).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1 und BSL-2; Arten der Gattung *Candida* wurden als Verursacher von Mykosen der Schleimhäute, entzündlicher kutaner Mykosen feuchter Körperregionen, Onychomykosen und als opportunistische Erreger, überwiegend systemischer Mykosen bei immunsupprimierten oder anderweitig prädisponierten Personen dokumentiert (Campbell et al. 1996; Daniel et al. 1998; de Hoog et al. 2014; Effendy 2007; Marol und Yücesoy 2008; Nakamura und Takahashi 2006; Seeliger und Heymer 1981). Verschiedene Arten der Gattung finden Verwendung in der Biotechnologie zur Herstellung von organischen Substanzen, wie Säuren, Vitaminen oder Fetten und zur fermentativen Herstellung von Lebensmitteln. Arten der Gattung *Candida* sind ubiquitäre, saprotrophe Organismen mit einer weltweiten Verbreitung und wurden von unterschiedlichen organischen Substraten, aus Erde, Luft- und Wasserproben isoliert und als Kommensalen des Menschen und

unterschiedlicher Tiergruppen, wie Arthropoden, Insekten, Vögeln, Fischen und Säugtieren dokumentiert (Buck 1990; Cafarchia et al. 2006; Cook und Schlitzer 1981; Cordeiro et al. 2010; de Hoog et al. 2014; Glushakova et al. 2004; Nunn et al. 2007; Simonetti et al. 2004; Storti et al. 2012; Suh et al. 2005; Suh et al. 2008; Thormann und Rice 2007; van Uden und Kolipinski 1962).

### **Isolierte Arten**

Insgesamt wurden 14 Stämme isoliert, die basierend auf morphologischen Merkmalen der Gattung *Candida* zugeordnet wurden (Tab. 9). Hiervon wurden sechs Isolate anhand von nrDNA Sequenzdaten und morphologischen Merkmalen als *C. albicans* (JW071p7), *C. duobushaemulonii* (JW048p2, JW048p3, JW073p1, JW076p2) und *C. tropicalis* (JW076p4) klassifiziert (Tab. 10).

***Candida albicans*** (C.P. Robin) Berkhout

**Abb. 76-78**

De schimmelgeslachten Monilia, Oidium, Oospora en Torula (1923): 44.

Teleomorph-Stadium: *Actonia tropicalis* C.W. Dodge (1935)

Basionym

***Oidium albicans*** C.P. Robin, Histoire naturelle des végétaux parasites qui croissent sur l'homme et sur les animaux vivants (1853): 488.

Synonyme

***Actonia tropicalis*** C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 146.

***Atelosaccharomyces harteri*** (Verdun) Beurm. & Gougerot, Les Levures (Paris) (1912): 491.

***Atelosaccharomyces laryngitidis*** (Sartory, Petgès & Claqué) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 344.

***Blastodendron cutaneum*** (M. Ota) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 287.

***Blastodendron cutaneum* var. *cutaneum*** (M. Ota) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 287.

***Blastodendron cutaneum* var. *fujii*** C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 287.

***Blastodendron erectum*** Langeron & Talice, Annls Parasit. hum. comp. 10 (1932): 1-80.

***Blastodendron favrei*** (M. Ota) Langeron & Talice, Annls Parasit. hum. comp. 10 (1932): 62.

*Blastodendron gifuense* (Tanig.) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 288.

*Blastodendron intestinale* Mattlet, Ann. Soc. belg. Méd. trop. 6 (1926): 16-20.

*Blastodendron intestinale* var. *intestinale* Mattlet, Ann. Soc. belg. Méd. trop. 6 (1926): 16-20.

*Blastodendron oosporoides* Zach, in Wolfram & Zach, Archiv für Dermatologie und Syphilis 169 (1933): 102.

*Blastodendron pinoyi* (Castell.) Langeron & Talice, Annls Parasit. hum. comp. 10 (1932): 62.

*Blastodendron pinoyisimilis* (Castell.) Castell. & Jacono, J. Trop. Med. Hyg. 36 (1933): 297-321.

*Blastomyces albicans* Brownlie, in Brownlie & Shattock, J. Laryng. Rhin. Otol. 34 (1920): 425-431.

*Candida alba* (Queyrat & Laroche) F.P. Almeida, Anais Fac. Med. Univ. São Paulo 9 (1933): 77.

*Candida albicans* var. *albicans* (C.P. Robin) Berkhout, De Schimmelgesl. Monilia, Oidium, Oospora en Torula, Diss. Utrecht (1923): 44.

*Candida albicans* var. *clausenii* (Lodder & Kreger-van Rij) Verona & A.M. Corte, Atti Ist. bot. Univ. Lab. crittog. Pavia, Ser. 5 17 (1960): 84.

*Candida albicans* var. *metalondinensis* (Castell. & Chalm.) Cif., Manuale di Micologia Medica 2 (1960): 252.

*Candida albicans* var. *stellatoidea* (C.P. Jones & D.S. Martin) Diddens & Lodder, Beitr. Monographie der Hefearten, II Tiel. Die anaskosporogen Hefen. Zweite Hälfte (1942): 1-511.

*Candida aldoi* (M.J. Pereira) Castell. & Jacono, J. Trop. Med. Hyg. 36 (1933): 317.

*Candida bethaliensis* (Pijper) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 231.

*Candida biliaria* Bat. & J.S. Silveira, Hospital, Rio de J. 56 (1959): 295.

*Candida butantanensis* (M.R.M. Gomes) Langeron & Talice, Annls Parasit. hum. comp. 10 (1932): 54.

*Candida clausenii* Lodder & Kreger-van Rij, Yeasts, a taxonomic study, Edn. 1 (Amsterdam) (1952): 672.

*Candida desidiosa* Cif. & Redaelli, Arch. Mikrobiol. 6 (1935): 65.

*Candida favrei* (M. Ota) F.P. Almeida, Anais Fac. Med. Univ. São Paulo 9 (1933): 77.

*Candida genitalis* Bat. & J.S. Silveira, Publicações Inst. Micol. Recife 170 (1962): 11.

*Candida intestinalis* Bat. & J.S. Silveira, Hospital, Rio de J. 56 (1959): 293.

*Candida langeronii* Dietrichson ex Uden & H.R. Buckley [als „*langeroni*“], in Lodder, Yeasts, a taxonomic study, 2<sup>nd</sup> Edn. (Amsterdam) (1970): 989.

*Candida langeronii* Dietrichson, Annls Parasit. hum. comp. 29 (1954): 479.

*Candida metalondinensis* (Castell. & Chalm.) Basgal, Contrib. Estud. Blastom. Pulmon. (1931): 49.

*Candida mycotoruloidea* Redaelli & Cif., Arch. Mikrobiol. 6 (1935): 50.

*Candida nouvelii* Saëz, Bull. trimest. Soc. mycol. Fr. 89 (1973): 82.

*Candida pinoyi* (Castell.) Basgal, Contrib. Estud. Blastom. Pulmon. (1931): 50.

*Candida pinoyisimilis* (Castell.) Castell., J. Trop. Med. Hyg. 36 (1933): 312.

*Candida psilosis* (Ashford) F.P. Almeida, Anais Fac. Med. Univ. São Paulo 9 (1933): 77.

*Candida pulmonalis* (Castell.) Basgal, Contrib. Estud. Blastom. Pulmon. (1931): 49.

*Candida stellatoidea* (C.P. Jones & D.S. Martin) Langeron & Guerra, Annls Parasit. hum. comp. 17 (1939): 257.

*Candida triadis* (Langeron & Talice) Langeron & Guerra, *Annls Parasit. hum. comp.* 16 (1938): 452.

*Candida truncata* Vanbreus., *Arch. Derm. Syph.* 4 (1948): 3 .

*Candida tumefaciens* (Vuill.) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 232.

*Candida urinae* C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 230.

*Castellania alba* (Castell. & Chalm.) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 262.

*Castellania copellii* (Neveu-Lem.) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 252.

*Castellania decolorans* (Castell. & G.C. Low) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 253.

*Castellania mannitofermentans* (Castell.) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 255.

*Castellania metalondinensis* (Castell. & Chalm.) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 256.

*Castellania metschnikoffii* (Castell.) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 250.

*Castellania nabarroii* (Castell.) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 253.

*Castellania pseudolondinensis* (Castell. & Chalm.) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 255.

*Castellania pseudolondinoides* (Castell. & Chalm.) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 255.

*Castellania pseudometalondinensis* (Castell. & Chalm.) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 255.

*Castellania pulmonalis* (Castell.) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 255.

*Castellania richmondii* (F.W.A. Shaw) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 256.

*Castellania unguium* (Bourgeois) C.W. Dodge, *Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals* (1935): 248.

*Cryptococcus albus* (Queyrat & Laroche) Castell. & Chalm., *Man. trop. med.*, 3<sup>rd</sup> Edn. (London) (1919): 1080.

*Cryptococcus copellii* Neveu-Lem., *Précis Parasitol. hum.*, Edn 2 (Paris) (1921): 79.

*Cryptococcus favrei* (M. Ota) Pollacci & Nann., *Miceti. pat. Uomo. Anim.*, fasc. 9 (1929): 83.

*Cryptococcus harteri* Gedoelst, *Précis Parasitol.* (1912).

*Cryptococcus laryngitidis* Sartory, Petgès & Claqué, *C. R. Soc. Biol.*, Paris 89 (1923): 179.

*Cryptococcus pinoyssimilis* Castell., *Med. Pr.*, N.S. 135 (1933): 441.

*Cryptococcus skutetzkyi* M. Ota, *Trattato di Micopatologia Umana* (Firenze) 4 (1934): 331.

*Cryptococcus tonsillarum* Nann., *Trattato di Micopatologia Umana* (Firenze) 4 (1934): 341.

- Dematium albicans* (C.P. Robin) E. Laurent, Bull. Séanc. Soc. belge microsc. 16 (1889): 14.
- Endomyces actoni* Vuill., C. r. hebd. Séanc. Acad. Sci., Paris 170 (1920): 788-790.
- Endomyces albicans* Johan-Olsen, Zentbl. Bakt. Parasitenkunde, Abt. II 3 (1897): 273-284 .
- Endomyces albicans* Okabe, Zentbl. Bakt. Parasitenkunde 111 (1929): 181-187.
- Endomyces albicans* Vuill., C. r. hebd. Séanc. Acad. Sci., Paris 127 (1898): 630.
- Endomyces molardii* Salvat & Fontoyne., Bull. Soc. Path. Exot. 15 (1922): 320.
- Endomyces pinoyi* Castell., Lancet 1 (1912): 15.
- Endomyces pulmonalis* Castell., Archs Parasit. 16 (1913): 186.
- Endomyces pulmonalis* Senéz, Bol. Lab. Bact. Tucumán 1 (1918): 58-80.
- Endomyces tropicalis* Acton, Indian J. med. Res. 6 (1919): 598.
- Endomyces tropicalis* Castell., Zentbl. Bakt. Parasitenkunde, Abt. I 58 (1911): 236.
- Endomyces vuilleminii* Lindau, Die mikroskopischen Pilze (Berlin) (1912): 106.
- Endomycopsis albicans* (Vuill.) N.M. Dekker, Verh. K. Akad. Wet., tweede sect. 28 (1931): 231.
- Geotrichoides tumefaciens* (Vuill.) Langeron & Talice, Anns Parasit. hum. comp. 10 (1932): 68.
- Geotrichum pseudoalbicans* (Neveu-Lemaire) F.P. Almeida & Silva Lacaz, Folia clin. biol. São Paulo 12 (1940): 46.
- Guilliermondella vuilleminii* (Lindau) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 136.
- Monilia actoni* (Vuill.) Vuill., Trudy Troitsk. Otd. imp. russk. geogr. obsc. (1931): 79-112, 282-285.
- Monilia alba* (Queyrat & Laroche) Sartory, Champ. paras. homme anim. 10 (1922): 707.
- Monilia alba* Castell. & Chalm., Man. trop. med., 3<sup>rd</sup> Edn. (London) (1919): 1089.
- Monilia albicans* (C.P. Robin) Zopf, Die Pilze in morphologischer, physiologischer, biologischer und systematischer Beziehung (1890): 478.
- Monilia albicans* Magron (1918)
- Monilia albicans var. non-liquefaciens* Sasak., Zentbl. Bakt. Parasitenkunde 88 (1922): 269-285.
- Monilia aldoi* M.J. Pereira, J. Trop. Med. Hyg. 30 (1927): 10.
- Monilia alvarezsotoi* S. Mazza & Niño, Reunion Soc. Argentina Patol. Region Norte 6 (1931): 180-214.
- Monilia ashfordii* (H.W. Anderson) Brumpt, Précis Parasitol. hum. 3 (Paris) (1922): 1-1216.
- Monilia bethaliensis* Pijper, in Castellani & Chalmers, Man. trop. med., 3<sup>rd</sup> Edn. (London) (1919): 1091.
- Monilia buccalis* Niño & Puglisi, Semana Méd. 34 (1927): 229.
- Monilia butantanensis* M.R.M. Gomes, Ann. paulist. Med. Cirurg. 15 (1924): 246.
- Monilia cutanea* (M. Ota) Nann., Manual of tropical medicine, 2<sup>nd</sup> Edn. (London) (1934): 830.
- Monilia decolorans* Castell. & G.C. Low, J. Trop. Med. Hyg. 16 (1913): 33.
- Monilia favrei* (M. Ota) Brumpt, Trudy Troitsk. Otd. imp. russk. geogr. obsc. (1927): 1241.
- Monilia fiocci* Pollacci & Nann., Siena (San Bernadino) 63 (1928): 743-766.
- Monilia gifuensis* (Tanig.) Vuill., Encyclop. Mycol. 2 (1931): 274.
- Monilia harteri* (Verdun) Castell. & Chalm., Manual of tropical medicine (London) (1913): 831.
- Monilia inexorabilis* S. Mazza & Palamedi, 7a. Reunion Soc. Argentina Patol. Region Norte (1932): 424-467.
- Monilia laryngitidis* (Sartory, Petgès & Claqué) Vuill., Encyclop. Mycol. 2 (1931): 84.
- Monilia mannitofermentans* Castell., Proc. Soc. Exper. Biol. Med. 26 (1929): 1.

- Monilia metalondinensis* Castell. & Chalm., Man. trop. med., 3<sup>rd</sup> Edn. (London) (1919): 1082.
- Monilia metalondinensis* var. *metalondinensis* Castell. & Chalm., Man. trop. med., 3<sup>rd</sup> Edn. (London) (1919): 1082.
- Monilia metalondinensis* var. *pseudolondinensis* (Castell. & Chalm.) Castell., J. Trop. Med. Hyg. 40 (1937): 293.
- Monilia metschnikoffii* Castell. [als „*metschnikoffi*“], Annl. Inst. Pasteur, Paris 30 (1916): 154.
- Monilia narbarroi* Castell., in Castellani & Chalmers, Man. trop. med., 3<sup>rd</sup> Edn. (London) (1919): 1090.
- Monilia periunguealis* Niño, Bol. Inst. Clín. Quir. Fac. Ci. Méd. Univ. Nac. 5 (1930): 270-283.
- Monilia pinoyi* (Castell.) Castell. & Chalm., Manual of tropical medicine (London) (1913): 826.
- Monilia pinoyi* var. *narbarroi* (Castell.) Castell., J. Trop. Med. Hyg. 40 (1937): 293.
- Monilia pinoyi* var. *pinoyi* (Castell.) Castell. & Chalm., Manual of tropical medicine (London) (1913): 826.
- Monilia pinoyisimilis* (Castell.) Castell. & Jacono, Mem. Am. Acad. Arts Sci., ser. 2 (1933): 297-321.
- Monilia pseudoalbicans* Neveu-Lem., Précis Parasitol. hum. 2 (Paris) (1921): 77.
- Monilia pseudolondinensis* Castell. & Chalm., Man. trop. med., 3<sup>rd</sup> Edn. (London) (1919): 1082.
- Monilia pseudolondinoides* Castell. & Chalm., Man. trop. med., 3<sup>rd</sup> Edn. (London) (1919): 1082.
- Monilia pseudometalondinensis* Castell. & Chalm., Man. trop. med., 3<sup>rd</sup> Edn. (London) (1919): 141-155.
- Monilia psilosis* Ashford, Am. J. Med. Sci. 154 (1917): 157-176.
- Monilia richmondii* F.W.A. Shaw [als „*richmondi*“], J. Lab. Clin. Med. 12 (1927): 968.
- Monilia stellatoidea* C.P. Jones & D.S. Martin, Amer. J. Obstetr. Gynec. 35 (1938): 98-106.
- Monilia triadis* (Langeron & Talice) Castell., J. Trop. Med. Hyg. 40 (1937): 293.
- Monilia tumefaciens* Vuill., Encyclop. Mycol. 2 (1931): 86.
- Monilia tumefaciens-alba* (Foul.) M. Ota, Atti R. Accad. Fisiocrit. Siena 17 (1926): 639-654.
- Monilia vaginalis* S. Mazza & Los Rios, Bol. Inst. Clín. Quir. Fac. Ci. Méd. Univ. Nac. 6 (1931): 215-225.
- Monosporium tulanense* var. *mannitolfermentans* Castell., Med. Pr., N.S. 135 (1933): 439.
- Myceloblastanion albicans* (C.P. Robin) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 170.
- Myceloblastanion ashfordii* (H.W. Anderson) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 170.
- Myceloblastanion bethaliense* (Pijper) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 171.
- Myceloblastanion copellii* (Neveu-Lem.) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 171.
- Myceloblastanion cutaneum* M. Ota, Dermat. Wochenschr. 78 (1924): 226.
- Myceloblastanion decolorans* (Castell. & G.C. Low) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 178.
- Myceloblastanion favrei* M. Ota, Annl. Parasit. hum. comp. 3 (1925): 181.
- Myceloblastanion gifuense* Tanig., J. Taihoku Soc. Agric. 1 (1926): 75-94.
- Myceloblastanion gruetzii* M. Ota, Dermat. Wochenschr. 78 (1924): 216.
- Myceloblastanion harteri* (Verdun) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 173.
- Myceloblastanion metalondinense* (Castell. & Chalm.) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 178.
- Myceloblastanion narbarroi* (Castell.) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 178.
- Myceloblastanion pinoyi* (Castell.) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 178.
- Myceloblastanion pseudoalbicans* (Neveu-Lem.) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 173.
- Myceloblastanion psilose* (Ashford) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 176.



*Myceloblastanon pulmonale* (Castell.) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 178.

*Myceloblastanon skutetzkyi* M. Ota [als „*skutetzkyii*“], Jap. J. Derm. Urol. 27 (1927): 177.

*Myceloblastanon tumefaciens-album* (Foul.) M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 28 (1928): 4.

*Mycelorrhizodes cutaneum* M. Ota, Dermat. Wochenschr. 78 (1924): 216-237, 260-265.

*Mycelorrhizodes gruetzii* M. Ota, Dermat. Wochenschr. 78 (1924): 216-273.

*Mycocandida pinoyisimilis* (Castell.) Redaelli & Cif., Arch. Mikrobiol. 6 (1935): 21.

*Mycocandida pinoyisimilis* var. *pinoyisimilis* (Castell.) Redaelli & Cif., Arch. Mikrobiol. 6 (1935): 21.

*Mycocandida skutetzkyi* (M. Ota) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 293.

*Mycoderma desidiosum* (Cif. & Redaelli) C.W. Dodge & M. Moore, Ann. Mo. bot. 23 (1936): 145.

*Mycoderma pseudoalbicans* (Neveu-Lem.) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 229.

*Mycotorula albicans* (C.P. Robin) Langeron & Talice, Anns Parasit. hum. comp. 10 (1932): 44.

*Mycotorula albicans* var. *albicans* (C.P. Robin) Langeron & Talice, Anns Parasit. hum. comp. 10 (1932): 44.

*Mycotorula albicans* var. *vuilleminii* (Lindau) Redaelli et al. [als „*vuillemini*“], Mycopathologia 2 (1939): 120.

*Mycotorula alvarezsotoi* (S. Mazza & Niño) Niño, Bol. Inst. Clín. Quir. Fac. Ci. Méd. Univ. Nac. 14 (1938): 591-1042.

*Mycotorula periunguealis* Niño, Bol. Inst. Clin. Quirurg. Univ. Buenos Aires 14 (1938): 591.

*Mycotorula pinoyi* (Castell.) Saggese, Riv. Clin. Pediatr. 32 (1934): 941.

*Mycotorula psilosis* (Ashford) Langeron & Talice, Anns Parasit. hum. comp. 10 (1932): 47.

*Mycotorula sinensis* Reiss, Zentbl. Bakt. Parasitenkunde, Abt. II 134 (1935): 189-191.

*Mycotorula tonsillae* Carn.-Ricci & Redaelli, in Carnevale-Ricci, Fermenti e pseudofermenti parassiti e commensali delle cripte tonsillari (Milano) (1926): 22.

*Mycotorula tonsillae* var. *afla* Carn.-Ricci & Redaelli, in Carnevale-Ricci, Fermenti e pseudofermenti parassiti e commensali delle cripte tonsillari (Milano) (1926): 38.

*Mycotorula tonsillae* var. *tonsillae* Carn.-Ricci & Redaelli, in Carnevale-Ricci, Fermenti e pseudofermenti parassiti e commensali delle cripte tonsillari (Milano) (1926): 22.

*Mycotorula verticillata* Redaelli & Cif., in Ciferri & Redaelli, Arch. Mikrobiol. 6 (1935): 40.

*Mycotoruloides aldoi* (M.J. Pereira) Langeron & Talice, Anns Parasit. hum. comp. 10 (1932): 49.

*Mycotoruloides ovalis* Langeron & Talice, Anns Parasit. hum. comp. 10 (1932): 49.

*Mycotoruloides triadis* Langeron & Talice, Anns Parasit. hum. comp. 10 (1932): 48.

*Oidium albicans* C.P. Robin, Histoire naturelle des Vegetaux Parasites (Paris) (1853): 488.

*Parasaccharomyces albicans* (C.P. Robin) Mello & L.G. Fern., Arq. Hig. Pat. Exot. 6 (1918): 207-316.

*Parasaccharomyces ashfordii* H.W. Anderson, J. infect. Dis. 21 (1917): 341-387.

*Parasaccharomyces colardii* C.W. Dodge [als „*colardi*“], Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 267.

*Parasaccharomyces harteri* Verdun, Trudy Troitsk. Otd. imp. russk. geogr. obsc. (1913): 724-731.

*Parasaccharomyces intestinalis* (Mattlet) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 268.

*Parasaccharomyces oosporoides* (Zach) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 266.

*Parasaccharomyces oosporoides* var. *oosporoides* (Zach) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 266.

*Parasaccharomyces psilosis* (Ashford) Seaver & Chardón, Scient. Surv. P. Rico 8 (1926): 15.

*Parendomyces albus* Queyrat & Laroche, Bull. Mém. Soc. Med. Hôpit. Paris, Sér. 3 28 (1909): 136.

*Parendomyces butantanensis* (M.R.M. Gomes) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 244.

*Parendomyces inexorabilis* (S. Mazza & Palamedi) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 239-245.

*Parendomyces periunguealis* (Niño) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 239.

*Parendomyces vaginalis* C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 243.

*Procandida albicans* (C.P. Robin) E.K. Novák & Zsolt, Acta bot. hung. 7 (1961): 133.

*Procandida biliaria* (Bat. & J.S. Silveira) E.K. Novák & Zsolt, Acta bot. hung. 10 (1964): 315-341.

*Procandida grubyi* E.K. Novák & Vitéz, Zentbl. Bakt. Parasitenkunde, Abt. I 193 (1964): 130.

*Procandida langeronii* E.K. Novák & Zsolt, Acta bot. hung. 7 (1961): 133.

*Procandida stellatoidea* (C.P. Jones & D.S. Martin) E.K. Novák & Zsolt, Acta bot. hung. 7 (1961): 133.

*Pseudomonilia verticillata* (Redaelli & Cif.) C.W. Dodge & M. Moore, Ann. Mo. bot. 23 (1936): 143.

*Saccharomyces albicans* (C.P. Robin) Reess, Sber. Phys.-Med. Soc. Erlangen (1877): 9.

*Saccharomyces buccalis* Guidi, Exercit. Phytolog. 42 (1896): 625-638.

*Saccharomyces gruetzii* (M. Ota) Brumpt, Trudy Troitsk. Otd. imp. russk. geogr. obsc. (1927): 1240-1241.

*Saccharomyces tumefaciens-albus* Foul., Journal of Pathology and Bacteriology 6 (1900): 37-63.

*Saccharomyces unguius* Bourgeois, Derm. Z. 22 (1915): 411.

*Syringospora albicans* (C.P. Robin) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 274.

*Syringospora claussenii* van der Walt, Mycopath. Mycol. appl. 40(1970): 241.

*Syringospora cutanea* C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 280.

*Syringospora hasegawae* C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 282.

*Syringospora inexorabilis* (S. Mazza & Palamedi) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 242.

*Syringospora negronii* C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 280.

*Syringospora psilosis* (Ashford) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 279.

*Syringospora robinii* Quinq., Arch. Physiol. Norm. Pathol. 1 (1868): 293.

*Syringospora stellatoidea* van der Walt, Mycopath. Mycol. appl. 40 (1970): 241.

*Torulopsis copellii* (Neveu-Lem.) F.P. Almeida, Anais Fac. Med. Univ. São Paulo 9 (1933): 76.  
*Torulopsis harteri* (Verdun) F.P. Almeida, Anais Fac. Med. Univ. São Paulo 9 (1933): 76.  
*Torulopsis laryngitidis* (Sartory, Petgès & Claqué) F.P. Almeida, Annais Fac. Med. São Paulo 9 (1933): 76.  
*Zymonema albicans* C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 174.  
*Zymonema album* C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 175.  
*Zymonema alvarezsotoi* (S. Mazza & Niño) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 177.  
*Zymonema buccale* (Niño & Puglisi) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 176.  
*Zymonema harteri* (Verdun) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 178.  
*Zymonema molardii* (Salvat & Fontoyn.) C.W. Dodge, Medical mycology. Fungous diseases of men and other mammals (1935): 173.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Saccharomycetes

Unterklasse: Saccharomycetidae

Ordnung: Saccharomycetales

Familie: Incertae sedis

Gattung: *Candida*

(Synonyme und Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** leicht erhabene, rasch, aber begrenzt wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 20 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien weiß bis cremefarben, schleimig, glatt bis unregelmäßig gefaltet, mit einem erhabenem Zentrum und einer faserig strähnigen, submers wachsenden Randzone; Kolonierückseite hell cremefarben.

**SGA:** rasch, aber begrenzt wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 20 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien weiß bis hell cremefarben, schleimig, glatt, mit erhabenem Zentrum und anliegender, submers wachsender, faseriger Randzone; Kolonierückseite hell cremefarben.

**OA:** überwiegend submers, rasch, aber begrenzt wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 15 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien weiß, schleimig, glatt, mit

leicht erhabenem Zentrum und submers wachsender, grob faseriger Randzone; Kolonierückseite hell cremefarben.

**MYP:** flache bis leicht erhabene, rasch, aber begrenzt wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von 20 bis 25 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien weiß bis cremefarben, mit schleimig, glatt, mit erhabenem Zentrum und faseriger, submers wachsender Randzone; Kolonierückseite hell cremefarben.

### **Mikromorphologie**

Hefezellen hyalin, oval bis rund, einzellig, (3) 3,5-7 (9) × (2) 2,5-4,5 (6) µm; Bildung von Pseudomyzel und septierten Hyphen, Pseudomyzelstränge häufig mit Blastokonidien in traubiger Anordnung; Chlamydosporen terminal an Hyphen oder Pseudomyzelsträngen, hyalin bis dunkel pigmentiert, mit verdickten Zellwänden, rund, von variabler Größe.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-2; *Candida albicans* ist als Verursacher von Mykosen der Schleimhäute, kutanen Mykosen feuchter Körperbereiche (z.B.: Hautfalten, Windeldermatitis), Entzündungen des Nagelbetts mit sekundärer Veränderung des Nagelbildes, Nagelmykosen und invasiven, systemischen Infektionen bei immunsupprimierten oder anderweitig prädisponierten Personen dokumentiert (Campbell et al. 1996; Daniel et al. 1998; de Hoog et al. 2014; Effendy 2007; Seeliger und Heymer 1981). *C. albicans* ist Teil der natürlichen humanen Mykoflora und ein saprotropher Besiedler der Schleimhäute des Mund- und Rachenraums, des Gastrointestinaltraktes und der äußeren Geschlechtsorgane (de Hoog et al. 2014; Giusiano et al. 2006; Pires-Gonçalves et al. 2007; Lagrou et al. 2007; Seeliger und Heymer 1981; Wang et al. 2007; Yıldırım et al. 2007).

### **Untersuchtes Material**

**JW071P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (80 Jahre) mit einer superfiziellen Mykose des Daumennagels der rechten Hand, gesammelt am 27.01.2011 in David, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 31.03.2011 einmal aus Probenmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW071p7 subkultiviert.

### Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der Sequenzabfolge der ITS und LSU nrDNA des Isolates JW071p7 (ITS: 552 bp, LSU: 585 bp) mit Sequenzen aus öffentlich zugänglichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 100 Prozent mit Sequenzen verschiedener Stämme der Art *Candida albicans* (Tab. 203-206).

**Tabelle 203: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW071p7 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida albicans</i> (23)	100 %	100 % (552/552)	0	KF746431
<i>Candida albicans</i> (LEMI9268F)	100 %	100 % (552/552)	0	KF241849
<i>Candida albicans</i> (LEMI9268D)	100 %	100 % (552/552)	0	KF241847
<i>Candida albicans</i> (HCO11C)	100 %	100 % (552/552)	0	KJ651883

**Tabelle 204: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW071p7 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida albicans</i> (CICC 1965)	100 %	100 % (585/585)	0	KJ783260
<i>Candida albicans</i> (HC11C)	100 %	100 % (585/585)	0	KJ624035
<i>Candida albicans</i> (IFM 54870)	100 %	100 % (585/585)	0	AB828129
<i>Candida albicans</i> (APKU-1)	100 %	100 % (585/585)	0	KC139703

**Tabelle 205: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW071p7 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida albicans</i> (CBS 6431)	100 %	100 % (552/552)	0	--
<i>Candida albicans</i> (CBS 8642)	100 %	100 % (552/552)	0	--
<i>Candida albicans</i> (CBS 8758)	100 %	100 % (552/552)	0	--
<i>Candida albicans</i> (CBS 6426)	100 %	100 % (552/552)	0	--

**Tabelle 206: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW071p7 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida albicans</i> (CBS 5722)	100 %	100 % (585/585)	0	--
<i>Candida albicans</i> (CBS 1912)	100 %	100 % (585/585)	0	--
<i>Candida albicans</i> (CBS 2689)	100 %	100 % (585/585)	0	--
<i>Candida albicans</i> (CBS 2715)	100 %	100 % (585/585)	0	--

## Diskussion

Die Bestimmung des Isolates JW071p7 als *Candida albicans* wurde basierend auf molekularen Daten (ITS und LSU nrDNA Sequenz) und morphologischen Merkmalen durchgeführt. Die untersuchten Merkmale, wie die Größe der Hefezellen, die Existenz von Hyphen und Pseudohyphen, sowie die Bildung von Chlamydosporen unter anaeroben Bedingungen und die Resistenz gegenüber Cycloheximid in einer Konzentrationen von 0,1 Prozent entsprachen der Beschreibung in der Literatur (Campbell et al. 1996; de Hoog et al. 2014). Der Vergleich der Sequenz der ITS und LSU nrDNA mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 100 Prozent mit unterschiedlichen Stämmen der Art *Candida albicans* (Tab. 203-206) und bestätigte so die morphologische Klassifizierung des Isolates.

Aus dem Probenmaterial der Läsion JW071P wurden neben *Candida albicans* zehn weitere Pilzstämme isoliert. So konnten zusätzlich zwei sterile Kultivate (JW071p1, JW071p2), zwei Isolate der Art *Fusarium oxysporum* (JW071p5, JW071p10), ein Stamm der Gattung *Penicillium* (JW071p3) und fünf Hyphomyceten-Stämme (JW071p4, JW071p6, JW071p8, JW071p9, JW071p11) isoliert werden, wovon die Stämme JW071p5, JW071p7 und JW071p10 erfolgreich subkultiviert wurden. *C. albicans* ist als Verursacher von Infektionen der Schleimhäute dokumentiert worden, wobei auch Fälle von kutanen Mykosen und Nagelmykosen beschrieben wurden (Campbell et al. 1996; Das et al. 2008; de Hoog et al. 2014; Effendy 2007; Mügge et al. 2006). Die isolierte Art *Fusarium oxysporum* ist in der Literatur ebenfalls als Verursacher von Nagelmykosen dokumentiert worden (Gupta et al. 2012; Hilmioğlu-Polat et al. 2005; Kuruvilla und Dias 2012; Manikandan et al. 2011; Migheli et al. 2010; Ritchie 1959; Romano et al. 1998; Summerbell et al. 1989). Die Läsion JW071P stellt möglicherweise

das Ergebnis einer erfolgten Infektion der Nagelplatte durch *Fusarium oxysporum* und einer anschließenden Besiedlung durch *Candida albicans* dar. Für eine abschließende Bewertung der Läsion und der isolierten Pilzstämmen wären allerdings eine weitere Probenahme und gegebenenfalls eine genauere Analyse der im Nativpräparat gefundenen Pilzelemente nötig (Daniel et al. 1998; Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012; Summerbell et al. 2005).

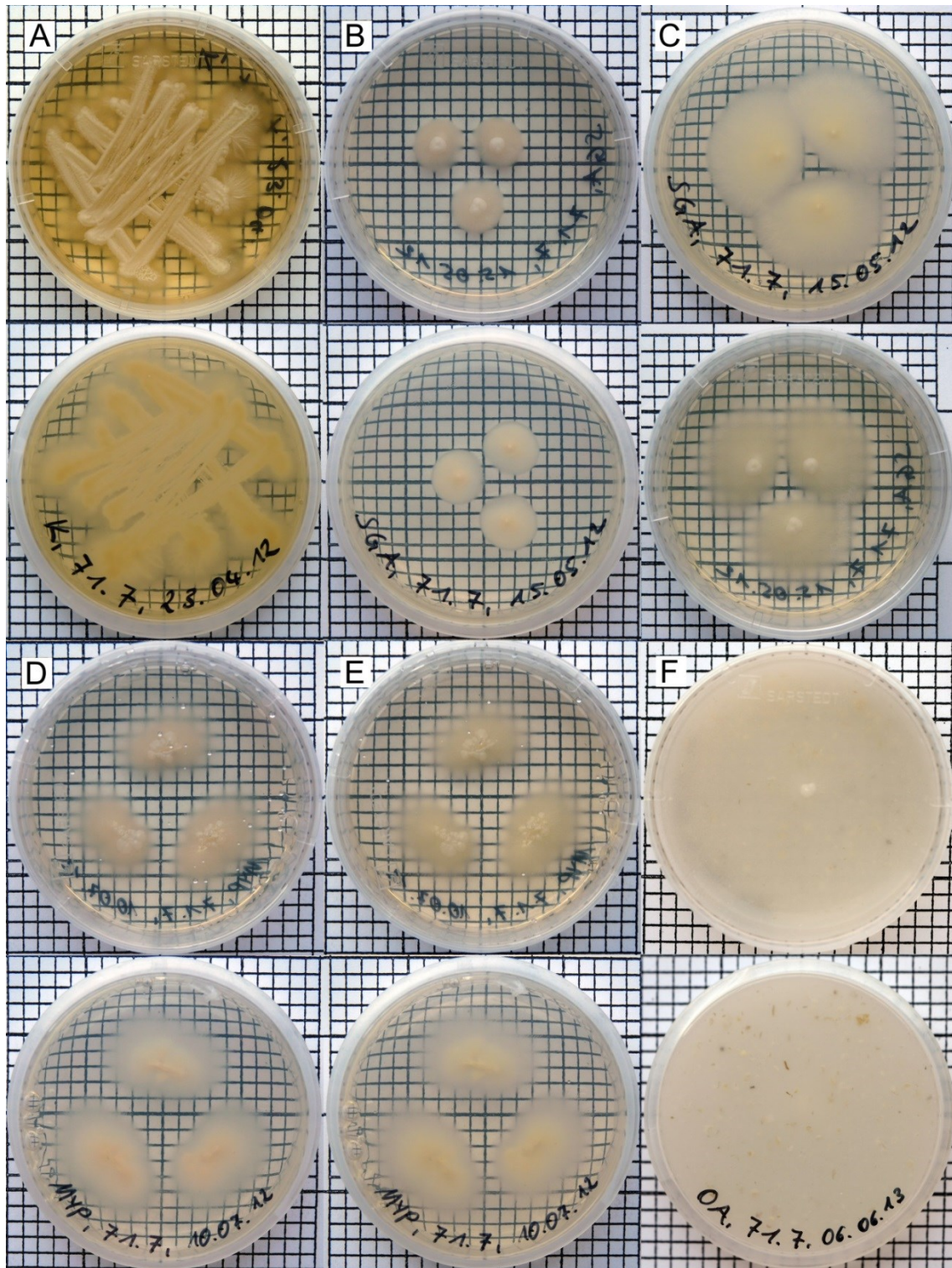
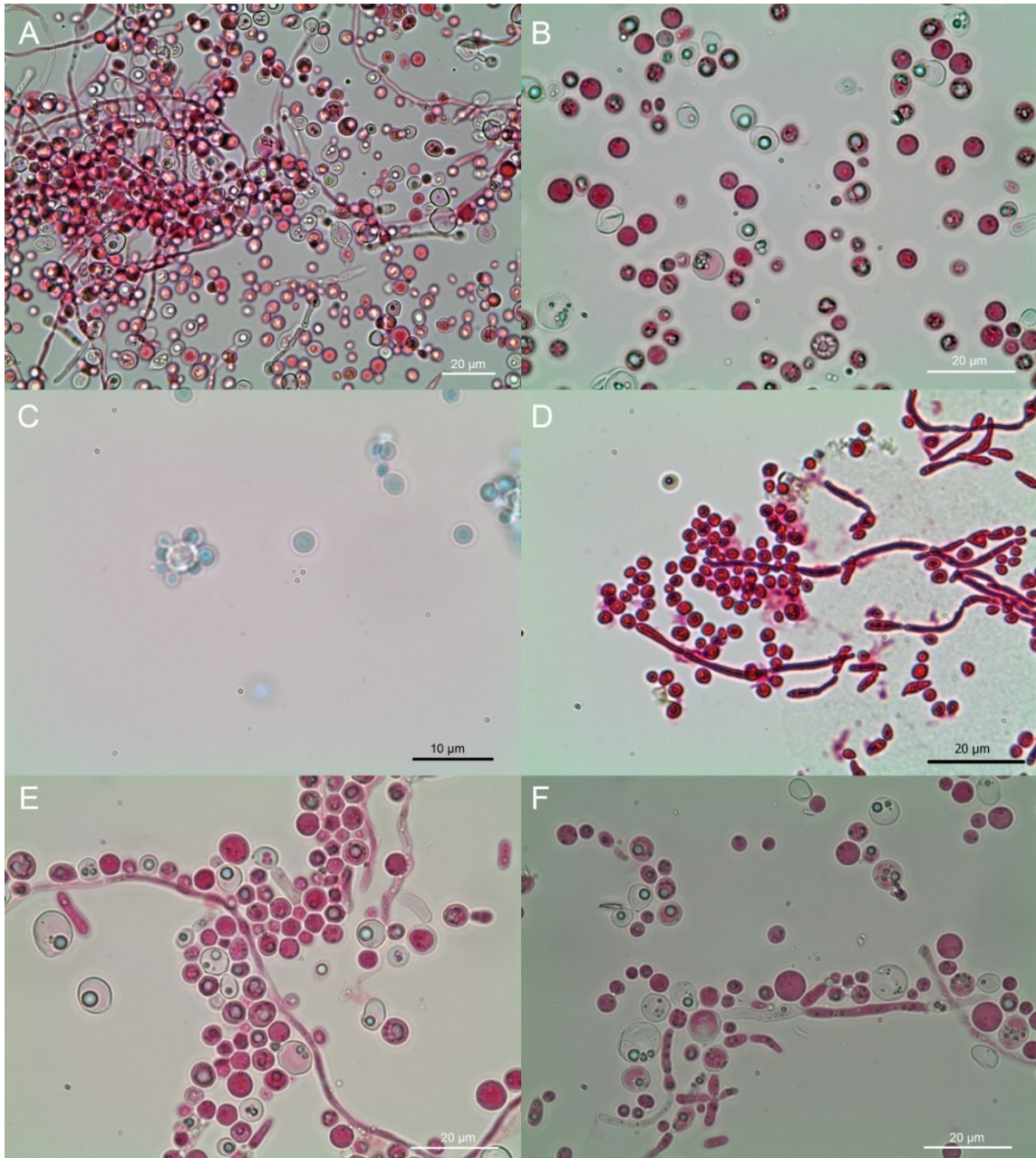


Abbildung 76: Kulturen von *Candida albicans* (JW071p7) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (7 d). E: MYP (14 d). F: OA (10 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.





**Abbildung 77: Mikromorphologische Strukturen von *Candida albicans* (JW071p7). A: Knospende Zellen, septierte Hyphen und Pseudomyzel. B: Knospende Zellen. C: Mutterzelle mit mehreren Tochterzellen. D: Pseudomyzel mit Chlamydosporen und Blastokonidien. E: Hefezellen und septierte Hyphen. F: Hefezellen, echtes Myzel und Pseudomyzel. A, B, D-F: Maßstab = 20 µm (gefärbt mit Phloxin), C: Maßstab = 10 µm (gefärbt mit Baumwollblau).**

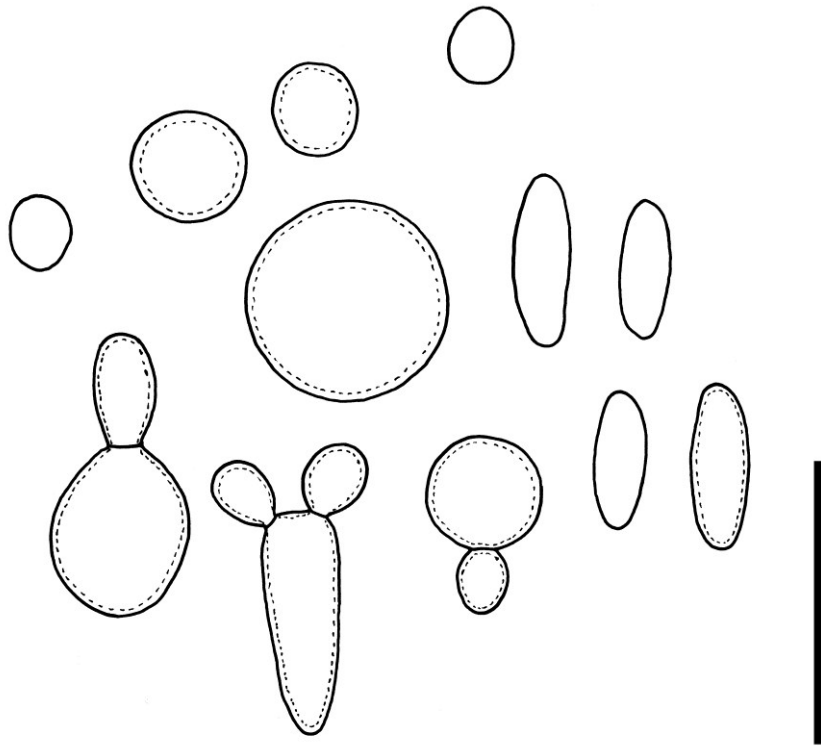


Abbildung 78: *Candida albicans* (JW071p7). Knospende Zellen und einzelne Blastokonidien.  
Maßstab = 10 µm.

*Candida duobushaemulonii* E. Cendejas-Bueno et al.

**Abb. 79-80**

Reclassification of the *Candida haemulonii* complex as *Candida haemulonii* (*C. haemulonii* group I), *C. duobushaemulonii* sp. nov. (*C. haemulonii* group II), and *C. haemulonii* var. *vulnera* var. nov.: three multiresistant human pathogenic yeasts. J. Clin. Microbiol. 50 (2012): 3641-3651.

Synonyme

*Candida haemulonii*      Typ II

*Candida haemulonis*      Typ II

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Saccharomycetes

Unterklasse: Saccharomycetidae

Ordnung: Saccharomycetales

Familie: Incertae sedis

Gattung: *Candida*

(Synonyme und Systematik basierend auf molekularen Daten, nach Cendejas-Bueno et al. 2012, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

Überwiegend emers, rasch aber begrenzt wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von ca. 12 mm in 7 d, mit einer weichen, schleimig feuchten Konsistenz und einer weißen bis cremefarbenen Koloniepigmentierung und einer hell gelblich braunen Rückseite.

### **Mikromorphologie**

Hefezellen hyalin, oval bis rund, einzellig, 4-7 × 4-6 µm; Bildung von Pseudomyzel aus gestreckten, zylindrischen Zellen.

Für eine detaillierte Beschreibung siehe de Hoog et al. (2014) und Weisenborn (2008).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-2; *Candida duobushaemulonii* [als *C. haemulonii*] wurde als Verursacher von systemischen Mykosen, Peritonitis und Besiedler von Haut- und Nagelläsionen dokumentiert (de Hoog et al. 2014; Desnos-Ollivier et al. 2008; English und Atkinson 1974;

Gargeya et al. 1991; Kim et al. 2009; Kim et al. 2011b; Lehmann et al. 1993; Rodero et al. 2002; Ruan et al. 2010; Weisenborn 2008).

### Untersuchtes Material

**JW048P:** Hautproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (59 Jahre) mit einer schuppig, wunden Hautläsion des Spanns beider Füße. Die Probe wurde am 28.09.2009 in Gualaca, Provinz Chiriquí gesammelt. Die Stämme wurden am 09.11.2009 aus Probenmaterial auf Nährmedium mit und ohne Cycloheximid isoliert und als JW048p2 und JW048p3 subkultiviert.

**JW073P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (87 Jahre) mit einer Onychomykose des zweiten Zehennagels des rechten Fußes. Das Material wurde am 28.01.2011 gesammelt. Der Stamm wurde am 31.03.2011 aus Probenmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW073p1 subkultiviert.

**JW076P:** Nagelproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (41 Jahre) mit einer Mykose der Haut und Nägel beider Füße. Die Probe wurde am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí gesammelt. Der Stamm wurde am 20.03.2011 aus Nagelmaterial auf Medium ohne Cycloheximid isoliert und als JW076p2 subkultiviert.

### Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der Sequenzabfolge der ITS und LSU nrDNA Sequenzen der Isolate JW048p2 (ITS: 427 bp, LSU: 528 bp), JW048p3 (ITS: 415 bp, LSU: 534 bp), JW073p1 (ITS: 417 bp, LSU: 531 bp), JW076p2 (ITS: 414 bp, LSU: 529 bp) mit Sequenzen aus öffentlich zugänglichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 99 - 100 Prozent mit Sequenzen verschiedener Stämme der Art *Candida duobushaemulonii* (Tab. 207-222).

**Tabelle 207: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW048p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	99 %	100 % (426/426)	0	NR130694
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7799)	99 %	100 % (426/426)	0	JX459667
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	99 %	100 % (423/423)	0	JX459668
<i>Candida haemulonii</i> Typ II (JW022P.3)	97 %	99 % (412/415)	0	GQ402827

**Tabelle 208: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW048p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CNMCL7829w)	100 %	100 % (528/528)	0	JX459792
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	100 %	100 % (528/528)	0	JX459767
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	100 %	100 % (528/528)	0	JX459765
<i>Candida haemulonii</i> Typ II (JW022P.3)	99 %	99 % (525/526)	0	JN880427

**Tabelle 209: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW048p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7799)	99 %	100 % (552/552)	0	JX459667
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	99 %	100 % (552/552)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	99 %	100 % (552/552)	0	JX459668
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 6915)	90 %	100 % (552/552)	0	--

**Tabelle 210: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW048p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 9754)	100 %	100 % (528/528)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	100 %	100 % (528/528)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	100 %	100 % (528/528)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 6915)	100 %	99 % (528/530)	0	--

**Tabelle 211: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW048p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	99 %	100 % (414/414)	0	JX459666
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	99 %	100 % (414/414)	0	JX459668
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7799)	99 %	100 % (414/414)	0	JX459667
<i>Candida duobushaemulonii</i> (DB2792)	97 %	99 % (395/395)	0	KF031310

**Tabelle 212: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW048p3 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CNMCL7829w)	100 %	100 % (534/534)	0	JX459792
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	100 %	100 % (534/534)	0	JX459767
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	100 %	100 % (534/534)	0	JX459765
<i>Candida haemulonii</i> Typ II (JW022P.3)	99 %	99 % (526/527)	0	JN880427

**Tabelle 213: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW048p3 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	99 %	100 % (414/414)	0	JX459666
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	99 %	100 % (414/414)	0	JX459668
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7799)	99 %	100 % (414/414)	0	JX459667
<i>Candida duobushaemulonii</i> (DB2792)	97 %	100 % (395/395)	0	KF031310

**Tabelle 214: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW048p3 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	100 %	100 % (534/534)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 9754)	100 %	100 % (534/534)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	100 %	100 % (528/528)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	96 %	99 % (514/514)	0	--

**Tabelle 215: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW073p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	99 %	100 % (415/415)	0	NR130694
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	99 %	100 % (415/415)	0	JX459668
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 78799)	99 %	100 % (415/415)	0	JX459668
<i>Candida duobushaemulonii</i> (UZ99)	96 %	99 % (401/401)	0	KM361511

**Tabelle 216: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW073p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CNMCL7829w)	100 %	100 % (528/528)	0	JX459792
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	100 %	100 % (528/528)	0	JX459767
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	100 %	100 % (528/528)	0	JX459765
<i>Candida haemulonii</i> Typ II (JW022P.3)	99 %	99 % (525/526)	0	JN880427

**Tabelle 217: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW073p1 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7799)	99 %	100 % (552/552)	0	JX459667
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	99 %	100 % (552/552)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	99 %	100 % (552/552)	0	JX459668
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 6915)	90 %	100 % (552/552)	0	--

**Tabelle 218: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW073p1 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 9754)	100 %	99,8 % (530/531)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	100 %	99,8 % (530/531)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	100 %	99,8 % (530/531)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 6915)	100 %	99,4 % (528/530)	0	--

**Tabelle 219: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW076p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	97 %	100 % (405/405)	0	JX459666
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	97 %	100 % (405/405)	0	JX459668
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7799)	97 %	100 % (405/405)	0	JX459667
<i>Candida duobushaemulonii</i> (UZ99)	96 %	100 % (401/401)	0	KF031310

**Tabelle 220: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW076p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CNMCL7829w)	100 %	100 % (534/534)	0	JX459792
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	100 %	100 % (534/534)	0	JX459767
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	100 %	100 % (534/534)	0	JX459765
<i>Candida haemulonii</i> Typ II (JW022P.3)	99 %	99 % (526/527)	0	JN880427

**Tabelle 221: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW076p2 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	97 %	100 % (405/405)	0	JX459666
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	97 %	100 % (405/405)	0	JX459668
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7799)	97 %	100 % (405/405)	0	JX459667
<i>Candida duobushaemulonii</i> (DB2792)	95,6 %	100 % (396/396)	0	KF031310

**Tabelle 222: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW076p2 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 9754)	100 %	100 % (530/531)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7800)	100 %	100 % (530/531)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 7798)	100 %	100 % (530/531)	0	--
<i>Candida duobushaemulonii</i> (CBS 6915)	100 %	99,6 % (528/530)	0	--

## Diskussion

Die Klassifizierung der Isolate JW048p2, JW048p3, JW073p1 und JW076p2 als *Candida duobushaemulonii* basiert auf molekularen Daten (ITS und LSU nrDNA Sequenz) und morphologischen Merkmalen. Die untersuchten Merkmale, wie die Größe der Hefezellen, die Existenz von Pseudohyphen und die Resistenz gegenüber Cycloheximid in einer Konzentrationen von 0,1 Prozent entsprachen der Beschreibung in de Hoog et al. (2014). Der Vergleich der Sequenz der ITS und LSU nrDNA mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 99 - 100 Prozent mit unterschiedlichen Stämmen der Art *Candida duobushaemulonii* (Tab. 207-222) und bestätigte so die Klassifizierung der Isolate.

*Candida duobushaemulonii* wurde als Verursacher von Haut- und Nagelmykosen, sowie als sekundärer Besiedler bereits existierender Läsionen dokumentiert, allerdings konnten aus den gesammelten Proben der untersuchten Läsionen JW048P, JW073p1 und JW076p2 neben *Candida duobushaemulonii* weitere Pilze isoliert werden. So wurden aus dem Material der Läsion JW048P zusätzlich ein steriles Myzel (JW048p1), aus dem Material der Probe JW073P ein Isolat der Gattung *Fusarium* (JW073p2) und zwei sterile Myzelien (JW073p3, JW073p4) und aus der Probe JW076P zusätzlich ein Stamm der Art *Microascus cinereus* (JW076p1), ein Isolat der Art *Candida tropicalis* (JW076p4), zwei Stämme der Art *Lophotrichus bartlettii* (JW076p3, JW076p6) und ein weiterer Hyphomycet (JW076p5) isoliert. Inwieweit die Stämme der Art *Candida duobushaemulonii* oder andere der isolierten Organismen als Verursacher der Läsionen oder sekundäre Besiedler betrachtet werden können, müsste durch eine weitere Beprobung der Läsion überprüft werden (Daniel et al. 1998; Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).



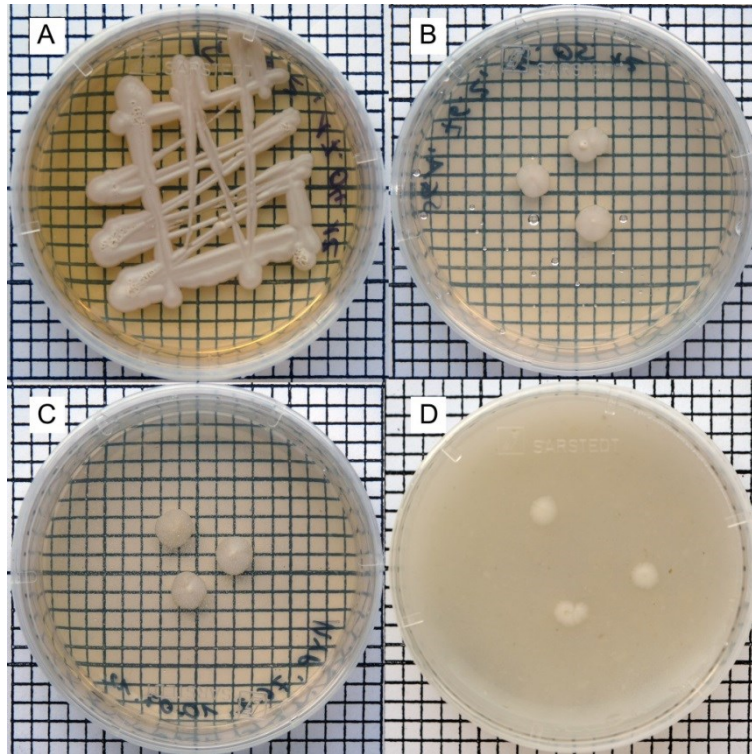


Abbildung 79: Kulturen von *Candida duobushaemulonii* (JW076p2) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: MYP (7 d). D: OA (10 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

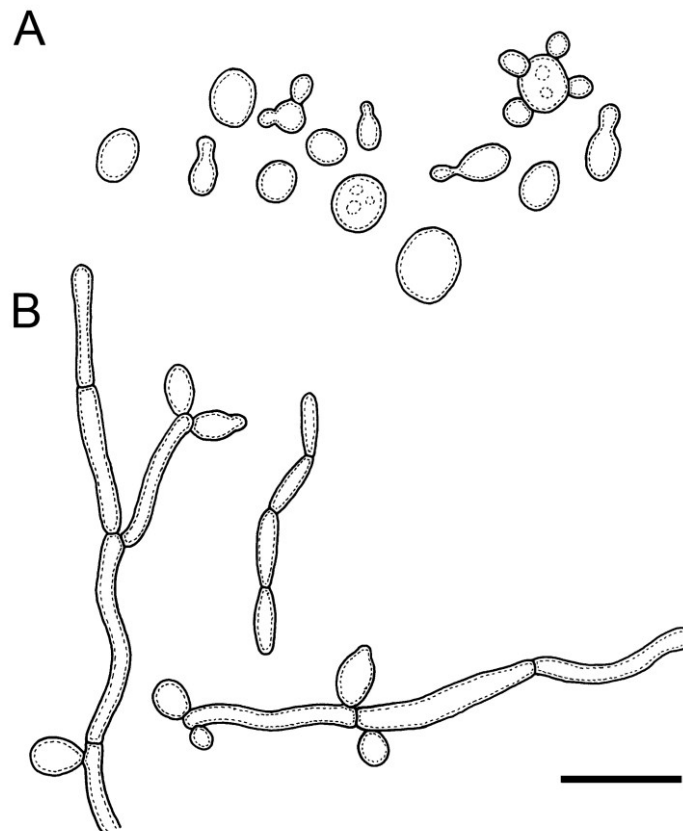


Abbildung 80: *Candida duobushaemulonii*. A: Blastokonidien und knospende Zellen. B: Pseudomyzel mit einzelnen Blastokonidien. Maßstab = 10 µm (Abbildung aus Weisenborn 2008).

### 3.4.4 Sordariomycetes O. E. Erikss. & Winka

Supraordinal taxa of Ascomycota. Myconet 1 (1997): 1-16.

Insgesamt wurden 36 Stämme kultiviert, die innerhalb der Sordariomycetes drei Ordnungen und einer taxonomisch nicht zugeordneten Gruppe (Incertae sedis), sechs verschiedenen Familien, neun Gattungen und 13 Arten zugeordnet wurden (Tab. 10). Die entsprechenden Isolate sind in alphabetischer Reihenfolge der Ordnungen aufgelistet.

#### Hypocreales Lindau

In: Engler und Prantl. Natürl. Pflanzenfam. 1 (1897): 343.

Es wurden insgesamt 10 Stämme aus fünf unterschiedlichen Proben isoliert, die innerhalb der Hypocreales den Familien Bionectriaceae Samuels & Rossman und Nectriaceae Tul. & C. Tul. und den Gattungen *Acremonium* Link ex Fr. und *Fusarium* Link zugeordnet wurden (Tab. 10).

#### *Acremonium* Link ex Fr.

Observationes in ordines plantarum naturales. Mag. der Gesell. naturf. Freunde, Berlin 3 (1809): 3-42.

Fr., Syst. Mycol. 3 (1832): 425.

Typus: *Acremonium alternatum* Link

Teleomorph-Stadium: *Acremonium* ist eine polyphyletische Gattung, deren taxonomischer Status bisher nicht abschließend geklärt ist (Glenn et al. 1996; Perdomo et al. 2011b; Schoch et al. 2009; Summerbell et al. 2011; Zare et al. 2007). Über 20 verschiedene teleomorphe Gattungen unterschiedlicher Familien wurden innerhalb der Hypocreales mit einem *Acremonium*-Stadium beschrieben (Seifert et al. 2011). Zudem wurden außerhalb der Hypocreales mehrere *Acremonium*-artige Isolate mit genetischer Assoziation zu den Chaetomiaceae, Plectosphaerellaceae und den Cephalothecaceae (Sordariales) dokumentiert (Giraldo et al. 2014a; Seifert et al. 2011; Summerbell et al. 2011; Weisenborn et al. 2010b). Für detaillierte Angaben siehe Gams (1971) und Seifert et al. (2011).

Synonyme

*Monoconidia* Roze, Bull. Soc. mycol. France 13 (1897): 83

*Mastigocladium* Matr., Comptes Rendues des Séances Hebdomadaires de l'Académie des Sciences Paris 152 (1911): 325.

*Pseudofusidium* Deighton, Mycological Papers 118 (1969): 26.

*Cephalosporium* Corda, Icon. fung. (Prague) 3 (1839): 11.

*Hyalopus* Corda, Icon. fung. (Prague) 2 (1838): 16.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Hypocreomycetidae

Ordnung: Hypocreales

Familie: Bionectriaceae

Gattung: *Acremonium* s.str.

(Synonyme und Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Acremonium* wurde 1809 von Link (1809) mit *Acremonium alternatum* als Typus beschrieben und der Gattungsname 1832 von Fries (1832) sanktioniert. Die Gattung wurde 1971 von Gams (1971) monographiert und basierend auf morphologischen Merkmalen in drei Sektionen unterteilt (Gams 1971). Glenn et al. (1996) zeigten in phylogenetischen Analysen basierend auf nrDNA Sequenzdaten, dass es sich bei *Acremonium* um eine polyphyletische Gattung handelt (Glenn et al. 1996). Weitere Revisionen der Gattung und einzelner Untergruppen durch Perdomo et al. (2011a), Schoch et al. (2009), Summerbell et al. (2011) und Zare et al. (2007) führten zur Bildung mehrerer kleinerer Gattungen, einer Umgruppierung verschiedener Arten und einer bisher nicht abgeschlossenen Neustrukturierung der Gattung *Acremonium*. Die Gattung *Acremonium* beinhaltet aktuell 76 (MycoBank: Stand 2014) bzw. mehr als 100 (Seifert et al. 2011) verschiedene Arten, teils ohne ein entsprechendes Anamorph-Epitheton (Domsch et al. 2007; Seifert et al. 2011), und 206 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 209 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen.

### **Koloniemorphologie**

Bildung von wattigen, filzig wolligen oder glatten, membranösen bis wachsigen, moderat bis langsam wachsenden, weißen, cremefarbenen oder gelblich, rötlich oder orange pigmentierten Kolonien (de Hoog et al. 2014; Gams 1971).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Acremonium* sind durch hyaline Hyphen, meist einfache Phialiden mit basalem Septum in orthotroper Anordnung auf einzelnen Hyphen oder Hyphenbündeln und einzelligen, meist hyalinen und glatten Konidien, die in schleimigen Köpfchen

oder trockenen Ketten gebildet werden charakterisiert. Zudem können Chlamydosporen, Kristalle und in einigen Arten ein Synanamorph-Stadium vorliegen (Gams 1971; Giraldo et al. 2014a; Summerbell et al. 2011).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Acremonium* sind als Verursacher kutaner und subkutaner Infektionen und Myzetome überwiegend nach traumatischen Inokulationen, Onychomykosen und als opportunistische Erreger unterschiedlicher, lokal invasiver Mykosen dokumentiert worden (Das et al. 2010; de Hoog et al. 2014; Fincher et al. 1991; Guarro et al. 1997; Perdomo et al. 2011a). Arten der Gattung *Acremonium* sind mykoparasitische, entomopathogene oder saprotrophe Organismen auf unterschiedlichen verrottenen Pflanzenmaterialien mit einer weltweiten Verbreitung (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Gams 1971; Perdomo et al. 2011a; Seifert et al. 2011).

### **Isolierte Arten**

Insgesamt wurden sieben Stämme isoliert, die anhand morphologischer Merkmale der Gattung *Acremonium* zugeordnet wurden (Tab. 9-10). Die Isolate wurden basierend auf morphologischen Merkmalen unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in de Hoog et al. (2014), Domsch et al. (2007), Gams (1971) und nrDNA Sequenzdaten klassifiziert. Drei der Stämme konnten als *Acremonium collariferum* (JW041p8, JW041p10, JW041p17) klassifiziert werden, während die Isolate JW077p5, JW077p6 (*Acremonium* sp.1) und JW081p2, JW081p11 (*Acremonium* sp.2) eine genetische Assoziation mit den Arten *Acremonium citrinum* bzw. *Acremonium borodinense* aufwiesen. Von den isolierten Stämmen der Gattung *Acremonium* s.str. wurde nur das Isolat *Acremonium* sp.2 illustriert und detailliert taxonomisch bearbeitet.

### ***Acremonium* sp.2**

**Abb. 82-84**

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Hypocreomycetidae

Ordnung: Hypocreales

Familie: Bionectriaceae

Gattung: *Acremonium* Link

(Systematik basierend auf nrDNA Sequenzdaten (ITS und LSU nrDNA), eigenen phylogenetischen Analysen, nach Giraldo et al. 2012, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

**Kimig:** anliegende, emerse, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 30 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell bräunlich cremefarben bis hell altrosa, wachsig fest, membranös, mit Bildung von zottigen bis stacheligen Hyphenbündeln; Kolonierückseite hell cremefarben bis gelblich.

**SGA:** flache, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 25-30 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien cremefarben bis hell altrosa, vereinzelt Bildung eines gelblichen Pigments, glatt, wachsig fest, radiär gefurcht, mit vereinzelt, zottigen bis stacheligen Hyphenbündeln im Zentrum der Kolonie; Kolonierückseite hell cremefarben.

**OA:** anliegende, sehr dünne, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 20-30 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien weiß bis hell cremefarben, glatt, membranös; Kolonierückseite weiß.

**MYP:** flache bis leicht erhabene, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von 25 bis 35 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien schmutzig weiß bis hell cremefarben, glatt, wachsig fest, radiär gefurcht, mit Bildung von wenigen, kurzen, zottigen Hyphensträngen im Zentrum der Kolonie; Kolonierückseite hell cremefarben bis hell gelblich braun.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin, septiert, bis 2 µm breit, mit Bildung von unregelmäßig bis dichotom verzweigten und geschwollenen Hyphenzellen mit verdickten Zellwänden im Substratmyzel; konidiogene Zellen (Phialiden) unverzweigt, einzeln an undifferenzierten Hyphen oder Hyphenbündeln gebildet; Phialiden kurz, mit verdickter, 2-3 µm breiter Basis und einer auf 1 µm verjüngten Spitze und 9-18 (25) µm lang; Konidien in schleimigen Köpfchen, hyalin, oval bis leicht ovoid, glatt, basal abgeflacht, (2) 3,5-5 (6) ×

1,5-2,5 µm; Bildung von Chlamydosporen-artige Zellen mit deutlich verdickten Zellwänden.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Acremonium* sind überwiegend saprotrophe Organismen und wurden häufig von abgestorbenen Pflanzenmaterialien und anderen organischen Materialien, oder aus Luft- und Bodenproben isoliert (Domsch et al. 2007; Gams 1971). Verschiedene Vertreter der Gattung wurden unter anderem als Verursacher von Myzeten, Onychomykosen und anderen opportunistischer Infektionen des Menschen dokumentiert (Das et al. 2010; de Hoog et al. 2014; Ejdys et al. 2013; Guarro et al. 1997; Perdomo et al. 2011a).

### **Untersuchtes Material**

**JW081P:** Nagelproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (62 Jahre) mit einer Onychomykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Das Material wurde am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am 20.03.2011 aus Nagelproben einmal auf Nährmedium mit Cycloheximid und einmal auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW081p2 und JW081p11 subkultiviert.

### **Molekulare Identifizierung (Barcoding)**

Der Vergleich der Sequenz der ITS und LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW081p11 (ITS: 569 bp, LSU: 581 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung der untersuchten nrDNA-Regionen mit Sequenzen verschiedener Arten innerhalb der Hypocreales, wie *Acremonium borodinense* Tad. Ito, Okane, Nagak. & W. Gams, *Acremonium blochii* (Matr.) W. Gams, *Acremonium pinkertoniae* W. Gams, *Acremonium spinosum* (Negroni) W. Gams, *Leucosphaerina arxii* Malloch und *Mycoarachis inversa* Malloch & Cain, wobei die sequenzierten nrDNA Regionen des Isolates JW081p11 eine Übereinstimmung von 100 Prozent mit den entsprechenden Sequenzen des Stammes CBS 136.33 der Art *Acremonium spinosum* (Negroni) W. Gams in MycoBank zeigten (Tab. 223-226). Der direkte Vergleich alignierter DNA-Sequenzen der Isolate JW081p2 und JW081p11 mit einer in GenBank vorhandenen Sequenz der Art *A. spinosum* und des gleichen Stammes CBS 136.33 zeigte allerdings eine wesentlich geringere Übereinstimmung der ITS-Regionen (Tab. 227).

**Tabelle 223: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW081p11 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
unbestimmte Art der Clavicipitaceae (IBL 03041)	95 %	99 % (540/541)	0	DQ778912
<i>Acremonium</i> sp. (ATT167)	97 %	99 % (550/557)	2	HQ607846
<i>Acremonium borodinense</i> (CBS 101148)	87 %	97 % (485/501)	8	HE608635
<i>Leucosphaerina arxii</i> (CBS 737.84)	88 %	92 % (475/517)	15	HE608640

**Tabelle 224: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW081p11 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Acremonium borodinense</i> (CBS 101148)	99 %	99 % (577/579)	1	HQ232003
<i>Leucosphaerina arxii</i> (CBS 737.84)	100 %	98 % (569/581)	0	HQ232159
<i>Acremonium blochii</i> (CBS 993.69)	99 %	98 % (567/579)	2	HQ232002
<i>Mycocarachis inversa</i> (ATCC 22107)	99 %	97 % (564/581)	2	GQ505991

**Tabelle 225: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW081p11 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Acremonium spinosum</i> (CBS 136.33)	95,7 %	100 % (545/545)	0	--
unbestimmte Art der Clavicipitaceae (IBL 03040)	95,1 %	99,8 % (540/541)	0	DQ778911
<i>Acremonium borodinense</i> (CBS 101148)	95,2 %	98,9 % (538/544)	2	--
<i>Acremonium pinkertoniae</i> (CBS 157.70)	95,6 %	98,7 % (539/546)	2	--

**Tabelle 226: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW081p11 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Acremonium spinosum</i> (CBS 136.33)	95,6 %	100 % (552/552)	0	--
<i>Acremonium borodinense</i> (CBS 101148)	95,6 %	99,8 % (574/575)	0	--
<i>Acremonium pinkertoniae</i> (CBS 157.70)	91 %	99,4 % (527/530)	1	HQ232089
<i>Acremonium blochii</i> (CBS 993.69)	99,6 %	97,9 % (563/575)	2	HQ232002

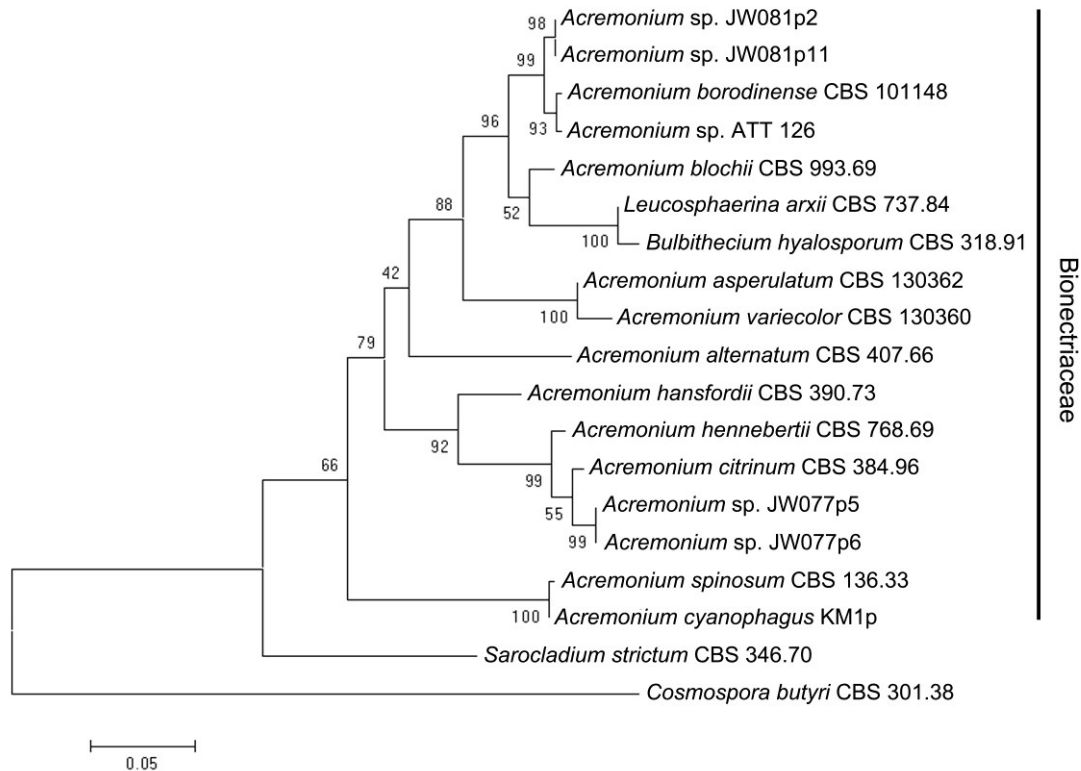
**Tabelle 227: Molekulare Distanzen basierend auf ITS nrDNA Sequenzen von in Panama isolierten Stämmen der Gattung *Acremonium*, ausgewählten Vertretern der Familie Bionectriaceae und verwandten Isolaten der Gattung *Acremonium* s.str. (Tab. 280). Die Analyse beruht auf einem finalen Datensatz von 392 informativen Positionen, alle Positionen mit Lücken oder fehlenden Daten wurden entfernt. Die Anzahl von Basensubstitutionen pro Position wurde mit MEGA6 unter Verwendung des Kimura 2-Parameter Modells und einer Gamma-Verteilung (mit einem Verteilungsparameter von 0,55) ermittelt (Kimura 1980; Tamura et al. 2013).**

Art (Stamm)	Molekulare Distanzen (Substitutionen pro Position)																
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10	11	12	13	14	15	16	17
1. <i>Acremonium</i> sp.2 (JW081p2)																	
2. <i>Acremonium</i> sp.2 (JW081p11)	0, 00																
3. <i>Acremonium borodinense</i> (CBS 101148)	0, 02	0, 02															
4. <i>Leucosphaerina arxii</i> (CBS 737.84)	0, 06	0, 06	0, 06														
5. <i>Acremonium</i> sp. (ATT126)	0, 01	0, 01	0, 01	0, 05													
6. <i>Acremonium blochii</i> (CBS 993.69)	0, 05	0, 05	0, 05	0, 06	0, 04												
7. <i>Acremonium</i> sp.1 (JW077p5)	0, 13	0, 13	0, 13	0, 13	0, 13	0, 14											
8. <i>Acremonium</i> sp.1 (JW077p6)	0, 13	0, 13	0, 13	0, 13	0, 13	0, 14	0, 00										
9. <i>Acremonium alternatum</i> (CBS 407.66)	0, 15	0, 15	0, 15	0, 15	0, 15	0, 14	0, 15	0, 15									
10. <i>Acremonium asperulatum</i> (CBS 130362)	0, 09	0, 09	0, 10	0, 11	0, 09	0, 09	0, 16	0, 16	0, 19								
11. <i>Acremonium varicolor</i> (CBS 130360)	0, 10	0, 10	0, 11	0, 11	0, 10	0, 09	0, 16	0, 16	0, 20	0, 02							
12. <i>Acremonium hansfordii</i> (CBS 390.73)	0, 15	0, 15	0, 16	0, 14	0, 15	0, 16	0, 09	0, 09	0, 15	0, 16	0, 15						
13. <i>Bulbithecium hyalosporum</i> (CBS 318.91)	0, 07	0, 07	0, 07	0, 01	0, 07	0, 07	0, 15	0, 15	0, 17	0, 13	0, 13	0, 16					
14. <i>Acremonium citrinum</i> (CBS 384.96)	0, 14	0, 14	0, 13	0, 14	0, 13	0, 15	0, 02	0, 02	0, 16	0, 17	0, 17	0, 10	0, 15				
15. <i>Sarocladium strictum</i> (CBS 346.70)	0, 19	0, 19	0, 18	0, 19	0, 18	0, 21	0, 22	0, 22	0, 23	0, 21	0, 21	0, 21	0, 21	0, 24			
16. <i>Acremonium hennebertii</i> (CBS 768.69)	0, 14	0, 14	0, 13	0, 14	0, 13	0, 15	0, 03	0, 03	0, 18	0, 17	0, 17	0, 09	0, 15	0, 03	0, 22		
17. <i>Acremonium cyanophagus</i> (KM1p)	0, 21	0, 21	0, 22	0, 22	0, 21	0, 19	0, 21	0, 21	0, 20	0, 18	0, 18	0, 18	0, 24	0, 23	0, 22	0, 22	
18. <i>Acremonium spinosum</i> (CBS 136.33)	0, 22	0, 22	0, 23	0, 22	0, 21	0, 20	0, 21	0, 21	0, 21	0, 18	0, 18	0, 19	0, 25	0, 24	0, 22	0, 22	0, 00



### Phylogenetische Analyse

Zur Unterstützung der morphologischen Bestimmung der als *Acremonium* spp. klassifizierten Isolate (Tab. 10) wurde eine phylogenetische Analyse basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten der Isolate JW077p5, JW077p6, JW081p2 und JW081p11, einschließlich weiterer Sequenzen von Arten der Bionectriaceae (Hypocreales) unter Verwendung von *Cosmospora butyri* und *Sarocladium strictum* (Syn: *Acremonium strictum*) als Außen-Gruppe (Tab. 280) durchgeführt. Die phylogenetische Analyse resultierte in der Bildung eines in mehrere Gruppen gegliederten Stammbaums (Abb. 81). Die Sequenzen der Arten *Acremonium cyanophagus* und *A. spinosum* wurden in einem eigenen basalen Clade gruppiert, während die Hauptgruppe, einschließlich der Typusart der Gattung *Acremonium*, *Acremonium alternatum*, in vier weitere Untergruppen unterteilt wurde. So erfolgte innerhalb des gemeinsamen Clades, jeweils die Bildung einer Untergruppe aus den Sequenzen der Arten *Acremonium blochii*, *Leucosphaerina arxii* und *Bulbithecium hyalosporum* und aus den Sequenzen der Art *A. borodinense* und der Isolate JW081p2 und JW081p11 (Abb. 81). Ein weitere größere Untergruppe wurde aus den nrDNA Sequenzen der Stämme JW077p5 und JW077p6, sowie den Sequenzen der Arten *A. citrinum*, *A. hansfordii* und *A. hennebertii* gebildet. Die Sequenzen der Arten *A. asperulatum* und *A. varicolor* und die Sequenz des Stammes der Art *A. alternatum* wurden jeweils in ein eigenes Clade untergliedert (Abb. 81). Die phylogenetische Analyse zeigte die Zugehörigkeit der Stämme JW077p5, JW077p6, JW081p2 und JW081p11 zu den Bionectriaceae und zur Gattung *Acremonium* und die genetische Verwandtschaft mit den Arten *Acremonium borodinense* (JW081p2, JW081p11) und *Acremonium spinosum* (JW077p5, JW077p6) (Abb. 81).



**Abbildung 81:** Phylogenetischer Stammbaum der Isolate *Acremonium* sp. JW077p5, JW077p6, JW081p2 und JW081p11, sowie genetisch verwandter Arten der Bionectriaceae (Hypocreales) basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten unter Verwendung von Sequenzen von Stämmen der Arten *Sarocladium strictum* und *Cosmospora butyri* als Außengruppen (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode, basierend auf dem Kimura 2-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Kimura 1980; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode, basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der finale Datensatz bestand aus 19 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 370 informativen Positionen. Eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,8633) wurde für die Modellierung evolutionärer Raten zwischen unterschiedlichen Positionen verwendet, wobei die Möglichkeit evolutionär invariabler Basen-Positionen mit in die Berechnungen aufgenommen wurde (+I, 34,3816 %). Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-1853,4408) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, innerhalb der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurde an den entsprechenden Knoten mitangegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. (Kimura 1980; Tamura et al. 2013).

## Diskussion

Die Klassifizierung der Isolate JW081p2 und JW081p11 als *Acremonium* sp. basiert auf den beobachteten morphologischen Merkmalen der Isolate und dem Vergleich dieser Strukturen mit anderen Arten der Gattung *Acremonium* mit glatten Phialiden und hyali-

nen Konidien, sowie auf dem Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzabfolge des Isolates JW081p11 mit Referenzsequenzen in GenBank und MycoBank (Tab. 223-226). So entsprachen die gebildeten morphologischen Strukturen der Stämme JW081p2 und JW081p11, wie die Bildung von Konidien in schleimigen Köpfchen an einfachen Phialiden und deren orthotrope Anordnung an undifferenzierten Hyphen bzw. Hyphenbündeln der Beschreibung der Gattung *Acremonium* in der Literatur (Domsch et al. 2007; Gams 1971; Seifert et al. 2011). Allerdings unterschieden sich die Isolate von bisher beschriebenen Arten der Gattung *Acremonium* durch die Koloniemorphologie, wie Pigmentierung und Oberflächentextur, sowie durch andere morphologische Merkmale, wie Form, Größe und Ornamentierung der Konidien, Phialiden oder die Bildung von Chlamydosporen (Domsch et al. 2007; Gams 1971; Giraldo et al. 2012; Giraldo et al. 2014a; Ito et al. 2000).

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA des Isolates JW081p11 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte ebenfalls die größte Übereinstimmung der sequenzierten nrDNA Regionen (ITS und LSU) mit Sequenzen von Stämmen verschiedener Arten der Gattung *Acremonium* (Tab. 223-226). Allerdings ermöglichten die geringen Übereinstimmungen der nrDNA Regionen mit DNA-Sequenzen in GenBank und MycoBank, sowie die widersprüchlichen Ergebnisse in Bezug auf die Übereinstimmung der Isolate JW081p2 und JW081p11 mit Sequenzen des Stammes CBS 136.33 der Art *Acremonium spinosum* in MycoBank und GenBank (Tab. 223-227) keine eindeutige Klassifizierung der Isolate auf Artebene.

In phylogenetischen Analysen basierend auf der ITS-Region der nrDNA ausgewählter Arten der Bionectriaceae und verwandter Stämme wurden die Sequenzen der Isolate JW081p2 und JW081p11 in ein gemeinsames Clade mit Sequenzen von *Acremonium borodinense* und einem mit Blattschneiderameisen assoziierten Stamm der Gattung *Acremonium* in eine eigene Untergruppe mit einer ebenfalls hohen Bootstrap-Unterstützung eingeordnet (Abb. 81). Die Resultate der phylogenetischen Analyse bestätigten somit ebenfalls die Gruppierung der Stämme JW081p2 und JW081p11 in die Gattung *Acremonium* s.str. und ermöglichten die taxonomische Einordnung der Isolate in die Bionectriaceae (Abb. 81).

Die mit den untersuchten Stämmen nah verwandten Arten *A. borodinense* und *A. pinkertoniae* lassen sich durch morphologische Merkmale von den Isolaten JW081p2 und JW081p11 unterscheiden. So sind Stämme der Art *A. borodinense* durch weiße, samtige bis wollige Kolonien und die Bildung eines dimorphes Konidienstadiums mit Konidien

in unterschiedlicher Größe und einer rauen bzw. glatten Oberflächenstruktur charakterisiert, während sich *A. pinkertoniae* durch die Bildung von rein weißen und samtig filzigen Kolonien, warzigen Konidien und dem Fehlen von Chlamydosporen von den untersuchten Stämmen unterscheidet (Gams 1971; Ito et al. 2000). Die molekular ebenfalls assoziierten Arten *Leucosphaerina arxii* und *Mycoarachis inversa* bilden beide zwar ein *Acremonium*-artiges Stadium, unterscheiden sich aber durch die Bildung von Ascomata von den Isolaten JW081p2 und JW081p11 (Malloch 1989; Malloch und Cain 1970). Die Art *Acremonium spinosum* bildet zwar ähnlich wie die Isolate JW081p2 und JW081p11 glatte oder runzelige, gelegentlich zentral zottige, weißliche bis ockergelbe, orange oder trüb rotbraune Kolonien und Konidien in Köpfchen an einfachen und kurzen Phialiden (Gams 1971), unterscheidet sich aber nach Gams (1971) und de Hoog et al. (2014) von den in Panama isolierten Stämmen durch langsamer wachsende Kolonien und fein warzige Konidien, sowie durch das Fehlen von Chlamydosporen (de Hoog et al. 2014; Gams 1971). Allerdings zeigen die Fotos mikromorphologischer Strukturen in de Hoog et al. (2014) nur bei rasterelektromikroskopischen Aufnahmen eine deutliche warzige Ornamentierung der Konidien und bei den beobachteten Chlamydosporen-artigen Zellen der Isolate JW081p2 und JW081p11 könnte es sich um deformierte Hyphenzellen des Substratmyzels gehandelt haben, weshalb eine abschließende Klassifizierung der in Panama isolierten Stämme nur durch den direkten Vergleich von molekularen und morphologischen Merkmalen lebender Stämme der Arten *Acremonium borodinense* und *Acremonium spinosum* möglich ist. Da dies im Rahmen der vorliegenden Arbeit nicht möglich war wurden die Isolate JW081p2 und JW081p11 vorläufig als *Acremonium* sp.2 bezeichnet.

Arten der Gattung *Acremonium* sind in der Literatur als opportunistische Krankheitserreger und Verursacher von Myzetomen und weiteren verschiedenen Mykosen am Menschen, wie Infektionen der Haut nach traumatischer Inokulation, Otomykosen und Onychomykosen dokumentiert (de Hoog et al. 2014; Guarro et al. 1997). Aus dem Material der untersuchten Probe (JW081P) wurden neben *Acremonium* sp.2 (JW081p2, JW081p11) neun weitere Pilzstämmen isoliert, so konnten jeweils ein Stamm der Dermatophyten *Trichophyton rubrum* (JW081p3) und *Trichophyton interdigitale* (JW081p4), ein Stamm der Art *Aspergillus sclerotiorum* (JW081p7), zwei Stämme der Art *Fusarium solani* (JW081p9, JW081p10) und vier weitere Hyphomyceten Stämme (JW081p1, JW081p5, JW081p6, JW081p8) isoliert werden.

Alle von der Läsion JW081P isolierten und taxonomisch klassifizierten Pilzstämme sind in der Literatur als Verursacher von Nagelläsionen dokumentiert worden (de Hoog et al. 2014). Bei der untersuchten Läsion JW081P handelt es sich aber sehr wahrscheinlich um das Resultat einer mykotischen Superinfektion des Fußnagels mit den Dermatophyten *Trichophyton rubrum* und *Trichophyton interdigitale*, sowie einer möglicherweise sekundär erfolgten Besiedlung der mazerierten Keratinmatrix des befallenen Nagels durch keratinophile Pilzarten (Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012; Summerbell et al. 2005). Inwieweit die anderen isolierten Pilzstämme als aktive Besiedler der Läsion oder als Kontaminationen des Probenmaterials anzusehen sind, müsste allerdings durch weitere Untersuchungen geklärt werden, wobei eine sekundäre Besiedlung der untersuchten Nagelläsion, gerade durch als opportunistische Krankheitserreger bekannte Pilzarten und Gattungen, nicht ausgeschlossen werden kann (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

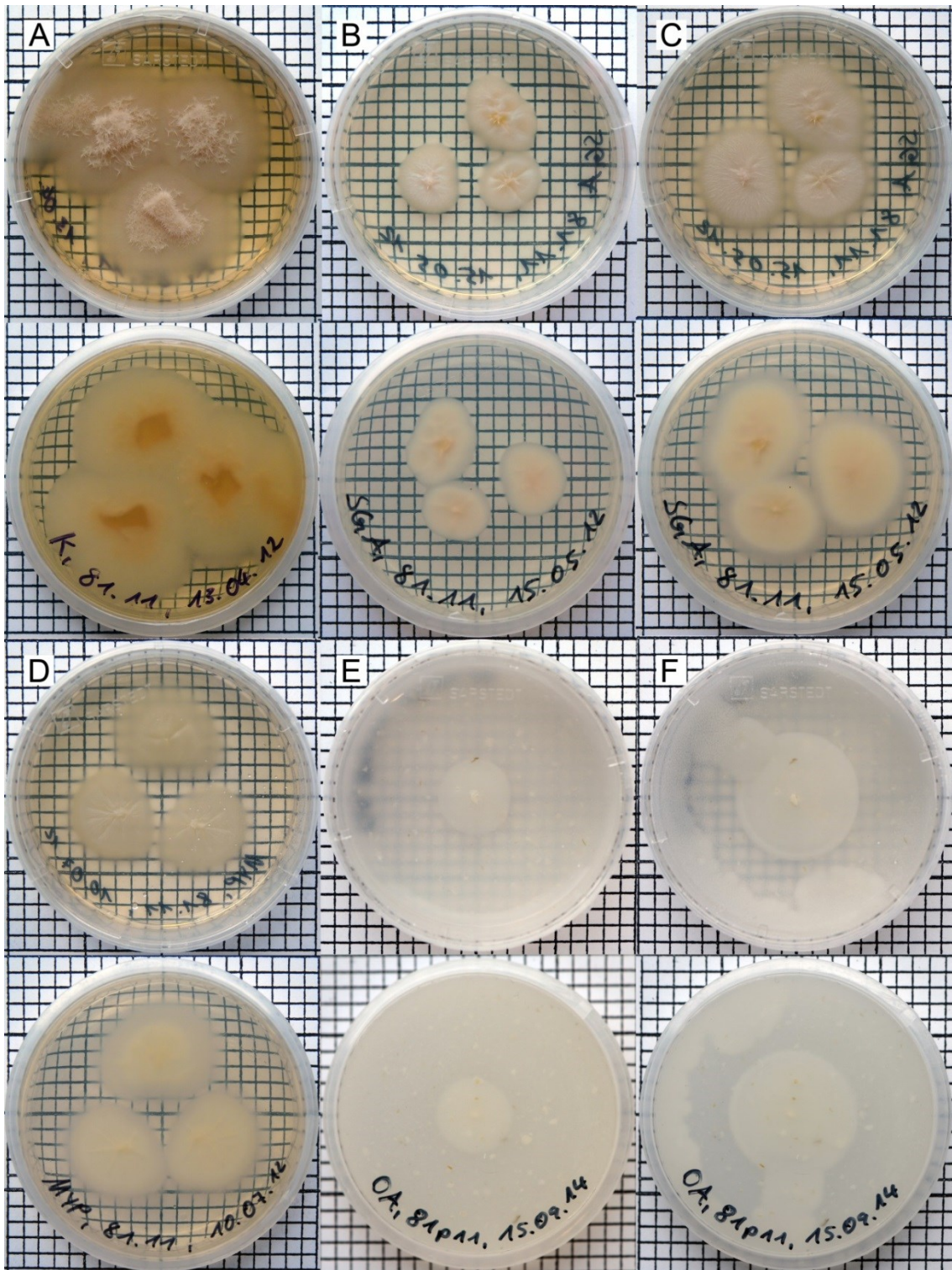


Abbildung 82: Kulturen von *Acremonium* sp.2 (JW081p11) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

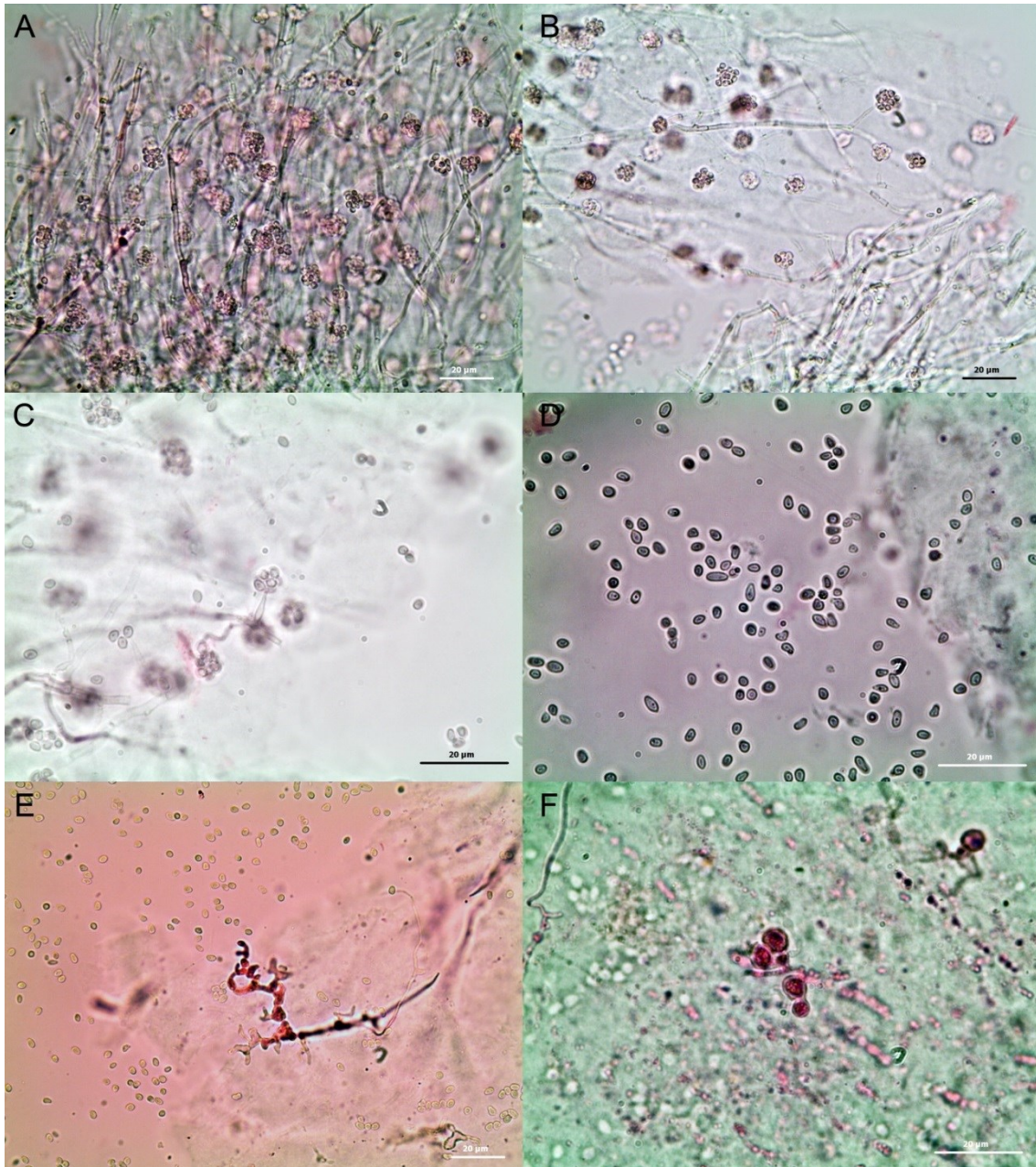


Abbildung 83: Mikromorphologische Strukturen von *Acremonium* sp.2 (JW081p2, JW081p11). A-C: Konidien in Köpfchen an einzelnen Phialiden. D: Freie Konidien. E: Substratmyzel. F: Chlamydosporen-artige Zellen. Maßstab = 20 µm. Die Präparate wurden mit Phloxin gefärbt.

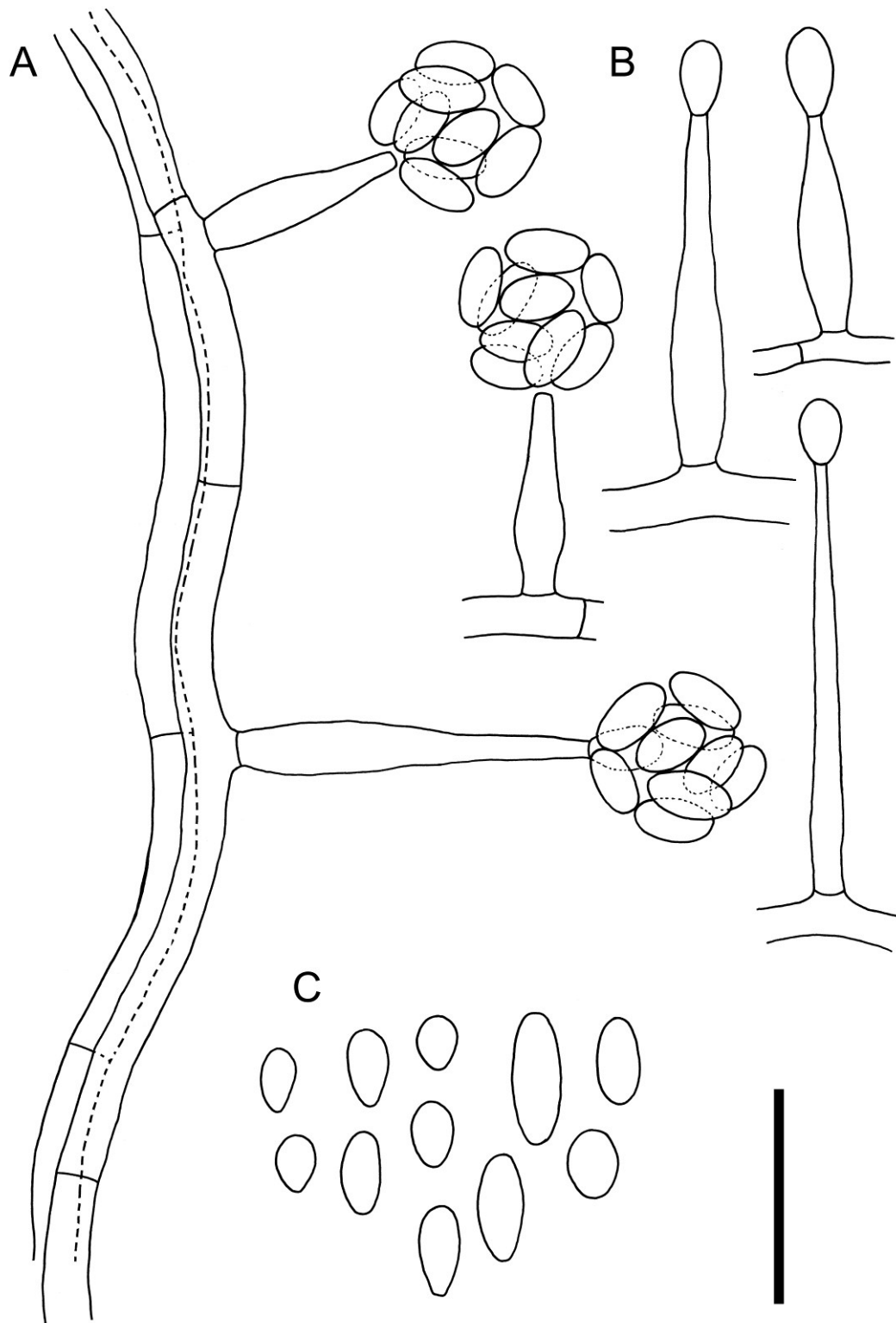


Abbildung 84: *Acronium* sp.2 (JW081p2, JW081p11). A: Phialiden an Hyphen mit Konidien in schleimigen Köpfchen. B: Einzelne Phialiden. C: Konidien. Maßstab = 10  $\mu$ m.



## **Sordariomycetidae, Incertae sedis**

Es wurden fünf Stämme isoliert, die innerhalb der Sordariomycetes der Familie Plectosphaerellaceae W. Gams, Summerbell & Zare und den Gattungen *Acremonium* s.l. und *Verticillium* Nees zugeordnet wurden (Tab. 10).

*Acremonium collariferum* Weisenb. & R. Kirschner

**Abb. 85**

A new darkly pigmented and keratinolytic species of *Acremonium* (Hyphomycetes) with relationship to the Plectosphaerellaceae from human skin and nail lesions in Panama. *Nova Hedwigia* 90 (2010): 457-468.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Sordariomycetidae

Ordnung: Incertae sedis

Familie: Plectosphaerellaceae

Gattung: *Acremonium* s.l.

(Systematik nach Weisenborn et al. 2010, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

Bildung von schwarzbraunen bis olivschwarzen, moderat wachsenden Kolonien mit einer samtigen bis filzigen Kolonietextur und einer unpigmentierten Randzone.

### **Mikromorphologie**

Isolate der Art *A. collariferum* sind charakterisiert durch hell bis dunkel braun pigmentierte, vereinzelt warzig ornamentierte Hyphen, der Bildung von einzelnen Phialiden mit einer deutlichen Collarete an undifferenzierten Hyphen oder basal verzweigten Konidiophoren, einzelligen Konidien in schleimigen Köpfchen oder kurzen Ketten und Chlamydosporen (Weisenborn et al. 2010b).

Für eine detaillierte morphologische Beschreibung siehe Weisenborn et al. (2010b).

## **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1 (BSL-2); *Acremonium collariferum* wurde von durch Dermatophyten verursachten Haut- und Nagelläsionen isoliert und in Laborversuchen konnte gezeigt werden, dass *A. collariferum* Keratin-haltige Substanzen verwerten kann (Weisenborn et al. 2010b). *A. collariferum* ist ein saprotropher, keratinophiler Organismus und wurde bisher in Panama von Haut- und Nagelmykosen dokumentiert (Weisenborn et al. 2010b).

## **Untersuchtes Material**

**JW041P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (65 Jahre) mit einer Tinea pedis und einer Nagelmykose des großen Zehs des rechten Fußes. Die Probe wurde am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Die Stämme wurde am 09.11.2009 aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW041p8, JW041p10 und JW041p17 subkultiviert.

## **Weitere untersuchte Stämme**

*Acremonium collariferum* CBS 124586 (JW016p1)

*Acremonium collariferum* CBS 124585 (JW013p4)

## **Diskussion**

Die Klassifizierung der Isolate JW041p8, JW041p10 und JW041p17 als *Acremonium collariferum* wurde anhand morphologischer und molekularer Merkmale durchgeführt. So entsprachen die Koloniemorphologie und die gebildeten mikromorphologischen Strukturen der Isolate den für die Art *A. collariferum* typischen Merkmalen (Weisenborn et al. 2010b) und der Vergleich der LSU nrDNA der Isolate JW041p10 und JW041p17 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 99 - 100 Prozent mit den *A. collariferum* Stämmen CBS 124586 (JW016p1) und CBS 124585 (JW013p4) (Daten nicht angegeben).

*Acremonium collariferum* wurde wiederholt in Panama aus klinischem Material isoliert und ist in der Lage Keratin-haltige Materialien als Substrat nutzen zu können (Weisenborn et al. 2010b), wobei die Isolation aus Nagelproben der Läsion JW041P den dritten Nachweis von *A. collariferum* im klinischen Kontext darstellt. Allerdings konnten aus dem Material der Probe JW041P zusätzlich zu den drei Isolaten der Art *A. collariferum* 14 weitere Stämme anderer Pilzarten kultiviert werden. So wurden vier Isolate des anth-

ropophilen Dermatophyten *Trichophyton rubrum* (JW041p1, JW041p2, JW041p7, JW041p11), vier Stämme der Gattung *Candida* (JW041p3, JW041p13, JW041p14, JW041p16), drei sterile Myzelien (JW041p4, JW041p6, JW041p12), zwei Stämme der Gattung *Trichosporon* (JW041p5, JW041p9) und ein Kultivat der Gattung *Sporobolomyces* (JW041p14) isoliert. Die Läsion JW041P ist somit sehr wahrscheinlich das Resultat einer chronischen Infektion mit *T. rubrum* und einer sekundär erfolgten Besiedlung des mazerierten Materials mit anderen opportunistischen Pilzarten (Daniel et al. 1998; Gupta et al. 2001; 2012; Hilmioglu-Polat et al. 2005; Hwang et al. 2012; Summerbell et al. 2005; Weisenborn et al. 2010b). Inwiefern *A. collariferum* wirklich als opportunistischer Besiedler von Haut- und Nagelläsionen in Panama relevant ist, müsste durch weitere Untersuchungen überprüft werden (Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012; Summerbell 1997; Summerbell et al. 2005).

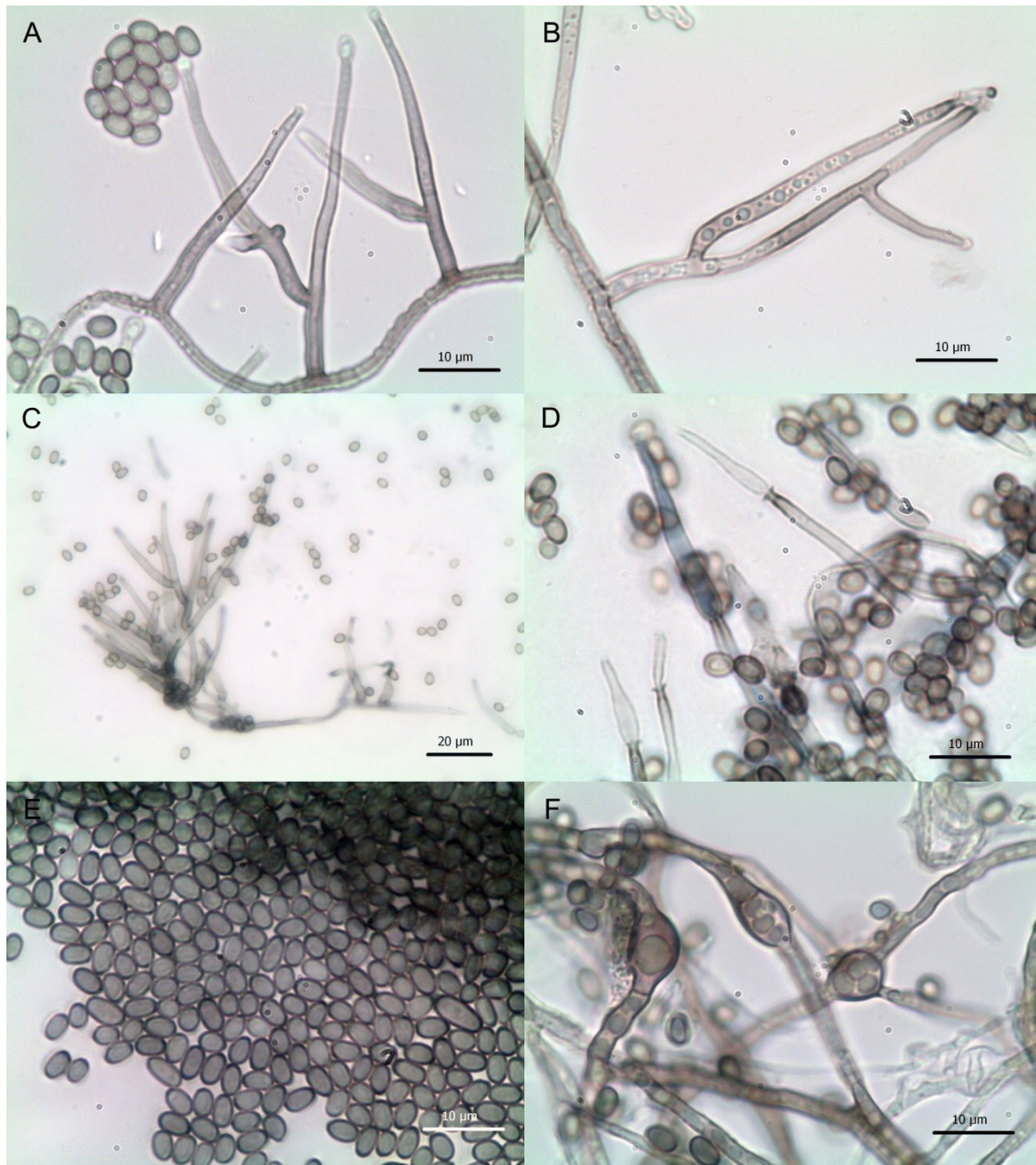


Abbildung 85: Mikromorphologische Strukturen von *Acremonium collariferum* (JW041p10, JW041p17). A-C: Phialiden in unterschiedlichen Entwicklungsstadien. D: Fortlaufende phialidische Genese. E: Konidien. F: Chlamydosporen-artige Zellen. Maßstab = 10 µm, C: Maßstab = 20 µm.

## *Verticillium* Nees

System der Pilze und Schwämme (1817): 56.

Typus: *Verticillium dahliae* Kleb.

Teleomorph: unbekannt. *Verticillium* ist eine polyphyletische Gattung (Seifert et al. 2011; Zare und Gams 2001b; Zare et al. 2001) und es wurden verschiedene Arten innerhalb der Gattungen *Cordyceps* Fr., *Hypocrea* Fr., *Nectria* (Fr.) Fr. und *Hypomyces* (Fr.) Tul. & C. Tul. beschrieben, die ein *Verticillium*-artiges anamorphes Stadium ausbilden können (Gams 1971; Seifert et al. 2011).

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Sordariomycetidae

Ordnung: Incertae sedis

Familie: Plectosphaerellaceae

(Synonyme und Systematik nach Zare und Gams 2001a, Zare et al. 2001, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Verticillium* wurde 1817 von Nees basierend auf der Typusart *Verticillium tenerum* Nees aufgestellt (Domsch et al. 2007; Seifert et al. 2011). Allerdings wurde basierend auf phylogenetischen Analysen die Zugehörigkeit von *V. tenerum* zur Gattung *Acrostalagmus* festgestellt, woraufhin die Gattung *Verticillium*, mit der Art *Verticillium dahliae* als Neotyp, durch Gams et al. (2005) konserviert wurde (Domsch et al. 2007; Gams et al. 2005; Seifert et al. 2011). Weitere Revisionen der Gattung und einzelner Sektionen durch Gams und Zare (2001), Sung et al. (2001), Zare et al. (2001; 2007) und Zare und Gams (2001a; 2001b) führten zur Bildung mehrerer kleinerer Gattungen. Aktuell beinhaltet die Gattung *Verticillium* zehn anerkannte Arten (Seifert et al. 2011) und 234 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 268 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen.

### **Koloniemorphologie**

Bildung von weißen bis cremefarbenen oder grauen, mit zunehmendem Alter gelegentlich braun oder braunschwarz werdenden, wattigen oder filzig wolligen, langsam bis moderat wachsenden Kolonien (Domsch et al. 2007; Gams 1971).

## Mikromorphologie

Arten der Gattung *Verticillium* sind charakterisiert durch die Bildung von hyalinen Hyphen und aufrechten, mehr oder weniger differenzierten Konidiophoren mit apikal und intermediär gebildeten, wirtelig angeordneten, länglichen und schmalen Phialiden, sowie meist einzelligen, hyalinen oder pigmentierten Konidien, die in Ketten oder schleimigen Köpfchen gebildet werden können (Domsch et al. 2007; Gams 1971).

## Pathogenität und Ökologie

BSL-1; Arten der Gattung *Verticillium* sind saprotrophe, phytopathogene, fungicole oder entomopathogene Organismen und wurden als gelegentliche Verursacher opportunistischer Infektionen oder kutaner Hautläsionen des Menschen dokumentiert (Bashir et al. 2006; Domsch et al. 2007; Gams 1971; Shin et al. 2002).

## Isolate

Insgesamt wurden zwei Stämme (JW062p6, JW062p7) isoliert, die der Gattung *Verticillium* zugeordnet werden konnten (Tab. 10). Die Isolate wurden anhand morphologischer Merkmale unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in Gams (1971), Domsch et al. (2007) sowie nrDNA Sequenzdaten klassifiziert.

*Verticillium* cf. *epiphytum* Hansf.

**Abb. 86-88**

Contribution towards the fungus flora of Uganda. V. Fungi Imperfecti. Proc. Linn. Soc. London 155 (1943): 34-67.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Synonyme

*Cephalosporium pimprinum* Thirum.

*Cephalosporium curtipes* var. *uredinicola* Sukapure & Thirum., Bull. Torrey bot. Club 93 (1966): 307.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Sordariomycetidae

Ordnung: (Incertae sedis)

Familie: Plectosphaerellaceae

Gattung: *Verticillium*

(Synonyme und Systematik nach Zare und Gams 2001, Zare et al. 2001, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** erhabene, überwiegend emers, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 30 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien rein weiß, mit wattig wolligem Luftmyzel, einer flacheren Randzone und einem erhabenem Zentrum; Kolonierückseite gelblich braun bis ockerfarben.

**SGA:** erhabene, überwiegend emers, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 30 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien rein weiß, mit wolligem Luftmyzel, einer flacheren Randzone und einem erhabenem Zentrum; Kolonierückseite cremefarben bis hell gelblich braun.

**OA:** erhabene, emers und submers, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 40-45 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien rein weiß, wattig; Kolonierückseite hell gelblich braun bis hell braun.

**MYP:** flache bis leicht erhabene, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von 30-35 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien rein weiß, samtig bis wattig; Kolonierückseite cremefarben bis hell gelblich braun.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin, septiert, 1-2 (2,5) µm breit; Konidiogene Zellen überwiegend einzeln an undifferenzierten Hyphen oder kurzen einfach bis wirtelig verzweigten Konidiophoren, mit phialidischer Konidiogenese; Phialiden lanzettförmig, länglich, schmal, selten basal leicht geschwollen, hyalin, (15) 20-30 (56) × 1-2 (4) µm, auf etwa 1 µm an der Spitze verjüngt, ohne eine deutliche Collarete; Konidien hyalin, oval bis allantoid oder nierenförmig mit deutlichem basalem Stumpf und abgerundeter Spitze, überwiegend einzellig, selten zweizellig, glatt, (3) 3,5-6 (7) × 1,5-2,5 µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; *Verticillium epiphytum* ist ein mykoparasitischer Organismus und wurde bisher nicht als Verursacher von Mykosen des Menschen beschrieben (Stand 2014). Allerdings sind nicht näher klassifizierte Isolate der Gattung als seltene Verursacher von kutanen

Hautläsionen und opportunistische Erreger dokumentiert (Bashir et al. 2006; Shin et al. 2002). *V. epiphytum* ist eine saprotrophe und chitinophile Art mit einem Hauptverbreitungsgebiet in tropischen Regionen und wurde bisher in Uganda, Indien und Thailand überwiegend von verschiedenen Rostpilzen und anderen imperfekten Pilzen isoliert (Moosavi et al. 2011; Zare et al. 2001).

### Untersuchtes Material

**JW062P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (55 Jahre) mit einer Dermatomykose und einer braunen Verfärbung des vierten Zehennagels und einer Onychomykose des kleinen Zehennagels des rechten Fußes; gesammelt am 21.01.2011 in Anton, Provinz Coclé, Panama. Der Organismus wurde am 21.01.2011 zweimal aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW062p6 und JW062p7 subkultiviert.

### Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzabschnitte des Isolates JW062p6 (ITS: 657 bp, LSU: 585 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 98 - 100 Prozent mit Sequenzen von Stämmen der Art *Verticillium epiphytum*, einem Stamm der unter einem mit *V. epiphytum* synonymisierten Namen in GenBank hinterlegt wurde, *Cephalosporium curtipes* var. *uredinicola*, der Art *Lecanicillium psalliotae* Treschew und weiteren Stämmen von verschiedenen Arten der Clavicipitaceae, wie *Torrubiella petchii* Hywel-Jones, *Torrubiella pruinosa* (Petch) Minter & B.L. Brady und *Torrubiella tenuis* Petch (Tab. 228-231).

**Tabelle 228: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW062p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Lecanicillium psalliotae</i> (ATCC 58724)	93 %	100 % (612/612)	0	KC881072
<i>Cephalosporium curtipes</i> var. <i>uredinicola</i> (CBS 650.85)	85 %	100 % (561/561)	0	AJ292405
<i>Lecanicillium psalliotae</i> (IMI 090246)	80 %	99 % (523/530)	4	EF513027
<i>Verticillium epiphytum</i> (FUMF101)	80 %	98 % (519/529)	2	KF548667



**Tabelle 229: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW062p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Verticillium epiphytum</i> (CBS 384.81)	97 %	99 % (567/569)	0	AF339547
<i>Torrubiella tenuis</i> (NHJ 6791)	100 %	99 % (579/585)	0	EU369046
<i>Torrubiella pruinosa</i> (NHJ 12994)	100 %	99 % (579/585)	0	EU369041
<i>Torrubiella petchii</i> (NHJ 6240)	100 %	99 % (579/585)	0	EU369038

**Tabelle 230: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW062p6 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Verticillium epiphytum</i> (CBS 154.61)	94,2 %	100 % (619/619)	0	--
<i>Lecanicillium psalliotae</i> (ATCC 58724)	93,1 %	100 % (612/612)	0	KC881072
<i>Cephalosporium curtipes</i> var. <i>uredinicola</i> (CBS 650.85)	85,4 %	100 % (561/561)	0	AJ292405
<i>Verticillium epiphytum</i> (CBS 101285)	94,8 %	98,4 % (613/623)	0	--

**Tabelle 231: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW062p6 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Verticillium epiphytum</i> (CBS 154.61)	100 %	100 % (585/585)	0	--
<i>Verticillium epiphytum</i> (CBS 650.85)	100 %	100 % (585/585)	0	--
<i>Verticillium epiphytum</i> (CBS 101285)	94,8 %	99,8 % (554/555)	0	--
<i>Verticillium epiphytum</i> (CBS 384.81)	100 %	99,6 % (567/569)	0	AF339547

## Diskussion

Die Klassifizierung der Isolate JW062p6 und JW062p7 basierten auf morphologischen Merkmalen und molekularen Daten (ITS und LSU nrDNA). Beobachtete morphologische Merkmale wie überwiegend einzelne, relativ lange und direkt auf undifferenzierten Hyphen gebildete Phialiden oder wirtelig verzweigte Konidiophore, die Form und Größe der Konidien und die Bildung von weißen Kolonien mit einer bräunlich gelben Rückseite entsprachen der Beschreibung von *Verticillium epiphytum* in der Literatur (Hansford 1943; Zare et al. 2001). Die gemessenen Größen der Konidien waren allerdings etwas kleiner als die von Zare et al. (2001) angegebenen Werte (Zare et al. 2001: 3,5-10,5 × 1-2 µm) und es konnten entgegen der Beschreibung der Art in Zare et al. (2001) keine Chlamydosporen beobachtet werden (Zare et al. 2001).

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten des Isolates JW062p6 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung der unter-

suchten DNA-Regionen mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Verticillium epiphytum* (Syn: *Cephalosporium curtipes* var. *uredinicola*), *Lecanicillium psalliotae*, *Torrubiella petchii*, *Torrubiella pruinosa* und *Torrubiella tenuis* (Tab. 228-231). Die in GenBank und MycoBank vorhandenen Daten und die verwendeten DNA-Regionen ermöglichen keine direkte Unterstützung der morphologischen Bestimmung der Isolate auf Artebene, allerdings wird die Gruppierung der Isolate JW062p6 und JW062p7 in die Gattung *Verticillium* s.l. unterstützt.

Die Arten der Gattung *Torrubiella* unterscheiden sich morphologisch von den Isolaten JW062p6 und JW062p7, der Gattung *Verticillium* und *Lecanicillium* durch das Fehlen eines anamorphen Entwicklungsstadiums bzw. die Bildung eines *Hirsutella*-artigen imperfekten Stadiums in Kultur und die Ausbildung von Perithezien in vivo (Maurya et al. 2013; Hywel-Jones 1997). Die Art *Lecanicillium psalliotae* unterscheidet sich von den untersuchten Isolaten (JW062p6, JW062p7) und *Verticillium epiphytum* durch kürzere Phialiden und durch die Bildung eines in das Nährmedium diffundierenden, roten Pigments (Zare und Gams 2001a; Zare et al. 2001). Andere Merkmale wie die Form und Größe der Konidien, die Bildung von Chlamydosporen oder Kristallen variieren zwischen einzelnen Isolaten der Art *V. epiphytum* und können daher nicht zur weiteren Artabgrenzung verwendet werden (Zare et al. 2001).

Aus dem gesammelten Material der Probe JW062P konnten neben *Verticillium* cf. *epiphytum* weitere Pilzstämme kultiviert werden. So wurden zusätzlich drei sterile Kulturen (JW062p1, JW062p5, JW062p10), drei Stämme der Art *Curvularia lunata* (JW062p2, JW062p3, JW062p9), ein Isolat der Art *Curvularia geniculata* (JW062p11), der Dermatophyt *Trichophyton interdigitale* (JW062p8) und vier Stämme des Dermatophyten *T. rubrum* (JW062p4, JW062p12, JW062p13, JW062p14) isoliert.

Die Läsion JW062P stellt sehr wahrscheinlich das Resultat einer Infektion der untersuchten Körperpartien mit den Dermatophyten *Trichophyton rubrum* und *Trichophyton interdigitale* dar. Auch wenn Stämme der Gattung *Verticillium* als Verursacher von kutanen Infektionen oder als opportunistische Krankheitserreger dokumentiert wurden (Bashir et al. 2006; Shin et al. 2002), handelt es sich bei den isolierten Stämmen JW062p6 und JW062p7 eher um eine Kontamination des gesammelten Materials (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

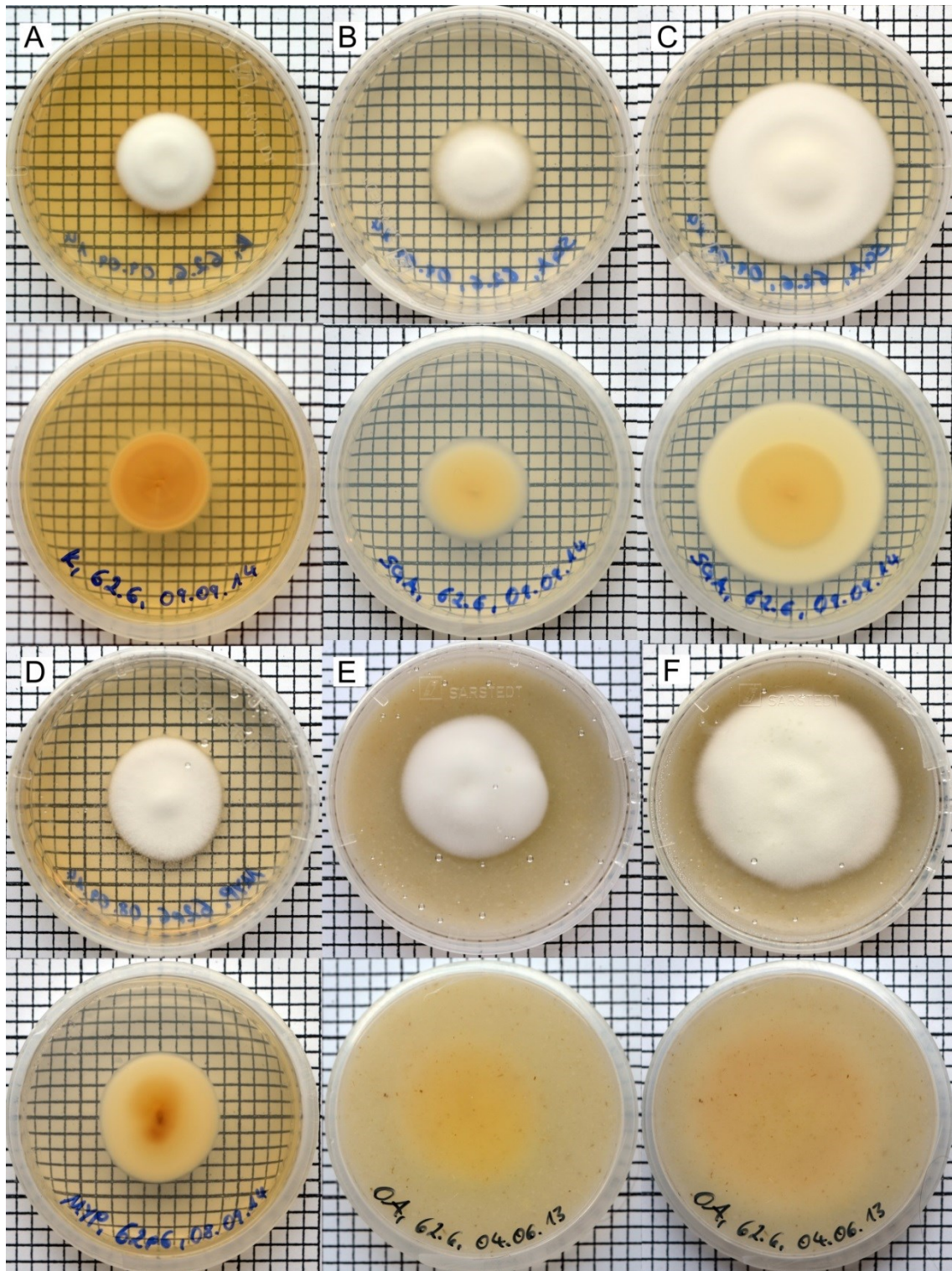


Abbildung 86: Kulturen von *Verticillium cf. epiphytum* (JW062p6) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

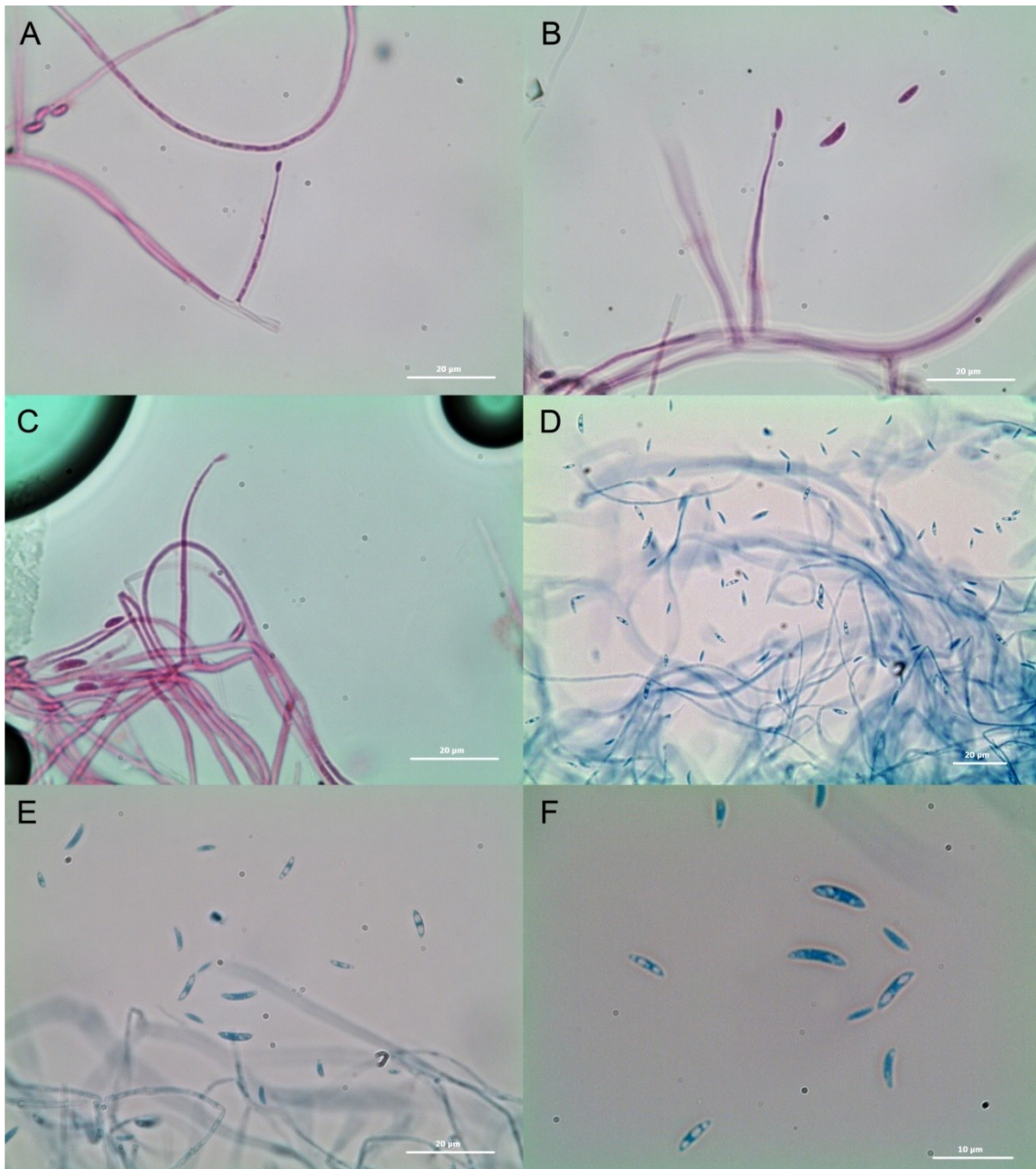


Abbildung 87: Mikromorphologische Strukturen von *Verticillium cf. epiphytum* (JW062p6). A-C: Einzelne Phialiden (gefärbt mit Phloxin). D-F: Freie Konidien (in Lactophenol, gefärbt mit Wasserblau). A-E: Maßstab = 20 µm, F: Maßstab = 10 µm.

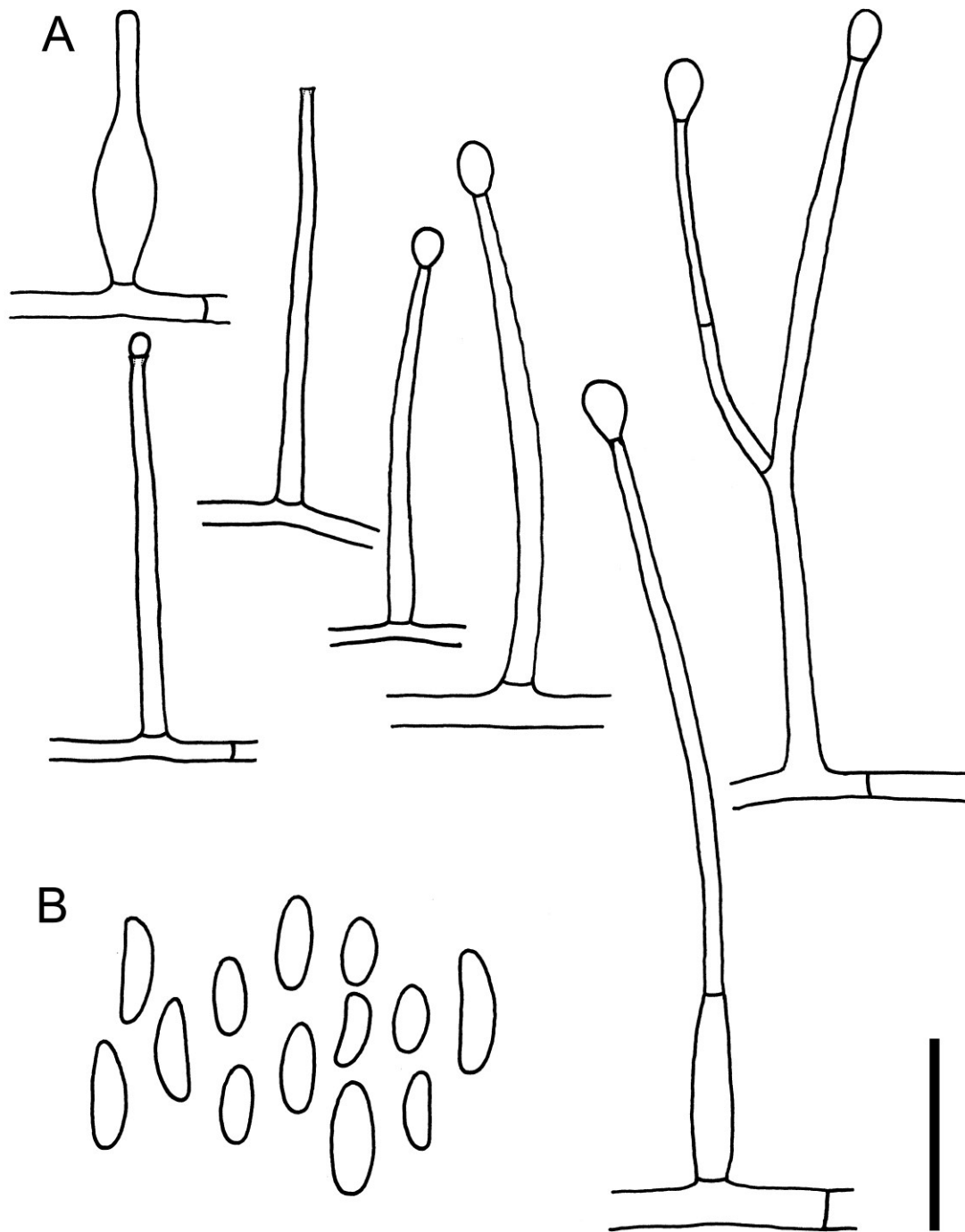


Abbildung 88: *Verticillium cf. epiphytum* (JW062p6). A: Phialiden in unterschiedlichen Entwicklungsstadien. B: Freie Konidien. Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ .

### **Microascales** Luttr. ex Benny & Kimbr.

A synopsis of the orders and families of Plectomycetes with keys to genera. Mycotaxon 12(1980): 1-91.

Es wurden insgesamt 15 Stämme aus 11 unterschiedlichen Proben isoliert, die innerhalb der Microascales der Familie Microascaceae Luttr. ex Malloch und den Gattungen *Lophotrichus* R.K. Benj., *Microascus* Zukal, *Scopulariopsis* Bainier und *Wardomycopsis* Udagawa & Furuya zugeordnet wurden (Tab. 10).

### **Lophotrichus** R.K. Benj.

Two species representing a new genus of the Chaetomiaceae. Mycologia 41 (1949): 346-354.

Typus: *Lophotrichus ampullus* R.K. Benj.

Anamorph: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Hypocreomycetidae

Ordnung: Microascales

Familie: Microascaceae

Gattung: *Lophotrichus*

(Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Lophotrichus* wurde von Benjamin (1949) basierend auf der Typusart *Lophotrichus ampullus* aufgestellt und beinhaltet aktuell etwa sieben akzeptierte Arten (Guarro et al. 2012) und zehn assoziierte Namen (MycoBank und IndexFungorum: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

Bildung von wolligen bis filzig haarigen oder wattigen, moderat bis rasch wachsenden, hell braunen bis dunkelbraunen oder graubraunen bis schwarz pigmentierten Kolonien mit weißem, grauem oder braunem Luftmyzel und Bildung von schwarzen Perithezien (Guarro et al. 2012).

## Mikromorphologie

Arten der Gattung *Lophotrichus* sind durch dunkel pigmentierte, oberflächlich oder eingesenkt gebildete Perithechien mit septierten und glatten Seten, unitunicaten, keulenförmigen oder zylindrischen Asci mit acht Sporen und der Bildung einzelliger, glatter, fusiformer oder gebogener, im jungen Zustand dextrinoider, hell brauner Ascosporen mit zwei Keimporen charakterisiert (Guarro et al. 2012).

## Pathogenität und Ökologie

BSL-1, Arten der Gattung *Lophotrichus* wurden bisher nicht als Verursacher von Infektionen des Menschen oder anderer Tiere beschrieben (de Hoog et al. 2014) und sind cellulolytische, coprophile Organismen mit einer weltweiten Verbreitung (Guarro et al. 2012).

## Isolate

Es wurden zwei Stämme (JW076p3, JW076p6) isoliert, die der Gattung *Lophotrichus* zugeordnet wurden (Tab. 9-10). Die Isolate wurden anhand morphologischer Merkmale unter Verwendung des taxonomischen Schlüssels in Guarro et al. (2012) und nrDNA Sequenzdaten als *Lophotrichus bartlettii* bestimmt (Guarro et al. 2012).

***Lophotrichus bartlettii*** (Massee & E.S. Salmon) Malloch & Cain

**Abb. 89-91**

The genus *Kernia*. Can. J. Bot. 49 (1971): 855-867.

Basionym

***Magnusia bartlettii*** Massee & E.S. Salmon, Annals of Botany 15 (1901): 333.

Synonyme

***Kernia bartlettii*** (Massee & E.S. Salmon) R.K. Benj., Aliso 3 (1956): 344.

***Kernia bifurcotricha*** A.S. Saksena & Mukerji, Trans. Brit. Mycol. Soc. 54 (1970): 146.

***Lophotrichus brevirostratus*** L.M. Ames, A monograph of the Chaetomiaceae (1963): 52.

***Magnusia bartlettii*** Massee & E.S. Salmon, Annals of Botany 15 (1901): 333.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Hypocreomycetidae

Ordnung: Microascales

Familie: Microascaceae

Gattung: *Lophotrichus*

(Synonyme nach Doveri (2011), Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** moderat, überwiegend submers wachsende Kolonien von ca. 45 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien schwarzbraun mit hell gelblich brauner Randzone, submers, mit weißem, wollig filzigem, emersum Zentrum; keine Bildung von Ascomata beobachtet; Kolonierückseite schwarzbraun.

**SGA:** emersum und submersum, moderates Koloniewachstum von 30-45 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hellbraun mit weißem, wollig filzigem, erhabenem Luftmyzel und hell gelblich brauner, submerser Randzone; keine Bildung von Ascomata beobachtet; Kolonierückseite hell gelbbraun bis dunkel braun.

**OA:** emersum und submersum, moderates Koloniewachstum von 30-40 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien überwiegend submers, hell gelblich braun, innerhalb von 5 d Bildung von unzähligen, dicht sitzenden, schwarzen, setosen Ascomata ausgehend vom Koloniezentrum; ältere Kolonien mit weißem, wolligem bis filzigem Luftmyzel, bräunlich gelber, submerser Randzone und kreisförmiger Ausbreitung der Ascomata und Bildung von Exudattropfen; Rückseite gelblich olivgrün bis gelblich dunkelbraun.

**MYP:** moderat, überwiegend submers wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 40 bis 45 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell gelblich braun, membranös, innerhalb von 5d Bildung von unzähligen, verteilten, schwarzen, setosen Ascomata ausgehend vom Koloniezentrum; Kolonierückseite cremefarben bis hell gelblich braun.

### **Mikromorphologie**

Hyphen subhyalin bis hell bräunlich, septiert, bis 4 µm breit; kein asexuelles Stadium beobachtet; Perithezien dunkel schwarzbraun bis schwarz, rundlich bis oval, (200) 250-350 (375) × (200) 240-310 (375) µm, mit langen, apikalen Seten; Seten bräunlich, unverzweigt, gerade oder leicht gewellt, septiert, glatt, bis 800 µm lang; Asci länglich oval bis keulenförmig, 20-25 (30) × (10) 12-16 (20) µm, mit acht Sporen; Ascosporen hell braun, oval bis zitronenförmig, 7-9 (12) × 5-6,5 µm, mit jeweils einem apikalen Keimporus.



## Pathogenität und Ökologie

BSL-1; *Lophotrichus bartlettii* ist bisher nicht als pathogener Organismus dokumentiert worden (Stand 2014). Häufig aus Kotproben verschiedener Tiere oder Erde isolierter, saprotropher und coprophiler Ascomycet mit einer weltweiten Verbreitung (Guarro et al. 2012; Masee und Salmon 1901).

## Untersuchtes Material

**JW076P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (41 Jahre) mit einer Dermatomykose und einer Onychomykose der großen Zehennägel beider Füße; gesammelt am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 20.13.2011 zweimal aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW076p3 und JW076p6 subkultiviert.

## Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der LSU nrDNA Sequenzdaten des Isolates JW076p6 (LSU: 585 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen verschiedener molekular und morphologisch nahverwandter Gattungen der Microascaceae, wie *Enterocarpus* Locq.-Lin., *Graphium* Corda, *Kernia* und *Lophotrichus* R.K. Benj., und den Arten *Enterocarpus grenotii* Locq.-Lin., *Graphium eumorphum* (Sacc.) Sacc., *Kernia geniculotricha* Seth, *K. hippocrepida* Malloch & Cain (Tab. 232), *Lophotrichus bartlettii* und *L. martinii* R.K. Benj. (Tab. 233). Die Ergebnisse des BlastSearch in GenBank (Tab. 232) zeigten keine Übereinstimmung mit Arten der Gattung *Lophotrichus*, da innerhalb der Datenbank keine Sequenzdaten der LSU nrDNA für diese Gattung vorhanden waren (Stand 2014).

**Tabelle 232: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW076p6 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Enterocarpus grenotii</i> (CBS 380.78)	96 %	97 % (552/567)	2	AF275533
<i>Kernia geniculotricha</i> (CBS 599.68)	96 %	96 % (549/570)	5	AF275532
<i>Graphium eumorphum</i> (FCUL 060807SF12)	100 %	95 % (562/591)	6	JF746156
<i>Kernia hippocrepida</i> (CBS 774.70)	96 %	96 % (549/572)	7	AF275531

**Tabelle 233: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW076p6 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Lophotrichus martinii</i> (CBS 326.50)	100 %	99,7 % (585/587)	2	--
<i>Lophotrichus martinii</i> (CBS 292.52)	100 %	99,7 % (585/587)	2	--
<i>Lophotrichus bartlettii</i> (CBS 277.75)	98,5 %	99,7 % (576/578)	2	--
<i>Lophotrichus martinii</i> (CBS 388.84)	100 %	99,5 % (584/587)	2	--

## Diskussion

Die taxonomische Bestimmung der Isolate JW076p3 und JW076p6 als *Lophotrichus bartlettii* wurde anhand von morphologischen Merkmalen durchgeführt. So entsprachen die untersuchten morphologischen Strukturen wie Ascomata, Asci und Ascosporen der Beschreibung der Art in der Literatur (Doveri 2011; Guarro et al. 2012; Malloch und Cain 1971; Masee und Salmon 1901). Allerdings waren die gemessenen Größen der Perithezien kleiner als die Angaben in Masee und Salmon (1901) (Masee und Salmon 1901: 250-500 µm) und etwas größer als die in Doveri (2011) (Doveri 2011: 250-280 µm) und Guarro et al. (2012) (Guarro et al. 2012: 180-320 µm) aufgeführten Werte (Doveri 2011; Guarro et al. 2012; Masee und Salmon 1901). Die Größen von Asci und Ascosporen entsprachen den Angaben in der Literatur, wobei die gemessenen Werte eine etwas größere Varianz aufwiesen (Doveri 2011; Guarro et al. 2012; Masee und Salmon 1901).

Der Vergleich der LSU nrDNA mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung der Sequenzdaten mit Sequenzen verschiedener molekular und morphologisch nah verwandter Gattungen der Microascaceae wie *Enterocarpus*, *Graphium*, *Kernia* und *Lophotrichus*, namentlich *Enterocarpus grenotii*, *Graphium eumorphum*, *Kernia geniculotricha*, *K. hippocrepeida* (GenBank, Tab. 232), *Lophotrichus bartlettii* und *L. martinii* (MycoBank, Tab. 233). Arten der Gattung *Lophotrichus* unterscheiden sich von der Gattung *Kernia* durch die Bildung von ostiolaten Ascomata, länglicheren Asci und größeren Ascosporen (Doveri 2011; Guarro et al. 2012; Malloch und Cain 1971), während sich *Enterocarpus*-Arten durch ein Capillitium und nicht ostiolate Ascomata von Arten der Gattung *Lophotrichus* unterscheiden (Doveri 2011). Die Gattung *Graphium* ist durch gut entwickelte, dunkle Synnemata mit Konidien in schleimigen Köpfchen charakterisiert und als anamorphe Form verschiedener teleomorpher Stadien innerhalb der Microascaceae dokumentiert worden (Doveri 2011; Geldenhuis et al. 2004; Guarro et al. 2012; Malloch und Cain 1971; Seifert et al. 2011). Die

Arten der Gattung *Lophotrichus* unterscheiden sich untereinander durch die Form der Ascomata und die Größe der Sporen, so bilden *L. ampullus* R.K. Benj., *L. plumbescens* Morinaga, Minoura & Udagawa und *L. martinii* geschnäbelte Ascomata und *L. macrosporus* (Faurel & Locq.-Lin.) Arx, Figueras & Guarro größere Ascosporen als *L. bartlettii*. *L. geniculosporus* Locq.-Lin. unterscheidet sich durch die Bildung von asymmetrischen Ascosporen mit einer deutlichen Wölbung und *L. fimeti* (Arx, Mukerji & N. Singh) Gilgado, Guarro, Gené & Cano durch die Präsenz eines *Graphium*-artigen asexuellen Stadiums (Benjamin 1949; Guarro et al. 2012; Masee und Salmon 1901).

*Lophotrichus bartlettii* ist nicht als Verursacher oder als Besiedler von Mykosen an Menschen oder Tieren dokumentiert (de Hoog et al. 2014) und von der untersuchten Läsion wurden neben *L. bartlettii* (JW076p6) weitere Pilzstämme isoliert. So konnte ebenfalls ein Stamm der Art *Microascus cinereus* (JW076p1), zwei Arten der Gattung *Candida*, *C. duobushaemulonii* (JW076p2) und *C. tropicalis* (JW076p4), und ein *Phialophora*-artiges Isolat (JW076p5) aus der untersuchten Läsion kultiviert werden. *M. cinereus* ist der einzige der von der Läsion isolierten filamentösen Pilze, der in der Literatur als primärer Verursacher von Nagelmykosen dokumentiert wurde (de Hoog et al. 2014). *C. duobushaemulonii* und *C. tropicalis* sind überwiegend als opportunistische Krankheitserreger und Verursacher von systemischen Mykosen bei immunsupprimierten Personen beschrieben worden. Allerdings wurden auch Fälle von Haut-, Nagelmykosen und sekundärer Besiedlung bereits vorhandener Läsionen dokumentiert (de Hoog et al. 2014; Chun et al. 2004). Als wahrscheinlichster Verursacher der Läsion ist *M. cinereus* anzunehmen. Inwieweit andere der isolierten Organismen als sekundäre Besiedler oder Verursacher der Läsionen betrachtet werden können, müsste durch eine weitere Beprobung der Läsion und weitere Untersuchungen, wie eine mikroskopische Observierung von Probenmaterial evaluiert werden (Daniel et al. 1998; Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

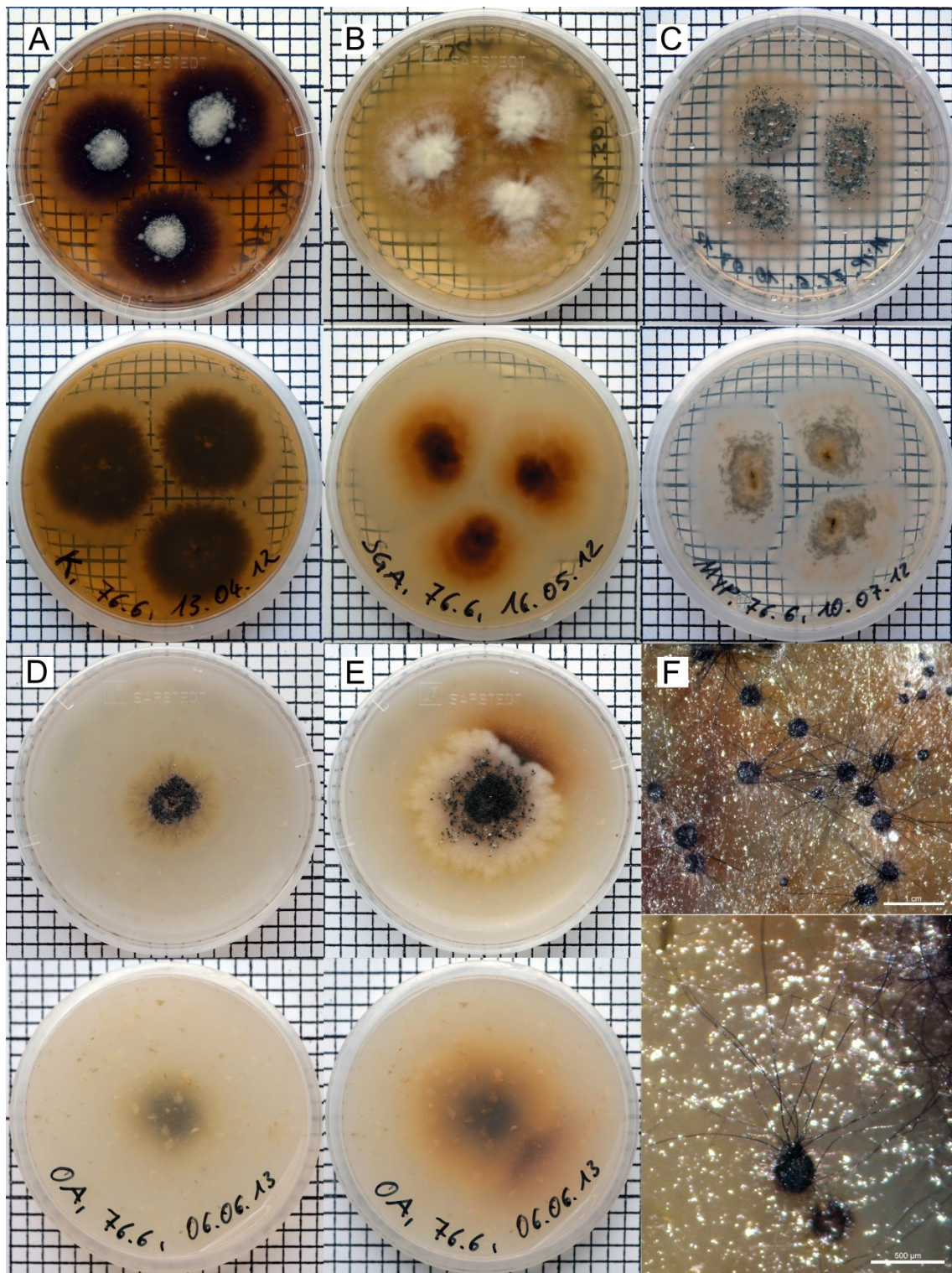
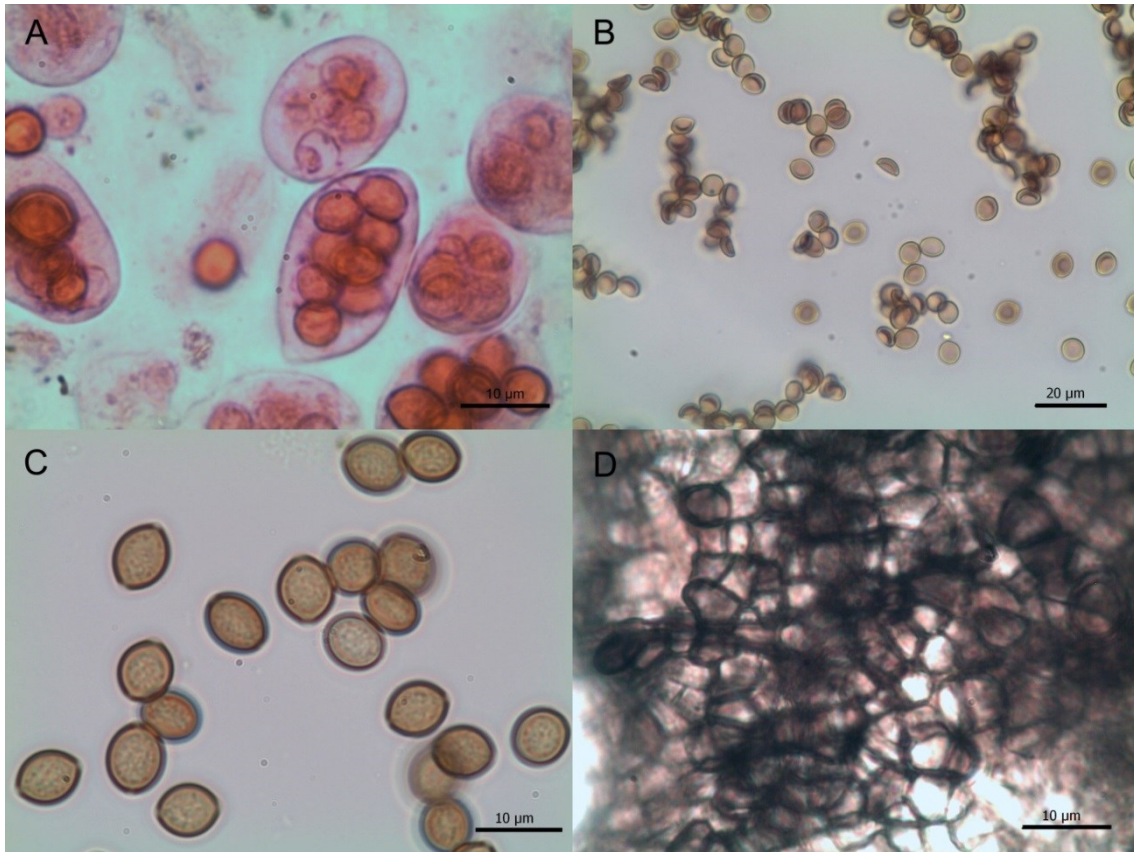


Abbildung 89: Kulturen von *Lophotrichus bartlettii* (JW076p6) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (14 d). C: MYP (14 d). D: OA (10 d). E: OA (21 d). F: Perithezien auf OA (Übersicht: Maßstab = 1 cm, Detail: Maßstab = 500 µm). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.



**Abbildung 90: Mikromorphologische Strukturen von *Lophotrichus bartlettii* (JW076p6). A: Asci (gefärbt mit Phloxin). B, C: Ascosporen. D: Detail Peridiumwand. A, C, D: Maßstab = 10 µm. B: Maßstab = 20 µm.**

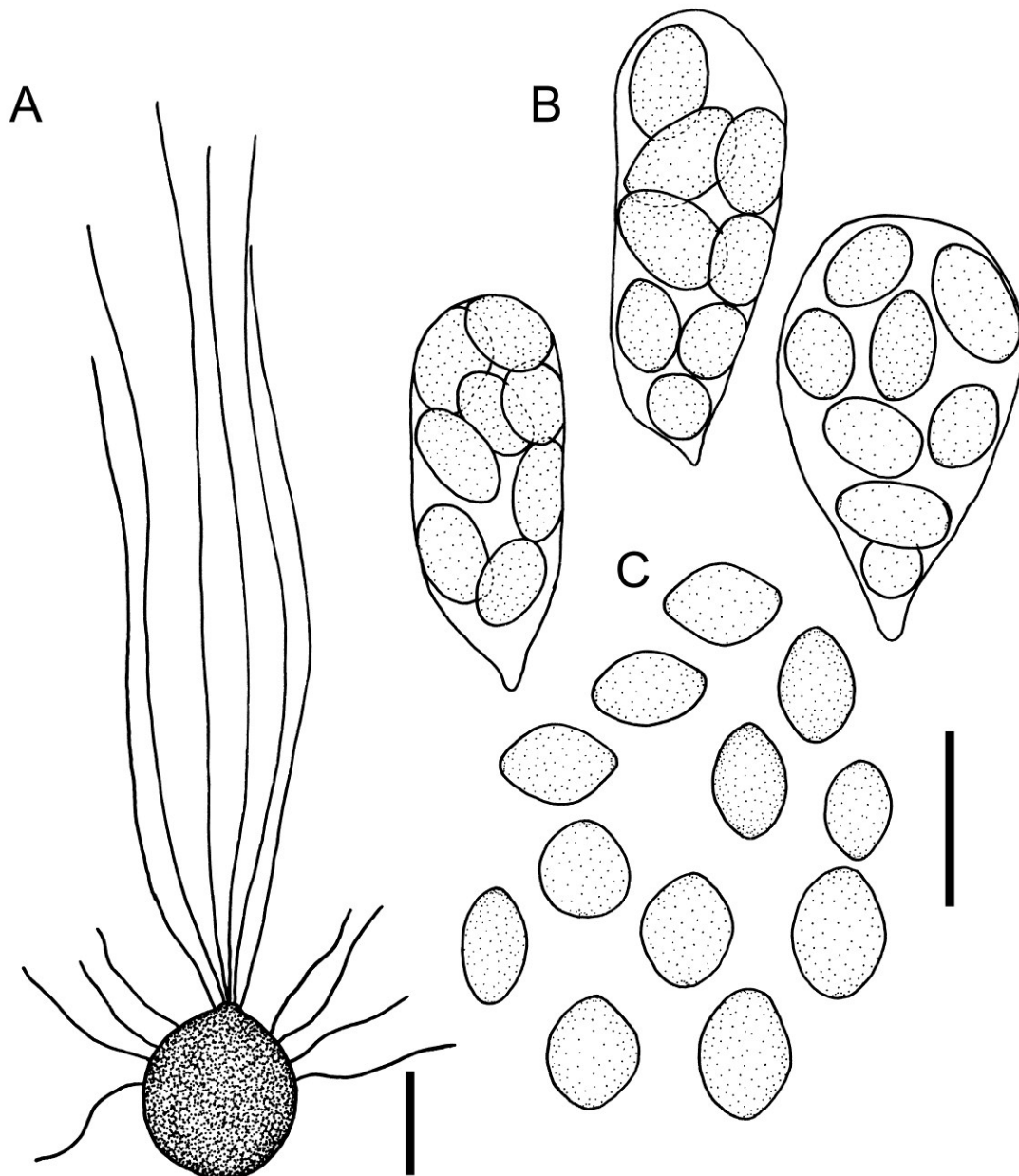


Abbildung 91: *Lophotrichus bartlettii* (JW076p6). A: Perithecium mit Seten. B. Asci. C. Ascosporen. A: Maßstab = 200 µm. B, C: Maßstab = 10 µm.

### **Phylogenetische Analyse ausgewählter Gattungen der Microascaceae**

Zur Unterstützung der taxonomischen Klassifizierung der Isolate der Gattungen *Microascus*, *Scopulariopsis* und *Wardomyces* (Microascaceae) wurden phylogenetische Analysen basierend auf ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten der Isolate JW034p1, JW035p1, JW037p1, JW037p3, JW039p4, JW042p1, JW050p4, JW055p4 und JW074p1, sowie weiterer Sequenzen von Stämmen unterschiedlicher Gattungen der Microascaceae unter Verwendung von DNA-Sequenzen der Arten *Chaetomium globosum* und *C. funicola* als Außengruppe (Tab. 280) durchgeführt. In den phylogenetischen Analysen erfolgte eine Gliederung des Stammbaums in vier, den Gattungen und Gattungskomplexen *Doratomyces-Wardomyces*, *Microascus-Scopulariopsis*, *Scedosporium* und *Wardomyces* entsprechende Hauptgruppen (Abb. 92-93). Innerhalb des auf ITS nrDNA Sequenzdaten basierenden Stammbaums wurden jeweils die Sequenzen der Isolate der Gattungen *Scedosporium* und *Parascedosporium*, ebenso wie die Sequenzen der Stämme der Gattungen *Wardomyces*, *Wardomyces* und *Doratomyces* eine eigene, separate Gruppe untergliedert. Während im Rahmen dieser Untersuchung verwendete ITS nrDNA-Sequenzen von Isolat der Gattungen *Microascus* und *Scopulariopsis* in drei Untergruppen gegliedert wurden (Abb. 92). So wurde eine Gruppe aus den DNA-Sequenzen der Arten *Scopulariopsis brevicaulis*, *S. flava*, der Isolate JW035p1 und JW039p1, sowie den Sequenzen der Arten *Yunnania penicillata* und *Microascus manginii* gebildet. Die zweite Gruppe beinhaltet Sequenzen der Arten *Scopulariopsis brumptii*, *S. chartarum*, *S. hibernica*, *Graphium dubautiae*, *Kernia hyalina* und die ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW074p1. Die dritte Gruppe besteht aus nrDNA Sequenzen von Stämmen der Arten *Microascus cinereus*, *M. cirrosus*, *M. trigonosporus*, *M. trigonosporus* var. *trigonosporus* und *Scopulariopsis gracilis*, sowie der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW034p1 (Abb. 92).

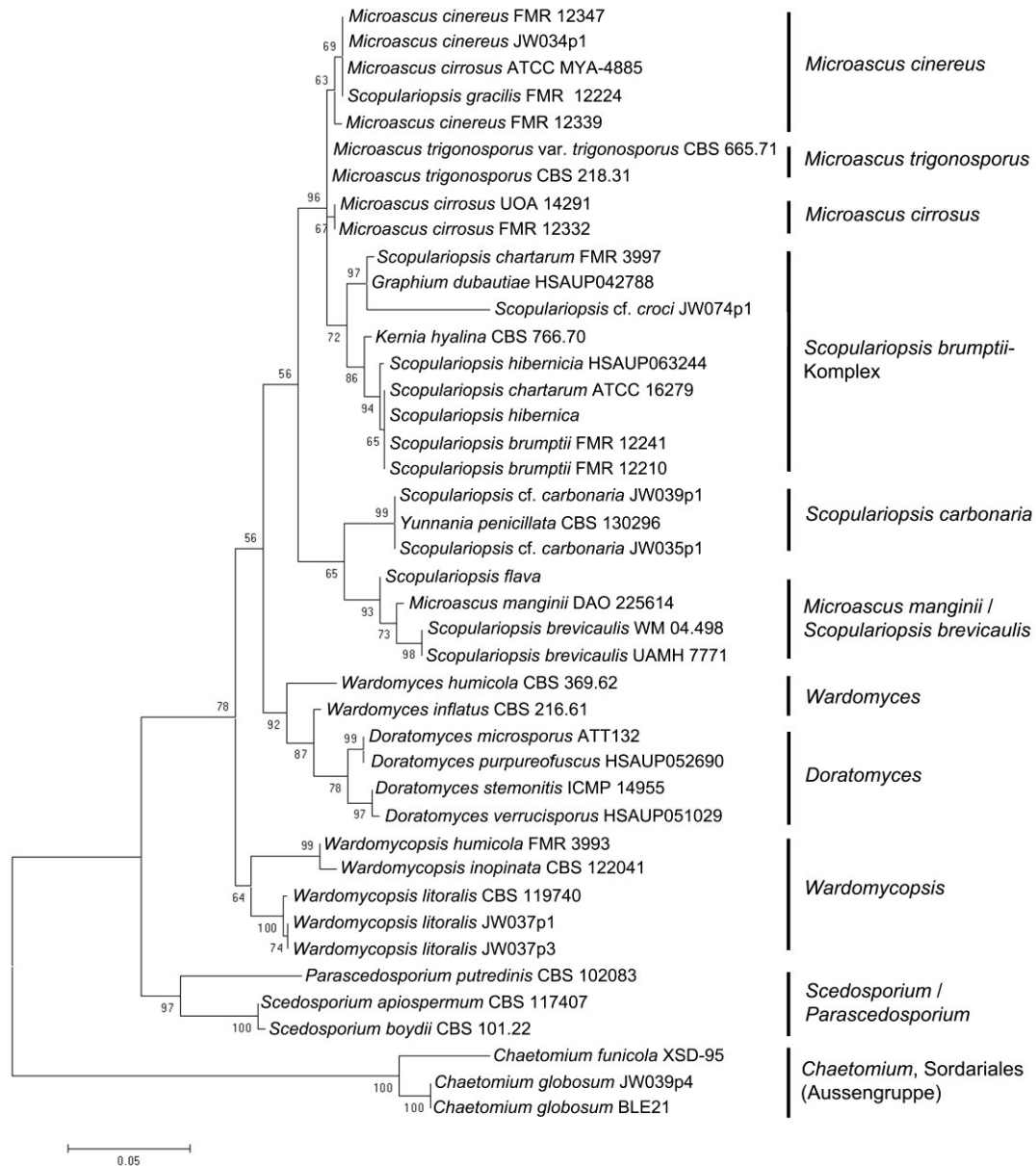


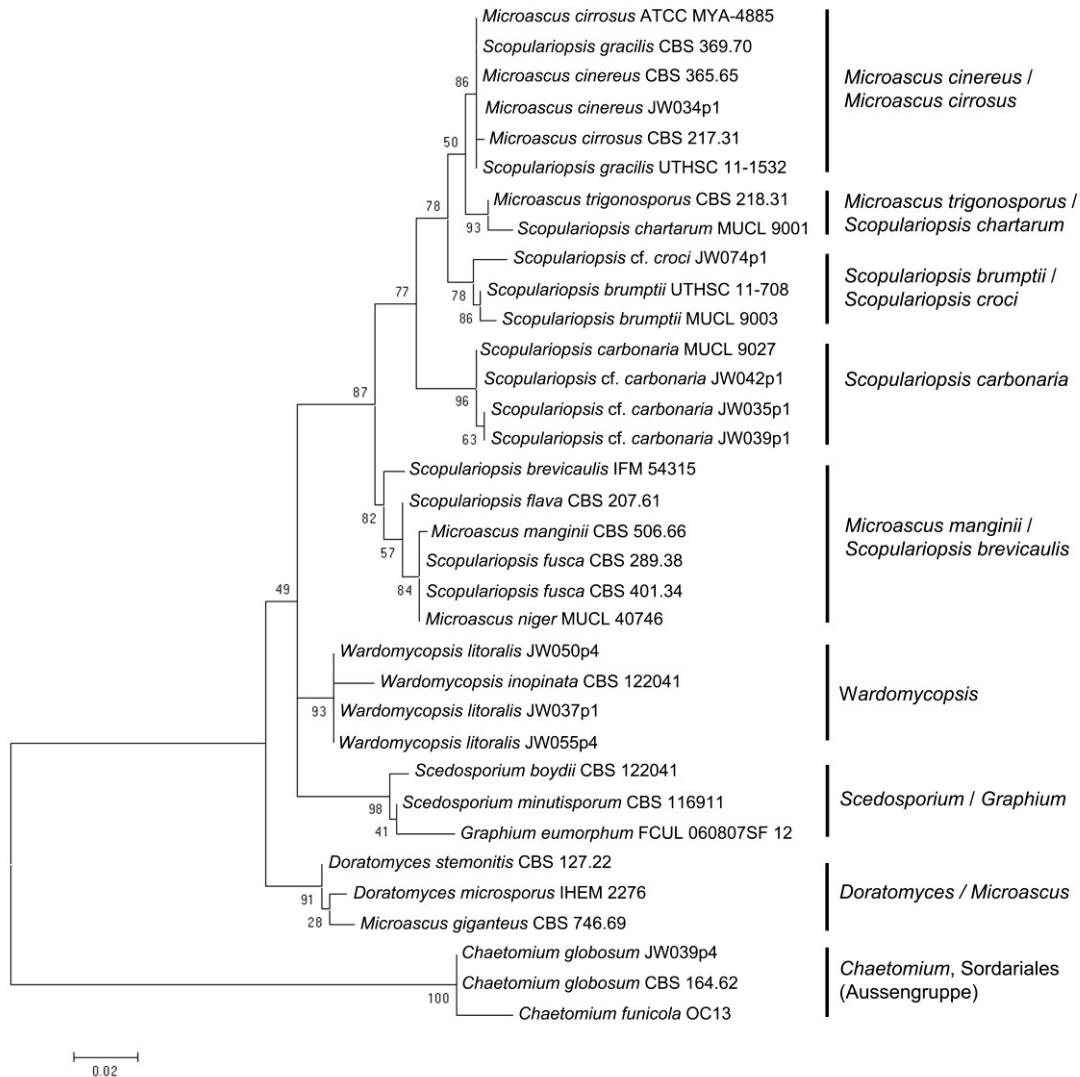
Abbildung 92: Phylogenetischer Stammbaum der in Panama isolierten Stämme JW034p1, JW035p1, JW037p1, JW037p3, JW039p4, JW074p1 und weiterer genetisch assoziierter Arten und Isolate unterschiedlicher Gattungen der Microascaceae, basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten, unter Verwendung von Sequenzen von Stämmen der Arten *Chaetomium globosum* und *C. funicola* als Außengruppe (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode, basierend auf dem Kimura 2-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Kimura 1980; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode, basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der finale Datensatz bestand aus 42 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 317 informativen Positionen. Eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,3414) wurde für die Modellierung evolutionärer Raten zwischen unterschiedlichen Positionen verwendet, wobei die Möglichkeit evolutionär invariabler Basen-Positionen mit in die Berechnungen aufgenommen wurde (+I, 28,5530 %). Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-1478,0575) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmen-



der Cluster, innerhalb der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurde an den entsprechenden Knoten mitangegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen.

Der basierend auf LSU nrDNA Sequenzdaten ermittelte Stammbaum (Abb. 93) zeigte ebenfalls eine Gliederung der beteiligten Taxa in vier Hauptgruppen, allerdings erfolgte bei einigen der untersuchten nrDNA Sequenzen eine andere Positionierung innerhalb der verschiedenen Gruppen. So wurden aus den LSU nrDNA Sequenzen der Stämme der Arten *Microascus cinereus*, *M. cirrosus*, *M. trigonosporus*, *Scopulariopsis gracilis* und *S. chartarum* ein gemeinsames Clade gebildet, das sich in zwei weitere Untergruppen, einmal bestehend aus den Sequenzen der Arten *M. trigonosporus* und *S. chartarum*, und einmal aus den Sequenzen der Arten *M. cinereus*, *M. cirrosus*, *S. gracilis* und der des Isolates JW034p1 untergliedert (Abb. 93). Ein weiteres Clade beinhaltet die Sequenzen von Isolaten der Art *Scopulariopsis brumptii* und des Stammes JW074p1 in jeweils separaten Untergruppen. Die zweite Gruppe innerhalb des *Microascus-Scopulariopsis* Komplexes wurde aus Sequenzen der Isolate JW035p1, JW039p1, JW042p1 und der Sequenz des *Scopulariopsis carbonaria* Stammes MUCL 9027 gebildet (Abb. 93), während eine weitere Gruppe aus den Sequenzen der Arten *Scopulariopsis brevicaulis*, *S. flava*, *S. fusca*, *Microascus manginii* und *M. niger* besteht (Abb. 93). Die Sequenzen der Arten *Wardomyces inopinata* und *W. litoralis*, ebenso wie die Sequenzen von *Scedosporium boydii*, *S. minutisporum* und *Graphium eumorphum*, als auch die Sequenzen der Arten *Doratomyces microsporus*, *D. stemonitis* und *Microascus giganteus* wurden jeweils in einem eigenen Clade gruppiert (Abb. 93).

Die phylogenetischen Analysen basierend auf ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten, zeigten die genetische Zugehörigkeit der untersuchten nrDNA Sequenzen der Isolate JW034p1, JW035p1, JW037p1, JW037p3, JW039p4, JW042p1, JW050p4, JW055p4 und JW074p1 zu den Arten *Microascus cinereus* (JW034p1), *Scopulariopsis carbonaria* (JW035p1, JW039p1, JW042p1, *Yunnania penicillata*) und *Wardomyces litoralis* (JW037p1, JW037p3, JW050p4, JW055p4) und die molekulare Verwandtschaft der Art *Yunnania penicillata* zu den *Microascales* und der Art *Scopulariopsis carbonaria*. Die phylogenetische Position des Isolates JW074p1 konnte nicht eindeutig geklärt werden, da zum Zeitpunkt der phylogenetischen Analyse keine nrDNA Sequenzen der Art *Scopulariopsis croci* in GenBank verfügbar waren (Stand 2014).



**Abbildung 93: Phylogenetischer Stammbaum der in Panama isolierten Stämme JW034p1, JW035p1, JW037p1, JW039p1, JW039p4, JW042p1, JW050p4, JW055p4, JW074p1 und weiterer genetisch assoziierter Arten und Isolate unterschiedlicher Gattungen der Microascales, basierend auf LSU nrDNA Sequenzdaten unter Verwendung von Sequenzen der Arten *Chaetomium globosum* und *C. funicola* als Außengruppe (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode, basierend auf dem Tamura-Nei Model in MEGA6 durchgeführt (Tamura und Nei 1993; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode, basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der finale Datensatz bestand aus 34 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 431 informativen Positionen. Für die Modellierung evolutionärer Raten zwischen unterschiedlichen Positionen wurde eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,1795) verwendet. Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-1370,3211) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, innerhalb der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurde an den entsprechenden Knoten mitangegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen.**

## ***Microascus* Zukal**

Ueber einige neue Pilze, Myxomyceten und Bakterien. Verhandlungen der Zoologisch-Botanischen Gesellschaft Wien 35 (1885): 333-342.

Typus: *Microascus longirostris* Zukal

Anamorph-Stadien: *Scopulariopsis* Bainier, *Wardomyces* F.T. Brooks & Hansf., *Wardomycopsis* Udagawa & Furuya (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Seifert et al. 2011).

Synonym

***Fairmania*** Sacc., Annl. Mycol. 4 (1906): 276.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Hypocreomycetidae

Ordnung: Microascales

Familie: Microascaceae

(Systematik und Synonyme nach Guarro et al. 2012, Morton und Smith 1963, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Microascus* wurde von Zukal (1885) basierend auf der Typusart *Microascus longirostris* aufgestellt, von Barron et al. (1961), Morton und Smith (1963) und Arx (1975) anhand morphologischer Merkmale revidiert und beinhaltet aktuell 13 akzeptierte Arten und 54 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 59 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen (Arx 1975; Barron et al. 1961; Morton und Smith 1963; Seifert et al. 2011).

### **Koloniemorphologie**

Bildung von moderat und begrenzt wachsenden, filzigen bis wolligen oder haarigen, weißen, braunen oder grauen Kolonien (de Hoog et al. 2014; Guarro et al. 2012; Morton und Smith 1963).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Microascus* sind charakterisiert durch dunkel pigmentierte, oberflächlich oder submers gebildete, kugel- bis ampullenförmige, ostiolate Ascomata (Perithezien), häufig mit einem zylindrischen und langem Hals mit Seten, obovaten, kugelförmigen oder fassförmigen, unitunicaten und vergänglichen Asci mit meist acht

Ascosporen und einzellige, im jungen Zustand dextrinoiden, glatten, asymmetrischen, nieren-, herz- oder linsenförmigen, hell gelblich bis gelblichbraun oder gelblich orange pigmentierten Ascosporen, wobei die Freisetzung der Sporen als Cirrus oder unter Bildung einer lokalen Sporenmass an der Spitze des Peritheciums erfolgt. Zudem erfolgt die Bildung eines anamorphen Stadiums (siehe *Scopulariopsis* und *Wardomyces*) mit einfachen kaum verzweigten bis penicillaten Konidiophoren, annellidischen konidiogenen Zellen und dunkel pigmentierten, obovaten, kugel- oder keulenförmigen, truncaten, ornamentierten oder glatten Konidien mit Keimschlitzen, die in trockenen Ketten oder einzeln gebildet werden können (de Hoog et al. 2014; Guarro et al. 2012; Morton und Smith 1963).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Microascus* sind als saprotrophe, coprophile Organismen mit einer weltweiten Verbreitung und als Verursacher von kutanen Läsionen, Onychomykosen und opportunistischen Infektionen bei immunsupprimierten und anderweitig prädisponierten Personen dokumentiert worden (de Hoog et al. 2014; Guarro et al. 2012; Morton und Smith 1963).

### **Isolate**

Insgesamt wurden zwei Stämme (JW034p1, JW076p1) isoliert, die der Gattung *Microascus* zugeordnet wurden (Tab. 9-10). Die entsprechenden Isolate wurden anhand morphologischer Merkmale unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in Guarro et al. (2012), de Hoog et al. (2014) und Morton und Smith (1963), sowie nrDNA Sequenzdaten als *Microascus cinereus* klassifiziert (de Hoog et al. 2014; Guarro et al. 2012; Morton und Smith 1963).

***Microascus cinereus* Curzi**

**Abb. 94-96**

Rapporti fra i generi *Microascus* Zukai e *Scopulariopsis* Bainier. Boll. Staz. Patol. Veg. Roma 11 (1931): 55-60.

Anamorph-Stadium: *Scopulariopsis cinerea* Émile-Weill & L. Gaudin (1919).

Synonyme

*Microascus doquetii* Moreau, Rev. Mycol. 18 (1953): 174.

*Microascus griseus* P.N. Mathur & Thirum., Sydowia 16 (1962): 49.

*Microascus lunasporus* P.M. Jones, Mycologia 28 (1936): 503.

*Microascus pedrosoi* Fuentes & Wolf, Mycologia 48 (1956): 63.

*Peristomium desmosporum* var. *verticillium* Lechmere, C. r. hebd. Séanc. Acad. Sci., Paris 155 (1913): 178.

*Scopulariopsis cinerea* Émile-Weill & L. Gaudin, Arch. Méd. exp. Anat. path. 28 (1919): 460.

*Scopulariopsis oidiospora* Zach, Öst. Bot. Z. 83 (1934): 182.

*Sporotrichum arabicum* Masee, J. Bot. Lond. 34 (1896): 153.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Hypocreomycetidae

Ordnung: Microascales

Familie: Microascaceae

Gattung: *Microascus*

(Systematik und Synonyme nach Guarro et al. 2012, Morton und Smith 1963, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

## Koloniemorphologie

**Kimmig:** Emerses, moderates Koloniewachstum von etwa 25 mm in 10 d bei 25 °C; junge Kolonien weiß bis schmutzig weiß und mit leicht filziger Oberflächentextur; ältere Kolonien graubraun, mit filzig pudriger Kolonieoberfläche und wattig weißem, degeneriertem Luftmyzel; Kolonierückseite gelblich braun bis gelblich braunoliv.

**SGA:** Emerses, moderates Koloniewachstum von ca. 30 mm in 10 d bei 25 °C; junge Kolonien schmutzig weiß bis hell braun, anliegend, mit filzigem Zentrum, ältere Kolonien graubraun, mit filzig pudrigem Koloniezentrum und vereinzelt bis unzähligen, über die Kolonie verteilten Perithezien; Kolonierückseite schmutzig weiß bis hell braun.

**OA:** Emerses, moderates Koloniewachstum von ca. 30 mm in 10 d bei 25 °C; Kolonien hell graubraun mit einem weißen, samtigen und flachen Rand, einer mittleren Zone mit Perithezien und einem filzigem Zentrum; ältere Kolonien mit orangenen, fadenförmig aus den Perithezien austretenden Sporenmassen (Cirri) oder Bildung von lokalen Sporenmassen; Rückseite weiß, in Bereichen mit Perithezien dunkel gefärbt.

**MYP:** Moderat wachsende, spärliche Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 25 bis 30 mm in 10 d bei 25 °C; junge Kolonien überwiegend emers wachsend, schmutzig hell braun, mit filzigem Zentrum und Bildung von Perithezien nach ca. 7 d; ältere Kolonien hell graubraun, mit verstärkt submersem Wachstum, Bildung von Fruchtkörpern weiterhin auf das Zentrum der Kolonie beschränkt. Kolonierückseite hell gelblich braun.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin bis schwach bräunlich, septiert, 1-2 µm breit; Konidiogene Zellen einzeln an undifferenzierten Hyphen oder in penicillater Anordnung an verzweigten Konidiophoren, mit annellidischer Konidiogenese; Konidiophore 2-3 µm breit und bis 38 µm lang; annellidische Zellen 7-8,5 (10) × 2,5-3 µm; Konidien in Ketten, subhyalin bis graubraunoliv, mit abgegrenztem, basalem Hilum (Phasenkontrast), oval bis obovoid, apikal abgerundet oder leicht zugespitzt, glatt oder vereinzelt mit fein warziger Ornamentierung, 2-3,5 (4) × 2-3 µm; Perithezien geschnäbelt, schwarz, rund bis oval, (165) 240-350 (400) µm; Hals (30) 50-150 (200) × 20-30 µm lang, mit hyalinen Seten. Asci vergänglich, rund bis oval, (6) 7-9,5 × (5) 6,5-7,5 (8) µm, mit 8 Sporen; Ascosporen gelblich bis hell gelblich braun, dextrinoid, konkav-konvex, oval bis nierenförmig, (4) 4,5-5 × 2-2,5 µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; *Microascus cinereus* ist als seltener Verursacher von Onychomykosen und anderen Krankheiten bei immunsupprimierten Personen dokumentiert. *M. cinereus* ist ein saprotropher Organismus mit einer weltweiten Verbreitung und wurde häufig aus Erde, von verrottenden Pflanzenmaterialien und Kot isoliert (Baddley et al. 2000; Curzi 1930; de Hoog et al. 2000, 2014; Guarro et al. 2012; Iwen et al. 2012; Marques et al. 1995; Tullio et al. 2010).

### **Untersuchtes Material**

**JW034P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (47 Jahre) mit einer dunkel gefärbten Läsion der linken Wade und einer Onychomykose des linken, kleinen Zehennagels; gesammelt am 06.09.2009 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 09.11.2009 einmal aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW034p1 subkultiviert.

**JW076P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (41 Jahre) mit einer totalen dystrophischen Onychomykose beider großer Zehennägel; gesammelt am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Stamm wurde am 20.03.2011 einmal aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW076p1 subkultiviert.

### Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzen des Isolates JW034p1 (ITS: 874 bp, LSU: 585 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen verschiedener Arten der Gattung *Microascus* Zukal, wie *Microascus cirrosus* Curzi, *Microascus cinereus*, *Microascus trigonosporus* C.W. Emmons & B.O. Dodge und *Microascus trigonosporus* var. *trigonosporus* C.W. Emmons & B.O. Dodge (Tab. 234-237).

**Tabelle 234: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW034p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Microascus cirrosus</i> (ATCC MYA-4885)	69%	100 % (604/604)	0	JQ906771
<i>Microascus trigonosporus</i> (LVPEI.B164_11)	68%	97% (561/581)	10	KF 280265
<i>Microascus cirrosus</i> (UOA/HCPF/GRC 14291)	68%	96 % (585/608)	12	KC 254062
<i>Microascus trigonosporus</i> var. <i>trigonosporus</i> (CBS 665.71)	68%	96 % (577/602)	19	AM 774156

**Tabelle 235: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW034p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Microascus cirrosus</i> (ATCC MYA-4885)	98 %	100 % (578/578)	0	JQ906766
<i>Microascus cirrosus</i> (70024521)	96 %	100 % (575/575)	0	HQ676488
<i>Microascus trigonosporus</i> (RSA 1942)	100 %	98 % (578/587)	3	U47835
<i>Microascus cirrosus</i> (CBS 217.31)	97 %	99 % (566/568)	0	AF275539

**Tabelle 236: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW034p1 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Microascus cirrosus</i> (ATCC MYA-4885)	69%	100 % (604/604)	0	JQ906766
<i>Microascus cinereus</i> (FMR 12341)	68%	100 % (593/593)	0	--
<i>Microascus cinereus</i> (FMR 12347)	68%	100 % (593/593)	0	--
<i>Microascus cinereus</i> (FMR 12224)	68%	100 % (593/593)	0	--

**Tabelle 237: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW034p1 (MycoBank)**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Microascus cinereus</i> (CBS 300.61)	100%	100 % (585/585)	0	--
<i>Microascus trigonosporus</i> var. <i>trigonosporus</i> (CBS 268.49)	100%	100 % (585/585)	0	--
<i>Microascus cinereus</i> (CBS 664.71)	100%	100 % (585/585)	0	--
<i>Microascus trigonosporus</i> var. <i>terreus</i> (CBS 601.67)	100%	100 % (585/585)	0	--

## Diskussion

Die Bestimmung der Isolate JW034p1 und JW076p1 als *Microascus cinereus* wurde basierend auf morphologischen Merkmalen und molekularen Daten (ITS und LSU nrDNA) vorgenommen. So entsprachen die Koloniemorphologie und die mikromorphologischen Merkmale der Isolate JW034p1 und JW076p1 der Beschreibung von *M. cinereus* (de Hoog et al. 2014; Guarro et al. 2012; Morton und Smith 1963; Udagawa 1962), wobei die gemessenen Größen einzelner Strukturen von den in der Literatur genannten Werten abwichen. So waren die gemessenen Größen der Perithezien des Stammes JW034p1 mit (165) 240-340 (400)  $\mu\text{m}$  etwas größer als die in de Hoog et al. (2014), Guarro et al. (2012) (170-340  $\mu\text{m}$ ) Morton und Smith (1963) (150-340  $\mu\text{m}$ ) und in Udagawa (1962) (300-350  $\mu\text{m}$ ) angegebenen Werte, während die Asci des Isolates JW034p1 mit (6) 7-9,5 (11)  $\times$  (5) 6-7,5 (8)  $\mu\text{m}$  etwas kleiner waren als in der Literatur angegeben (de Hoog et al. 2014 und Guarro et al. 2012: 11-15  $\times$  7-11; Morton und Smith 1963: 10-14  $\times$  8-12  $\mu\text{m}$ ; Udagawa 1962: 8,5-9  $\times$  7,5-8,5  $\mu\text{m}$ ). Die Ascosporen (4-5,5  $\times$  2-2,5  $\mu\text{m}$ ) und Konidien (2-3,5 (4)  $\times$  2-3  $\mu\text{m}$ ) des Isolates aus Panama waren ebenfalls kleiner als die angegebenen Größen in der Literatur (Ascosporen: de Hoog et al. 2014 und Guarro et al. 2012: 5-7  $\times$  2,5-4  $\mu\text{m}$ ; Morton und Smith 1963: 4,5-7  $\times$  3-5



µm; Udagawa 1962: 5-6 × 3-4 µm; Konidien: de Hoog et al. 2014 und Guarro et al. 2012: 3,5-5 × 3-4 µm; Morton und Smith 1963: 4-7 × 3-3,5 µm; Udagawa 1962: 3-4,5 × 2,5-3 µm). Zusätzliche zur Artabgrenzung verwendete Merkmale wie die Länge der Schnäbel der Perithezien oder die Bildung von Seten auf der Ascomataoberfläche bzw. an der Perithezienmündung zeigen innerhalb einzelner Stämme bereits eine so große Varianz, dass der Wert dieser Merkmale in Bezug auf eine taxonomische Klassifizierung eher gering ist (de Hoog et al. 2014; Guarro et al. 2012; Morton und Smith 1963; Udagawa 1962).

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenz mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von *Microascus cirrosus*, *Microascus cinereus* und *Microascus trigonosporus* (Tab. 234-237) und das Isolat JW034p1 bildete in phylogenetischen Analysen eine stabiles Clade gemeinsam mit Sequenzen von Stämmen der Arten *M. cinereus*, *M. cirrosus*, *M. trigonosporus* und *Scopulariopsis gracilis* Samson (Abb. 92-93), was die Gruppierung des Isolates JW034p1 innerhalb der Gattung *Microascus* unterstützt und über den Vergleich morphologischer Merkmale molekular verwandter Arten die taxonomische Klassifizierung der Stämme JW034p1 und JW076p1 ermöglichte. *M. cirrosus* unterscheidet sich durch wesentliche Merkmale von *M. cinereus* durch überwiegend breit keulenförmige bis obovoide Konidien und breite nierenförmige Ascosporen, während *M. cinereus* zitronenförmige bis obovoide Konidien und ovale bis leicht nierenförmige Ascosporen bildet. *M. trigonosporus* unterscheidet sich von *M. cinereus* durch die Bildung von triangulären Ascosporen und *S. gracilis* durch das Fehlen eines sexuellen Stadiums (Guarro et al. 2012; Morton und Smith 1963; Samson und Klopotek 1972; Udagawa 1962).

In den Proben der Läsion JW034P wurde neben *Microascus cinereus* ebenfalls die Pilzart *Trichosporon japonicum* nachgewiesen. *T. japonicum* ist in der Literatur auch als Verursacher verschiedener Krankheitsbilder, überwiegend systemischer Erkrankungen bei immunsupprimierten oder anderweitig prädisponierten Personen, dokumentiert (Ağirbasli et al. 2008). Allerdings sind verschiedene Arten der Gattung *Trichosporon* auch als Erreger kutaner Läsionen und Onychomykosen beschrieben worden (Colombo et al. 2011; de Hoog et al. 2014). In mikroskopiertem Probenmaterial konnten Pilzhypen nachgewiesen werden, was allerdings nur einen pilzlichen Ursprung der Läsion bestätigt. Möglicherweise handelt es sich in dem Fall der Onychomykose um eine primäre Infektion mit *M. cinereus*, wobei eine aktive Besiedlung der Läsion durch *T. japonicum* nicht ausgeschlossen werden kann.

Aus dem Material der Probe JW076P wurden fünf weitere Pilzstämme kultiviert. So konnten zusätzlich zwei Hefestämme, *Candida duobushaemulonii* (*Candida haemulonis* Typ II) (JW076p2) und *Candida tropicalis* (JW076p4), zwei Stämme der Art *Lophotrichus bartlettii* (JW076p3, JW076p6) und ein weiterer Hyphomycet (JW076p5) isoliert werden. *C. duobushaemulonii* und *C. tropicalis* sind überwiegend als opportunistische Krankheitserreger und Verursacher von systemischen Mykosen dokumentiert. Allerdings sind auch Fälle von Haut-, Nagelmykosen und sekundärer Besiedlung bereits vorhandener Läsionen beschrieben worden (Chun et al. 2004; de Hoog et al. 2014; Gargeya et al. 1991; Ngwogu et al. 2014; Weisenborn 2008). *Lophotrichus bartlettii* wurde bisher nur als coprophiler Pilz und aus Bodenproben dokumentiert (Guarro et al. 2012). Da aus dem Probenmaterial der untersuchten Läsionen (JW034P, JW076P) neben *Microascus cinereus* keine Dermatophyten oder andere Pilze isoliert wurden, die als Verursacher von dystrophischen Nagelmykosen bei nicht immunsupprimierten oder anderweitig prädisponierten Personen dokumentiert sind, ist *M. cinereus* als der wahrscheinlichste Verursacher der entsprechenden Infektionen zu betrachten. Für eine abschließende epidemiologische Beurteilung der Isolate als Verursacher des Krankheitsbildes, sowie in Bezug auf die wirkliche Präsenz der isolierten Organismen in der Läsion, müsste eine weitere Probenahme durchgeführt werden (Daniel et al. 1998; Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012; Summerbell et al. 2005).

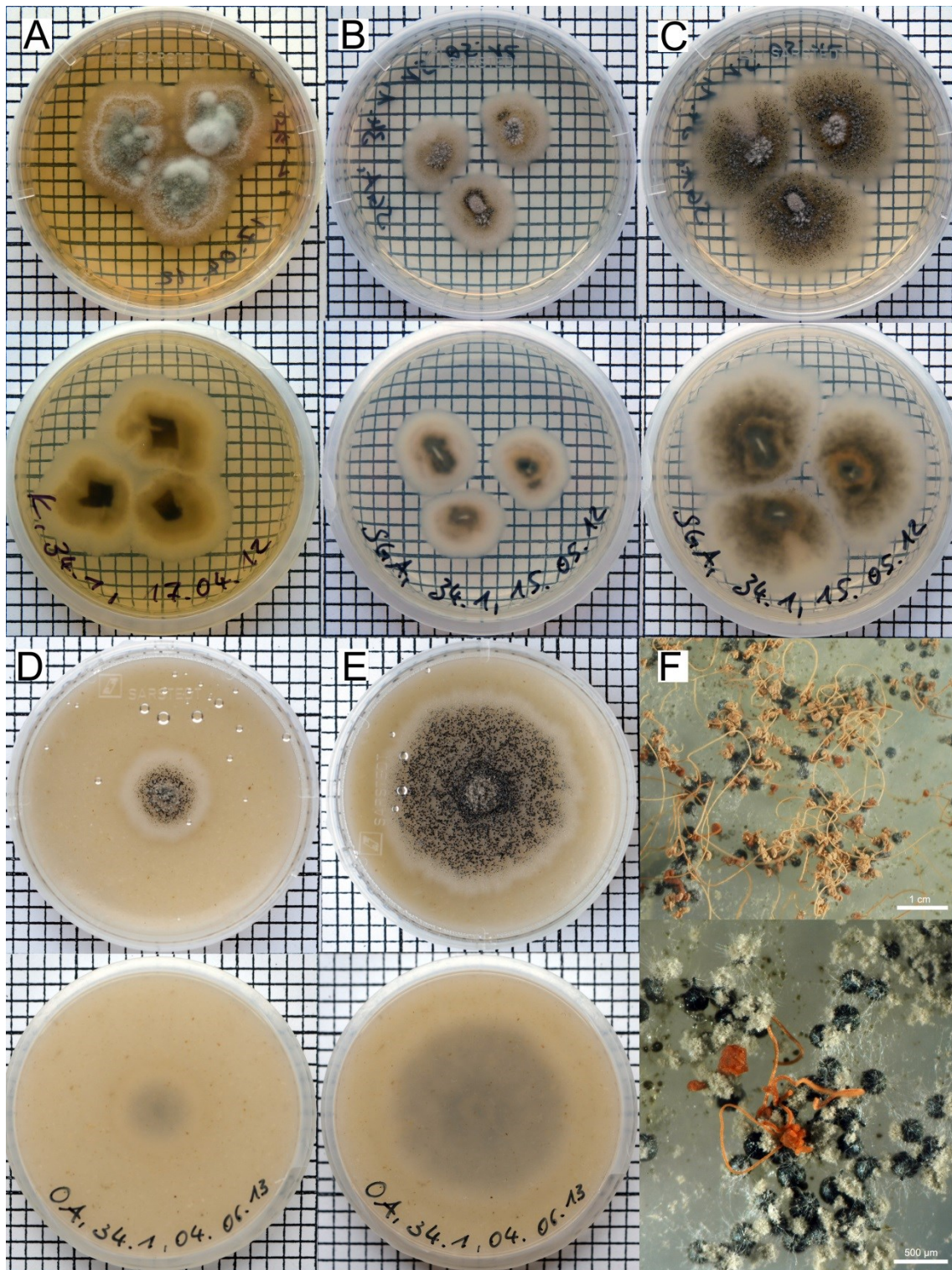


Abbildung 94: Kulturen von *Microascus cinereus* (JW034p1) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d), B: SGA (7 d), C: SGA (14 d), D: OA (10 d), E: OA (21 d), F: OA (5 Wochen), Ascosporen, die als Cirri aus Perithezien austreten (Übersicht: Maßstab = 1 cm, Detail: Maßstab = 500 µm). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

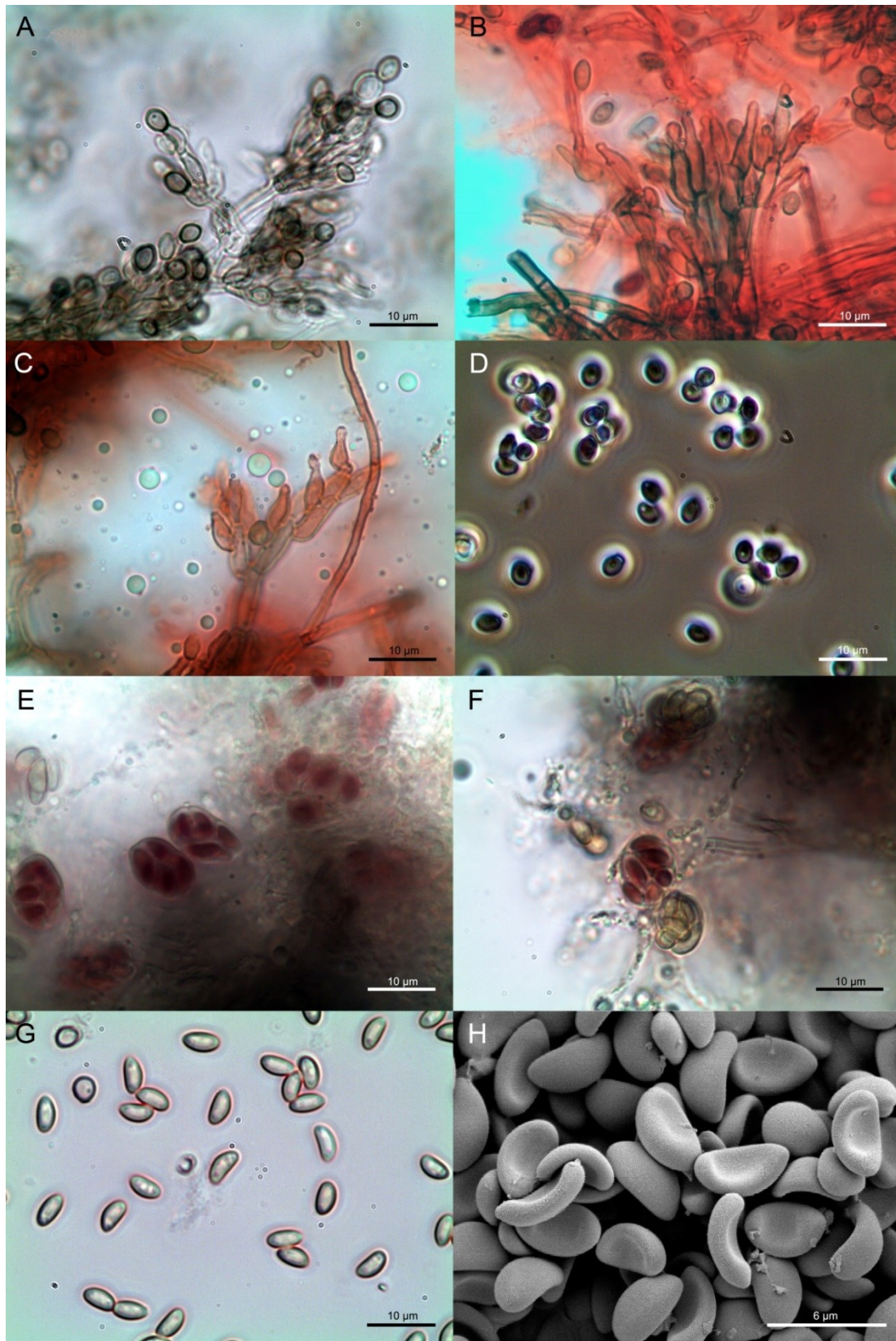


Abbildung 95: Mikromorphologische Strukturen von *Microascus cinereus* (JW034p1). A-D: *Scopulariopsis cinerea*. A, B, C: Konidienträger mit Annelliden (B, C: gefärbt mit Kongorot). D: Freie Konidien (Phasenkontrast). E-H: *Microascus cinereus*. E: Asci mit dextrinoiden Ascosporen. F: Junge (gefärbte) und reife (ungefärbte) Ascosporen. G: Freie Ascosporen. H: Ascosporen (REM). A-G: Maßstab = 10 µm. H: Maßstab = 6 µm.

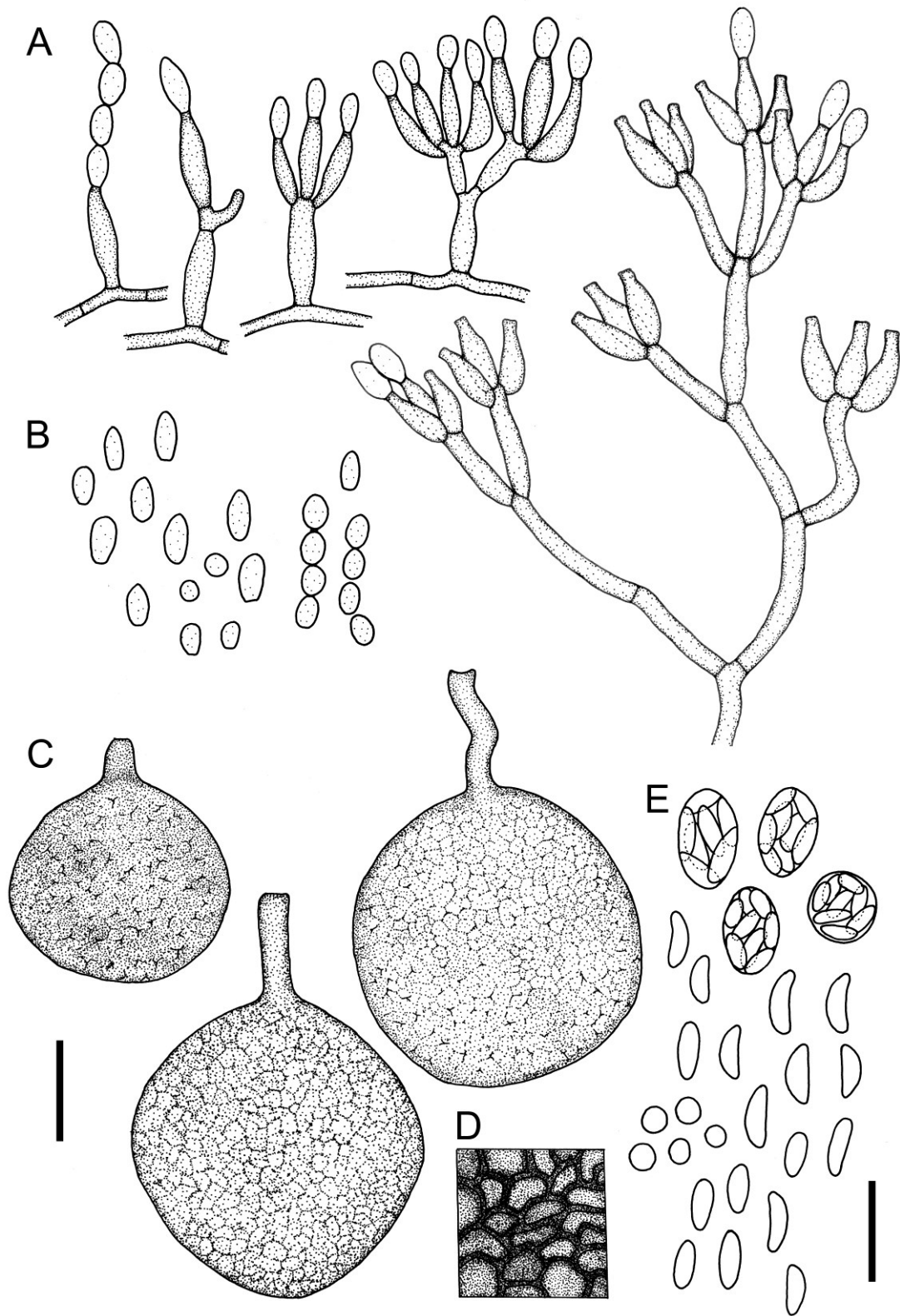


Abbildung 96: *Microascus cinereus* (JW034p1). A: Einzelne konidiogene Zellen und verzweigte Konidiophore (*Scopulariopsis cinerea*). B: Konidien (*Scopulariopsis cinerea*). C: Perithezien mit unterschiedlich ausgeprägten Schnäbeln. D: Wandtextur (Perithecium). E: Asci und freie Ascosporen. A, B, D, E: Maßstab = 10  $\mu$ m, C: Maßstab = 100  $\mu$ m.

## ***Scopulariopsis* Bainier**

Mycothèque de l'École de Pharmacie, XII-XVI. Bull. Soc. Mycol. Fr. 23 (1907): 98.

Typus: *Scopulariopsis brevicaulis* (Sacc.) Bainier

Teleomorph: *Microascus* Zukal (Guarro et al. 2012).

Synonyme

*Acaulium* Sopp, Skr. VidenskSelsk. Christiania, Kl. I, Math.-Natur. (1912): 42.

*Masonia* G. Sm., Trans. Br. mycol. Soc. 35 (1952): 149.

*Masoniella* G. Sm., Trans. Br. mycol. Soc. 35 (1952): 237.

*Phaeoscopulariopsis* M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 28 (1928): 405.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Hypocreomycetidae

Ordnung: Microascales

Familie: Microascaceae

(Synonyme und Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Scopulariopsis* wurde 1907 von Bainier basierend auf der Typusart *Scopulariopsis brevicaulis* beschrieben und beinhaltet etwa 25 akzeptierte Arten (Seifert et al. 2011) und 97 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 106 Namen (IndexFungorum: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

Bildung von haarigen, samtigen oder filzig wolligen, moderat bis rasch wachsenden, weißen, hellbraunen bis braunen, grauen oder schwarzen Kolonien (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Guarro et al. 2012; Morton und Smith 1963).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Scopulariopsis* sind charakterisiert durch aufrechte, oft verzweigte Konidiophore, mit ampullenförmigen bis zylindrischen konidiogenen Zellen in penicillater Anordnung mit annellidischer Konidiogenese und in trockenen Ketten gebildeten, kugel-, bis eiförmigen oder keulenförmigen, hyalinen oder pigmentierten, einzelligen, glatten oder ornamentierten Konidien mit einer truncaten Basis (de Hoog et al. 2014, Domsch et al. 2007, Guarro et al. 2012, Morton und Smith 1963).

## **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1 und BSL-2; Arten der Gattung *Scopulariopsis* sind als Verursacher von Onychomykosen, kutanen und subkutanen Mykosen, pulmonalen Infektionen und als opportunistische Erreger unterschiedlicher systemischer und invasiver Mykosen beschrieben worden (de Hoog et al. 2014; Sandoval-Denis et al. 2013). Saprotrophe, häufig von verdorbenen Lebensmitteln, Papier und anderen organischen Materialien, Erde und Luft isolierte Organismen mit einer weltweiten Verbreitung (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Guarro et al. 2012; Morton und Smith 1963).

## **Isolate**

Insgesamt wurden fünf Stämme (JW035p1, JW039p1, JW039p5, JW042p1, JW074p1) isoliert, die der Gattung *Scopulariopsis* zugeordnet werden konnten (Tab. 9). Die Isolate wurden anhand morphologischer Merkmale unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in de Hoog et al. (2014), Domsch et al. (2007), Morton und Smith (1963) und nrDNA Sequenzdaten als *Scopulariopsis carbonaria* (JW035p1, JW039p1, JW039p5, JW042p1) und *Scopulariopsis croci* (JW074p1) klassifiziert (Tab. 10).

*Scopulariopsis carbonaria* F.J. Morton & G. Sm.

**Abb. 97-99**

The genera *Scopulariopsis* Bainier, *Microascus* Zukal and *Doratomyces* Corda. Mycological Papers 86 (1963): 1-96.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Hypocreomycetidae

Ordnung: Microascales

Familie: Microascaceae

Gattung: *Scopulariopsis*

(Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

## **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** Emerses und submerses, moderates Koloniewachstum von etwa 30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien hell braungrau bis olivgrau, radiär bis unregelmäßig

gefurcht, mit filzig pudriger Kolonietextur, submerser Randzone; ältere Kolonien schwarzgraubraun, mit filzig pudriger Kolonieoberfläche; Kolonierückseite dunkel olivgrau bis olivschwarz.

**SGA:** Emerses und submerses, moderates Koloniewachstum von 30-35 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien olivgrau mit schmutzig weißer bis hell brauner Randzone, flach, pudrig filzig, mit hell grauem, filzigem Zentrum; ältere Kolonien dunkel olivgraubraun, pudrig filzig, mit hell graubraunem Koloniezentrum und olivbrauner, submerser Randzone; Kolonierückseite olivschwarz bis olivschwarzbraun.

**OA:** Emerses und submerses, moderates Koloniewachstum von 25-35 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien graphitfarben bis dunkel grau, filzig pudrig, mit grünlich gelbweißem, submersen Rand, Bildung von Exudattropfen und eines gelblichen Pigments; Rückseite gelblich olivgrün.

**MYP:** Moderat wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 25 bis 30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien dunkel braunoliv bis schwarz braunoliv, filzig, mit hell grauem filzig pudrigem Zentrum und submerser, heller gefärbter Randzone; ältere Kolonien schwarz olivbraun, filzig pudrig, mit verstärktem submersem Wachstum der Randzone und Exudattropfen; Kolonierückseite olivbraunschwarz.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin bis hell braun, ältere Hyphen dunkel braun, septiert, 2-3,5 µm breit; Konidiogene Zellen einzeln an undifferenzierten Hyphen (selten), kurzen unverzweigten Konidiophoren oder in penicillater Anordnung an verzweigten Konidiophoren, mit annellidischer Konidiogenese; Konidiophore hell braun bis dunkel braun, 2-3 µm breit und bis 16 µm lang; Annelliden flaschenförmig, leicht bauchig, hell braun bis dunkel braun, (3,5) 4-7 (8) × 2,5-3,5 µm, annellidische Zone hyalin, kurz, 1-2,5 (3) × 1-2 µm; Konidien in Ketten, hell braun, in Masse schwarzbraun, oval bis obovoid, mit basalem Stumpf, glatt, (3) 3,5-5 (6) × 2,5-3,5 µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; *Scopulariopsis carbonaria* ist bisher nicht als pathogener Organismus beschrieben worden. Häufig aus Erde, Kot oder Luftproben isolierter, saprotropher und kera-



tinophiler Organismus mit einer weltweiten Verbreitung (Filipello Marchisio et al. 1992; Filipello Marchisio und Fusconi 2001; Matsushima 1971; Morton und Smith 1963; Thormann und Rice 2007).

### **Untersuchtes Material**

**JW035P:** Haut- und Nagelmaterial von einer weiblichen Person (52 Jahre) mit Diabetes und einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Onychomykose des rechten, großen Zehennagels; gesammelt am 06.09.2009 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 09.11.2009 aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW035p1 subkultiviert.

**JW039P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (39 Jahre) mit einer Mykose der Haut und der Zehennägel beider Füße; gesammelt am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 09.11.2009 aus Haut- und Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW039p1 und JW039p5 subkultiviert.

**JW042P:** Haut- und Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (41 Jahre) mit einer Mykose der Haut und des großen Zehennagels des rechten Fußes; gesammelt am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Das Isolat wurde am 09.11.2009 aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW042p1 subkultiviert.

### **Molekulare Identifizierung (Barcoding)**

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA des Isolates JW035p1 (ITS: 543 bp, LSU: 598 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Yunnania penicillata* H.Z. Kong, *Scopulariopsis brevicaulis* (Sacc.) Bainier, *Scopulariopsis carbonaria*, *Scopulariopsis fusca* Zach, *Microascus cirrosus* Curzi und weiteren nicht bis auf Artebene klassifizierten Stämmen der Gattung *Scopulariopsis* (Tab. 238-241). Die Ergebnisse des BlastSearch zeigten nur in MycoBank eine Übereinstimmung des untersuchten nrDNA Abschnittes mit *Scopulariopsis carbonaria*, da innerhalb GenBank keine Sequenzdaten der ITS nrDNA Region für diese Art vorhanden waren (Stand 2014).

**Tabelle 238: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW035p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Yunnania penicillata</i> (CBS 130296)	100 %	99 % (542/543)	0	JN831359
<i>Scopulariopsis</i> sp. (E64901M)	77 %	99 % (418/42)	3	KJ849226
<i>Scopulariopsis brevicaulis</i> (FMR 12276)	100 %	87 % (494/567)	35	EU821476
<i>Scopulariopsis</i> sp. (2468)	100 %	87 % (495/569)	37	EU821474

**Tabelle 239: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW035p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Scopulariopsis carbonaria</i> (MUCL 9027)	91 %	99 % (546/547)	0	HG380462
<i>Microascus cirrosus</i> (ATCC MYA-4885)	98 %	97 % (574/590)	3	JQ906766
<i>Scopulariopsis</i> sp. (ZW-2013)	98 %	97 % (571/591)	0	KF181216
<i>Scopulariopsis brevicaulis</i> (SC1101)	100 %	96 % (576/598)	1	KC311514

**Tabelle 240: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW035p1 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Scopulariopsis chartarum</i> (CBS 294.52)	100 %	99,8 % (542/543)	0	--
<i>Yunnania penicillata</i> (CBS 130296)	100 %	99,8 % (542/543)	0	JN831359
<i>Scopulariopsis carbonaria</i> (CBS 205.61)	100 %	99,6 % (541/543)	0	--
<i>Scopulariopsis fusca</i> (CBS 872.68)	97,2 %	83,5 % (452/541)	13	--

**Tabelle 241: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW035p1 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Yunnania penicillata</i> (CBS 130296)	98,8 %	99,8 % (590/591)	0	--
<i>Scopulariopsis chartarum</i> (CBS 294.52)	93,3 %	99,8 % (557/558)	0	--
<i>Scopulariopsis carbonaria</i> (MUCL 9027)	91,5 %	99,8 % (546/547)	0	
<i>Scopulariopsis carbonaria</i> (CBS 205.61)	98,8 %	99,3 % (590/594)	3	--

## Diskussion

Die Bestimmung der Isolate JW035p1, JW039p1, JW039p5 und JW042p1 als *Scopulariopsis carbonaria* wurde anhand morphologischer, molekularer und phylogenetischer Daten durchgeführt. So zeigte der Vergleich der ITS und LSU nrDNA des Isolates JW035p1 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken eine Übereinstimmung von über

99 Prozent mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Yunnania penicillata*, *Scopulariopsis chartarum* und *Scopulariopsis carbonaria* (Tab. 238-241) und unterstützte so die Gruppierung der Isolate innerhalb der Microascaceae und ermöglichte über den Vergleich morphologischer Strukturen der verschiedenen Arten eine taxonomische Klassifizierung der Stämme.

So entsprachen die untersuchten morphologischer Strukturen der Isolate, wie Konidiophore, konidiogene Zellen und Konidien im Wesentlichen den Angaben für *S. carbonaria* in Form und Größe, wobei die gemessenen Werte um 0,5-1 µm von den Literaturdaten abwichen und vereinzelt etwas verlängerte annellidische Zonen ausgebildet wurden (Matsushima 1971; Morton und Smith 1963). *Scopulariopsis chartarum* (G. Sm.) F.J. Morton & G. Sm. unterscheidet sich dagegen in wesentlichen morphologischen Strukturen von *S. carbonaria*, so bildet *S. chartarum* laut der Beschreibung in Morton und Smith (1963) überwiegend einzelne Annellophore bzw. reduzierte, unverzweigte Konidiophore und zugespitzte Konidien (Morton und Smith 1963). *Yunnania penicillata* ursprünglich von Kong (1998) als morphologisch intermediäre Gattung zwischen *Penicillium* und *Scopulariopsis* beschrieben, zeigte eine hohe Übereinstimmung der ITS nrDNA Sequenz mit der ITS Sequenzabfolge der Isolate aus Panama (Tab. 238, 240, 241) und bildete in phylogenetischen Analysen zusammen mit den Isolaten JW035p1 und JW039p1 ein stabiles Clade innerhalb des *Microascus-Scopulariopsis*-Komplexes (Abb. 92). Ebenfalls entsprachen die Größenangaben für konidiogene Zellen und Konidien den gemessenen Werten der panamaischen Isolate. Allerdings ermöglichten die Abbildungen in Kong (1998) keinen abschließenden Vergleich der morphologischen Strukturen und laut Kong (1998) handelt es sich bei den konidiogenen Zellen nicht um Annellophore (Kong 1998). Eine Analyse der ITS nrDNA Sequenz und der morphologischen Strukturen des Typus-Stammes der Art *Y. penicillata* durch Houbraken und Samson (2011) zeigte ebenfalls die Assoziierung der Art mit der Ordnung Microascales und die deutliche Präsenz von annellidischen Zellen (Houbraken und Samson 2011). Ebenfalls entsprachen die in Houbraken und Samson (2011) dargestellten morphologischen Strukturen von *Y. penicillata* der Zeichnung von *S. carbonaria* in Matsushima (1971) und den über die CBS Datenbank verfügbaren Photographien der Mikromorphologie von *S. carbonaria*

(<http://www.cbs.knaw.nl/Collections/BioloMICS.aspx?Link=T&TableKey=1468261600000067&Rec=25155&Fields=All>). Die für *Y. penicillata* verfügbaren Daten sprechen für eine Synonymisierung von *Y. penicillata* mit *S. carbonaria*, allerdings sollte für eine

abschließende taxonomische Beurteilung der Isolate aus Panama und *Y. penicillata* ein direkter morphologischer Vergleich mit lebenden Stämmen von *S. carbonaria* und *Y. penicillata* durchgeführt werden.

Aus dem Probenmaterial der Läsion JW035P konnten neben *S. carbonaria* (JW035p1) zwei weitere Pilzstämmen, *Trichophyton rubrum* (JW035p2) und ein steriles Myzel (JW035p3), isoliert werden. Im gesammelten Material der Probe JW039P konnten ebenfalls weitere Pilze nachgewiesen werden. So wurden insgesamt zwei Isolate von *S. carbonaria* (JW039p1, JW039p5), ein Stamm der Art *T. rubrum* (JW039p2), drei Isolate der Art *Chaetomium globosum* (JW039p3, JW039p4, JW039p7), ein steriler Hyphomycet (JW039p6), sowie ein Hefepilz (JW039p8) aus dem gesammelten Material kultiviert. Im Material der Probe JW042P wurden ebenfalls mehrere Pilze nachgewiesen, so konnten ein Stamm der Art *S. carbonaria* (JW042p1), ein Isolat der Art *Aspergillus ochraceus* (JW042p4), ein weiterer Hyphomycet (JW042p3) und eine Hefe (JW042p2) kultiviert werden.

Bei den Läsionen JW035P und JW039P handelt es sich wahrscheinlich um eine Primärinfektion mit *T. rubrum*, und im Falle der Läsion JW039P um eine anschließend erfolgte Besiedlung mit *Chaetomium globosum* (de Hoog et al. 2014; Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005). In dem untersuchten Probenmaterial der Läsion JW042P konnten keine pathogenen Organismen nachgewiesen werden, die als Verursacher von Haut- und Nagelläsionen dokumentiert wurden. Lediglich *A. ochraceus* ist bisher in der Literatur als opportunistischer Erreger beschrieben worden (de Hoog et al. 2014). Inwieweit *S. carbonaria* oder einer der anderen isolierten Pilze als Verursacher der Läsion betrachtet werden kann, müsste durch weitere Proben ermittelt werden. (Daniel et al. 1998; Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

*Scopulariopsis carbonaria* ist wahrscheinlich im Rahmen der untersuchten Läsionen eher als eine luftgetragene Kontamination zu betrachten, obwohl eine aktive Besiedlung von Nagelläsionen auf Grund der keratinolytischen Eigenschaften von *S. carbonaria*, besonders im späteren Stadium einer Nagelmykose, nicht ausgeschlossen werden kann (de Hoog et al. 2014; Gupta et al. 2001; Filipello Marchisio und Fusconi 2001; Summerbell et al. 2005).

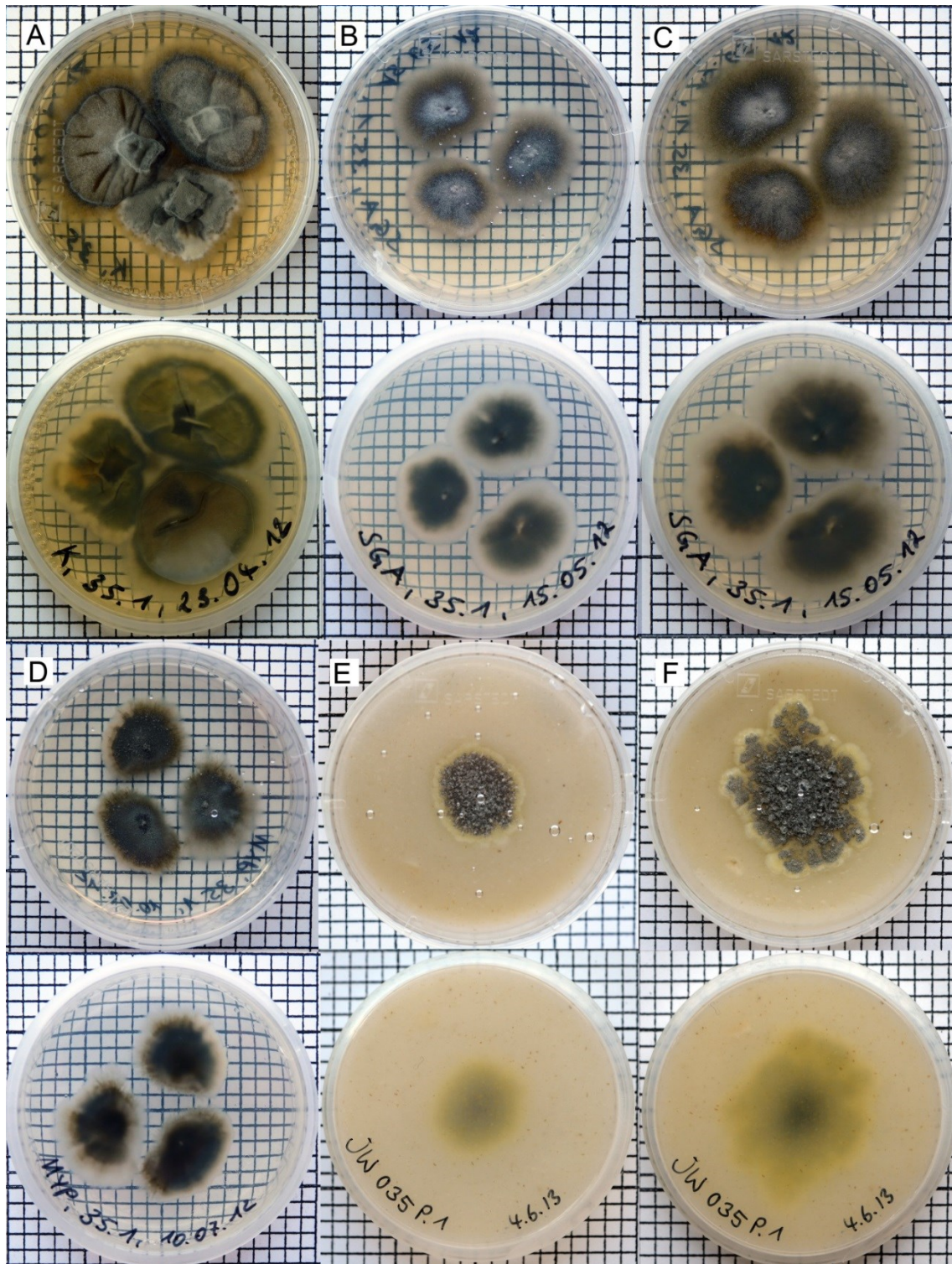


Abbildung 97: Kulturen von *Scopulariopsis carbonaria* (JW035p1) auf verschiedenen Medien. A: Kimmig-Agar (14 d), B: SGA (7 d), C: SGA (14 d), D: MYP (14 d), E: OA (10 d), F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

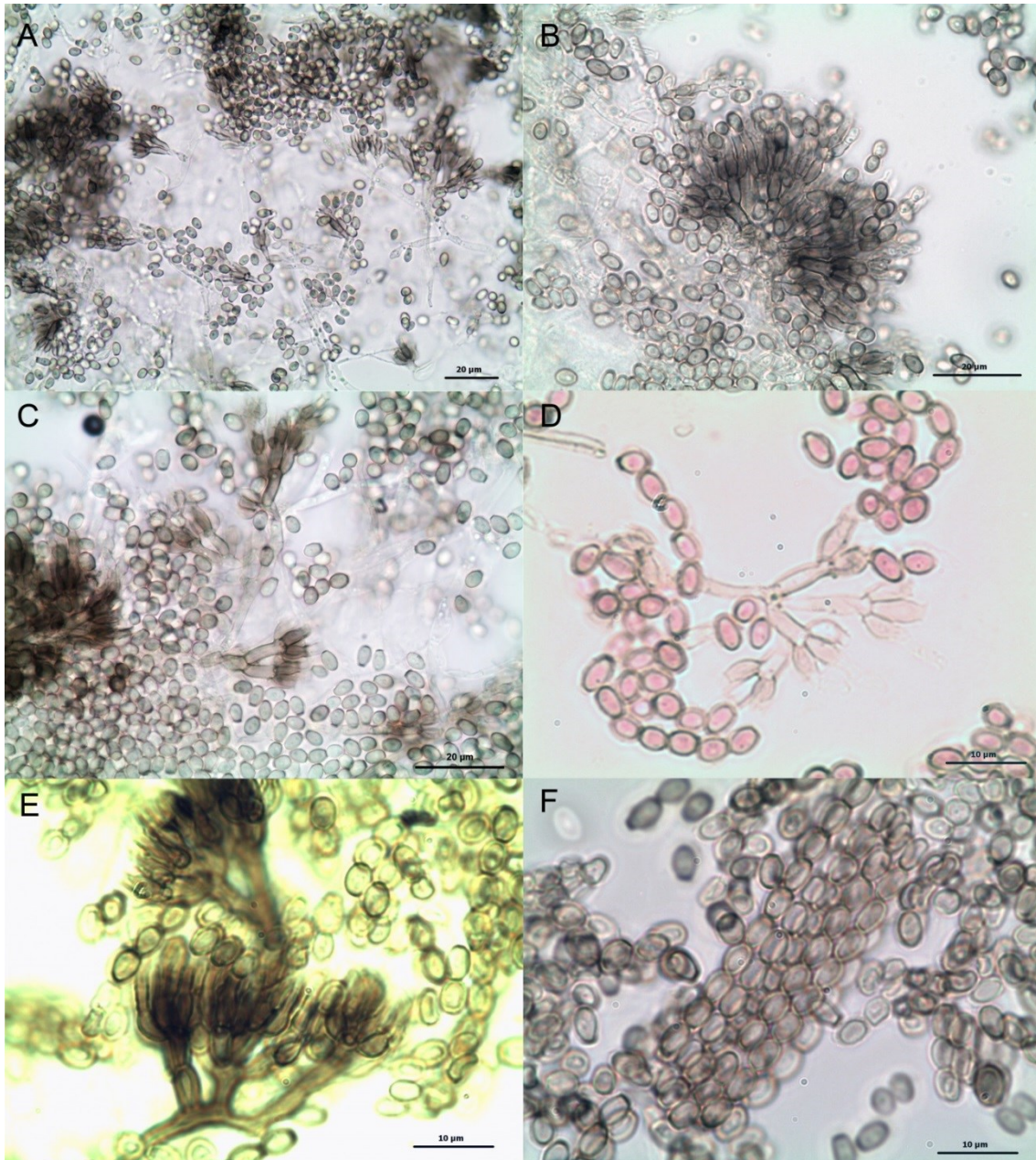


Abbildung 98: Mikromorphologische Strukturen von *Scopulariopsis carbonaria* (JW035p1). A-E: Konidiophore mit annellidischen Zellen (D: gefärbt mit Phloxin). F: Freie Konidien in Ketten. A-C: Maßstab = 20 µm. D-F: Maßstab = 10 µm.

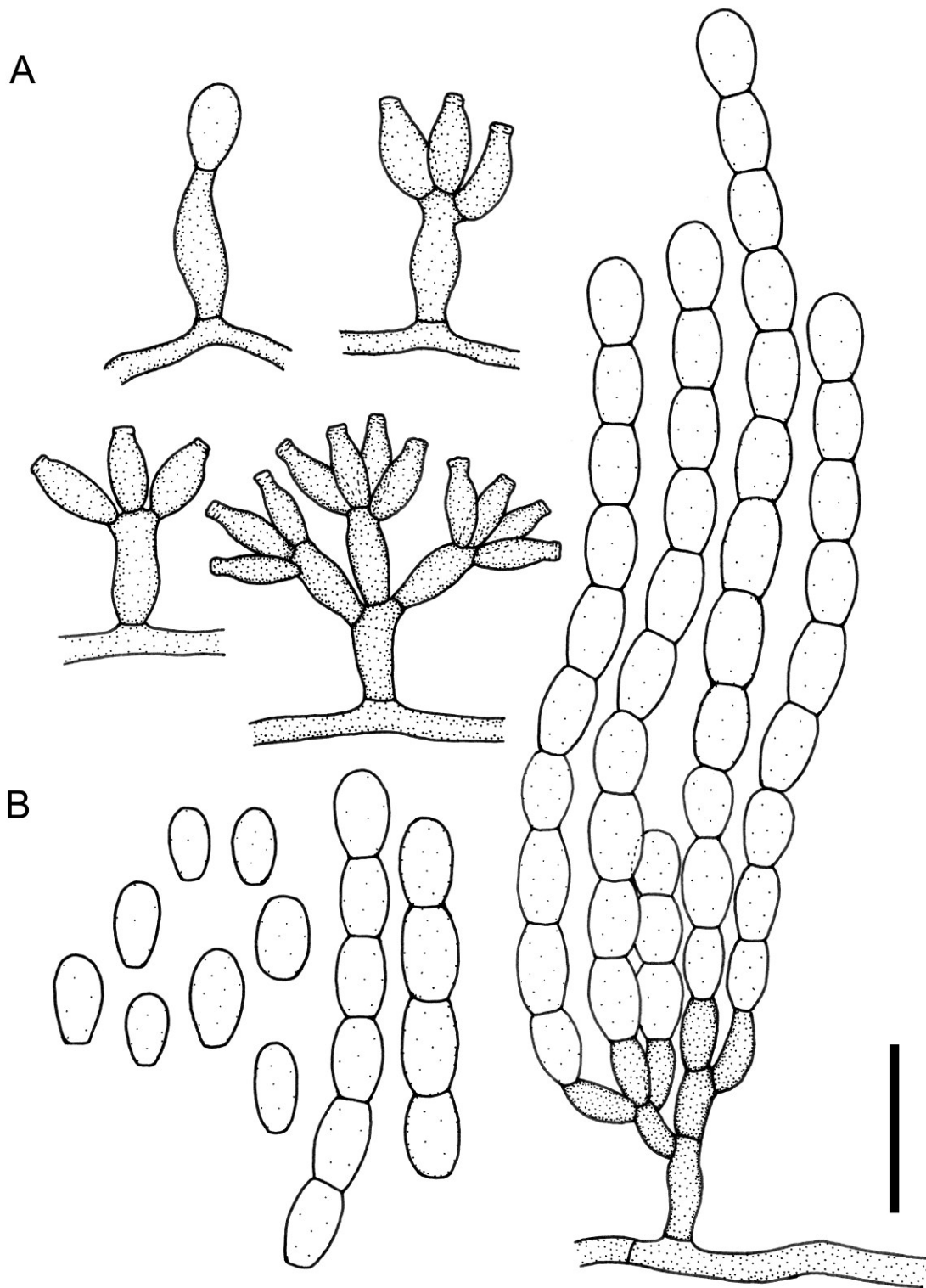


Abbildung 99: *Scopulariopsis carbonaria* (JW035p1). A: Konidiophore. B: Konidien. Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ .

Beschreibung einiger neuer Pilzarten aus dem Centraalbureau voor Schimmelcultures, Baarn (Nederland). *Antonie van Leeuwenhoek* 10 (1945): 41-56.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Synonym

*Masoniella croci* (J.F.H. Beyma) G. Sm., *Trans. Br. mycol. Soc.* 37 (1954): 166.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Hypocreomycetidae

Ordnung: Microascales

Familie: Microascaceae

Gattung: *Scopulariopsis*

(Synonym und Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### Koloniemorphologie

**Kimmig:** überwiegend emerses, moderates Koloniewachstum von etwa 20-25 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien cremefarben bis schmutzig weiß, erhaben, mit wollig filziger Kolonietextur und einer submersen Wachstumszone; ältere Kolonien schmutzig weiß bis schwach hellgrau, mit filzig wolliger Kolonieoberfläche und verstärkt submersen Wachstum; Kolonierückseite gelblich braun bis hell graubraunoliv.

**SGA:** emerses, moderates Koloniewachstum von ca. 25 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien schmutzig weiß bis hell beige mit rein weißem, filzig wolligem Luftmyzel, flach bis leicht erhaben, mit weißem, filzigem Zentrum; ältere Kolonien beige bis hell braun, mit weißer bis leicht cremefarbener, filziger, wattiger oder wolliger Oberfläche; Kolonierückseite cremefarben bis hell graubraunoliv.

**OA:** emerses, moderates Koloniewachstum von 25-30 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien rein weiß, membranös, fein samtig, mit einer unregelmäßig verlaufenden Randzone und Bildung eines gelblichen Pigments; ältere Kolonien weiß, samtig filzig und mit einer deutlichen Färbung des Nährmediums; Rückseite hell bräunlich gelb bis bräunlich oliv.



**MYP:** rasch wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 45 bis 55 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien schmutzig weiß bis hell braun, membranös, mit spärlichem, weißem, filzig faserigem Luftmyzel, einem filzig faserigem Zentrum und einer breiten submersen Randzone; ältere Kolonien hell gelblich braun, vereinzelt mit hell bräunlich grauen, filzig pudrigen Bereichen und verstärktem submersen Wachstum der Randzone; Kolonierückseite mit einer cremefarbenen Randzone und einem gelblich braunen bis oliv gelblich braunem Zentrum.

**Sonstiges:** Es wurde kein Wachstum bei 37 °C beobachtet.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hell braun bis dunkel braun, septiert, 1-2 µm breit; Konidiogene Zellen überwiegend einzeln an undifferenzierten Hyphen oder an Hyphenbündeln gebildet, selten in Form kurzer wenig verzweigter Konidiophore mit annellidischer Konidiogenese (REM); Anellophore subhyalin bis braun, flaschenförmig, leicht bauchig, basal mit verdickten Zellwänden und einem lang ausgezogenem Hals, (4) 6,5-13,5 (20) × (2) 2,5-4,5 (5) µm, annellidische Zone hyalin, sehr undeutlich, 1-1,5 µm breit; Konidien in Ketten, hyalin bis braun, in Masse schwarzbraun, anfangs zitronenförmig, später rund oder oval bis obovoid, mit leichtem basalem Stumpf und fein warziger bis granuläre Ornamentierung (REM), bei lichtmikroskopischer Betrachtung glatt bzw. auf Grund einer die Konidien überziehenden, bräunlichen, mucilaginosen Schicht, scheinbar mit einer lap-pig faltigen bis stacheligen Ornamentierung, 3,5-4,5 (5) × (2) 2,5-3,5 (4) µm. Vereinzelt erfolgt in sehr alten Kulturen (> 6 Monate) auf MYP die Bildung von dunkelbraunen bis schwarzen Sklerotien bzw. Ascomata-artigen Strukturen mit zellulärer Wandstruktur, (40) 50-70 (75) × (40) 45-60 (70) µm. Eine Bildung von Asci oder Ascosporen konnte nicht beobachtet werden.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; *Scopulariopsis croci* ist bisher nicht als pathogener Organismus beschrieben worden (Stand 2014). Aus Erde, Kot oder von anderen organischen Substraten, wie Getreide und Mehl oder Luftproben isolierter, saprotropher Organismus mit einer weltweiten Verbreitung (Filipello Marchisio et al. 1993; Kong et al. 2007; Morton und Smith 1963; Nováková 2009; Steele 1967).

## Untersuchtes Material

**JW074P:** Haut- und Nagelproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (40 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Onychomykose des rechten, großen Zehennagels; gesammelt am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 30.03.2011 aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW074p1 subkultiviert.

## Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW074p1 (ITS: 561 bp, LSU: 513 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Graphium dubautiae* F. Stevens & Weedon, *Scopulariopsis brumptii* Salv.-Duval, *Scopulariopsis chartarum* (G. Sm.) F.J. Morton & G. Sm., *Scopulariopsis croci*, *Scopulariopsis gracilis* Samson und *Microascus trigonosporus* C.W. Emmons & B.O. Dodge (Tab. 242-245).

**Tabelle 242: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW074p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Graphium dubautiae</i> (HSAUP 042788)	95 %	94 % (508/539)	3	FJ914669
<i>Microascus trigonosporus</i> (CBS 218.31)	94 %	93 % (494/532)	6	DQ491513
<i>Scopulariopsis chartarum</i> (FMR 3997)	90 %	94 % (476/509)	6	AM774160
<i>Scopulariopsis gracilis</i> (FMR 12224)	100 %	91 % (512/565)	14	KP132760

**Tabelle 243: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW074p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Scopulariopsis croci</i> (FMR 4004)	98 %	99 % (508/513)	4	LM652507
<i>Scopulariopsis brumptii</i> (UTHSC 10-2920)	98 %	98 % (502/511)	4	HG380456
<i>Scopulariopsis brumptii</i> (UTHSC 07-639)	98 %	98 % (506/517)	6	HG380451
<i>Scopulariopsis brumptii</i> (MUCL 9003)	96 %	98 % (488/499)	5	HG380450

**Tabelle 244: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW074p1 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Scopulariopsis chartarum</i> (CBS 522.69)	97,9 %	95,5 % (525/550)	3	--
<i>Scopulariopsis brumptii</i> (CBS 296.61)	91,8 %	95,2 % (492/517)	3	--
<i>Scopulariopsis croci</i> (CBS 158.44)	99,1 %	94,3 % (525/557)	3	--
<i>Graphium dubautiae</i> (HSAUP 042788)	95,9 %	94,2 % (508/539)	3	FJ914669

**Tabelle 245: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW074p1 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Scopulariopsis brumptii</i> (CBS 296.61)	98,8 %	99,8 % (486/487)	0	--
<i>Scopulariopsis chartarum</i> (CBS 522.69)	93,3 %	99,8 % (486/487)	0	--
<i>Scopulariopsis croci</i> (CBS 158.44)	98,8 %	99,6 % (486/488)	1	--
<i>Scopulariopsis brumptii</i> (CBS 896.68)	94,9 %	98,6 % (480/488)	1	--

## Diskussion

Die Bestimmung des Isolates JW074p1 als *Scopulariopsis croci* beruht auf morphologischen, molekularen und phylogenetischen Daten (Abb. 92-93). So bildete der Stamm JW074p1 entsprechend der Beschreibung von *S. croci* in der Literatur überwiegend einzelne, apikal verlängerte Anellophore mit einer geschwollenen Basis an undifferenzierten Hyphen oder Hyphenbündeln und runde bis ovale, mit einer braunen Schleimschicht bedeckte Konidien (Morton und Smith 1963; van Beyma thoe Kingma 1944). Zudem entsprachen die gemessenen Größen ebenfalls weitestgehend den Angaben in Morton und Smith (1963) (Anellophore: 5-15 × 1,5-2,5 µm, Konidien: 3,5-5 × 3-4 µm) und van Beyma thoe Kingma (1944) (Anellophore: 13-15 × 3-4 µm, Konidien: 4-4,7 µm Durchmesser), wobei die Größen der Anellophore ((4) 6,5-13,5 (20) × (2) 2,5-4,5 (5) µm) und Konidien (3,5-4,5 (5) × (2) 2,5-3,5 (4) µm) des Isolates JW074p1 etwas variabler waren als die angegebenen Werte (Morton und Smith 1963; van Beyma thoe Kingma 1944).

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenz mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von *Graphium dubautiae*, *Scopulariopsis brumptii*, *Scopulariopsis chartarum*, *Scopulariopsis croci*, *Scopulariopsis gracilis* und *Microascus trigonosporus* (Tab. 242-245), wobei die maximale Übereinstimmung der ITS nrDNA des Isolates JW074p1 etwa 96 Prozent betrug (Tab. 242, 244), während die LSU nrDNA eine Übereinstimmung von 98 bis 99 Prozent mit DNA Sequenzen von Stämmen der Arten *S. brumptii*, *S. chartarum* und *S. croci* zeigte (Tab. 243, 245). Die in GenBank und MycoBank vorhandenen Daten ermöglichten keine direkte Unterstützung der morphologischen Bestimmung des Isolates, allerdings wurde die Gruppierung des Stammes JW074p1 innerhalb der Microascaceae, in die Gattung *Scopulariopsis* und in den *Scopulariopsis brumptii*-Komplex unterstützt.

*G. dubautiae* unterscheidet sich von *S. croci* und den anderen Vertretern des *Scopulariopsis brumptii*-Komplexes durch die Bildung von Synnemata und hyalinen Konidien,

während sich *M. trigonosporus* durch die Bildung von Ascomata und *S. gracilis* durch zylindrischere Anelliden und überwiegend verzweigte Konidiophore morphologisch von *S. brumptii*, *S. chartarum* und *S. croci* differenzieren lässt (Domsch et al. 2007; Guarro et al. 2012; Morton und Smith 1963; Seifert et al. 2011; Stevens 1925). Allerdings unterscheiden sich die taxonomisch und molekular nah verwandten Arten *S. brumptii* und *S. chartarum* morphologisch nur unwesentlich von *S. croci*. Alle drei Arten bilden überwiegend einfache Anellophore an einzelnen Hyphen oder Hyphenbündeln und gelegentlich einfache Konidiophore mit Gruppen von drei bis vier Anelliden (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Morton und Smith 1963; van Beyma the Kingma 1944), wobei die Anelliden von *S. brumptii* kürzer als die der beiden anderen Arten sind (Domsch et al. 2007, Morton und Smith 1963, *S. brumptii*: 4-10 × 2,5-3,5 µm; *S. chartarum*: 5-15 × 2-2,5 µm). Die Konidien von *S. brumptii* (Morton und Smith 1963: 4,25-5,25 × 3,5-4,5 µm; Domsch et al. 2007: 4,3-5,3 × 3,5-4,5 µm) und *S. chartarum* (Morton und Smith 1963: 4-5 × 3-4 µm; Domsch et al. 2007: 4-5,5 × 3-4 µm) sind rund bis ovoid und glatt (*S. brumptii*) bzw. ovoid bis subglobos und apikal zugespitzt bis abgerundet (*S. chartarum*) (Domsch et al. 2007; Morton und Smith 1963). Ebenso wie die Konidien von *S. croci* sind die Konidien von *S. brumptii* und *S. chartarum* mit einer braunen, mucolaginösen Schicht überzogen die den Anschein einer stacheligen bzw. rauen Ornamentierung erweckt (Domsch et al. 2007; Morton und Smith 1963). Die Bildung von Sklerotien oder Ascomata wurde bisher für keine der drei Arten beschrieben (Domsch et al. 2007; Morton und Smith 1963; van Beyma the Kingma 1944). Neben den morphologischen Merkmalen, die für eine Differenzierung der Arten *S. brumptii*, *S. chartarum* und *S. croci* nicht ausreichend sind, unterscheiden sich die genannten Arten in Bezug auf das Koloniewachstum und die maximale Wachstumstemperatur. So wächst *S. brumptii* im Gegensatz zu *S. chartarum* und *S. croci* noch bei 37 °C und *S. croci* erreicht in sieben Tagen etwa eine Koloniegröße von 18-21 mm, während *S. chartarum* innerhalb von sieben Tagen nur Kolonien mit einem Durchmesser von 4-6 mm bildet (Domsch et al. 2007; Morton und Smith 1963). Das Isolat JW074p1 zeigte kein Wachstum bei 37 °C und bildete Kolonien mit einem Durchmesser von 20-55 mm innerhalb von zehn Tagen, was in Kombination mit den morphologischen Merkmalen die Klassifizierung als *S. croci* unterstützt. In phylogenetischen Analysen bildete das Isolat JW074p1 mit *S. croci* bzw. mit *S. chartarum* und *G. dubautiae* eine stabile Schwesterngruppe zu *S. brumptii* und weiteren Arten innerhalb des *Scopulariopsis brumptii*-Komplexes (Abb. 92-93) und bestätigte damit ebenfalls die Gruppierung des

Stammes JW074p1 innerhalb des *S. brumptii*-Komplexes. Allerdings sind die vorhandenen Sequenzdaten in GenBank nicht ausreichend, um eine genaue Klassifizierung des Stammes JW074p1 zu ermöglichen, daher sollte für eine abschließende taxonomische Beurteilung des Isolates JW074p1 und der systematischen Klassifizierung von *S. brumptii*, *S. chartarum* und *S. croci* ein Vergleich mit lebenden Typusstämmen und Herbarbelegen und eine umfassendere phylogenetische Analyse mit mehreren Genregionen durchgeführt werden.

Aus dem Probenmaterial der Läsion JW074P konnten neben *S. croci* (JW074p1) mehrere weitere Pilzarten isoliert werden. So wurden zusätzlich zwei Stämme der Art *Trichophyton rubrum* (JW074p4, JW074p7), zwei nicht subkultivierte Stämme der Gattung *Curvularia* (JW074p2, JW074p3), ein Stamm der Art *Aspergillus versicolor* (JW074p6) und ein Hyphomycet mit einer *Chalara*-Morphe (JW074p5) kultiviert.

Bei der Läsionen JW074P handelt es sich um das Ergebnis einer Infektion des Nagels und der Haut mit dem anthropophilen Dermatophyten *T. rubrum*. Inwieweit andere der isolierten Organismen als Besiedler der Läsion oder eine Kontamination des Probenmaterials zu betrachten sind, müsste im Rahmen einer weiteren Probennahme untersucht werden (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

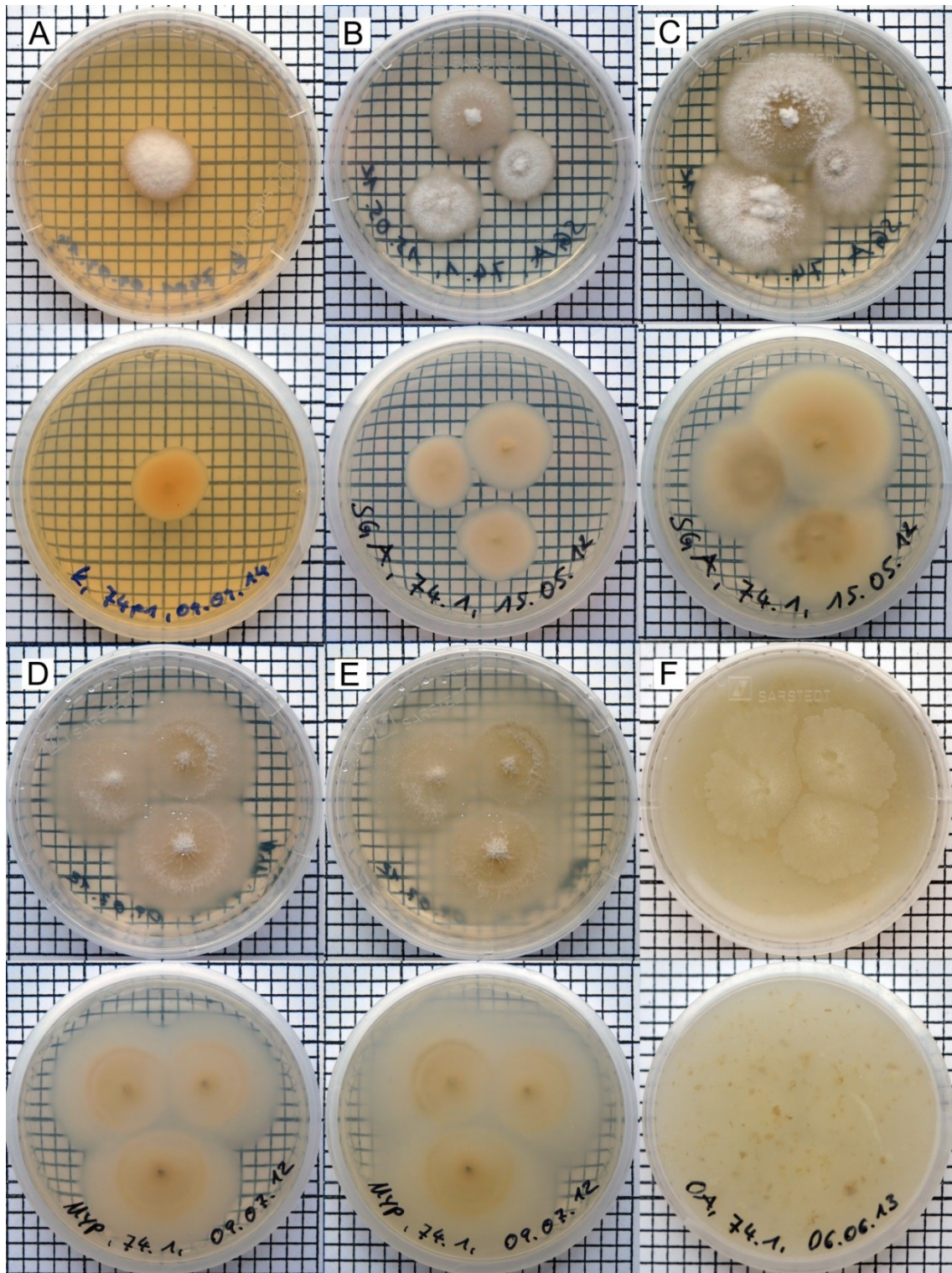


Abbildung 100: Kulturen von *Scopulariopsis croci* (JW074p1) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (7 d). E: MYP (14 d). F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

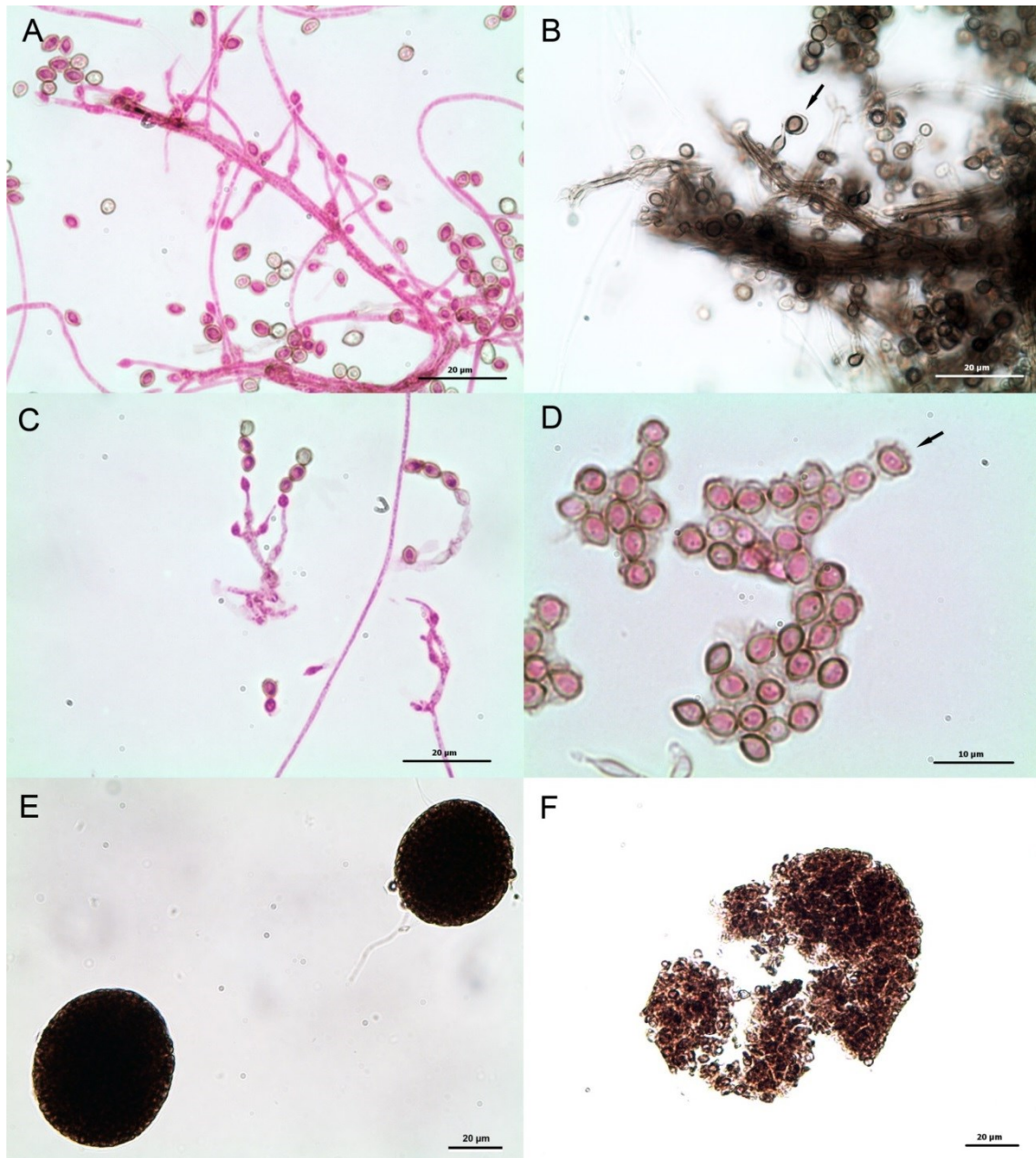


Abbildung 101: Mikromorphologische Strukturen von *Scopulariopsis croci* (JW074p1). A, B: Anellophore an Hyphenbündeln mit zitronenförmigen bis runden Konidien und Konidie mit deutlicher Schleimhülle (B: Pfeil). C: Konidiophor vom *Scopulariopsis brumptii*-Typ. D: Konidien in Ketten mit brauner, stachelig erscheinender Schleimhülle (Pfeil). E, F: Sklerotien oder Ascomata mit zellulärer Wandstruktur. A, C, D: Gefärbt mit Phloxin. A-C, E-F: Maßstab = 20 µm. D: Maßstab = 10 µm.

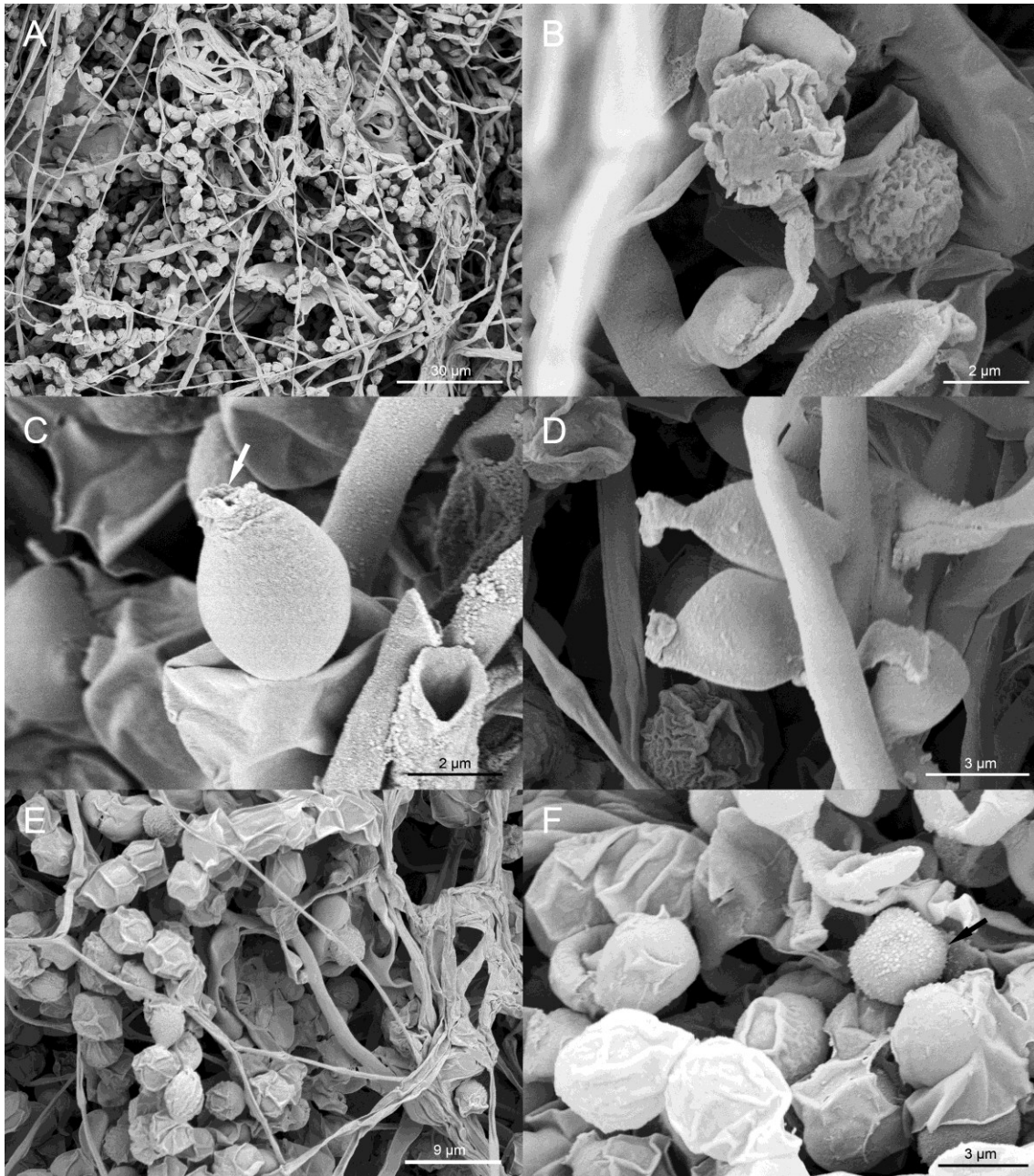


Abbildung 102: REM-Aufnahmen morphologischer Strukturen von *Scopulariopsis croci* (JW074p1). A: Übersicht. A-D: Annelophore mit annellidischer Konidiogenese (Pfeil). E, F: Konidien mit Schleimschicht und scheinbarer rugulöser Ornamentierung und wirklicher fein warziger Ornamentierung (Pfeil). A: Maßstab = 30 µm, B, C: Maßstab = 2 µm. D, F: Maßstab = 3 µm, E: Maßstab = 9 µm.



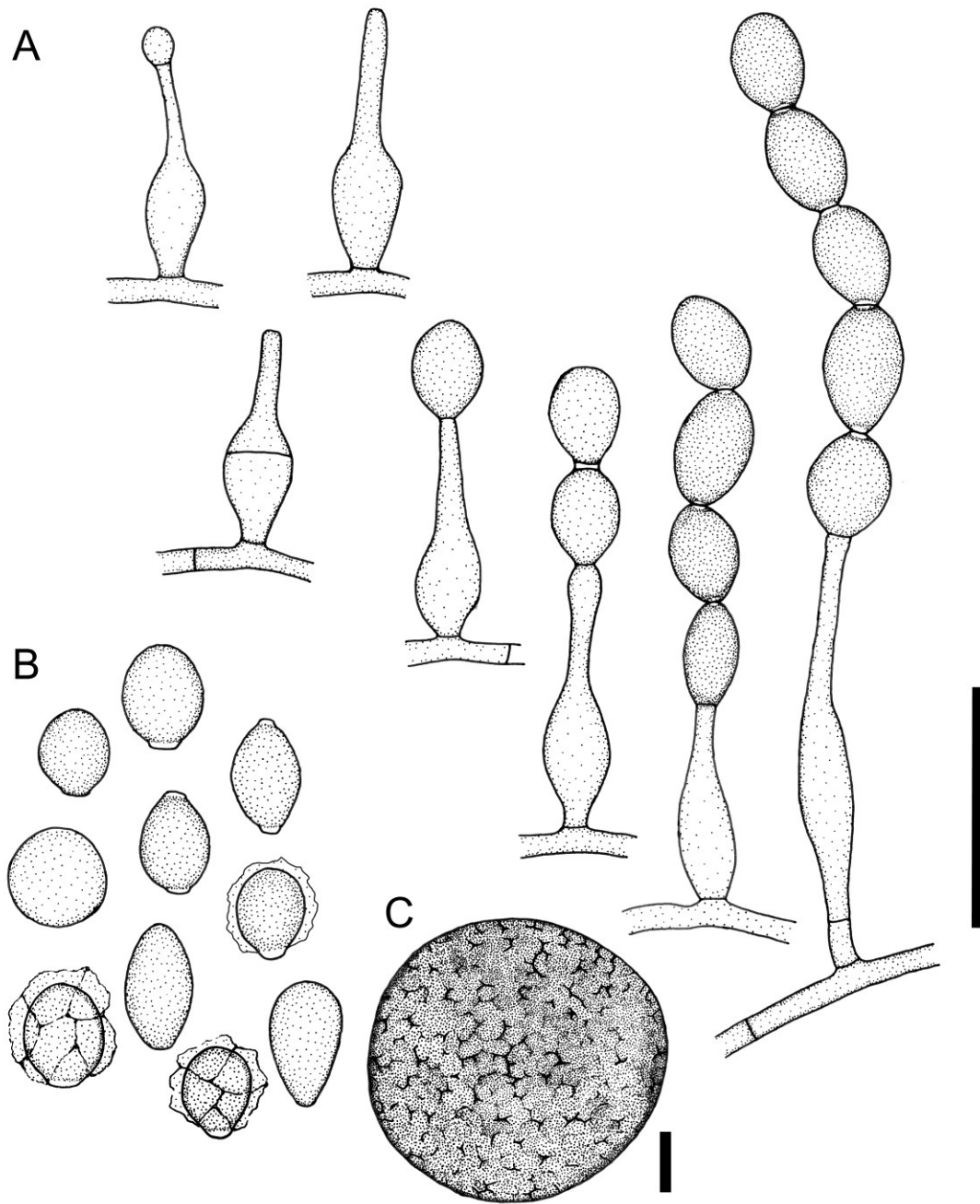


Abbildung 103: *Scopulariopsis croci* (JW074p1). A: Annelophore in unterschiedlichen Entwicklungsstadien. B: Konidien, glatt oder mit Schleimhülle. C: Sklerotium bzw. Ascoma. Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ .

## ***Wardomyopsis*** Udagawa & Furuya

A new species of *Microascus* and its peculiar conidial state. Mycotaxon 7 (1978): 91-96.

Typus: *Wardomyopsis inopinata* Udagawa & Furuya

Teleomorph-Stadium: *Microascus* Zukal (Guarro et al. 2012; Seifert et al. 2011; Udagawa und Furuya 1978).

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Hypocreomycetidae

Ordnung: Microascales

Familie: Microascaceae

(Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Wardomyopsis* wurde 1978 von Udagawa & Furuya basierend auf der Typusart *Wardomyopsis inopinata* beschrieben (Udagawa und Furuya 1978) und beinhaltet vier akzeptierte Arten und Namen (Seifert et al. 2011; IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

Wachsige, samtige bis wattige oder pudrige, langsam bis moderat wachsende, dunkel pigmentierte Kolonien (Barron 1966; Silvera-Simón et al. 2008; Udagawa und Furuya 1978).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Wardomyopsis* sind durch subhyaline bis hell gelblich braun pigmentierte Hyphen, ovale bis rundliche konidiogene Zellen mit annellidischer Konidiogenese an kurzen unverzweigten oder verzweigten Konidiophoren oder undifferenzierten Hyphen und die Bildung von globosen bis ovalen Konidien mit longitudinalen Keimschlitz in kurzen Ketten charakterisiert (Barron 1966; Seifert et al. 2011; Silvera-Simón et al. 2008; Udagawa und Furuya 1978).

## **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Wardomyces* sind saprotrophe Organismen und wurden bisher aus Erde und Strandboden in Asien, Europa und Nord-Amerika isoliert (Barron 1966; Seifert et al. 2011; Silvera-Simón et al. 2008; Udagawa und Furuya 1978).

## **Isolate**

Insgesamt wurden sechs Stämme (JW037p1, JW037p3, JW037p4, JW040p2, JW050p4, JW055p4) von vier Läsionen isoliert, die der Gattung *Wardomyces* zugeordnet wurden (Tab. 9). Die Isolate wurden basierend auf morphologischen Merkmalen unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in Domsch et al. (2007) und der Angaben in Barron (1966), Seifert et al. (2011), Silvera-Simón et al. (2008), Udagawa und Furuya (1978) und nrDNA Sequenzdaten als *Wardomyces litoralis* klassifiziert (Tab. 10).

*Wardomyces litoralis* Silvera, Gené, Cano & Guarro

**Abb. 104-108**

*Wardomyces litoralis*, a new soil borne hyphomycete. Mycotaxon 105 (2008): 195-202.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Hypocreomycetidae

Ordnung: Microascales

Familie: Microascaceae

Gattung: *Wardomyces*

(Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

## **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** emerses, langsames Koloniewachstum von etwa 10 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien schmutzig weiß bis hell braun, weich und schleimig, mit granularer Textur und hell gelbbrauner Kolonierückseite, vereinzelte Kolonien dunkel mit samtiger Kolonieoberfläche; ältere Kolonien graubraun bis schwarz, mit samtiger Kolonieoberfläche und schwarzbrauner Rückseite.

**SGA:** überwiegend emerses, moderates Koloniewachstum von ca. 15 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien beige bis hell braun, anliegend, wachsig, mit leicht filzigem Zentrum und cremefarbener, submerser Randzone; Kolonierückseite cremefarben bis hell gelbbraun; ältere Kolonien braun bis graubraun, mit leicht erhabenem, filzig pudrigem Koloniezentrum und cremefarbener, submerser Randzone; Kolonierückseite schmutzig weiß bis grau olivbraun.

**OA:** emerses, moderates Koloniewachstum von ca. 12 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell grau bis schwarz, filzig, mit einem weißen, samtigen und flachen Rand; ältere Kolonien zunehmend dunkler bis schwarz gefärbt, filzig, mit Exudattropfen; Kolonierückseite dunkel olivschwarz.

**MYP:** moderat wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien überwiegend emers wachsend mit submerser Randzone, schmutzig weiß bis hell grau, mit hell braunem, filzigem Zentrum; ältere Kolonien hell blaugrau bis dunkel grau, mit filziger Oberfläche und Exudattropfen. Kolonierückseite braungrau bis schwarzgrau.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin bis schwach bräunlich, septiert, funiculos, 1-2 µm breit; Konidiogene Zellen meist einzeln oder in kleinen Gruppen an undifferenzierten Hyphen oder an kurzen, verzweigten Konidiophoren, mit annellidischer Konidiogenese; Konidiophore subhyalin bis hell braun, einfach bis mehrfach verzweigt, oval bis lang gestreckt, bis 14 µm lang; Annellidische Zellen subhyalin bis hell braun, rundlich bis oval, 2-4,5 (6) × 1,5-2,5 (3) µm; Konidien in kurzen Ketten, jung subhyalin bis hell olivgrün, mit zunehmender Reife braun bis dunkel braun (in KOH Verfärbung zu malachitgrün, in Masse schwarz), oval bis keulenförmig, glatt, mit longitudinalem Keimschlitz, 4-6 (7) × (2) 2,5-3,5 µm; Chlamydosporen vorhanden, oval bis rund, mit moderat verdickter Wand, (3) 3,5-5,5 (7) × (2) 2,5-4,5 (5) µm; auf Kimmig-Agar Bildung von Hefe-artigen Zellen, hyalin, mit unregelmäßiger Form, variabler Größe und verdickter Wand, (3) 5,0-11,0 (15) × (3) 4,0-10,0 (13) µm.

## **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; *Wardomyces litoralis* ist bisher nur als saprotropher Organismus aus Strand-erde in Spanien (Catalunya, Castelló, Vinarós) dokumentiert worden (Silvera-Simón et al. 2008). In vitro Experimente zeigten, dass der Pilz bei 37 °C (17 mm auf OA in 10 d) und 40 °C (~ 1 mm auf OA in 10 d) wächst, Keratin-haltige Materialien wie Kuhhorn und menschliches Haar besiedelt und die Fähigkeit besitzt Urea abzubauen.

## **Untersuchtes Material**

**JW037P:** Hautmaterial von einer sonst gesunden, weiblichen Person (39 Jahre) mit einer Mykose des rechten Fußes; gesammelt am 06.09.2009 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 09.11.2009 dreimal aus Hautmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW037p1, JW037p3 und JW037p4 subkultiviert.

**JW040P:** Hautmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (45 Jahre) mit Tinea pedis des rechten Fußes und einer Onychomykose des großen Zehennagels; gesammelt am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 09.11.2009 einmal aus Hautmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW040p2 subkultiviert.

**JW050P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (45 Jahre) mit einer Mykose des großen Zehennagels des rechten Fußes; gesammelt am 17.01.2011 in David, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde einmal aus Probenmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW050p4 subkultiviert.

**JW055P:** Nagelproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (72 Jahre) mit einer Onychomykose des dritten Zehennagels des linken Fußes, gesammelt am 17.01.2011 in David, el Retorno, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 10.03.2011 einmal aus Probenmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW055p4 subkultiviert.

## **Weitere untersuchte Stämme**

*Wardomyces litoralis* CBS 119740

*Wardomyces inopinata* CBS 122041

## Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzen des Isolates JW037p1 (ITS: 587 bp, LSU: 589 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen verschiedener Arten innerhalb der Microascaceae, wie *Doratomyces stemonitis* (Pers.) F.J. Morton & G. Sm., *Kernia pachypleura* Malloch & Cain, *Microascus singularis* (Sacc.) Malloch & Cain, *Wardomyces humicola* Hennebert & G.L. Barron, *Wardomyces inflatus* (Marchal) Hennebert, *Wardomyopsis litoralis*, *Scopulariopsis brevicaulis* (Sacc.) Bainier und *Trichurus terrophilus* Swift & Povah (Tab. 246-249). Die Ergebnisse des BlastSearch der LSU nrDNA Sequenz zeigten keine Übereinstimmung mit *Wardomyopsis litoralis*, da innerhalb der verfügbaren Datenbanken keine Sequenzdaten der LSU nrDNA für diese Art vorlagen (Stand 2014).

**Tabelle 246: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW037p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Wardomyopsis litoralis</i> (FMR 8876)	80 %	99 % (414/419)	4	AM774158
<i>Kernia pachypleura</i> (WIN(M) 253)	99 %	89 % (530/597)	28	DQ318208
<i>Kernia</i> sp. (16WV09)	97 %	88 % (424/507)	39	JX270505
<i>Wardomyces inflatus</i> (HSAUP074048)	99 %	86 % (520/603)	34	FJ946485

**Tabelle 247: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW037p1 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Doratomyces stemonitis</i> (AFTOL-ID 1380)	100 %	96 % (566/589)	0	DQ836907
<i>Scopulariopsis brevicaulis</i> (SC1101-19)	100 %	96 % (565/589)	1	KC311514
<i>Scopulariopsis brevicaulis</i> (IFM 54315)	100 %	96 % (565/589)	1	AB363754
<i>Scopulariopsis brevicaulis</i> (IFM 55293)	99 %	96 % (564/589)	1	AB297478

**Tabelle 248: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW037p1 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Wardomyopsis litoralis</i> (CBS 119740)	78 %	99 % (410/414)	3	AM774158
<i>Wardomyopsis litoralis</i> (FMR 8876)	78 %	99 % (410/414)	3	AM774158
<i>Kernia</i> sp. (16WV08)	68 %	89 % (529/600)	39	JX270505
<i>Kernia pachypleura</i> (38252-S1)	68 %	89 % (488/579)	11	DQ318208

**Tabelle 249: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW037p1 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Wardomyces humicola</i> (CBS 487.66)	100 %	98 % (578/590)	1	--
<i>Wardomyces inflatus</i> (CBS 188.78)	100 %	97 % (574/590)	1	--
<i>Microascus singularis</i> (CBS 414.64)	100 %	97 % (571/590)	2	--
<i>Trichurus terrophilus</i> (CBS 448.51)	100 %	97 % (569/589)	0	--

## Diskussion

Die Bestimmung der Stämme JW037p1, JW037p3, JW037p4, JW040p2, JW050p4 und JW055p4 als *Wardomyces litoralis* wurde anhand von morphologischen Strukturen und molekularen Daten des Stammes JW037p1 (ITS nrDNA Sequenz) ermittelt und durch phylogenetische Analysen (Abb. 92, 93) und den direkten morphologischen Vergleich mit dem Typusstamm (CBS 119740) bestätigt.

Die untersuchten morphologischen Strukturen der Isolate aus Panama entsprachen der Beschreibung von *W. litoralis* in Silvera-Simón et al. (2008) in Bezug auf Form und Pigmentierung, während die gemessenen Größen kleiner als die in der Literatur angegebenen Werte waren (Silvera-Simón et al. 2008: Konidiophore: bis 20 µm; konidiogene Zellen: 5,5-7,5 × 3,5-5 µm; Konidien: 5-7 × 3-4,5 µm). Entgegen den Angaben in Silvera-Simón et al. (2008) konnte beim Typusstamm ebenso wie bei den Isolaten von *W. litoralis* aus Panama Wachstum bei 40 °C (ca. 1mm auf OA in 10 d) beobachtet werden (Silvera-Simón et al. 2008). Der Vergleich der Sequenzabfolge der ITS und LSU nrDNA des Isolates JW037p1 mit Sequenzen aus GenBank und weiteren Datenbanken (MycoBank) zeigte die größte Übereinstimmung mit der ITS nrDNA Sequenz von *Wardomyces litoralis* Stamm CBS 119740/FMR 8876 (Tab. 246, 248). Die LSU nrDNA Sequenz ermöglichte keine direkte Unterstützung der morphologischen Bestimmung, da für *W. litoralis* keine Sequenzdaten der LSU nrDNA in GenBank oder anderen Sequenz-Datenbanken vorhanden waren (Stand 2014, Tab. 247, 249). In phylogenetischen Analysen basierend auf ITS und LSU nrDNA Sequenzabschnitten wurden die nrDNA Sequenzen der Isolate JW037p1, JW037p3, JW050p4 und JW055p4 mit Sequenzen von Arten der Gattung *Wardomyces* und mit verifizierten Sequenzen der Art *Wardomyces litoralis* in einem gemeinsamen, gut unterstützten Clade gruppiert (Abb. 92, 93). Die Ergebnisse der phylogenetischen Analysen bestätigten somit ebenfalls die morphologische Klassifizierung der Isolate aus Panama als *Wardomyces litoralis*.

*Wardomyces litoralis* ist bisher nicht als pathogener Organismus dokumentiert worden (Stand 2014). Die Isolationen in Panama aus Nagelmaterial (JW040P, JW050P, JW055P) und Hautproben (JW037P) stellt die erste Isolation von *W. litoralis* aus klinischem Probenmaterial dar und ist ebenfalls der erste Nachweis dieses Pilzes außerhalb von Spanien.

Aus dem Material der Probe JW037P wurde neben *W. litoralis* ein weiterer Pilz isoliert, der allerdings taxonomisch nicht bestimmt werden konnte. In dem Probenmaterial der Läsion JW040P konnte ebenfalls der Dermatophyt *Trichophyton rubrum* nachgewiesen werden, während aus den gesammelten Nagelspänen der Probe JW050P neben *W. litoralis* (JW050p4), zwei Stämme der Gattung *Fusarium* (JW050p1, JW050p2) und ein Isolat der Gattung *Scolecobasidium* (JW050p3) kultiviert werden konnten. Aus dem Material der Probe JW055P wurden ebenfalls drei weitere Stämme unterschiedlicher Hyphomyceten isoliert, ein Stamm der Art *Curvularia lunata* (JW055p2) und zwei sterile Pilzstämme (JW055p1, JW055p3).

Die Fähigkeit Keratin als Substrat nutzen zu können sowie die wiederholte Isolation von *W. litoralis* im Rahmen dieser Arbeit von unterschiedlichen und voneinander unabhängig aufgetretenen Läsionen zeigt eine gewisse Relevanz von *W. litoralis* als Besiedler bereits bestehender klinischer Haut- bzw. Nagelveränderungen. Für eine abschließende Bewertung der Krankheitsfälle und der Pathogenität von *W. litoralis* wären eine wiederholte Untersuchung der entsprechenden Läsionen und weitergehende Versuche empfehlenswert (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).



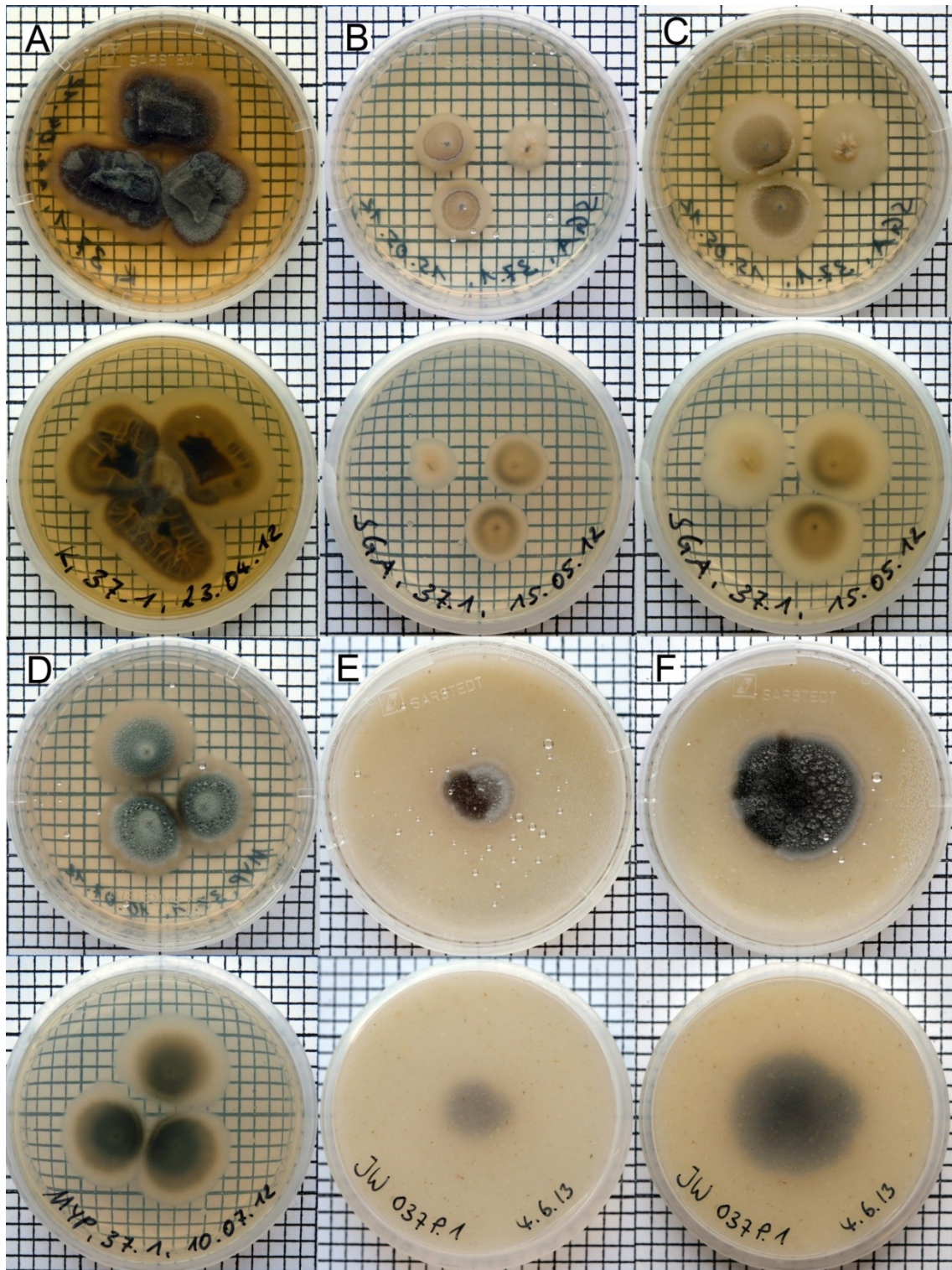


Abbildung 104: Kulturen von *Wardomyces litoralis* (JW037p1) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.

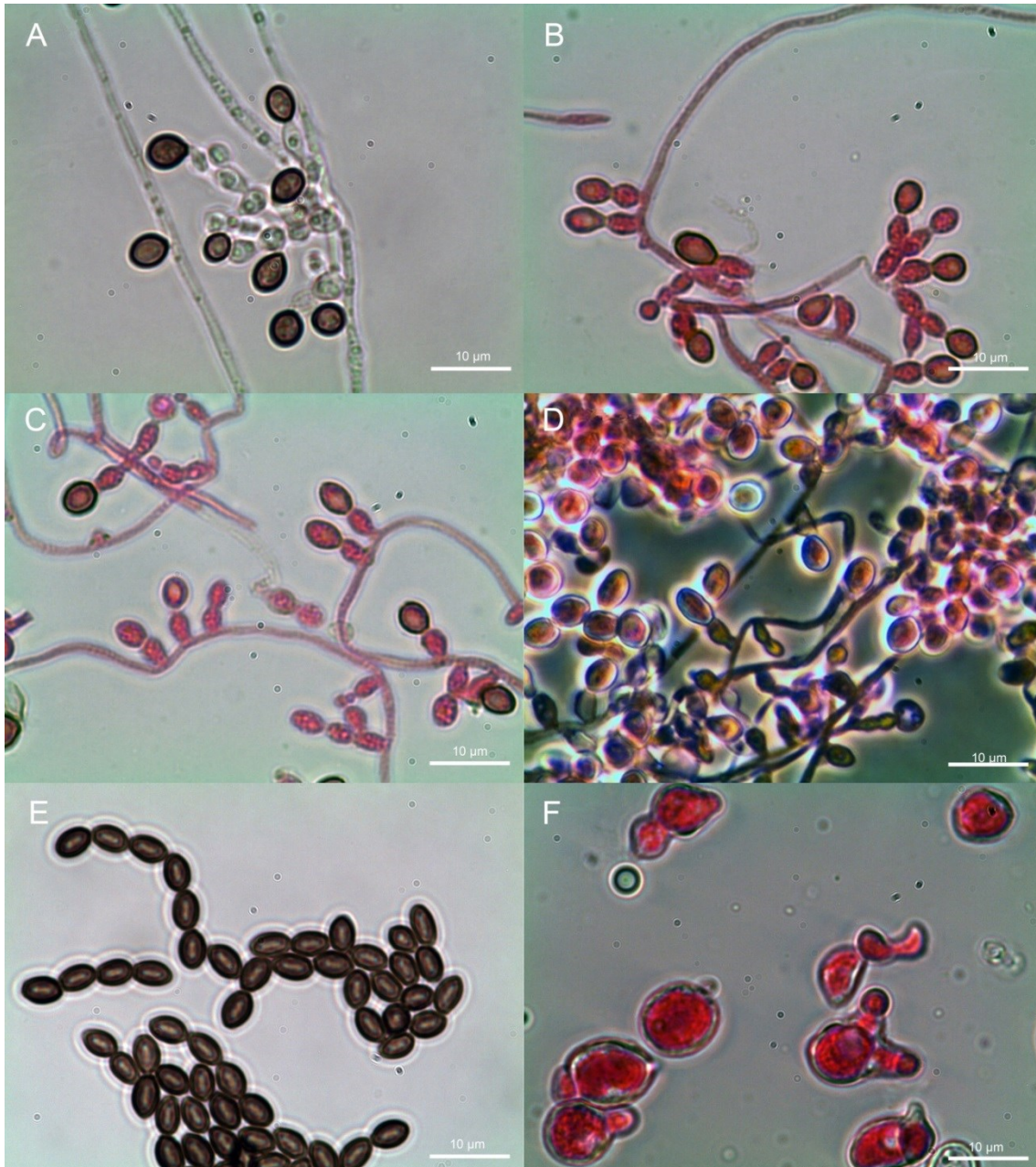


Abbildung 105: Mikromorphologische Strukturen von *Wardomyces litoralis* (JW037p1). A-D: Einzelne konidiogene Zellen und verzweigte Konidiophore. E: Konidien mit hyalinem Keimschlitz in Ketten. F: Hefezellen (Kimmig-Agar). B, C, D, F: Gefärbt mit 1 % Phloxin Lösung. Maßstab = 10 µm.

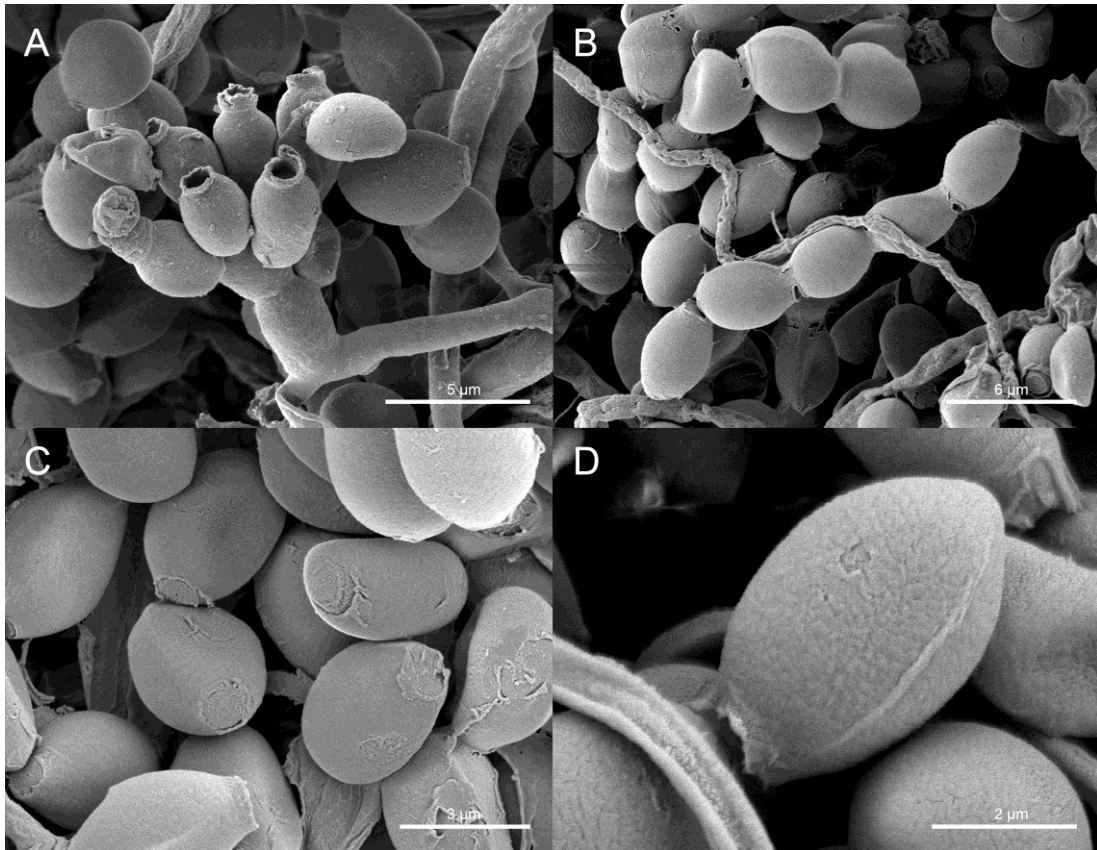


Abbildung 106: REM-Aufnahmen morphologischer Strukturen von *Wardomyopsis litoralis* (JW037p1). A: Konidiophor mit annellidischen Zellen, Maßstab = 5 µm. B: Konidien in Ketten, Maßstab = 6 µm. C: Konidien, Maßstab = 3 µm. D: Konidie mit Keimschlitz, Maßstab = 2 µm.

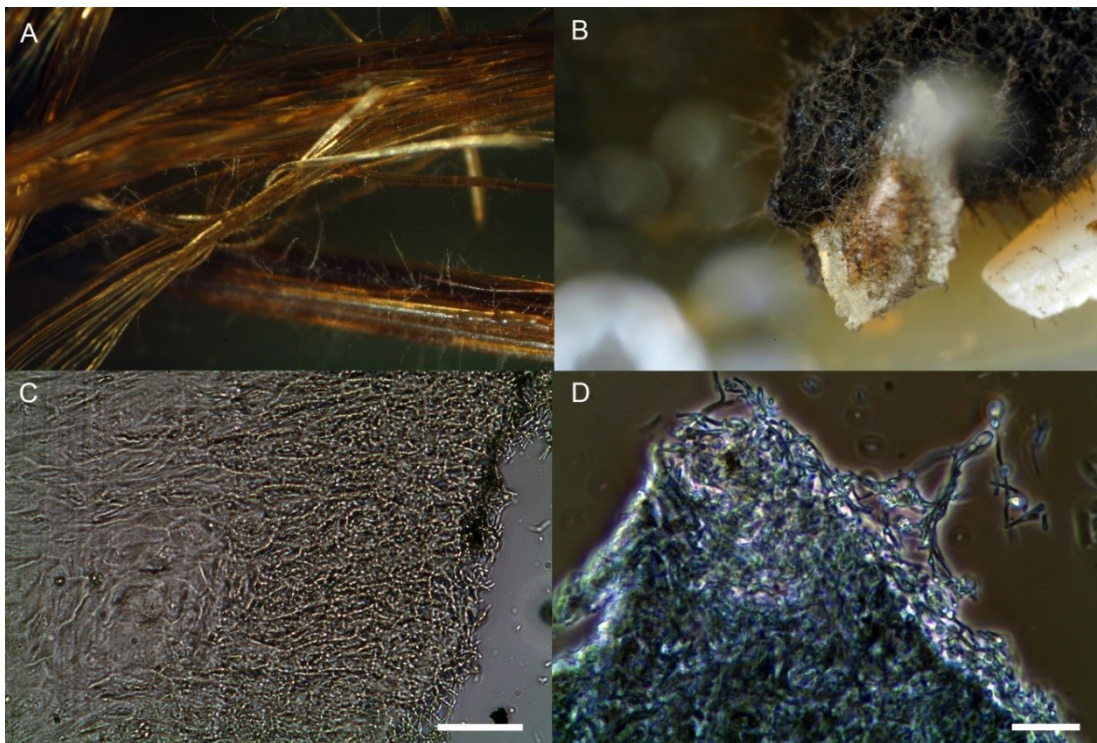


Abbildung 107: Keratin-haltige Materialien inkubiert mit *Wardomyopsis litoralis* (JW037p1). A: Wachstum auf menschlichem Haar. B: Wachstum auf Kuhhorn. C, D: Mikrosektionen inokulierten

Kuhorns mit einer Stärke von 10  $\mu\text{m}$  (C: Maßstab = 50  $\mu\text{m}$ , Phasenkontrast; D: Maßstab = 20  $\mu\text{m}$ , gefärbt mit Baumwollblau).

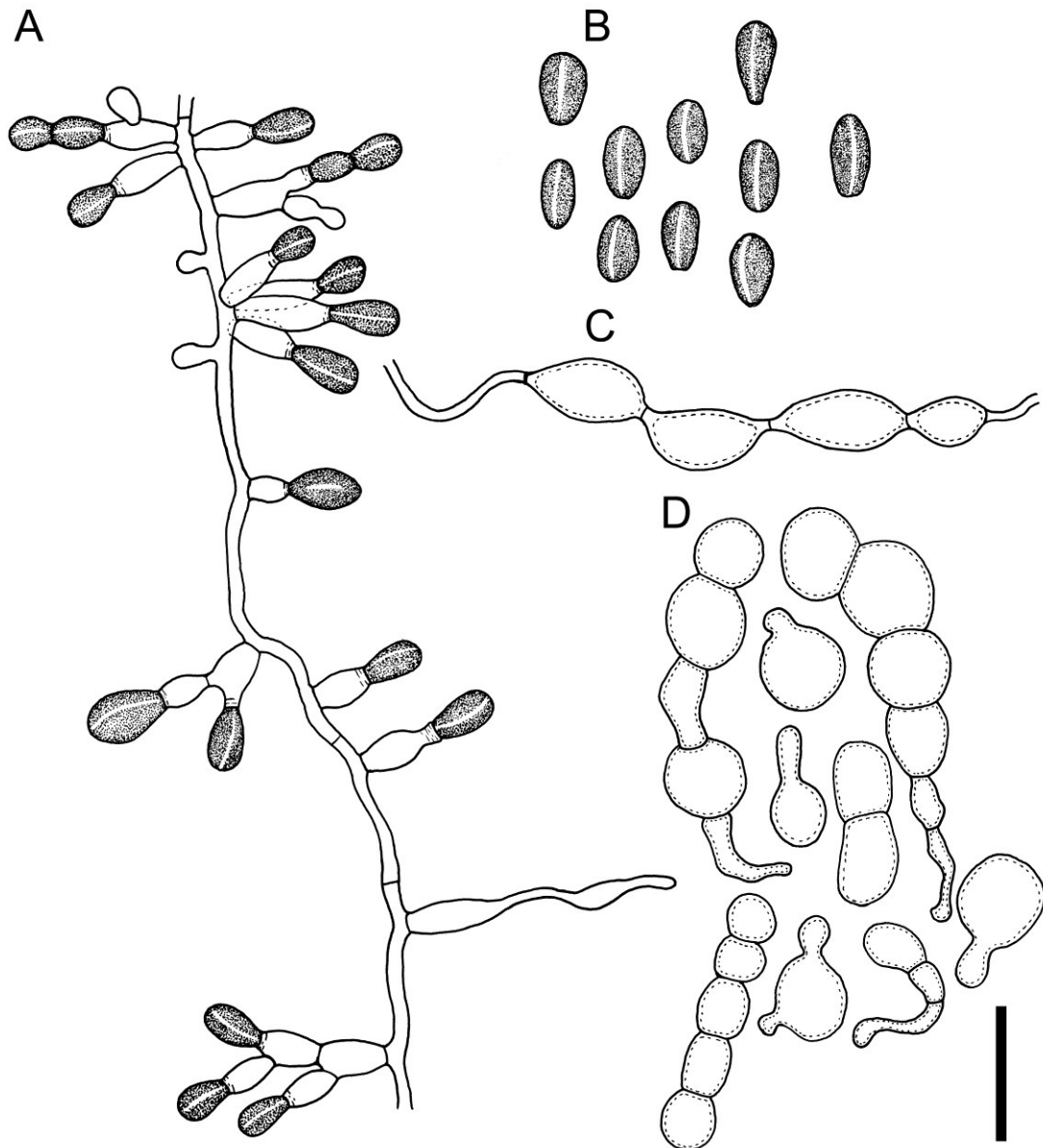


Abbildung 108: *Wardomyces litoralis* (JW037p1). A: Konidiogene Zellen und Konidiophore. B: Konidien mit Keimsschlitzen. C: Chlamydosporen-artige Zellen. D: Hefezellen (Kimmig-Agar). Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ .

**Sordariales** Chadeff. ex D. Hawksw. & O.E. Erikss.

The names of accepted orders of Ascomycetes. Syst. Ascomycetum 5 (1986): 175-184.

Es wurden insgesamt sechs Stämme aus vier Proben isoliert, die innerhalb der Sordariales den Familien Cephalothecaceae Höhn. und Chaetomiaceae G. Winter, Rabenh. und den Gattungen *Chalara* (Corda) Rabenh. s.l. und *Chaetomium* Kunze zugeordnet wurden (Tab. 10).

***Chalara*** (Corda) Rabenh.

Deutschlands Kryptogamenflora 1 (1844): 38.

Typus: *Chalara fusidioides* (Corda) Rabenh.

Teleomorph: *Chalara* ist eine polyphyletische Gattung und es wurden insgesamt 16 verschiedene Arten in fünf verschiedenen Ascomyceten Ordnungen mit einem anamorphen *Chalara*-Stadium beschrieben (Réblová 1999; Seifert et al. 2011). Für detaillierte Angaben siehe Seifert et al. (2011).

Basionym

***Torula* subgen. *Chalara*** Corda, Icon. fung. (Prague) 2 (1838): 9.

Synonyme

***Chaetochalara*** B. Sutton & Piroz., Trans. Br. mycol. Soc. 48 (1965): 350.

***Cylindrocephalum*** Bonord., Handb. Allgem. Mykol. (Stuttgart) (1851).

***Excioconidium*** Plunkett, Bulletin of the Bernice P. Bishop Museum, Honolulu, Hawaii 19 (1925): 156.

***Excioconis*** Clem. & Shear, Gen. fung., 2. Ed. (Minneapolis) (1931): 215, 397.

***Hughesiella*** Bat. & A.F. Vital, Anais Soc. Biol. Pernambuco 14 (1956): 141.

***Stilbochalara*** Ferd. & Winge, Bot. Tidsskr. 30 (1910): 220.

***Stilbochalara*** Ferd. & Winge, Botanisk Tidsskrift 30 (1910): 220.

***Torula* subgen. *Chalara*** Corda, Icon. fung. (Prague) 2 (1838): 9.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Leotiomycetes

Unterklasse: Incertae sedis

Ordnung: Helotiales

Familie: Incertae sedis

(Systematik nach Cai et al. 2009, Domsch et al. 2007, Synonyme nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Chalara* wurde von Rabenhorst (1844) basierend auf der neu kombinierten Art *Chalara fusidioides* als Typus aufgestellt und von Nag Raj und Kendrick (1975) anhand morphologischer Merkmale monographisch bearbeitet und revidiert (Nag Raj und Kendrick 1975). Alle weiteren seit 1975 bis 2002 beschriebenen *Chalara*-Arten wurden durch McKenzie et al. (2002) evaluiert und taxonomisch bearbeitet (McKenzie et al. 2002). Weitere Revisionen der Gattung und einzelner assoziierter Gattungsgruppen basierend auf molekularen Daten wurden durch Paulin und Harrington (2000), Paulin-Mahady et al. (2002), Cai et al. (2009) und Réblová et al. (2011) durchgeführt (Cai et al. 2009; Paulin und Harrington 2000; Paulin-Mahady et al. 2002; Réblová et al. 2011b). Aktuell beinhaltet die Gattung *Chalara* etwa 100 akzeptierte Arten (Seifert et al. 2011) und 140 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 144 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen.

### **Koloniemorphologie**

Bildung von wollig filzigen, haarigen bis samtigen, anliegenden oder erhabenen, moderat bis langsam wachsenden, weißen, braunen oder braunschwarzen bis schwarze Kolonien (McKenzie et al. 2002; Nag Raj und Kendrick 1975).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Chalara* sind charakterisiert durch typische, meist pigmentierte Phialiden mit einer langgezogenen, zylindrischen und tiefen Collarette und einer verdickten Basis und hyalinen bis subhyalinen oder pigmentierten, zylindrischen, ein- bis zweizelligen oder mehrzelligen Konidien, die in basipetalen Ketten gebildet werden (Cai et al. 2009; Nag Raj und Kendrick 1975; Seifert et al. 2011).

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Chalara* sind als pflanzenpathogene Organismen verschiedener Gattungen und Familien, sowie als saprotrophe Organismen auf verrottendem Pflanzenmaterial dokumentiert worden (Nag Raj und Kendrick 1975; Seifert et al. 2011). Häufig aus Erdproben, von verrottenden Pflanzenteilen, aus Laubstreu, Nematodenzysten oder Holz isolierte, saprotrophe und cellulolytische Organismen, mit einer weltweiten Verbreitung (Koukol 2011; Nag Raj und Kendrick 1975; Seifert et al. 2011).

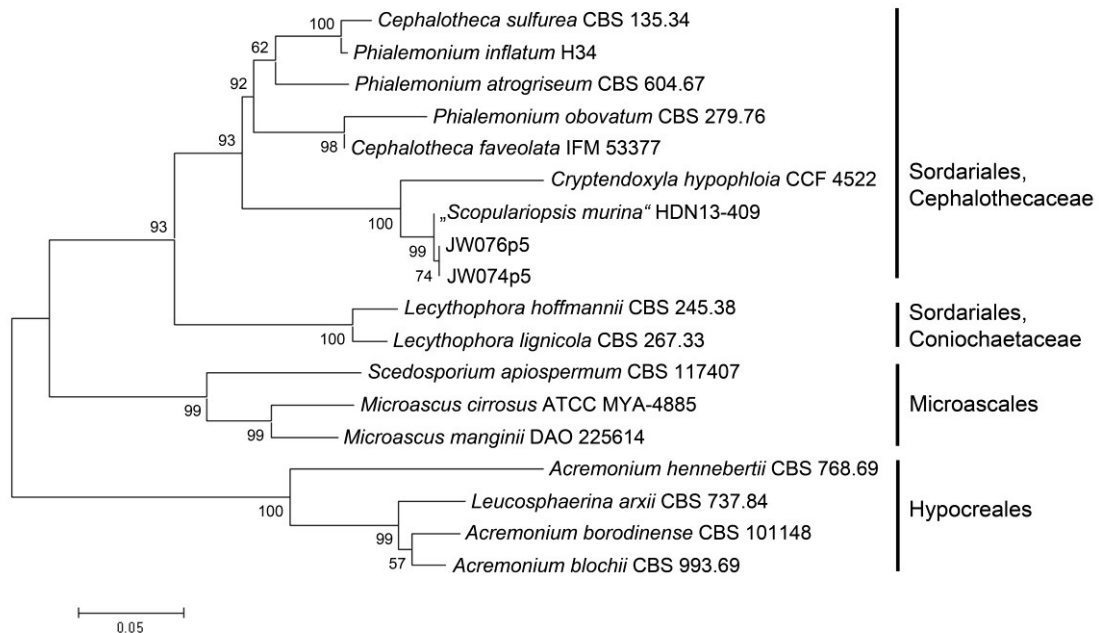
## Isolate

Es wurde ein Stamm (JW074p5) isoliert, der basierend auf morphologischen Merkmalen der Gattung *Chalara* s.l. zugeordnet wurde (Tab. 10). Ein weiteres Isolat (JW076p5) entspricht zwar nicht der klassischen morphologischen Beschreibung der Gattung *Chalara*, bildete aber neben eher *Phialophora*-typischen Phialiden ebenfalls vereinzelt konidiogene Zellen mit einer langgezogenen, zylindrischen und tiefen Collarette und einer verdickten Basis, wie sie typisch für die Gattung *Chalara* sind (Nag Raj und Kendrick 1975). Das Isolat JW076p5 zeigte zudem in phylogenetischen Analysen eine genetische Assoziation mit dem Stamm JW074p5 und der Art *Cryptendoxyla hypophloia* (Abb. 109, 110). Die Isolate wurden basierend auf morphologischen Merkmalen unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in McKenzie et al. (2002), Nag Raj und Kendrick (1975), sowie weiterer Angaben in der Literatur (Koukol 2011; Réblová et al. 2011b; Seifert et al. 2011) und nrDNA Sequenzdaten klassifiziert.

## Phylogenetische Analysen der Isolate JW074p5 und JW076p5

Es wurden phylogenetische Analysen zur Unterstützung der taxonomischen Klassifizierung der Isolate JW074p5 und JW076p5, basierend auf ITS und LSU nrDNA Sequenzabschnitten der Stämme JW074p5 und JW076p5, sowie weiterer Sequenzen verschiedener Arten genetisch assoziierter Gattungen wie *Cryptendoxyla*, *Cephalotheca*, *Lecythophora* und *Phialemonium* unter Verwendung von Sequenzen von Arten der Hypocreales und Microascales als Außengruppe durchgeführt (Tab. 280). In den phylogenetischen Analysen erfolgte eine Gliederung des Stammbaumes entsprechend der verwendeten Ordnungen in drei Hauptgruppen (Abb. 109). Die Gruppe der Sordariales setzt sich aus zwei weiteren Gruppen zusammen, die den Familien Cephalothecaceae und Coniochaetaceae zugeordnet werden konnten (Abb. 109, 110). Die Gruppe der Coniochaetaceae beinhaltet nur die im Rahmen dieser Untersuchung verwendeten Sequenzen der Isolate der Gattung *Lecythophora*, während die Gruppe der Cephalothecaceae in zwei weitere Gruppen untergliedert wurde (Abb. 109, 110). Eine Gruppe wurde aus den Isolaten der Gattungen *Cephalotheca* und *Phialemonium* und die zweite Gruppe aus den Sequenzen der Gattung *Cryptendoxyla*, sowie den Sequenzabschnitten der Isolate JW074p5, JW076p5 und des als *Scopulariopsis murina* klassifizierten Isolates HDN 13-409 gebildet (Abb. 109). Innerhalb dieser Gruppe wurde die Gattung *Cryptendoxyla* als eine eigene genetische Linie dargestellt, während die Sequenzen der Isola-

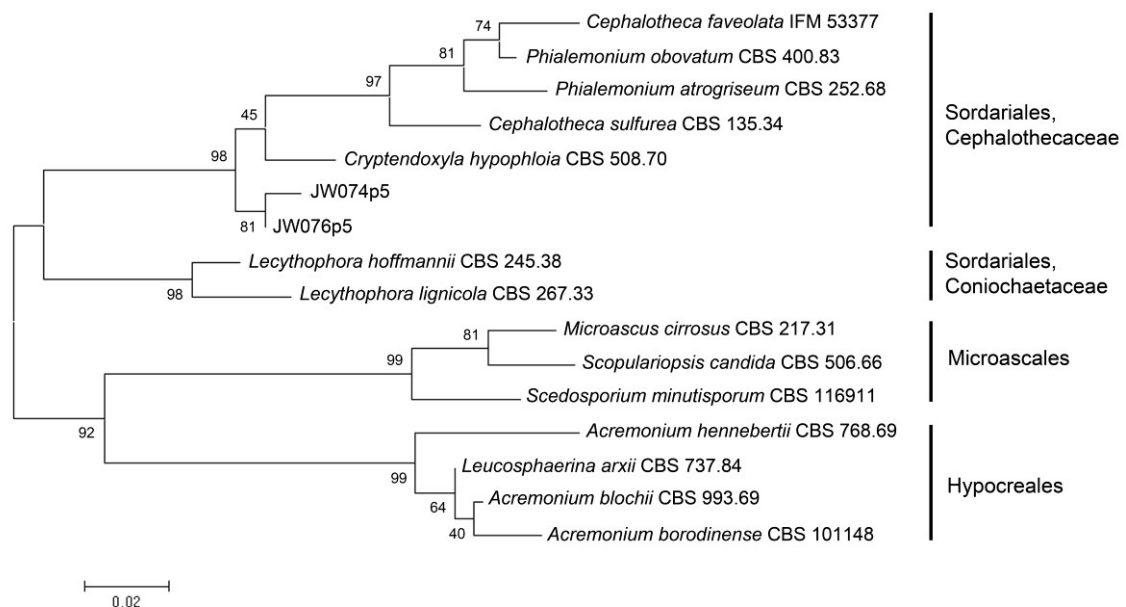
te JW074p5, JW076p5 und des als *Scopulariopsis murina* klassifizierten Stammes HDN 13-409 in einem gemeinsamen Clade gruppiert wurden. Innerhalb dieser Gruppe wurde aus den DNA-Abschnitten der Stämme JW074p5 und JW076p5 ein eigenes Clade gebildet (Abb. 109).



**Abbildung 109:** Phylogenetischer Stammbaum der Isolate JW074p5, JW076p5 und genetisch assoziierter Arten und Isolate basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten unter Verwendung von Sequenzen von Stämmen verschiedener Arten der Hypocreales und Microascales als Außengruppe (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode, basierend auf dem Tamura 3-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Tamura 1992; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode, basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der finale Datensatz bestand aus 18 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 358 informativen Positionen. Eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 1.380) wurde für die Modellierung evolutionärer Raten zwischen unterschiedlichen Positionen verwendet, wobei die Möglichkeit evolutionär invariabler Basen-Positionen mit in die Berechnungen aufgenommen wurde (+I, 47,0555 %). Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-2041,5300) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, innerhalb der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurde an den entsprechenden Knoten mitangegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. (Tamura 1992; Tamura et al. 2013).



Die Gliederung des Stammbaums basierend auf LSU nrDNA Sequenzdaten (Abb. 110) entspricht im Wesentlichen der Topologie des ITS nrDNA Stammbaums und unterscheidet sich nur durch eine leicht andere Gruppierung der Gattung *Cryptendoxyla* (Abb. 109, 110). Die phylogenetischen Analysen zeigten somit die molekulare Verwandtschaft der Isolate JW074p5 und JW076p5 mit der Familie Cephalothecaceae und der Gattung *Cryptendoxyla*, ebenso wie die Assoziierung der ITS nrDNA Sequenz des als *Scopulariopsis murina* klassifizierten Stammes HDN13-409 mit der Gattung *Cryptendoxyla*, den Stämmen JW074p5 und JW076p5 und die Zugehörigkeit der entsprechenden Isolate zu den Sordariales (Abb. 109, 110).



**Abbildung 110: Phylogenetischer Stammbaum basierend auf LSU nrDNA Sequenzdaten der Isolate JW074p5, JW076p5 und genetisch assoziierter Arten und Isolate unter Verwendung von Sequenzen von Stämmen verschiedener Arten der Hypocreales und Microascales als Außengruppe (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode, basierend auf dem Kimura 2-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Kimura 1980; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode, basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der Datensatz bestand aus 16 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 450 informativen Positionen. Eine diskrete Gamma-Verteilung (+G, Parameter = 0,2054) wurde für die Modellierung evolutionärer Raten zwischen unterschiedlichen Positionen verwendet, wobei die Möglichkeit evolutionär invariabler Basen-Positionen mit in die Berechnungen aufgenommen wurde (+I, 0 %). Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-2041,5300) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurde an den entsprechenden Knoten mitangegeben. Der**

Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. (Kimura 1980; Tamura et al. 2013)

aff. *Chalara* sp. (JW074p5)

Abb. 111-114

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Sordariomycetidae

Ordnung: Sordariales

Familie: Cephalothecaceae

Gattung: aff. *Chalara*

(Systematik basierend auf eigenen molekularen und phylogenetischen Daten, nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### Koloniemorphologie

**Kimmig:** emerses und submerses, moderates Koloniewachstum von 30-35 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien blaugrau bis bräunlich anthrazit, mit einer wollig filzigen Kolonietextur und einer heller pigmentierten submersen Randzone; ältere Kolonien graubraun bis schwarz, mit filzig wolliger Kolonieoberfläche; Kolonierückseite dunkel olivgrau bis olivschwarz mit einer gelblich olivgrünen Randzone.

**SGA:** emerses und submerses, langsames bis moderates Koloniewachstum von 25-30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien hell olivgrau mit schmutzig weißer bis hell brauner Randzone, flach, wollig filzig, mit einem oliv grauem, filzigem Zentrum; ältere Kolonien hell olivbraungrau, mit einer pudrig filzigen Oberfläche und einer olivbraunen, anliegenden Randzone; Kolonierückseite dunkel braun bis olivbraunschwarz.

**OA:** emerses und submerses, langsames Koloniewachstum von etwa 15 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien graubraun bis dunkel grau, filzig wollig, mit einem gelblich bräunlichen, submersen Rand; ältere Kolonien schwarz mit dunkel grauem Luftmyzel und einer pudrig wolligfilzigen Kolonietextur; Kolonierückseite graubraun bis schwarz.

**MYP:** langsam bis moderat wachsende Kolonien, mit einem Durchmesser von etwa 20 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien hell bräunlich oliv, mit einem hell grauem filzig haarigem Zentrum und einer submersen, heller gefärbten Randzone; ältere Kolonien schwarzbraun bis schwarzgrau, filzigwollig, mit einer submersen, hell graubraunen Randzone und einem hell grauem filzigem Zentrum; Kolonierückseite olivbraun-schwarz.

### **Mikromorphologie**

Hyphen subhyalin bis hell braun, ältere Hyphen dunkel braun, septiert, 1-3 µm breit; Konidiogene Zellen überwiegend einzeln an undifferenzierten Hyphen oder kurzen, basal einfach verzweigten Konidiophoren, mit phialidischer Konidiogenese; Konidiophore hell braun bis dunkel braun, 2-3 µm breit und bis 20 µm lang; Phialiden subzylindrisch oder leicht flaschenförmig, vereinzelt leicht bauchig, hell braun bis braun, (15) 16-26,5 (35) × 2-2,5 µm, auf 1,5 µm an der Spitze verjüngt, mit einer deutlichen geraden bis leicht trichter-förmigen Collarete; Konidien in Ketten, subhyalin bis hell braun, in Masse hell braun, zylindrisch bis schwach keulen- oder fassförmig, glatt, (3) 4-6 (7) × 1-2 µm; Chlamydosporen vorhanden, braun bis dunkel braun, glatt, mit deutlich verdickten Zellwänden, einzeln oder in Ketten interkalar durch die Transformierung von Hyphenzellen gebildet, von variabler Größe, 5-20 × 5-15 µm. Die Bildung von Ascocoma konnte auf keinem der verwendeten Medien, auch nicht nach Inkubationszeiten von mehr als einem Jahr, beobachtet werden.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; Arten der Gattung *Chalara* sind als pflanzenpathogene Pilze verschiedener Gattungen und Familien und als saprotrophe Organismen auf verrottendem Pflanzenmaterial dokumentiert worden (Nag Raj und Kendrick 1975; Seifert et al. 2011). *Cryptodoxyla hypophloia*, eine verwandte Art mit einem *Chalara*-Stadium, wurde als Verursacher von Nagelmykosen an einem sonst gesunden Menschen beschrieben (Lysková et al. 2014). Arten der Gattung wurden häufig aus Erdproben, von verrottenden Pflanzenteilen oder Holz isoliert und sind saprotrophe sowie cellulolytische Organismen mit einer weltweiten Verbreitung (Koukol 2011; Nag Raj und Kendrick 1975; Seifert et al. 2011).

## Untersuchtes Material

**JW074P:** Haut- und Nagelproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (40 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Onychomykose des rechten, großen Zehennagels; gesammelt am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 31.03.2011 aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW074p5 subkultiviert.

## Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW074p5 (ITS: 606 bp, LSU: 592 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen unterschiedlicher Arten innerhalb der Sordariales, wie *Cryptendoxyla hypophloia* Malloch & Cain, *Cephalotheca foveolata* Yaguchi, Nishim. & Udagawa und *Cephalotheca sulfurea* Fuckel und mit unterschiedlichen als *Scopulariopsis murina* Samson & Klopotek klassifizierten Isolaten (Tab. 250-253).

**Tabelle 250: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW074p5 (GenBank).**

Art (Stamm)	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Scopulariopsis murina</i> (HDN13-409)	87 %	89 % (479/537)	24	KF986441
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CCF 3877)	93 %	85 % (483/570)	20	HG518412
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CCF 4522)	93 %	85 % (483/570)	20	HG518411
<i>Cephalotheca foveolata</i> (IFM 53377)	100 %	84 % (509/607)	33	AB278171

**Tabelle 251: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW074p5 (GenBank).**

Art (Stamm)	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (WM 10.89)	99 %	98 % (580/589)	0	HQ014708
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CCF 4522)	99 %	97 % (574/594)	6	HG518411
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 138.78)	99 %	97 % (573/593)	6	AB191031
<i>Cephalotheca sulfurea</i> (AH1001 3A)	99 %	95 % (559/590)	2	KC311468

**Tabelle 252: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW074p5 (Mycobank).**

Art (Stamm)	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 661.93)	96,4 %	82,6 % (484/586)	14	--
<i>Scopulariopsis murina</i> (LF064)	85,6 %	75,7 % (400/467)	22	FR822770
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 508.70)	79,3 %	85,2 % (410/481)	8	--
<i>Cephalotheca foveolata</i> (IFM 53377)	100 %	84 % (509/607)	33	EU821474

**Tabelle 253: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW074p5 (MycoBank).**

Art (Stamm)	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 796.84)	99,5 %	95,5 % (569/593)	4	--
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 661.93)	99,3 %	95,9 % (568/592)	4	--
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 138.78)	99,3 %	95,9 % (568/592)	4	--
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 509.70)	99,3 %	95,8 % (568/593)	4	--

## Diskussion

Die Klassifizierung des Isolates JW074p5 als aff. *Chalara* sp. basiert auf morphologischen und molekularen Daten. So bildete der Stamm JW074p5 überwiegend an undifferenzierten Hyphen oder einfachen vereinzelt basal verzweigten Konidienträgern für die Gattung *Chalara* typische, einzelne, schwach basal geschwollene, pigmentierte Phialiden mit einem länglichen, sich verjüngendem Hals und einer deutlichen, tiefen und geraden bis leicht trichter-förmigen Collarette (Ellis 1971; Nag Raj und Kendrick 1975; Seifert et al. 2011). Das Isolat JW074p5 entsprach keiner der in Nag Raj und Kendrick (1976) und McKenzie (2002) beschriebenen Arten und die auch nach dem Jahr 2002 neu beschriebenen Arten mit einem *Chalara*-Stadium unterscheiden sich in wesentlichen morphologischen Merkmalen, wie Pigmentierung, Bildung von Chlamydosporen, eines Synanamorph-Stadiums oder der Bildung von Ascomata von dem Isolat JW074p5 (Koukol 2011; McKenzie et al. 2002; Réblová et al. 2011b; van Wyk et al. 2011).

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenz des Isolates mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Cryptendoxyla hypophloia*, *Scopulariopsis murina*, *Cephalotheca foveolata* und *Cephalotheca sulfurea* (Tab. 250-253), wobei die maximale Übereinstimmung der untersuchten nrDNA Sequenzen von 82 - 89 Prozent (ITS) und 95 - 98 Prozent (LSU) nicht ausreichend war, um eine eindeutige taxonomische Klassifizierung des Isolates zu ermöglichen, allerdings konnte in Kombination mit dem Vergleich morphologischer Strukturen eine Zuordnung des Isolates in bestehende taxonomische Gruppen durchgeführt werden. So unterscheiden sich Arten der Gattung *Scopulariopsis* durch annellidische Konidiogenese und die Bildung von penicillaten Konidiophoren von dem Isolat JW074p5 und zudem zeigten die entsprechenden Sequenzen KF986441 und FR822770 der als *S. murina* klassifizierten Isolate eine größere Übereinstimmung mit Sequenzen von unterschiedlichen Vertretern der Sordariales, während es sich bei der Gattung *Sco-*

*pulariopsis* um ein Mitglied der *Microascales* handelt, was eine falsche Identifizierung der entsprechenden Isolate nahelegt. Die Art *Cephalotheca foveolata* und die Gattung *Cephalotheca* im allgemeinen unterscheiden sich durch die Bildung von Ascomata und eines *Phialemonium*-artigen Anamorph Stadiums von dem Isolat JW074p5. *Cryptendoxyla hypophloia* bildet zwar ein *Chalara*-Stadium, allerdings sind hier die mikromorphologischen Strukturen nicht pigmentiert und die Art unterscheidet sich zusätzlich von dem Isolat JW074p5 durch die Bildung von Ascomata (Chesters 1935; Malloch und Cain 1970; Morton und Smith 1963; Yaguchi et al. 2006). In phylogenetischen Analysen basierend auf ITS und LSU nrDNA-Sequenzdaten wurde der Stamm JW074p5 gemeinsam mit einem weiteren Isolat (JW076p5) aus Panama in ein eigenes, mit der Art *Cryptendoxyla hypophloia* assoziiertes und gut unterstütztes Clade innerhalb der *Cephalothecaceae* eingruppiert (Abb. 109, 110) was die Annahme unterstützt, dass es sich bei dem Stamm JW074p5 möglicherweise um ein Isolat einer bisher nicht wissenschaftlich beschriebenen Art handeln könnte. Für eine abschließende taxonomische Beurteilung des Isolates sollte aber der direkte Vergleich morphologischer Strukturen lebender Isolate der molekular assoziierten Gattungen *Cryptendoxyla*, *Lecythophora*, *Phialemonium* und mit den als *Scopulariopsis murina* klassifizierten Isolaten, sowie die Untersuchung weiterer DNA-Regionen, durchgeführt werden. Da dies im Rahmen der vorliegenden Arbeit nicht möglich war, wurde der Stamm JW074p5 vorläufig als aff. *Chalara* sp. bezeichnet.

Aus dem Probenmaterial der Läsion JW074P wurden neben aff. *Chalara* sp. (JW074p5) mehrere weitere Pilzarten isoliert. So konnten zusätzlich zwei Stämme der Art *Trichophyton rubrum* (JW074p4, JW074p7), zwei nicht subkultivierte Stämme der Gattung *Curvularia* (JW074p2, JW074p3), ein Stamm der Art *Aspergillus versicolor* (JW074p6) und ein Isolat der Art *Scopulariopsis croci* (JW074p1) kultiviert werden. Bei der Läsion JW074P handelt es sich somit um das Ergebnis einer Infektion des Nagels und der Haut mit dem anthropophilen Dermatophyten *T. rubrum*. Inwieweit andere der isolierten Organismen eventuell als Besiedler der Läsion oder als Kontamination des Probenmaterials zu betrachten sind, müsste im Rahmen einer weiteren Probennahme untersucht werden (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

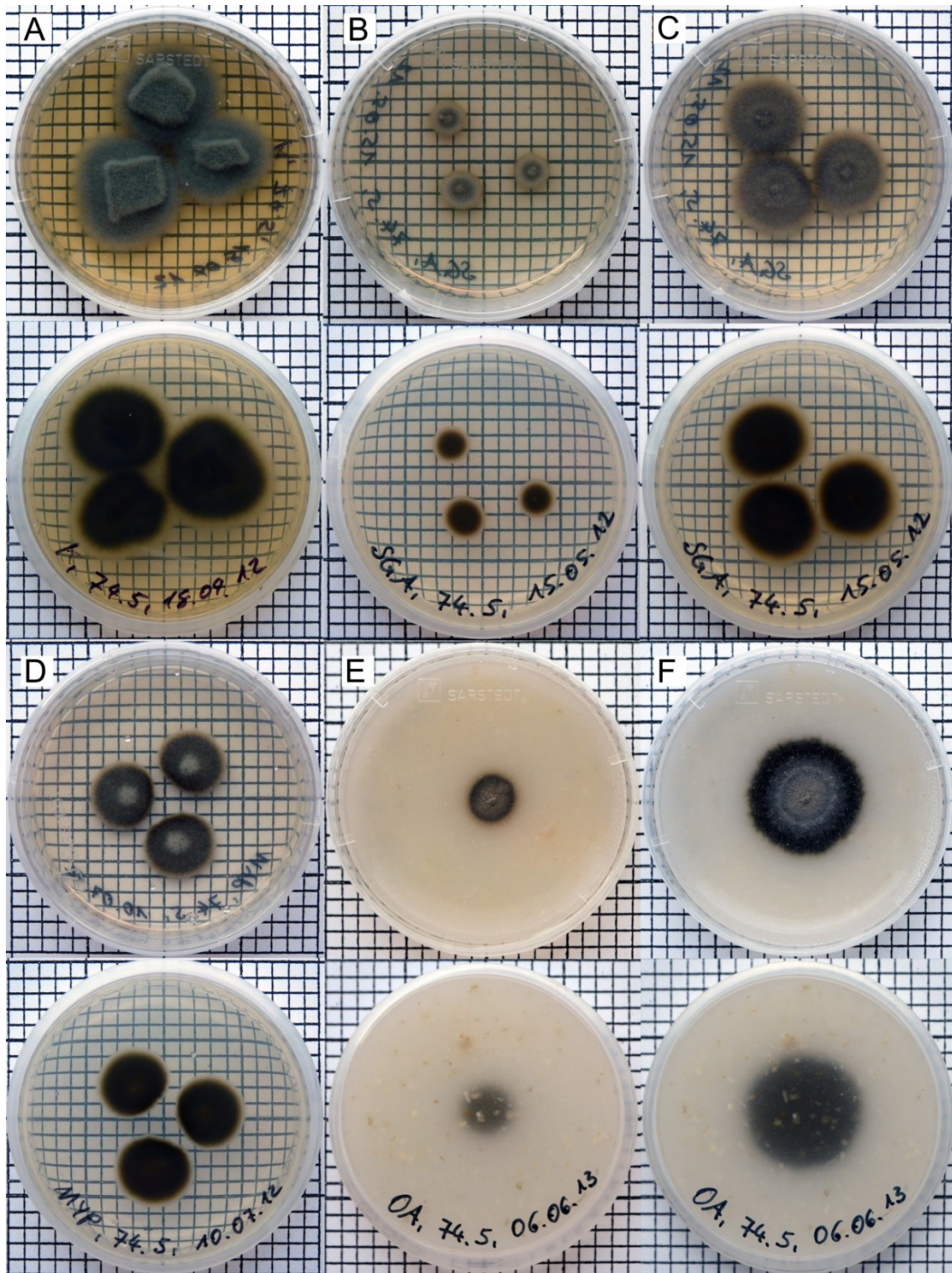


Abbildung 111: Kulturen von aff. *Chalara* sp. (JW074p5) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d).

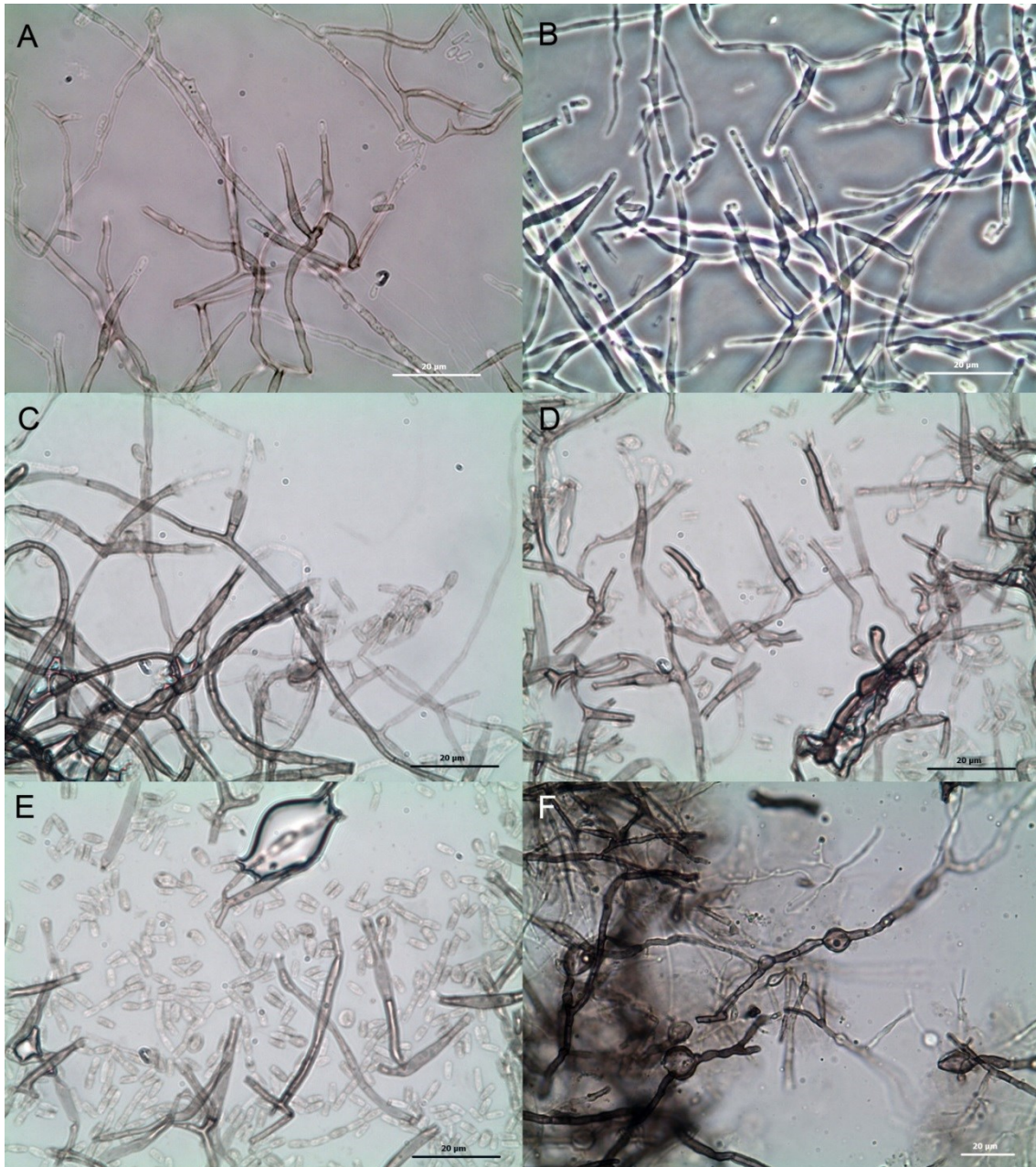


Abbildung 112: Mikromorphologische Strukturen von aff. *Chalara* sp. (JW074p5). A-D: Phialiden und einfache Konidiophore mit Konidien in Ketten. E: Freie Konidien. F: Chlamydosporen. Maßstab = 20 µm.



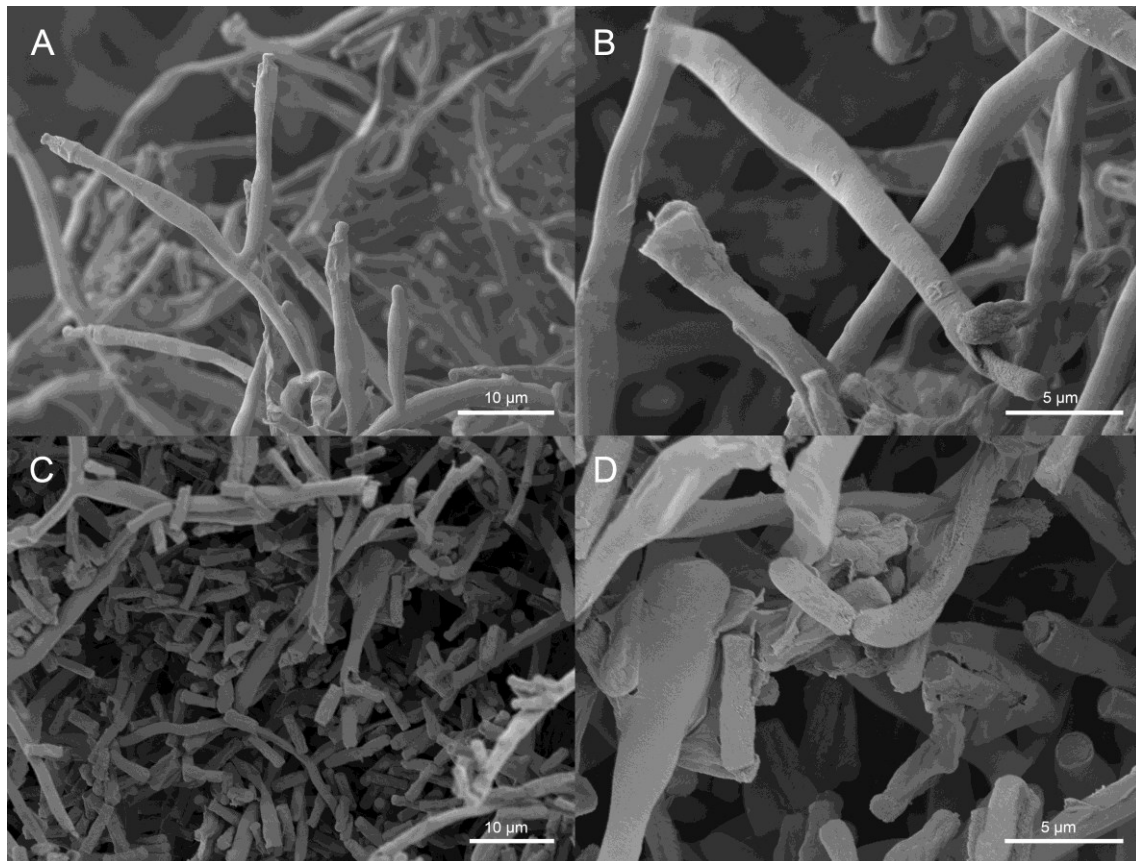


Abbildung 113: REM-Aufnahmen mikromorphologischer Strukturen von aff. *Chalara* sp. (JW074p5). A: Einfach verzweigter Konidiophor. B: Einzelne Phialide mit deutlicher apikaler Öffnung und Collarette. C: Freie Konidien. D: Aufsicht auf Phialidenöffnung mit jungen, endogen gebildeten Konidien. A, C: Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ . B, D: Maßstab = 5  $\mu\text{m}$ .

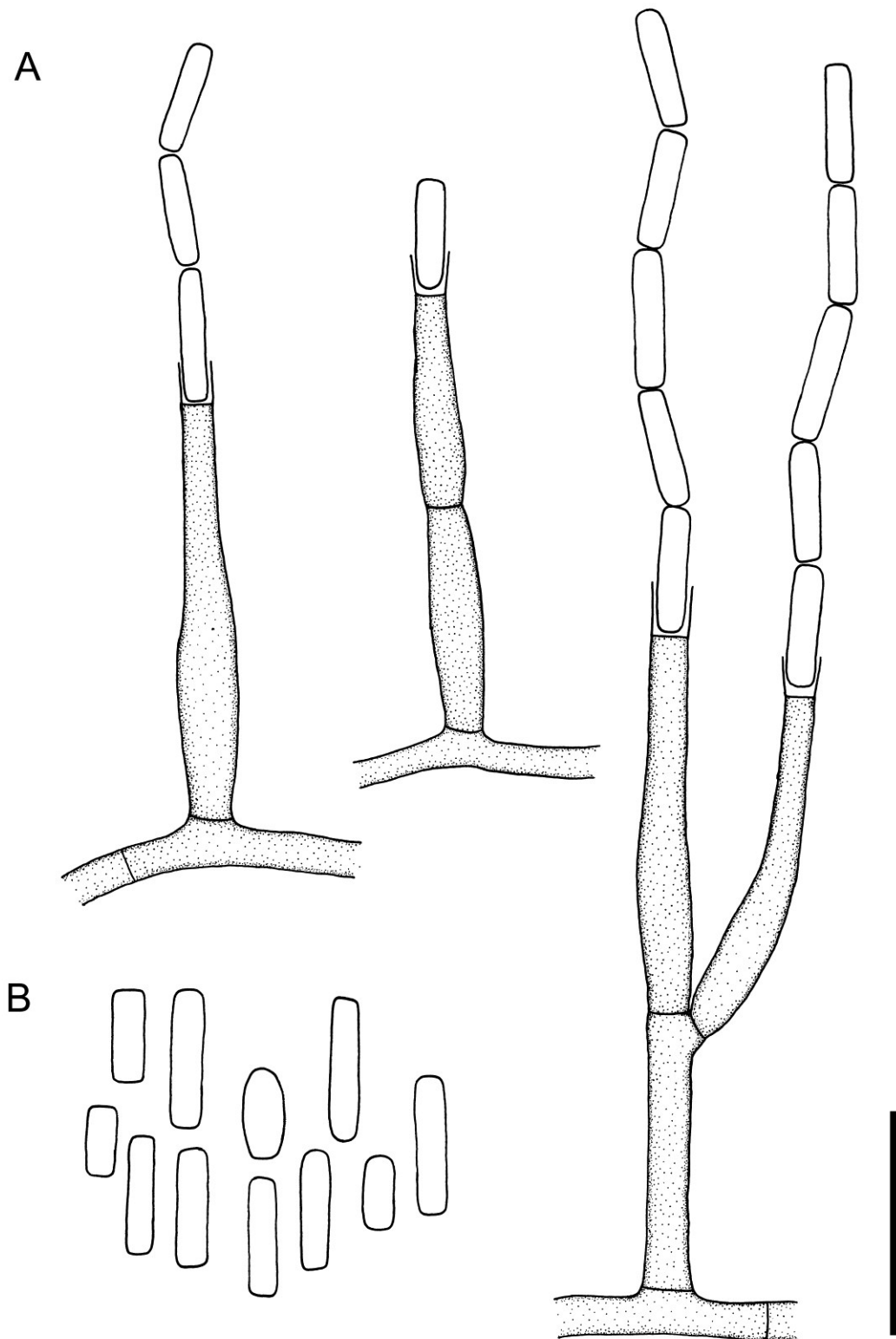


Abbildung 114: aff. *Chalara* sp. (JW074p5). A: Einzelne Phialiden und basal, einfach verzweigter Konidiophor mit Konidien in Ketten. B: Einzelne Konidien. Maßstab = 10  $\mu$ m.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Sordariomycetidae

Ordnung: Sordariales

Familie: Cephalothecaceae

Gattung: --

(Systematik basierend auf eigenen molekularen und phylogenetischen Daten, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** flache, emers und submers, moderat bis rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 35-45 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien schwarzolivbraun mit braunoliv bis hell graubraunem, wollig filzigem Luftmyzel und einer submersen Randzone; ältere Kolonien durch die Bildung von Konidien pudrig filzig bis wollig filzig, schwarzolivbraun bis hell graubraun; Kolonierückseite schwarzbraun bis schwarz.

**SGA:** flache bis erhabene, emers und submers, moderat wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 20-25 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell braunoliv, mit einer gelblich braunen, submersen Randzone, flach, wollig filzig, mit einem schmutzig weißen, erhabenem und filzig wolligem Zentrum; ältere Kolonien schwarzolivbraun, kahl und mit einem pudrig filzig haarigem Zentrum und einer olivgrauen, submersen Randzone; Kolonierückseite dunkel olivbraun bis schwarzbraun.

**OA:** flache, emers und submerse, moderat bis rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 30-45 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell grau bis hell oliv-anthrazit, filzig wollig, mit einem oliv bräunlichen, submersen Rand; ältere Kolonien schwarzbraun mit dunkel graubraunem Luftmyzel und einer pudrig filzigen Kolonierückseite; Kolonierückseite olivbraun bis schwarz.

**MYP:** flache bis leicht erhabene, moderat bis rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von 40 bis 45 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien hell bräunlich grau, strähnig filzig, mit einem hell braungrauem filzig wolligem Zentrum und einer

anliegenden Randzone; ältere Kolonien schwarzgrau, pudrig filzigwollig, mit einer anliegenden bis submersen, hell grauolivbraunen Randzone und einem hell grauen filzigem Zentrum; Kolonierückseite olivschwarz bis braunolivschwarz.

### **Mikromorphologie**

Hyphen braun bis dunkel braun, septiert, 2 bis 3,5 µm breit; Konidiogene Zellen in penicillater Anordnung, an kurzen, unverzweigten oder mehrfach verzweigten Konidiophoren, mit phialidischer Konidiogenese; Konidiophore braun bis dunkel braun, 2-3 µm breit und (14) 20-35 (45) µm lang; Phialiden ampullenförmig bis zylindrisch, oder bauchig verdickt, hell braun bis braun, (5) 6-10 (15) × (2) 2,5-3,5 (4) µm, auf etwa 1,5-2 µm an der Spitze verjüngt, mit einer geraden bis leicht trichterförmigen oder breit trichterförmigen Collarette; Konidien in langen Ketten, hell braun bis braun, in Masse dunkel braun bis schwarzbraun, zylindrisch bis oval-fassförmig, glatt, 2,5-3,5 (4) × 1,5-2,5 (3) µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; (unbekannt). Der Stamm JW076p5 wurde von einer Nagelmykose isoliert, konnte aber keiner der bisher beschriebenen Arten oder Gattungen zugeordnet werden (Stand 2014). Genetisch nahverwandte Gattungen wie *Phialemonium* W. Gams & McGinnis, *Cephalotheca* Fuckel oder *Cryptendoxyla* Malloch & Cain sind saprotrophe, häufig von verrottendem Holz oder anderen pflanzlichen Materialien isolierte Organismen und in der Literatur ebenfalls als primäre Verursacher bzw. opportunistische Erreger und sekundäre Besiedler unterschiedlicher Mykosen dokumentiert worden (de Hoog et al. 2014; Hong et al. 2012; Lysková et al. 2014; Perdomo et al. 2011a; Perdomo et al. 2013; Suh et al. 2006; Yaguchi et al. 2006).

### **Untersuchtes Material**

**JW076P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (41 Jahre) mit einer Dermatomykose und einer Onychomykose der großen Zehennägel beider Füße; gesammelt am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 20.03.2011 einmal aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW076p5 subkultiviert.

### Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenz des Stammes JW076p5 (ITS: 573 bp, LSU: 584 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Isolaten der Arten *Cephalotheca sulfurea* Fuckel, *Cryptendoxyla hypophloia* Malloch & Cain, *Phialemonium atrogriseum* (Panas.) D. García, Perdomo, Gené, Cano & Guarro, *Phialemonium obovatum* W. Gams & McGinnis und mit verschiedenen als *Scopulariopsis murina* Samson & Klopotek klassifizierten Isolaten (Tab. 254-257).

**Tabelle 254: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW076p5 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Scopulariopsis murina</i> (HDN13-409)	93 %	99 % (532/536)	2	KF986441
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CCF 4522)	99 %	87 % (499/576)	24	HG518411
<i>Phialemonium atrogriseum</i> (JCM 23068)	99 %	84 % (479/571)	31	AB540569
<i>Phialemonium obovatum</i> (CBS 116.74)	98 %	84 % (478/572)	34	AB278186

**Tabelle 255: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW076p5 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (WM 10.89)	99 %	99 % (583/584)	1	HQ014708
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 508.70)	99 %	96 % (567/589)	7	AB191032
<i>Cephalotheca sulfurea</i> (AH1001 3A)	99 %	94 % (552/585)	3	KC311468
<i>Phialemonium obovatum</i> (CBS 400.83)	99 %	94 % (549/585)	3	AB278189

**Tabelle 256: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW076p5 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Scopulariopsis murina</i> (LF064)	81,8 %	99,3 % (466/469)	1	FR822770
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 661.93)	98,9 %	82,8 % (478/577)	25	HG518412
<i>Phialemonium obovatum</i> (CBS 279.76)	56 %	85,7 % (275/321)	5	--
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 509.70)	83,6 %	84,5 % (405/479)	16	--

**Tabelle 257: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW076p5 (MycoBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 138.78)	99,8 %	96,1 % (565/588)	5	AB191031
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 796.84)	99,8 %	96,1 % (565/588)	5	AB191035
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 661.93)	99,8 %	96,1 % (560/589)	6	AB191034
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 509.70)	99,8 %	95,9 % (564/588)	5	--

**Tabelle 258: Molekulare Distanzen basierend auf der ITS nrDNA Sequenz der Isolate JW074p5, JW076p5 und weiteren Sequenzen von Arten der Gattungen *Cephalotheca*, *Cryptendoxyla*, *Lecythophora*, *Phialemonium* und von einem als *Scopulariopsis murina* klassifiziertem Isolat. Die Analyse beruht auf einem finalen Datensatz von 418 informativen Positionen, alle Bereiche mit Lücken oder fehlenden Daten wurden entfernt. Die Anzahl von Basensubstitutionen pro Position wurde mit MEGA6 unter Verwendung des Kimura 2-Parameter Modells und einer Gamma-Verteilung von 0,3 ermittelt (Kimura 1980; Tamura et al. 2013).**

Art (Stamm)	Molekulare Distanzen (Substitutionen pro Position)									
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. JW076p5										
2. JW074p5	0,00									
3. „ <i>Scopulariopsis murina</i> “ (HDN13-409)	0,00	0,00								
4. <i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CCF 4522)	0,14	0,14	0,14							
5. <i>Phialemonium obovatum</i> (CBS 279.76)	0,18	0,18	0,17	0,29						
6. <i>Phialemonium inflatum</i> (H34)	0,19	0,19	0,19	0,25	0,16					
7. <i>Cephalotheca sulfurea</i> (CBS 135.34)	0,20	0,20	0,19	0,25	0,19	0,02				
8. <i>Cephalotheca foveolata</i> (IFM 53377)	0,20	0,20	0,19	0,26	0,05	0,12	0,13			
9. <i>Phialemonium atrogriseum</i> (CBS 604.67)	0,20	0,20	0,19	0,23	0,13	0,10	0,11	0,08		
10. <i>Lecythophora lignicola</i> (CBS 267.33)	0,40	0,40	0,39	0,57	0,41	0,33	0,34	0,37	0,41	
11. <i>Lecythophora hoffmannii</i> (CBS 245.38)	0,41	0,41	0,40	0,57	0,39	0,37	0,37	0,40	0,41	0,04

**Tabelle 259: Molekulare Distanzen basierend auf der LSU nrDNA Sequenz der Isolate JW074p5, JW076p5 und weiteren Sequenzen von Arten der Gattungen *Acremonium*, *Cephalotheca*, *Cryptendoxyla*, *Lecythophora*, *Leucosphaerina* und *Phialemonium*. Die Analyse beruht auf einem finalen Datensatz von 512 informativen Positionen, alle Bereiche mit Lücken oder fehlenden Daten wurden entfernt. Die Anzahl von Basensubstitutionen pro Position wurde mit MEGA6 unter Verwendung des Tamura 3-Parameter Modells und einer Gamma-Verteilung von 0,65 ermittelt (Tamura 1992; Tamura et al. 2013).**

Art (Stamm)	Molekulare Distanzen (Substitutionen pro Position)											
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.	11.	12.
1. JW074p5												
2. JW076p5	0,01											
3. <i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 508.70)	0,04	0,04										
4. <i>Cephalotheca sulfurea</i> (CBS 135.34)	0,07	0,06	0,06									
5. <i>Cephalotheca foveolata</i> (IFM 53377)	0,07	0,08	0,08	0,05								
6. <i>Phialemonium obovatum</i> (CBS 400.83)	0,07	0,07	0,07	0,04	0,02							
7. <i>Phialemonium atrogriseum</i> (CBS 252.68)	0,07	0,07	0,08	0,05	0,05	0,03						
8. <i>Lecythophora hoffmannii</i> (CBS 245.38)	0,10	0,10	0,11	0,11	0,14	0,12	0,11					
9. <i>Lecythophora lignicola</i> (CBS 267.33)	0,11	0,10	0,13	0,13	0,15	0,13	0,12	0,03				
10. <i>Acremonium borodinense</i> (CBS 101148)	0,14	0,13	0,14	0,17	0,17	0,17	0,19	0,15	0,15			
11. <i>Acremonium blochii</i> (CBS 993.69)	0,15	0,14	0,14	0,17	0,17	0,16	0,18	0,14	0,15	0,02		
12. <i>Leucosphaerina arxii</i> (CBS 737.84)	0,15	0,13	0,15	0,16	0,16	0,16	0,18	0,12	0,13	0,02	0,01	
13. <i>Acremonium hennebertii</i> (CBS 768.69)	0,18	0,16	0,17	0,18	0,18	0,17	0,20	0,15	0,17	0,08	0,05	0,05

## Diskussion

Die taxonomische Klassifizierung des Isolates JW076p5 basiert auf molekularen Daten und morphologischen Merkmalen. So bildete das Isolat olivbraunschwarze moderat wachsende Kolonien und pigmentierte, einfache bis komplexe Konidiophore mit bauchigen, penicillat angeordneten, *Phialophora*-artigen Phialiden auf kurzen Trägerzellen und oval-zylindrische Konidien. Das Isolat unterscheidet sich aber von den Gattungen

*Phialophora* Medlar und *Cadophora* Lagerb. & Melin sowie weiteren morphologisch ähnlichen Gattungen durch die Bildung von trockenen Konidien in Ketten und komplexer gebauten Konidiophoren (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Gams 2000; Seifert et al. 2011). Die untersuchten nrDNA-Sequenzabschnitte des Stammes JW076p5 zeigten, ebenso wie die nrDNA-Sequenzen des Isolates JW074p5 die größte Übereinstimmung mit Sequenzen unterschiedlicher Arten der Cephalothecaceae, wie *Cryptendoxyla hypophloia*, *Cephalotheca foveolata*, *Cephalotheca sulfurea*, *Phialemonium atrogriseum*, *Phialemonium obovatum* und mit Sequenzen verschiedener als *Scopulariopsis murina* klassifizierter Isolate (Tab. 254-257). Wobei die ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW076p5 die größte Übereinstimmung (99 %) mit den Sequenzen der als *Scopulariopsis murina* klassifizierten Isolate zeigte, während die nrDNA-Sequenzen der Arten *C. hypophloia* (83-87 %), *P. atrogriseum* (84 %) und *P. obovatum* (84 %) eine deutlich geringere Übereinstimmung der untersuchten DNA-Regionen aufwiesen (Tab. 254, 256). Allerdings zeigte der nrDNA-Sequenzabschnitt der als *S. murina* klassifizierten Isolate HDN13-409 und LF064 bei einem Vergleich mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken keine Übereinstimmung mit DNA-Sequenzen von verifizierten Stämmen der Art *S. murina* oder anderen Arten und Gattungen der Microascales, sondern die Assoziation der DNA-Sequenz mit verschiedenen Isolaten der Sordariales. In phylogenetischen Analysen basierend auf ITS nrDNA Sequenzdaten erfolgte ebenfalls eine Gruppierung des Stammes HDN13-409 innerhalb der Sordariales, was nahe legt, dass es sich bei den entsprechenden Isolaten nicht um Stämme der Art *S. murina* handelt (Abb. 109). Der Vergleich des LSU nrDNA-Abschnittes des Isolates JW076p5 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 96 - 99 Prozent mit Sequenzen von Stämmen der Art *Cryptendoxyla hypophloia* und eine Übereinstimmung von 94 Prozent mit Stämmen der Arten *Cephalotheca sulfurea* und *Phialemonium obovatum* (Tab. 255-257) und bestätigte so die molekulare Verwandtschaft des Isolates JW076p5 mit den Gattungen *Cephalotheca*, *Cryptendoxyla* und *Phialemonium*. Das Isolat JW075p6 unterscheidet sich allerdings durch die Bildung von penicillaten Konidiophoren und Konidien in langen, trockenen Ketten von den genannten Gattungen und zusätzlich durch das Fehlen eines teleomorphen Stadiums von den Gattungen *Cephalotheca* und *Cryptendoxyla* (Chesters 1935; de Hoog et al. 2014; Gams 2000; Malloch und Cain 1970; Perdomo et al. 2011b; Perdomo et al. 2013).

Der direkte Vergleich alignierter Sequenzen der ITS und LSU nrDNA verschiedener ausgewählter Arten der Cephalothecaceae und weiterer taxonomischer Gruppen zeigte



ebenfalls die größte Übereinstimmung der nrDNA-Sequenzen des Isolates JW076p5 mit den Sequenzabschnitten des Stammes JW074p5 und den als *S. murina* klassifizierten Isolaten (vertreten durch „*Scopulariopsis murina*“ HDN13-409) (Tab. 258-259). Die beobachteten Differenzen der nrDNA Sequenzabschnitte der *Cryptendoxyla hypophloia* Stämme CBS 508.70, CCF 4522 und des Isolates JW076p5 bestätigten die molekulare Verwandtschaft der Stämme JW076p5 und JW074p5 mit der Gattung *Cryptendoxyla* und unterstützten eine Einordnung der Isolate in die Cephalothecaceae (Tab. 259). In phylogenetischen Analysen basierend auf ITS und LSU nrDNA-Sequenzen formte das Isolat JW076p5 gemeinsam mit dem Stamm JW074p5 eine eigene mit der Art *Cryptendoxyla hypophloia* assoziierte Gruppe innerhalb der Cephalothecaceae (Abb. 109, 110), was ebenfalls eine taxonomische Gruppierung des Isolates innerhalb der Cephalothecaceae unterstützte und auf Grund der isolierten Position nahe legt, dass es sich bei den Stämmen JW076p5 und JW074p5 und den fälschlicherweise als *Scopulariopsis murina* klassifizierten Isolaten möglicherweise um Vertreter einer bisher nicht wissenschaftlich beschriebenen Gattung innerhalb der Cephalothecaceae handeln könnte. Für eine abschließende taxonomische Beurteilung der Isolate JW076p5 und JW074p5 müsste allerdings der direkte Vergleich morphologischer Strukturen und weiterer DNA-Regionen lebender Stämme von Arten der Gattungen *Cryptendoxyla*, *Lecythophora*, *Phialemonium*, *Phialemoniopsis*, sowie mit den als *Scopulariopsis murina* klassifizierten Isolaten durchgeführt werden.

Aus dem Probenmaterial der untersuchten Läsion JW076P konnten neben dem Isolat JW076p5 vier weitere Pilzstämme kultiviert werden. So wurden ebenfalls ein Stamm der Art *Microascus cinereus* (JW076p1), zwei Arten der Gattung *Candida*, *Candida duobushaemulonii* (JW076p2) und *Candida tropicalis* (JW076p4), und ein Isolat der Art *Lophotrichus bartlettii* (JW076p6) isoliert. *M. cinereus* ist der einzige der von der Läsion isolierten Pilze, der in der Literatur als primärer Verursacher von Nagelmykosen dokumentiert ist (de Hoog et al. 2014). *C. duobushaemulonii* und *C. tropicalis* sind überwiegend als opportunistische Krankheitserreger und Verursacher von systemischen Mykosen bei immunsupprimierten Personen beschrieben worden (de Hoog et al. 2014). Allerdings sind auch Fälle von Haut- und Nagelmykosen, sowie die sekundäre Besiedlung bereits existierender Läsionen dokumentiert worden (Chun et al. 2004; de Hoog et al. 2014; Gargeya et al. 1991). Als wahrscheinlichster Verursacher der Läsion ist *M. cinereus* anzunehmen. Inwieweit der Stamm JW076p5 oder andere der isolierten Organismen als sekundäre Besiedler oder Mitverursacher der Läsionen betrachtet werden

können, müsste durch eine weitere Beprobung der Läsion überprüft werden (Daniel et al. 1998; Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

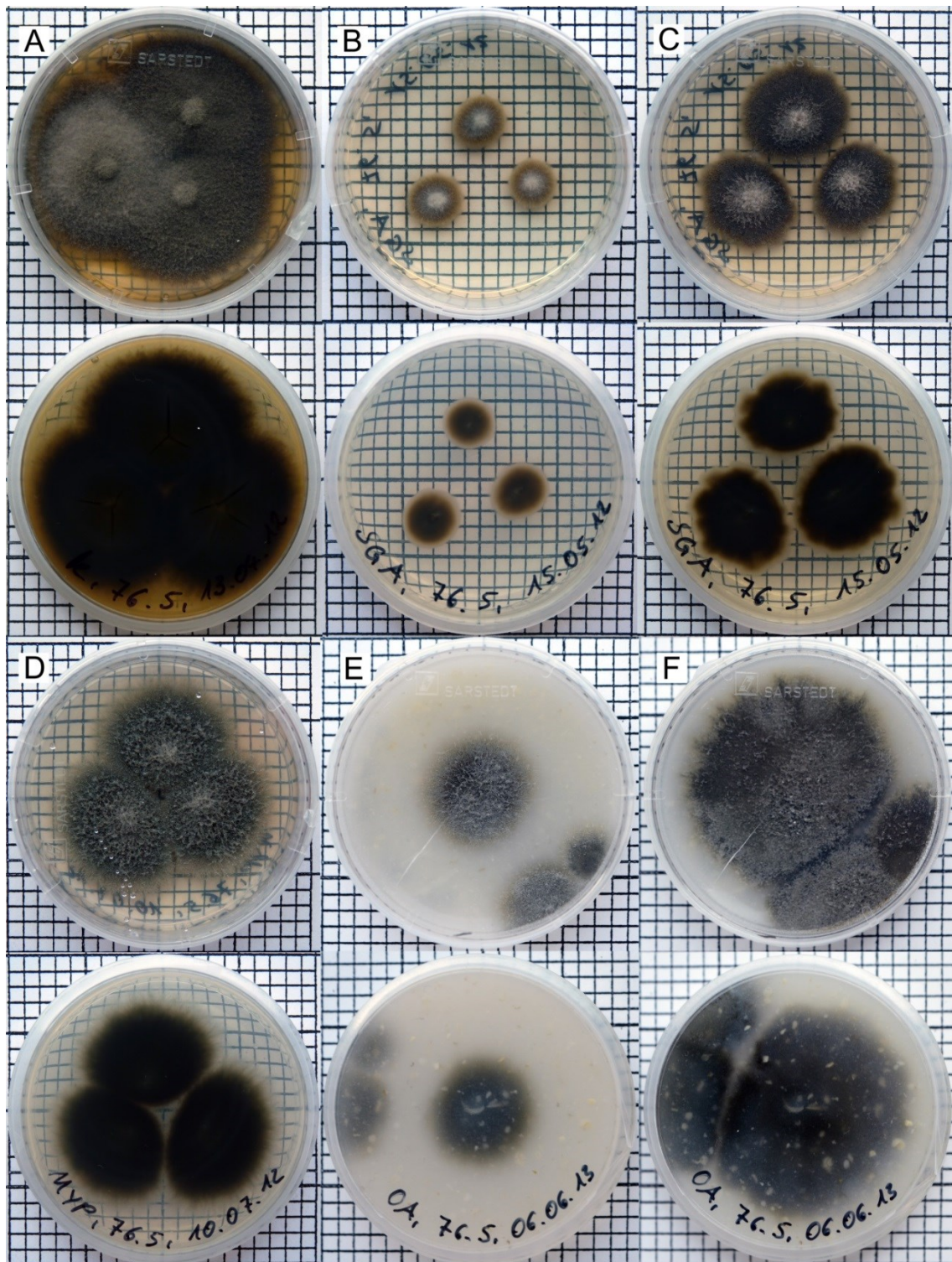
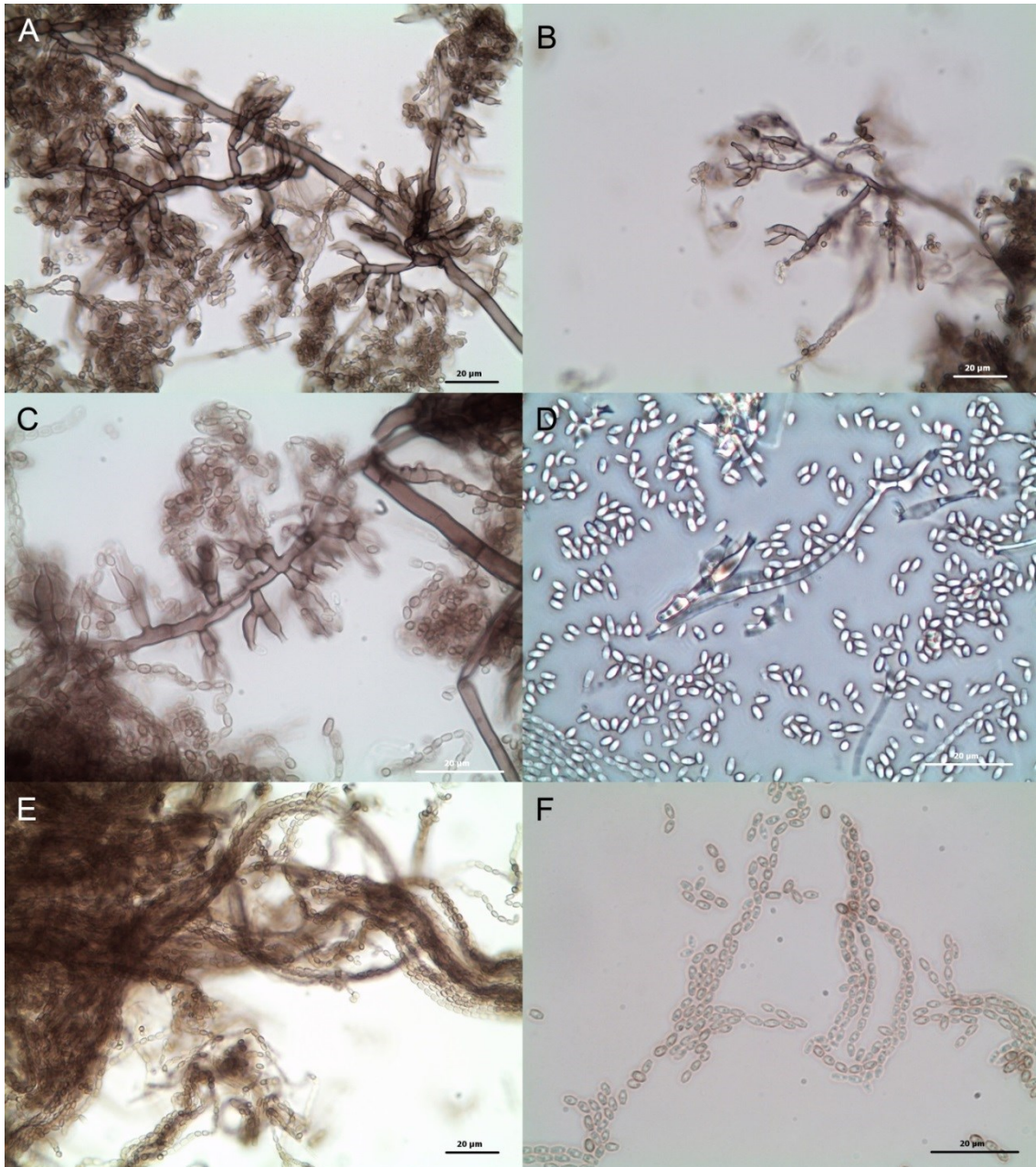
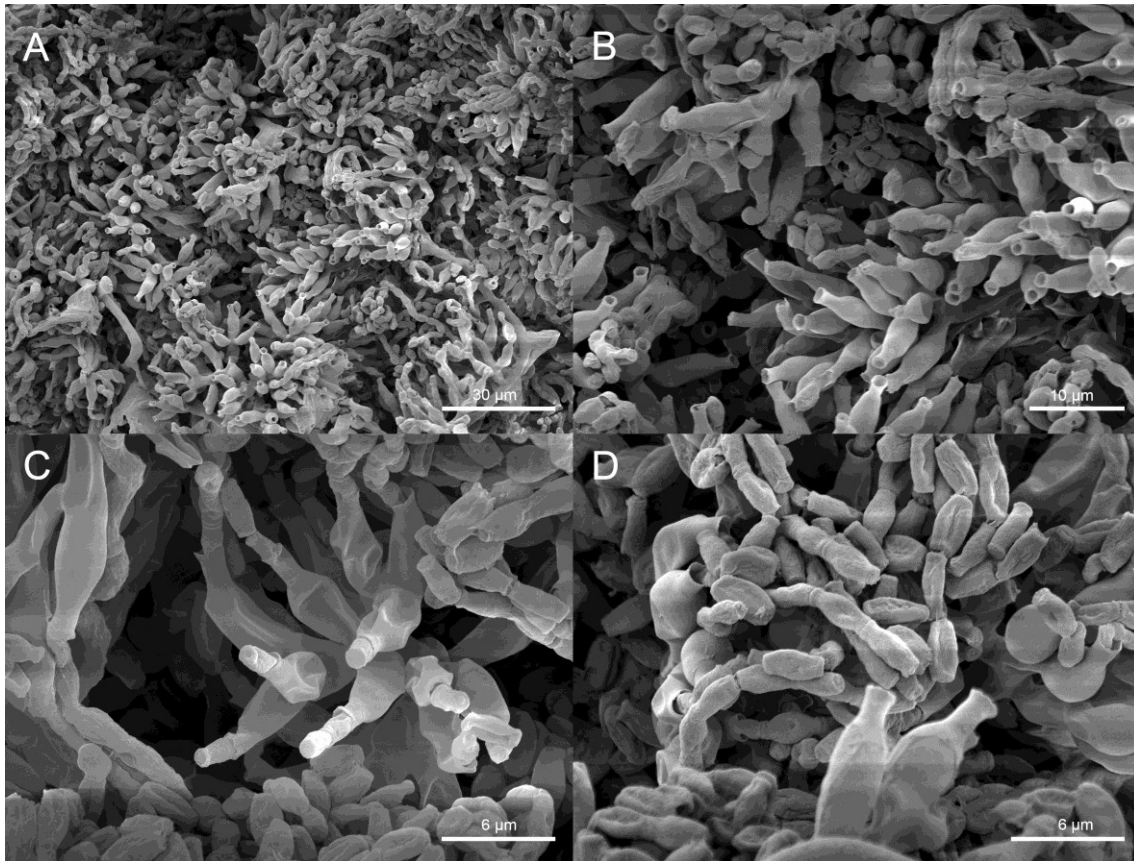


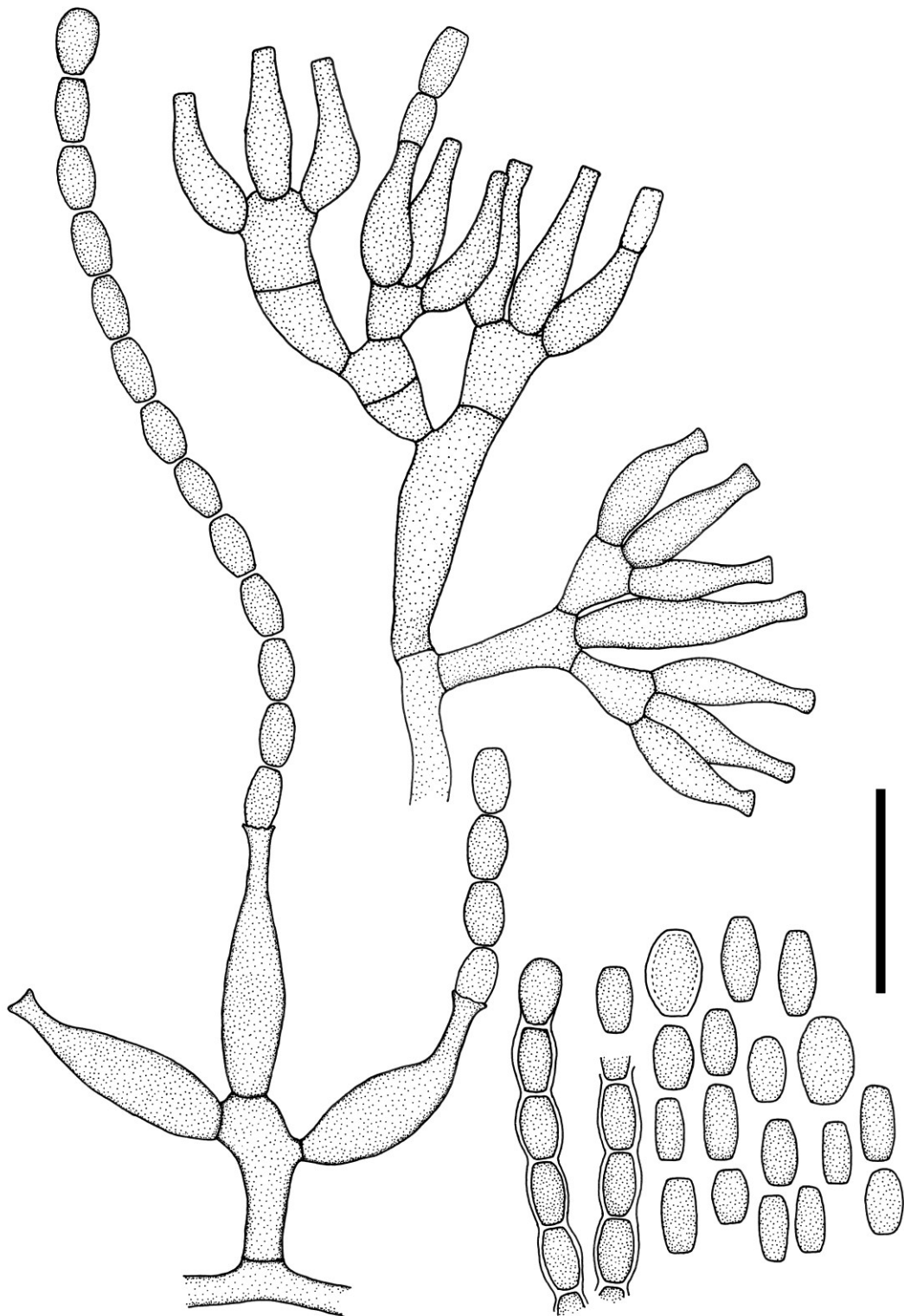
Abbildung 115: Kulturen von JW076p5 auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d).



**Abbildung 116: Mikromorphologische Strukturen von JW076p5. A-D: Konidiophore. A, C: Phialiden mit geraden tunnel-förmigen Collaretten. B, D: Phialiden mit trichter-förmigen Collaretten (D: Phasenkontrast). E: Konidienketten. F: Freie Konidien. A-F: Maßstab = 20 µm.**



**Abbildung 117: REM-Aufnahmen morphologischer Strukturen des Isolates JW076p5. A: Konidio-  
phore mit penicillat angeordneten Phialiden, Maßstab = 30 µm. B: Phialiden, Maßstab = 10 µm. C:  
Phialiden mit Konidien, Maßstab = 6 µm. D: Phialiden und Konidien in Ketten, Maßstab = 6 µm.**



**Abbildung 118: Stamm JW076p5. A: Konidiophore mit penicillat angeordneten Phialiden und Konidien in Ketten. B: Konidien in Ketten und freie Konidien. Maßstab = 10 µm.**

***Chaetomium*** Kunze ex Fr.

Kunze, Mykologische Hefte 1 (1817): 15.

Fr., Syst. mycol. 3 (1829): 253.

Typus: *Chaetomium globosum* Kunze ex Fr.

Anamorph: Bei den meisten Arten erfolgt keine Ausbildung eines anamorphen Stadiums (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Guarro et al. 2012). Für einige Arten wurde jedoch die Existenz eines *Acremonium*-, *Humicola*-, *Histoplasma*- oder *Scopulariopsis*-artigen anamorphen Stadiums oder die Bildung eines *Botryotrichum* Anamorphs beschrieben (Domsch et al. 2007; Glenn et al. 1996; Guarro et al. 2012).

Synonyme

*Achaetomiella* Arx, Gen. Fungi Sporul. Cult. (1970): 247.

*Bolacotricha* Berk. & Broome, Ann. Mag. nat. Hist. 7 (1851): 97.

*Botryotrichum* Sacc. & Marchal, in Marchal, Bull. Soc. R. Bot. Belg. 24 (1885): 66.

*Chaetomiotricha* Peyronel, Annl. Mycol. 12 (1914): 462.

*Cladochaete* Sacc., Annl. Mycol. 10 (1912): 318.

*Farrowia* D. Hawksw., Persoonia 8 (1975): 173.

*Vanhallia* L. Marchand, Bijdr. Natuurk. Wetensch. (1828): 261.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Sordariomycetidae

Ordnung: Sordariales

Familie: Chaetomiaceae

(Synonyme und Systematik nach Guarro et al. 2012, IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Chaetomium* wurde von Kunze (1817) basierend auf der Typusart *Chaetomium globosum* aufgestellt, von Fries (1829) sanktioniert und von Arx et al. (1986) anhand morphologischer Merkmale revidiert und beinhaltet aktuell etwa 105 akzeptierte Arten (Guarro et al. 2012; von Arx et al. 1986) und 412 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 427 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen.

### **Koloniemorphologie**

Bildung von rasch wachsenden, wattigen bis filzig wolligen oder samtigen, schmutzig weißen, gelblichen, rosafarbenen oder grau bis olivbraun pigmentierten Kolonien (de Hoog et al. 2014; Guarro et al. 2012).

## Mikromorphologie

Arten der Gattung *Chaetomium* sind durch die superfizielle, globose bis pyriforme, ostiolate Ascomata (Perithezien) mit Seten, keulenförmige, zylindrische oder obovate Asci mit meist acht Ascosporen und dunkel pigmentierte, glatte und einzellige Ascosporen mit ein oder zwei Keimporen charakterisiert. Die Sporenfreisetzung aus den Perithezien erfolgt als Cirri oder unter Bildung einer lokalen Sporenmasse (de Hoog et al. 2014; Guarro et al. 2012).

## Pathogenität und Ökologie

BSL-1; Arten der Gattung *Chaetomium* wurden als opportunistische Erreger und Verursacher von kutanen und subkutanen Infektionen der Haut und Nagelmykosen dokumentiert (de Hoog et al. 2014) und sind saprotrophe, cellulolytische und keratinophile Organismen mit einer weltweiten Verbreitung (Guarro et al. 2012).

## Isolierte Arten

Es wurden vier Stämme aus zwei Läsionen isoliert, die basierend auf morphologischen Merkmalen der Gattung *Chaetomium* zugeordnet werden konnten (Tab. 9). Die isolierten Stämme wurden basierend auf morphologischen und molekularen Merkmalen unter Verwendung der taxonomischen Schlüssel in de Hoog et al. (2014), Domsch et al. (2007), Guarro et al. (2012) und nrDNA Sequenzdaten als *Chaetomium globosum* klassifiziert (Tab. 10).

***Chaetomium globosum*** Kunze ex Fr.

**Abb. 119-121**

Systema Mycologicum 3 (1829): 1-260.

Synonyme

*Chaetomium globosum* Kunze, in Kunze und Schmidt, Mykologische Hefte 1 (1817): 15.

*Chaetomidium barbatum* Traaen, Nytt Magazin for Naturvidenskapene 52 (1914): 19.

*Chaetomium affine* Corda, Icones fungorum hucusque cognitorum 4 (1840): 37.

*Chaetomium chartarum* Ehrenb., Sylv. mycol. berol. (Berlin) 15 (1818): 27 (1818).

*Chaetomium chlorinum* (Sacc.) Grove, J. Bot., Lond. 50 (1912): 47.

*Chaetomium chlorinum* var. *chlorinum* (Sacc.) Grove, J. Bot., Lond. 50 (1912): 47.

*Chaetomium chlorinum* var. *rufipilum* Grove, J. Bot., Lond. 50 (1912): 47.

*Chaetomium coarctatum* Sergeeva, Not. syst. Pl. non-vasc. (1961): 146.

*Chaetomium cochliodes* Palliser, North American Flora 3 (1910): 61.  
*Chaetomium fibripilium* L.M. Ames, Mycologia 42 (1950): 642.  
*Chaetomium fieberi* var. *chlorina* Sacc., Michelia 1 (1877): 27.  
*Chaetomium fieberi* var. *rufipilum* (Grove) Sacc., Syll. fung. (Abellini) 24(1928): 839.  
*Chaetomium globosum* var. *affine* Tschudy.  
*Chaetomium globosum* var. *arhizoides* Dreyfuss, Sydowia 28 (1976): 88.  
*Chaetomium globosum* var. *flavoviride* E.K. Novák, Annals Univ. Scient. bpest. Rolando Eötvös, Section biol. 8 (1966): 207.  
*Chaetomium globosum* var. *griseum* E.K. Novák, Annals Univ. Scient. bpest. Rolando Eötvös, Section biol. 8 (1966): 207.  
*Chaetomium globosum* var. *ochraceoides* Dreyfuss, Sydowia 28 (1976): 87.  
*Chaetomium globosum* var. *rectum* Dreyfuss, Sydowia 28(1976): 881.  
*Chaetomium kunzeanum* var. *chlorina* Sacc.  
*Chaetomium kunzeanum* var. *kunzeanum* Zopf (1881).  
*Chaetomium kunzeanum* Zopf (1881)  
*Chaetomium lusitanicum* M.R.M. Gomes, Estudos e Informação (1953): 3.  
*Chaetomium mollipilium* L.M. Ames, Mycologia 42 (1950): 644.  
*Chaetomium ochraceum* Tschudy, Am. J. Bot. 24 (1937): 472.  
*Chaetomium olivaceum* Cooke & Ellis, Grevillea 6 (1878): 96.  
*Chaetomium rectum* Sergeeva, Not. syst. Pl. non-vasc. (1961): 143.  
*Chaetomium spiculipilium* L.M. Ames, A monograph of the Chaetomiaceae (1963): 37.  
*Chaetomium spirale* Zopf, Nova Acta Academiae Caesareae Leopoldino-Carolinae Germanicae Naturae Curiosorum 42 (1881): 275.  
*Chaetomium subglobosum* Sergeeva, Not. syst. Pl. non-vasc. (1960): 172.  
*Chaetomium subterraneum* Swift & Povah, Mycologia 21 (1929): 210.

Abteilung: Ascomycota

Klasse: Sordariomycetes

Unterklasse: Sordariomycetidae

Ordnung: Sordariales

Familie: Chaetomiaceae

Gattung: *Chaetomium*

(Synonyme und Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

## Koloniemorphologie

**Kimmig:** erhabene oder anliegende, emerse, rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 60 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien weiß, mit Bildung eines in das Nährmedium diffundierenden, gelblichen bis rötlichen Pigments, wattig wollig,



überwiegend steril, vereinzelt erfolgt in alten Kolonien (> 3 Monate) die Bildung von einzelnen Perithezien; Kolonierückseite hell cremefarben.

**SGA:** flache oder erhabene, rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 70 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien weiß bis cremefarben, mit Bildung und Diffusion eines hell gelbbraunen bis rötlichen Pigments, mit deutlichen Verfärbung des Nährmediums, wattig wollig bis filzig wollig, überwiegend steril, vereinzelt erfolgt in alten Kolonien (> 2 Monate) die Bildung von einzelnen Perithezien; Kolonierückseite hell cremefarben.

**OA:** anliegende, überwiegend submerse, rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von ca. 80 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien hell grau bis hell olivgrau, mit Bildung eines in das Nährsubstrat diffundierenden, oliv gelblichen bis rötlichen Pigments, mit dünner, filzig wolligen Kolonieoberfläche, einem weißen, wattig wolligem Zentrum und der Bildung zahlreicher dunkel gefärbter, haariger Perithezien, ältere Kolonien dunkler gefärbt, häufig mit einer Schicht aus Ascomata bedeckt; Kolonierückseite hell bis olivfarben.

**MYP:** flache bis leicht erhabene, rasch wachsende Kolonien mit einem Durchmesser von 60 bis 90 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien schmutzig weiß bis cremefarben, mit Diffusion eines gelblich braun bis rotbraun gefärbten Pigments in das Nährmedium, filzig wollig, vereinzelt mit spärlicher Ausbildung von Luftmyzel und verstärktem submersen Wachstum, Bildung von Perithezien oft reduziert und überwiegend in den Randbereichen der Kolonie; Kolonierückseite hell cremefarben.

### **Mikromorphologie**

Hyphen subhyalin bis hell olivfarben, septiert, bis 3 µm breit; kein asexuelles Stadium vorhanden; Perithezien superfiziell, dunkel braun bis schwarzbraunoliv, rundlich, oval bis ovoid, (150) 170-200 × 100-200 µm, mit zahlreichen apikalen und lateralen Seten; Seten bräunlich, unverzweigt, spiralg oder gewellt, septiert, warzig, bis 500 µm lang; Asci länglich oval bis keulenförmig, 25-40 × 10-15 µm, mit 8 Ascosporen; Ascosporen hell braun, oval bis zitronenförmig, (8) 8,5-10,5 (12) × (5) 6-7,5 (8) µm, mit jeweils einem apikalen Keimporus.

## **Pathogenität und Ökologie**

BSL-1; *Chaetomium globosum* wurde als Verursacher von Nagelmykosen, kutanen und subkutanen Hautläsionen und verschiedenen opportunistischen Infektionen dokumentiert (de Hoog et al. 2014; Falcón et al. 2009; Hattori et al. 2000; Kim et al. 2013; Lagacé und Cellier 2012). *C. globosum* ist ein saprotropher, cellulolytischer und keratinophiler Organismus mit einer weltweiten Verbreitung (Guarro et al. 2012).

## **Untersuchtes Material**

**JW039P:** Haut- und Nagelproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (39 Jahre) mit einer Tinea pedis und einer Onychomykose des großen Zehennagels des rechten Fußes. Das Material wurde am 15.09.2009 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama gesammelt. Der Pilz wurde am 09.11.2009 einmal aus Haut- und zweimal aus Nagelproben auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW039p3 (Haut), JW039p4 und JW039p7 (Nagel) subkultiviert.

**JW070P:** Nagelmaterial von einer sonst gesunden, männlichen Person (40) mit einer total dystrophischen Onychomykose des großen Zehennagels des rechten Fußes, gesammelt am 26.01.2011 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 20.03.2011 zweimal aus Probenmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW070p1 und JW070p2 subkultiviert.

## **Molekulare Identifizierung (Barcoding)**

Der Vergleich der Sequenzen der ITS und LSU nrDNA des Isolates JW039p4 (ITS: 615 bp, LSU: 591 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung der untersuchten nrDNA-Regionen von 100 Prozent mit Sequenzen verschiedener Stämme der Art *Chaetomium globosum* und mit einem als *Chaetomium murorum* Corda klassifizierten Stamm (Tab. 260-263). Der direkte Vergleich alignierter DNA-Sequenzen des Isolates JW039p4 mit in GenBank vorhandenen Sequenzen der Art *C. globosum* und *C. murorum* wies ebenfalls eine Übereinstimmung der ITS-Region des Isolates JW039p4 von 100 Prozent mit Isolaten der Art *C. globosum* auf (Tab. 264).

**Tabelle 260: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW039p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Chaetomium murorum</i> (UOA/HCPF 9860)	97 %	100 % (600/600)	0	GQ376100
<i>Chaetomium globosum</i> (IFM 55623)	96 %	100 % (600/600)	0	AB449671
<i>Chaetomium globosum</i> (IFM 52186)	96 %	100 % (600/600)	0	AB449668
<i>Chaetomium globosum</i> (IFM 50667)	96 %	100 % (600/600)	0	AB449666

**Tabelle 261: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW039p4 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Chaetomium globosum</i> (ATCC 6205)	98 %	100 % (582/582)	0	KC146368
<i>Chaetomium globosum</i> (CBS 164.62)	98 %	100 % (582/582)	0	JN209920
<i>Chaetomium globosum</i> (CGMCC 3.12919)	98 %	100 % (582/582)	0	JN209919
<i>Chaetomium globosum</i> (CGMCC 3.12915)	98 %	100 % (582/582)	0	JN209918

**Tabelle 262: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW039p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Chaetomium murorum</i> (UOA/HCPF 9860)	97,6 %	100 % (600/600)	0	GQ376100
<i>Chaetomium globosum</i> var. <i>rectum</i> (CBS 164.88)	95 %	100 % (586/586)	0	--
<i>Chaetomium globosum</i> (CBS 724.84)	94 %	100 % 580/580	0	AB449665
<i>Chaetomium globosum</i> (IFM 40875)	94 %	100 % (580/580)	0	AB449660

**Tabelle 263: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW039p4 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Chaetomium globosum</i> (CBS 142.88)	100 %	100 % (591/591)	0	--
<i>Chaetomium globosum</i> var. <i>flavoviride</i> (CBS 734.84)	100 %	100 % (591/591)	0	--
<i>Chaetomium globosum</i> var. <i>griseum</i> (CBS 725.84)	100 %	100 % (591/591)	0	--
<i>Chaetomium globosum</i> (CBS 545.83)	100 %	100 % (591/591)	0	--

**Tabelle 264: Molekulare Distanzen basierend auf der ITS nrDNA Sequenz ausgewählter Stämme von *Chaetomium globosum* und *Chaetomium murorum* (Tab. 280). Die Analyse beruht auf einem finalen Datensatz von 488 informativen Positionen, alle Bereiche mit Lücken oder fehlenden Daten wurden aus dem Datensatz entfernt. Die Anzahl von Basensubstitutionen pro Position wurde mit MEGA6 unter Verwendung des Jukes-Cantor Modells ermittelt (Jukes und Cantor 1964; Tamura et al. 2013).**

Art (Stamm)	Molekulare Distanzen (Substitutionen pro Position)											
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.	11.	12.
1. <i>Chaetomium murorum</i> (C96)												
2. <i>Chaetomium murorum</i> (CBS 138.58)	0,00											
3. <i>Chaetomium murorum</i> (CBS 566.85)	0,00	0,00										
4. <i>Chaetomium murorum</i> (HMUABO 823097)	0,00	0,00	0,00									
5. <i>Chaetomium murorum</i> (UOA/HCPF 9860)	0,07	0,07	0,07	0,07								
6. <i>Chaetomium globosum</i> (BLE21)	0,07	0,07	0,07	0,07	0,00							
7. <i>Chaetomium globosum</i> (CBS 373.66)	0,06	0,06	0,06	0,06	0,01	0,01						
8. <i>Chaetomium globosum</i> (CBS 164.62)	0,07	0,07	0,07	0,07	0,00	0,00	0,01					
9. <i>Chaetomium globosum</i> (IFM 40873)	0,07	0,07	0,07	0,07	0,00	0,00	0,01	0,00				
10. <i>Chaetomium globosum</i> (8)	0,07	0,07	0,07	0,07	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00			
11. <i>Chaetomium globosum</i> (JW039p4)	0,07	0,07	0,07	0,07	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00		
12. <i>Chaetomium globosum</i> (JW070p1)	0,07	0,07	0,07	0,07	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	
13. <i>Chaetomium globosum</i> var. <i>flavoviride</i> (MUCL 39526)	0,07	0,07	0,07	0,07	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00

## Diskussion

Die Bestimmung der Isolate JW039p3, JW039p4, JW039p7, JW070p1 und JW070p2 als *Chaetomium globosum* basiert auf morphologischen und molekularen Daten (ITS und LSU nrDNA Sequenz) und phylogenetischen Analysen (Abb. 92, 93). So entsprechen die untersuchten morphologischen Strukturen in Bezug auf Form und Größe der Beschreibung von *C. globosum* in der Literatur (de Hoog et al. 2014; von Arx et al. 1986) und die sequenzierten DNA Bereiche des Isolates JW039p4 zeigten ebenfalls die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Isolaten der Art *C. globosum* (Tab. 260-264). Bei der im Rahmen der BlastSearch Ergebnisse aufgetretenen Art *C. murorum* (UOA/HCPF 9860) handelt es sich wahrscheinlich um ein falsch bestimmtes Isolat der Art *C. globosum*, da der untersuchte Bereich der ITS-Sequenz des Isolates UOA/HCPF 9860 im Gegensatz zu anderen Stämmen dieser Art eine Übereinstimmung von 100 Prozent mit Sequenzen der Art *C. globosum* aufweist (Tab. 264).

*C. globosum* ist als Verursacher von Nagelmykosen dokumentiert, allerdings wurden aus den untersuchten Läsionen neben dieser Art weitere Pilze isoliert. So konnten aus dem Material der Probe JW039P zwei Stämme der Art *Scopulariopsis carbonaria* (JW039p1, JW039p5), ein steriles Myzel (JW039p6), ein Isolat der Gattung *Candida* (JW039p8) und der anthropophile Dermatophyt *Trichophyton rubrum* (JW039p2) isoliert werden. Aus dem Material der Probe JW070P wurden neben *C. globosum*, ein steriler Pilzstamm (JW070p5) und zwei Isolate der Art *T. rubrum* (JW070p3, JW070p4) kultiviert.

Die untersuchten Läsionen stellen wahrscheinlich das Ergebnis einer primären Infektion mit *T. rubrum* und einer sekundär erfolgten Besiedlung mit *C. globosum* dar (de Hoog et al. 2014; Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012; Lagacé und Cellier 2012; Summerbell et al. 2005). Inwiefern eine Beteiligung an der Mykose bzw. eine aktive Besiedlung der Läsionen durch die ebenfalls isolierten Pilzstämme vorliegt, müsste durch weitere Probenahmen der entsprechenden Läsionen überprüft werden (Summerbell et al. 2005; Daniel et al. 1998; Gupta et al. 2001; Gupta et al. 2012).

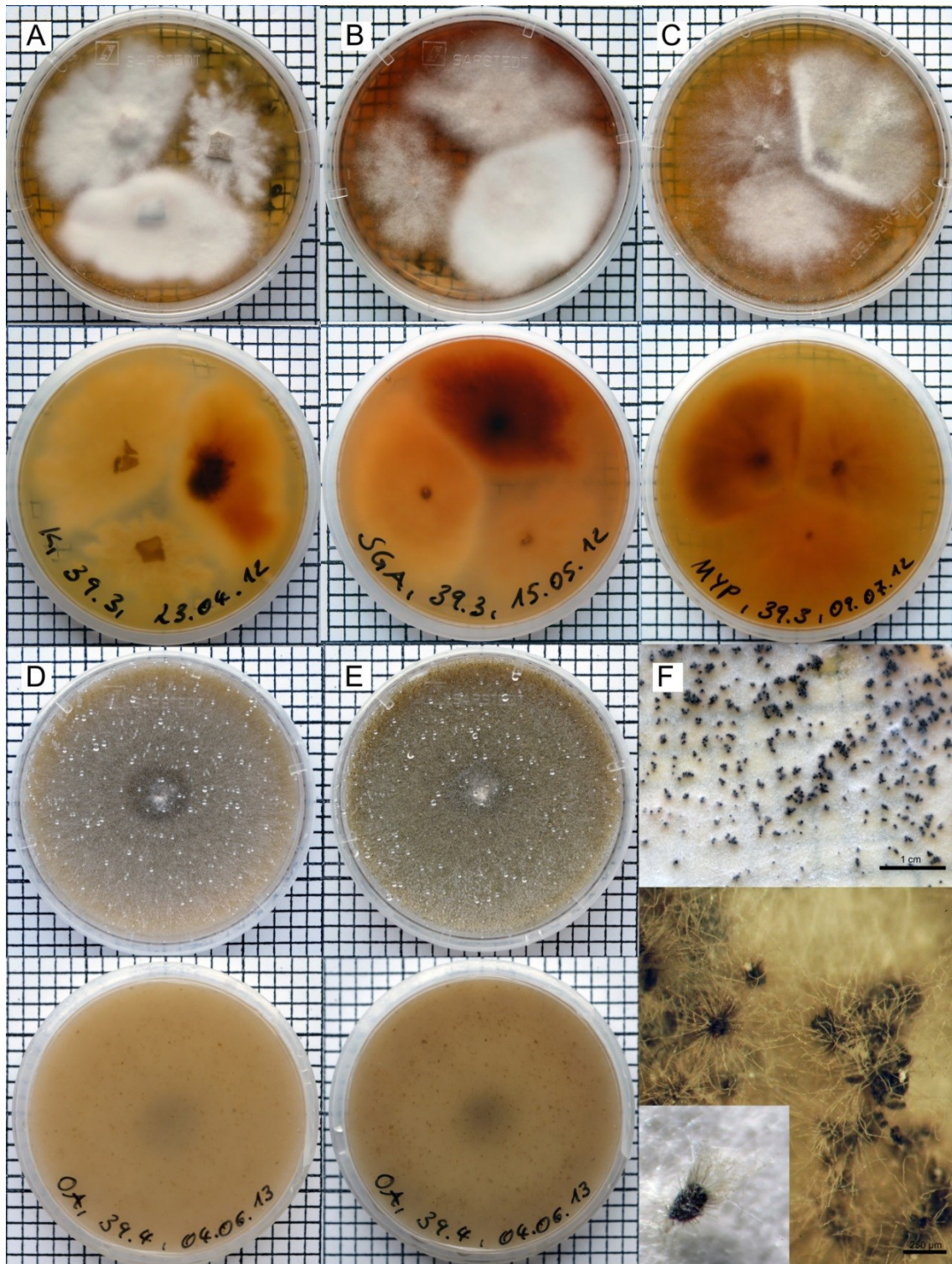
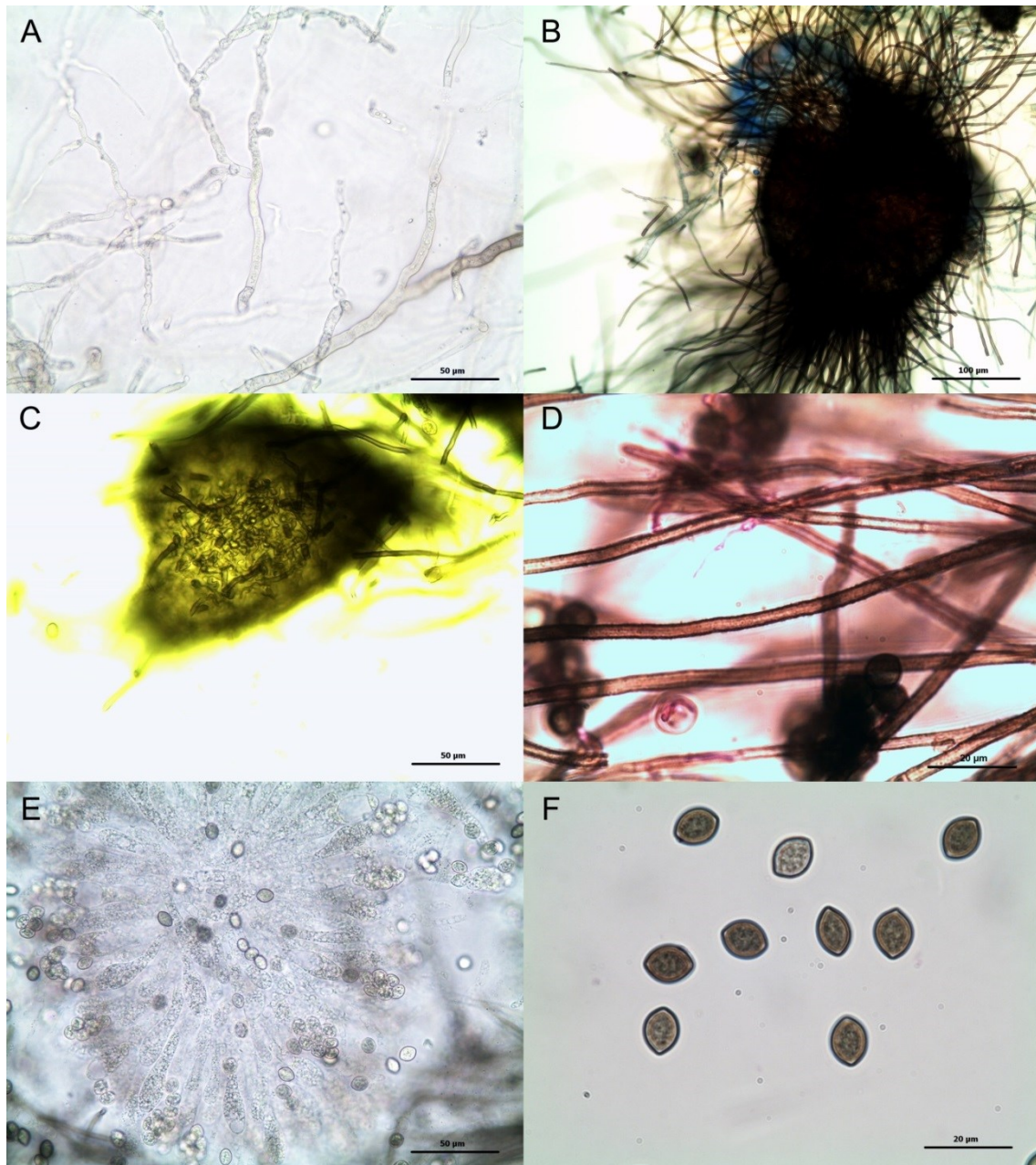


Abbildung 119: Kulturen von *Chaetomium globosum* (JW039p3, JW039p4) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (14 d). C: MYP (14 d). D: OA (10 d). E: OA (21 d). F: Kolonieoberfläche mit Perithezien (MYP) (Übersicht: Maßstab = 1 cm, Detail: Maßstab = 250 µm). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.



**Abbildung 120: Mikromorphologische Strukturen von *Chaetomium globosum* (JW039p4). A: Vegetative Hyphen. B: Perithecium mit Seten. C: Oberflächentextur (Perithecium). D: Seten (gefärbt mit Phloxin). E: Asci. F: Freie Ascosporen mit apikalen Keimporen. A, C, E: Maßstab = 50 µm. B: Maßstab = 100 µm. D, F: Maßstab = 20 µm.**

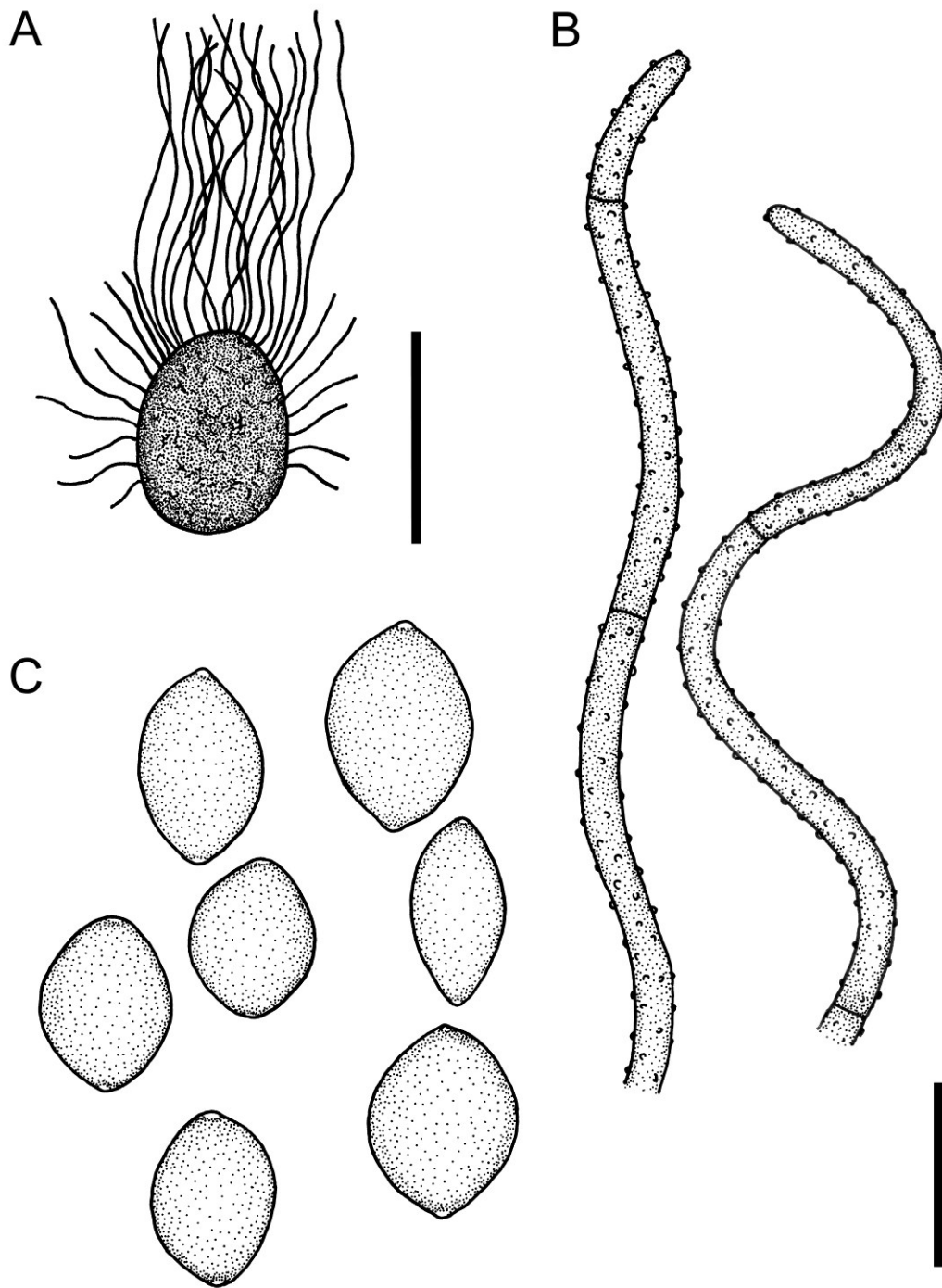


Abbildung 121: *Chaetomium globosum* (JW039p4). A: Perithecium. B: Seten. C: Ascosporen. A: Maßstab = 250 µm. B, C: Maßstab = 10 µm.



### 3.4.5 Tremellomycetes Doweld

Prosyllabus Tracheophytorum, Tentamen systematis plantarum vascularium (Tracheophyta) (2001): LXXVII.

Insgesamt wurden 7 Stämme kultiviert, die einer Ordnung, einer Familie und Gattung, sowie drei verschiedenen Arten der Tremellomycetes zugeordnet werden konnten (Tab. 10), wobei drei Isolate nicht taxonomisch bearbeitet wurden. Die entsprechenden Isolate sind in alphabetischer Reihenfolge aufgeführt.

#### **Trichosporonales** Boekhout & Fell

Recognition of the basidiomycetous yeast *Sporobolomyces ruberrimus* sp. nov. as a distinct species based on molecular and morphological analyses. FEMS Yeast Research 1 (2001): 265-270.

Es wurden insgesamt sieben Stämme aus fünf unterschiedlichen Proben isoliert, die innerhalb der Trichosporonales der Familie Trichosporonaceae Nann. und der Gattung *Trichosporon* Behrend zugeordnet wurden (Tab. 10).

#### **Trichosporon** Behrend

Ueber Trichomycosis nodosa (Juhel-Renoy); Piedra (Osorio). Berliner Klin. Wochenschr. 27 (1890): 464-467.

Typus: *Trichosporon ovoides* Behrend

Teleomorph: Verschiedene Arten innerhalb der Tremellales (Seifert et al. 2011).

Synonyme

*Apiotrichum* Stautz, Phytopath. Z. 3 (1931): 209.

*Ascotrichosporon* Kock.-Krat., E. Sláviková, Zemek & Kuniak

*Basidiotrichosporon* Kock.-Krat., E. Sláviková, Zemek & Kuniak (1977)

*Berkhoutia* Verona & Cif., Mycopathologia 1 (1939): 222.

*Fissuricella* Pore, D'Amatao & Ajello, Sabouraudia 15 (1977): 71.

*Geotrichoides* Langeron & Talice, Anns Parasit. Hum. Comp. 10 (1932): 62.

*Hyalococcus* J. Schröt., in Cohn, Krypt.-Fl. Schlesien (Breslau) 3.1 (1889): 152.

*Nadsoniomyces* Kudryavtsev, Dokl. Akad. Nauk SSSR, Ser. A (1932): 292.

*Neogeotrichum* O. Magalh., Mem. Inst. Oswaldo Cruz 26 (1932): 164.

*Protendomycopsis* Windisch, Beitr. Biol. Pfl. 41 (1965): 355.

*Proteomyces* Moses & Vianna, Mem. Inst. Oswaldo Cruz 5 (1913): 192.

*Sarcinomyces* Oho ex M. Ota, Jap. J. Derm. Urol. 26 (1926): 137.

*Sarcinosporon* D.S. King & S.C. Jong, Mycotaxon 3 (1975): 92.

*Zoogloea* Eberth, Zentbl. med. Wiss. (1873): 307.

Abteilung: Basidiomycota

Klasse: Tremellomycetes

Unterklasse: Tremellomycetidae

Ordnung: Tremellales

Familie: Trichosporonaceae

(Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

Die Gattung *Trichosporon* wurde 1890 von Behrend, basierend auf der Typusart *Trichosporon ovoides*, für den Verursacher von „White piedra“, weiße, häufig harte oder feste, makroskopisch sichtbare Sklerotien-artige Strukturen, die an Bart- oder Kopfhair gebildet werden können, eingeführt (Ajello und Georg 1957; Colombo et al. 2011; de Hoog et al. 2014; Seifert et al. 2011). Die Gattung wurde mehrfach basierend auf morphologischen, molekularen und physiologischen Merkmalen revidiert und beinhaltet aktuell etwa 50 akzeptierte Arten (Colombo et al. 2011) und 136 (MycoBank: Stand 2014) bzw. 128 (IndexFungorum: Stand 2014) assoziierte Namen (MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

Bildung von weißen bis cremefarbenen oder gelblichen bis bräunlichen, hefeartigen, wachsig bis samtigen, langsam bis moderat wachsenden Kolonien (de Hoog et al. 2014; Seifert et al. 2011).

### **Mikromorphologie**

Arten der Gattung *Trichosporon* sind durch echten Hyphen, die mit zunehmendem Alter in Arthrokonidien zerfallen und die gelegentliche Bildung von knospenden Zellen oder Appressorien charakterisiert (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007).

### **Pathogenität und Ökologie**

Arten der Gattung *Trichosporon* wurden als Verursacher von kutanen Infektionen, Onychomykosen und als opportunistische Erreger unterschiedlicher Mykosen des Menschen dokumentiert (Chagas-Neto et al. 2009, de Hoog et al. 2014). *Trichosporon*-Arten

sind saprotrophe, ubiquitär verbreitete mit Insekten, Vögeln, Fledermäusen und anderen Säugetieren, einschließlich dem Menschen, assoziierte Mikroorganismen und wurden häufig aus Luft, Erde, verrottendem Holz, aus Insektendärmen, Vogelkot, Wasser, Käse und anderen Substraten isoliert (Colombo et al. 2011; de Hoog et al. 2014).

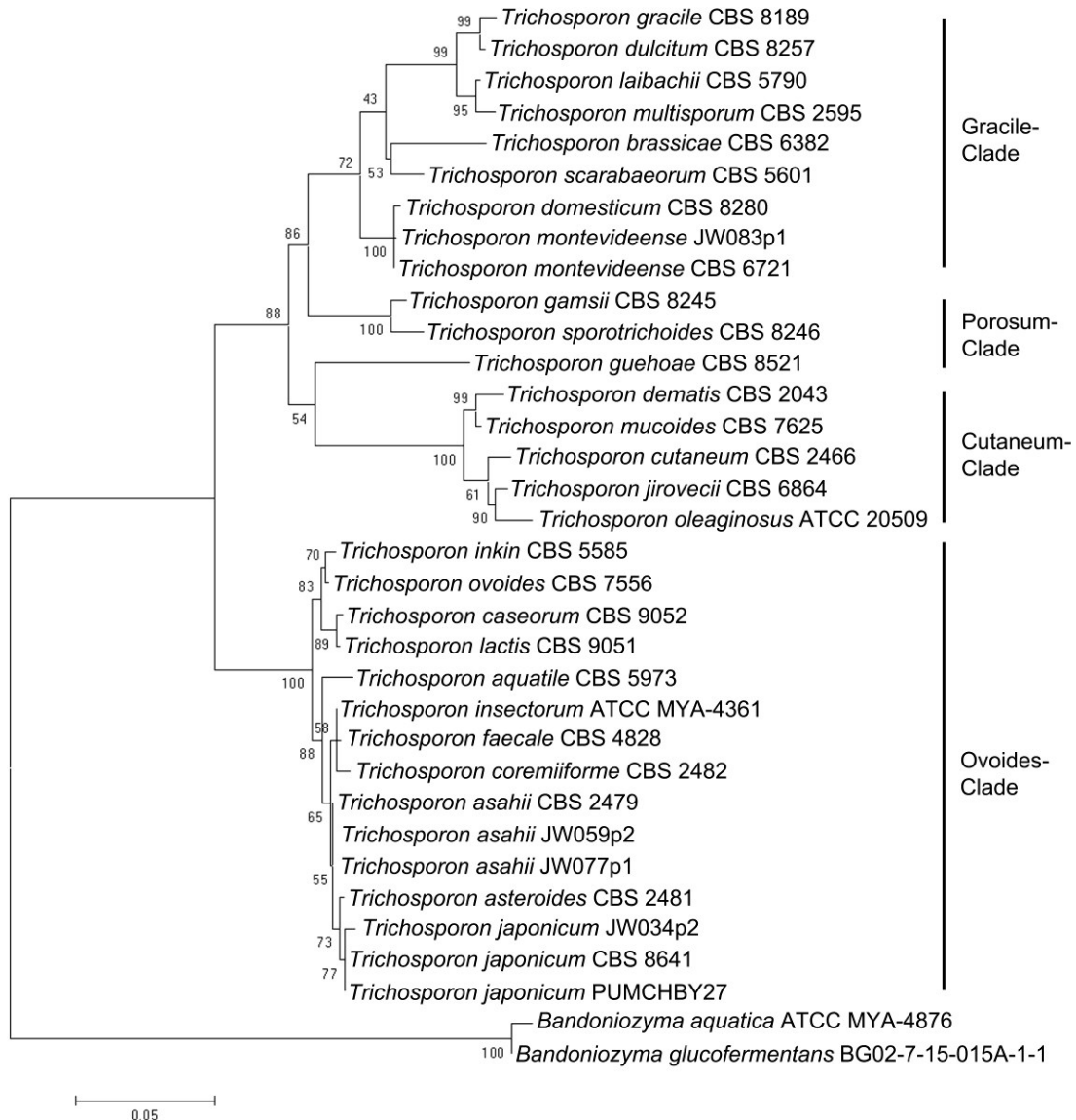
### **Isolate**

Insgesamt wurden sieben Stämme (JW034p2, JW041p3, JW041p5, JW041p9, JW059p2, JW077p1) isoliert, die der Gattung *Trichosporon* zugeordnet werden konnten (Tab. 9). Von den Isolaten konnten vier Stämme basierend auf nrDNA Sequenzdaten und morphologischen Merkmalen als die Arten *Trichosporon asahii* (JW059p2, JW077p1), *T. japonicum* (JW034p2) und *T. montevidense* (JW083p1) klassifiziert werden (Tab. 10).

### **Phylogenetische Analyse ausgewählter Arten der Gattung *Trichosporon***

Zur Unterstützung der taxonomischer Klassifizierung der als *Trichosporon* identifizierten Isolate wurden phylogenetische Analysen basierend auf kombinierten ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten der Isolate JW034p2, JW059p2, JW077p1, JW083p1 und weiterer Sequenzen von Stämmen unterschiedlicher Arten der Gattung *Trichosporon* unter Verwendung von Sequenzen verschiedener Arten der Gattung *Bandoniozyma* als Außengruppe durchgeführt (Tab. 280). In der phylogenetischen Analyse erfolgte die Gliederung der verwendeten Sequenzen in zwei Hauptgruppen (Abb. 122), wobei eine der Gruppen die Sequenzen der Arten der Ovoides Gruppe (Middelhoven et al. 2004) enthält, während die andere Gruppe aus Sequenzen von Arten der anderen drei von Middelhoven et al. (2004) aufgestellten Untergruppen Gracile, Porosum und Cutaneum gebildet wurde (Middelhoven et al. 2004). Die Sequenzen der Isolate JW034p2, JW059p2 und JW077p1 wurden innerhalb der Ovoides-Gruppe jeweils in einem Clade gemeinsam mit Sequenzen der Arten *Trichosporon japonicum* (JW034p2) bzw. *Trichosporon asahii* (JW059p2, JW077p1) gruppiert, während innerhalb der Gracile-Gruppe ein gemeinsames Clade bestehend aus den DNA Sequenzabschnitten des Isolates JW83p1 und der Arten *Trichosporon domesticum* und *Trichosporon montevidense* gebildet wurde (Abb. 122). Die phylogenetische Analyse basierend auf kombinierten ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten, zeigte die molekulare Zugehörigkeit der Isolate JW034p2, JW059p2, JW077p1 und JW083p1 zu der Gattung *Trichosporon* und den Arten

*Trichosporon asahii* (JW059p2, JW077p1), *T. japonicum* (JW034p2) und *T. montevidense* (JW083p1).



**Abbildung 122:** Phylogenetischer Stammbaum der als *Trichosporon* klassifizierten Isolate JW034p2, JW059p2, JW077p1, JW083p1 und weiterer genetisch assoziierter Arten und Isolate der Gattung *Trichosporon* basierend auf kombinierten ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten unter Verwendung von Sequenzen von Stämmen verschiedener Arten der Gattung *Bandoniozyma* als Außen-Gruppe (Tab. 280). Die phylogenetische Analyse wurde mit der Maximum Likelihood Methode, basierend auf dem Tamura 3-Parameter Model in MEGA6 durchgeführt (Tamura 1992; Tamura et al. 2013). Der initiale Stammbaum für die heuristische Analyse wurde unter Anwendung der Neighbor-Joining Methode, basierend auf einer Matrix paarweiser Distanzen unter Verwendung des Maximum Composite Likelihood Ansatzes ermittelt. Der finale Datensatz bestand aus 34 Nukleotid-Sequenzen mit insgesamt 977 informativen Positionen. Eine diskrete Gamma-Verteilung

(+G, Parameter = 0,5626) wurde für die Modellierung evolutionärer Raten zwischen unterschiedlichen Positionen verwendet, wobei die Möglichkeit evolutionär invariabler Basen-Positionen mit in die Berechnungen aufgenommen wurde (+I, 46,4827 %). Der Stammbaum mit der höchsten log Likelihood (-4117,8328) wurde dargestellt und die Prozentzahl übereinstimmender Cluster, innerhalb der im Rahmen der heuristischen Analyse erzeugten Bäume, wurde an den entsprechenden Knoten mitangegeben. Der Stammbaum wurde im Maßstab entsprechend der Substitutionen pro Position dargestellt, wobei die Astlängen der Anzahl der Substitutionen pro Position entsprechen. Die Benennung der unterschiedlichen Gruppen basiert auf Middelhoven et al. (2004). (Middelhoven et al. 2004; Tamura 1992; Tamura et al. 2013).

*Trichosporon asahii* Akagi ex Sugita, A. Nishikawa & Shinoda **Abb. 123-125**

Reclassification of *Trichosporon cutaneum* by DNA relatedness by the spectrophotometric method and the chemiluminometric method. J. Gen. Appl. Microbiol., (Tokyo) 40 (1994): 397-408.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Synonyme

*Geotrichum infestans* (Moses & Vianna) Brumpt, Précis Parasitol. hum., 5. Edn. (Paris) (1936): 1738.

*Mycoderma infestans* (Moses & Vianna) Fonseca & Leão, Brasil-Med. 43 (1929): 667.

*Proteomyces infestans* Moses & Vianna, Memórias do Instituto Oswaldo Cruz 5 (1913): 192.

*Sporotrichum infestans* (Moses & Vianna) Sartory, Champ. paras. homme anim. (1922): 655.

*Trichosporon asahii* Akagi, J. gen. appl. Microbiol., Tokyo 29 (1929): 733.

*Trichosporon asahii* var. *asahii* Akagi ex Sugita, A. Nishikawa & Shinoda, J. gen. appl. Microbiol., Tokyo 40 (1994): 405.

*Trichosporon cutaneum* var. *infestans* (Moses & Vianna) Diddens & Lodder

*Trichosporon infestans* (Moses & Vianna) Cif. & Redaelli, Arch. Mikrobiol. 6 (1935): 58.

Abteilung: Basidiomycota

Klasse: Tremellomycetes

Unterklasse: Tremellomycetidae

Ordnung: Tremellales

Familie: Trichosporonaceae

Gattung: *Trichosporon*

(Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014).

### **Koloniemorphologie**

**Kimnig:** emerses, moderates Koloniewachstum von 25-30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien cremefarben bis hell braun, fein samtig und wachsig, mit einem erhabenem Zentrum und einem glatten Rand; ältere Kolonien dunkler gefärbt und zunehmend mit samtig haariger Oberfläche und granulären Auswüchsen; Kolonierückseite hell gelblich braun bis braun.

**SGA:** emers, moderat wachsende Kolonien von 20-30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien cremefarben bis hell bräunlich weiß, samtig bis haarig und wachsig weich, radiär gefurcht und eingefaltet, mit erhabenem Zentrum und einem faserigem Rand; mit zunehmendem Alter Kolonien rein weiß mit einem hell bräunlich weißem Zentrum, mit samtig haariger Oberfläche und erhabenem Koloniezentrum; Kolonierückseite gelblich weiß bis hell bräunlich gelb.

**OA:** emerses und submerses, langsames Koloniewachstum von ca. 15-20 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien weiß, samtig haarig, zentral erhaben, mit submerser Randzone; ältere Kolonien überwiegend submers wachsend, weiß bis cremefarben, samtig haarig; Kolonierückseite hell bräunlich gelb.

**MYP:** Moderat wachsende Kolonien mit einem Koloniedurchmesser von etwa 30 bis 40 mm nach 10 d bei 25 °C, beige bis cremefarben, glatt bis samtig haarig, leicht radiär gefurcht, mit breiter submerser Randzone und erhabenem Zentrum; Kolonierückseite farblos bis hell bräunlich gelb.

### **Mikromorphologie**

Hyphen hyalin, bis 2-4 µm breit, in Arthrokonidien zerfallend; Arthrokonidien dickwandig, rundlich, oval bis zylindrisch oder fassförmig, (2) 5-8 (10) × 2-3,5 (4) µm.

### **Pathogenität und Ökologie**

BSL-2; *Trichosporon asahii* ist als Verursacher von kutanen Mykosen, Onychomykosen, Pneumonitis und systemischen Erkrankungen und als opportunistischer Erreger verschiedener weiterer Mykosen überwiegend bei immunsupprimierten Personen dokumentiert worden. *T. asahii* ist ein saprotropher Organismus mit einer weltweiten Verbreitung in tropischen und subtropischen Regionen (Ahmad et al. 2005; Chagas-Neto et

al. 2009; Colombo et al. 2011; de Hoog et al. 2014; de Oliveira Silva et al. 2008; Lee et al. 2002; Sood et al. 2006; Sugita et al. 2000a).

### Untersuchtes Material

**JW059P:** Nagelproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (65 Jahre) mit einer deutlich dunkel gefärbten Onychomykose des linken, großen Zehennagels, gesammelt am 20.01.2011 in Los Santos, Provinz Los Santos, Panama. Der Pilz wurde am 30.03.2011 einmal aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW059p2 subkultiviert.

**JW077P:** Haut- und Nagelproben von einer sonst gesunden, weiblichen Person (80 Jahre) mit einer Tinea pedis des rechten Fußes und einer Onychomykose des rechten, großen Zehennagels; gesammelt am 28.01.2011 in Bugaba, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 30.03.2011 aus Nagelmaterial auf Nährmedium ohne Cycloheximid isoliert und als JW077p1 subkultiviert.

### Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten des Isolates JW059p2 (ITS: 558 bp, LSU: 615 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte eine Übereinstimmung von 99 - 100 Prozent mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Trichosporon asahii* und *Trichosporon faecale* (Bat. & J.S. Silveira) E. Guého & M.T. Sm. (Tab. 265-268).

**Tabelle 265: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW059p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichosporon asahii</i> (PMM08-11001)	100 %	100 % (558/558)	0	KP132861
<i>Trichosporon faecale</i> (DH545)	99 %	99 % (556/557)	0	EF153624
<i>Trichosporon asahii</i> (NCCPF940027)	99 %	100 % (553/553)	0	KM822862
<i>Trichosporon asahii</i> (IFM 48429)	99 %	100 % (553/553)	0	AB369919

**Tabelle 266: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW059p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichosporon asahii</i> (JYC1040)	100 %	100 % (567/567)	0	KM555210
<i>Trichosporon asahii</i> (3.4-4)	100 %	99 % (615/616)	1	FJ455110
<i>Trichosporon asahii</i> (CBS 2479)	100 %	99 % (615/616)	1	EU559350
<i>Trichosporon asahii</i> (IFM 48429)	100 %	99 % (615/616)	1	AB363786

**Tabelle 267: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW059p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichosporon asahii</i> var. <i>asahii</i> (CBS 7633)	100 %	100 % (558/558)	0	--
<i>Trichosporon asahii</i> (PMM08-11001)	100 %	100 % (558/558)	0	KP132861
<i>Trichosporon asahii</i> (PYCC 3469)	94,8 %	100 % (547/547)	0	KC881081
<i>Trichosporon asahii</i> (CBS 2479)	94,8 %	100 % (547/547)	0	FJ943429

**Tabelle 268: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW059p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichosporon asahii</i> (CBS 4829)	83,3 %	100 % (512/512)	0	--
<i>Trichosporon asahii</i> (CBS 2479)	100 %	99,8 % (615/616)	1	EU559350
<i>Trichosporon asahii</i> (CBS 7632)	100 %	100 % (615/616)	1	AB492241
<i>Trichosporon asahii</i> (CBS 8640)	99,8 %	100 % (615/616)	1	AF189881

## Diskussion

Die taxonomische Identität der Stämme wurde anhand von molekularen Daten (ITS nrDNA und LSU nrDNA Sequenz) und phylogenetischen Analysen ermittelt (Abb. 122). Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenzen des Isolates JW059p2 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung der untersuchten Sequenzen mit Sequenzdaten von *T. asahii* und *T. faecale*, wobei die Sequenzen der Art *T. asahii* eine Übereinstimmung bis 100 Prozent aufwiesen (Tab. 265-268). Den BlastSearch Ergebnissen der LSU nrDNA Sequenz muss auf Grund der höheren Variabilität der D1/D2 Region eine größere Relevanz zugesprochen werden, allerdings zeigen nah verwandte Arten der Gattung *Trichosporon* innerhalb der nrDNA Region oft nur geringe Sequenzunterschiede von wenigen Basenpaaren, so dass für eine sichere molekulare Bestimmung mehrere molekulare Marker verwendet werden sollten (Fell et al. 2000; Scorzetti et al. 2002). In phylogenetischen Analysen basierend auf kombinierten Datensätzen aus ITS und LSU nrDNA wurden die Sequenz des Isolates JW077p1 mit Sequenzen von *T. asahii* in eine gut unterstützte gemeinsame Untergruppe eingeordnet, was die Bestimmung des Isolates als *T. asahii* bestätigt (Abb. 122).

Aus den Proben der Läsion JW059P wurde neben *Trichosporon asahii* ebenfalls ein Stamm der Art *Aspergillus giganteus* (JW059p1) kultiviert. *A. giganteus* ist bisher nicht als human- oder tierpathogener Organismus dokumentiert worden, während *T. asahii* als Besiedler von Nagelkeratin und Erreger von Onychomykosen beschrieben wurde (de



Hoog et al. 2014; Lee et al. 2002). Möglicherweise handelt es sich bei der untersuchten Onychomykose um das Resultat einer Infektion mit *Trichosporon asahii*, während *A. giganteus* wahrscheinlich eher als eine Kontamination des Probenmaterials zu betrachten ist. Für eine abschließende Bewertung des Krankheitsfalles wären allerdings eine weitere Probenahme und eine mikroskopische Untersuchung des gesammelten Probenmaterials nötig (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

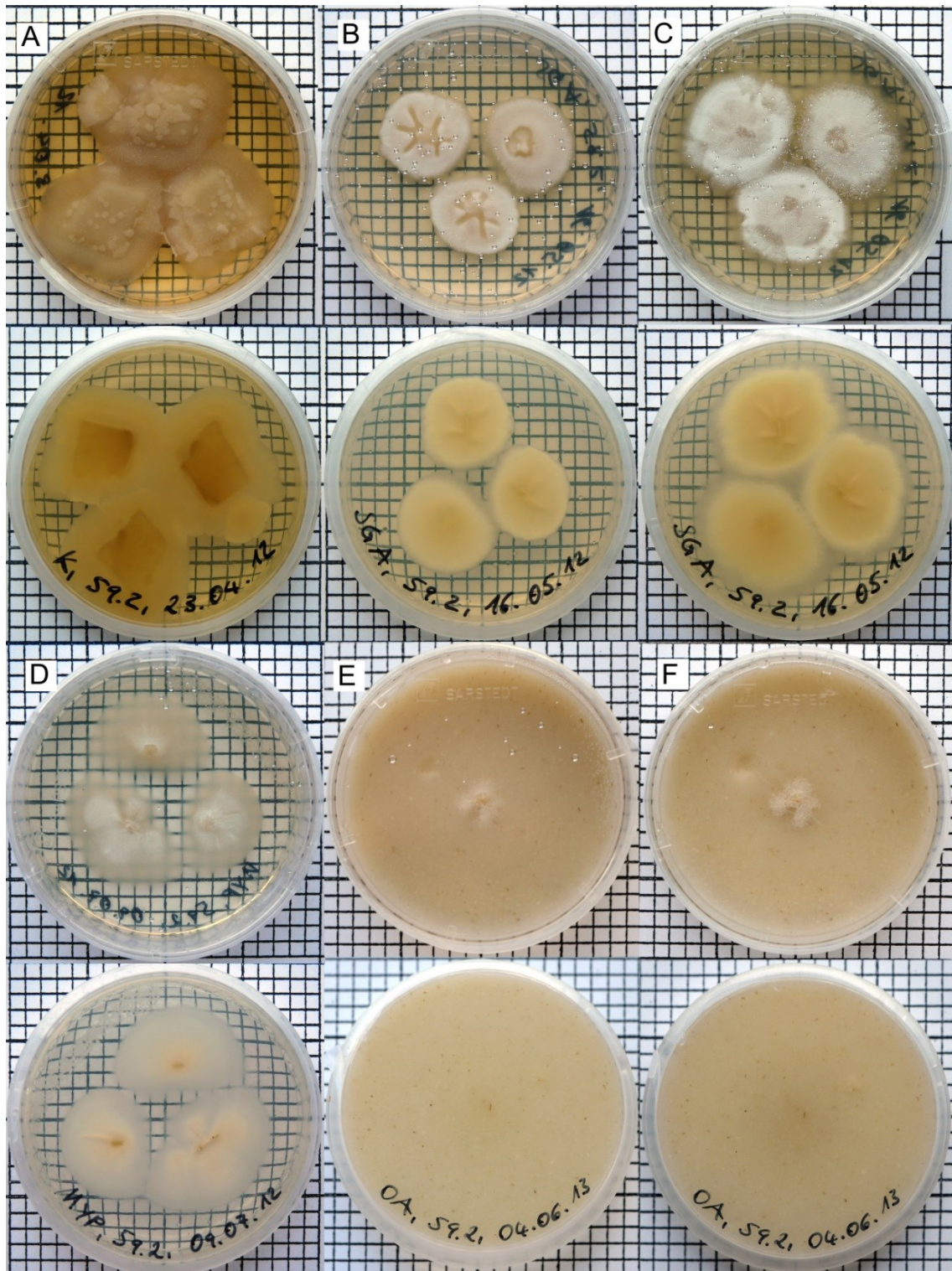


Abbildung 123: Kulturen von *Trichosporon asahii* (JW059p2) auf verschiedenen Nährmedien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (10 d). F: OA (21 d).

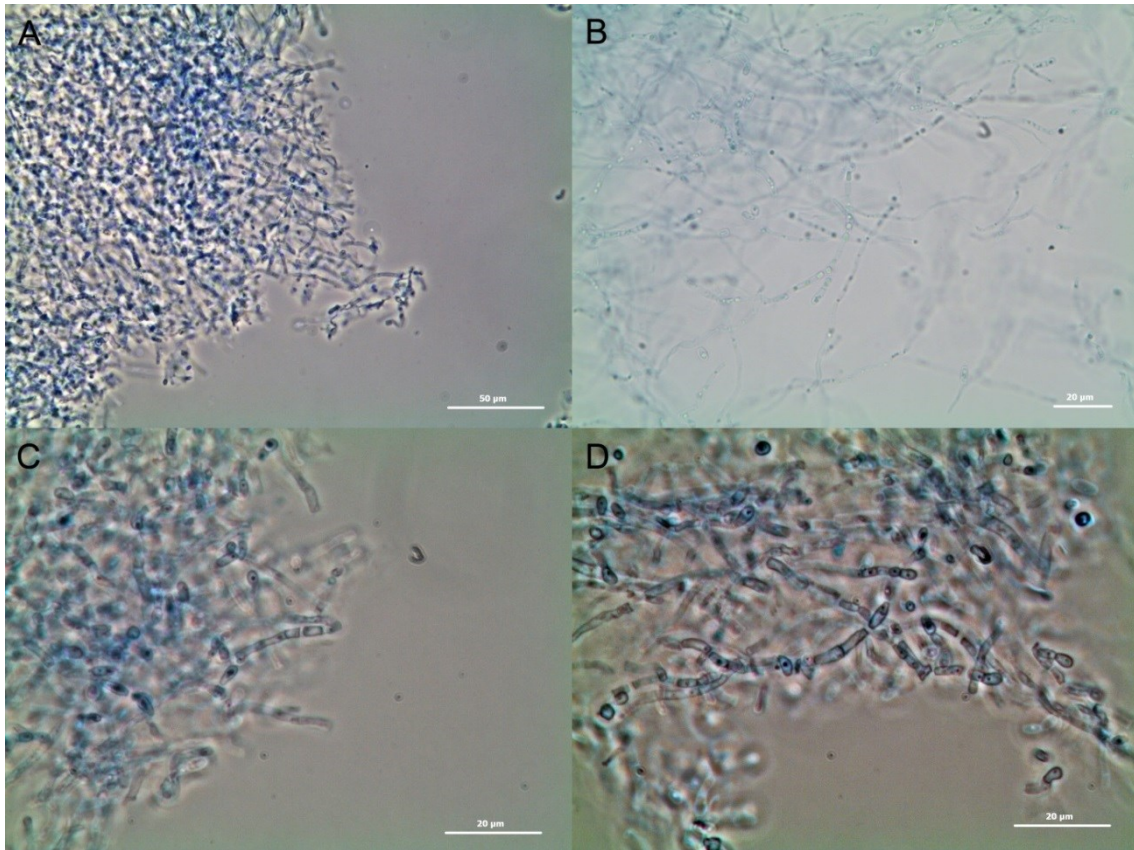


Abbildung 124: Mikromorphologische Strukturen von *Trichosporon asahii* (JW059p2). A: Geflecht aus Hyphenzellen. B: Einzelne Hyphen. C, D: Hyphen in Arthrokonidien zerfallend. A: Maßstab = 50 µm, B-D: Maßstab = 20 µm.

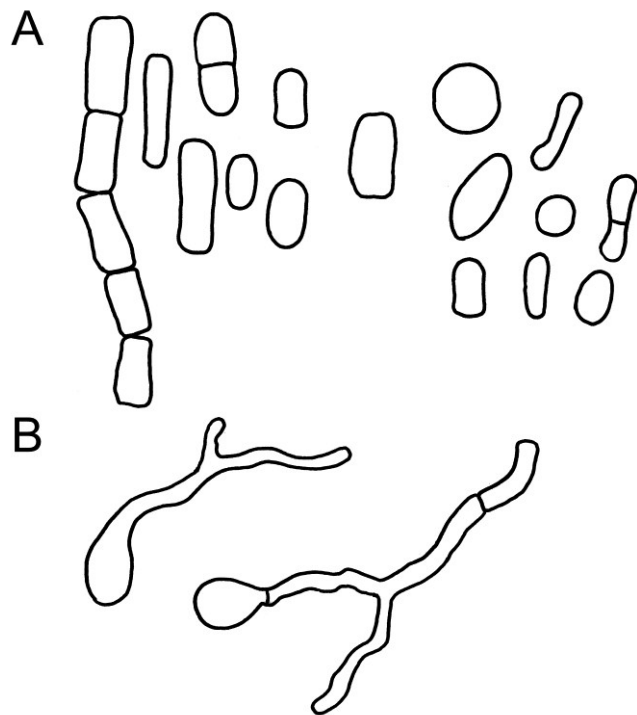


Abbildung 125: *Trichosporon asahii* (JW059p2). A: Hyphenzellen zu Arthrokonidien zerfallend und freie Arthrokonidien. B: Keimende Arthrokonidien. Maßstab = 10 µm.

***Trichosporon japonicum*** Sugita & Nakase

**Abb. 126-128**

*Trichosporon japonicum* sp. nov. isolated from the air. Int. J. Syst. Bacteriol. 48 (1998): 1425-1429.

Teleomorph-Stadium: unbekannt.

Abteilung: Basidiomycota

Klasse: Tremellomycetes

Unterklasse: Tremellomycetidae

Ordnung: Tremellales

Familie: Trichosporonaceae

Gattung: *Trichosporon*

(Systematik nach IndexFungorum und MycoBank: Stand 2014)

### **Koloniemorphologie**

**Kimmig:** emerses, moderates Koloniewachstum von etwa 30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien cremefarben bis hell braun, fein haarig und wachsig, mit erhabenem Zentrum und faserigem Rand; ältere Kolonien dunkler gefärbt und zunehmend mit samtig haariger Oberfläche; Kolonierückseite hell gelblich braun bis braun.

**SGA:** emers, moderat wachsende Kolonien von ca. 30 mm nach 10 d bei 25 °C; junge Kolonien cremefarben, samtig bis haarig und wachsig weich, radiär gefurcht und aufgefaltet, mit erhabenem Zentrum; mit zunehmendem Alter Kolonien gelbbraunlich cremefarben, mit samtig haariger Oberfläche und erhabenem Koloniezentrum und verstärktem submerser Randwachstum; Kolonierückseite gelblich weiß bis hell gelbbraun.

**OA:** emerses und submerses, moderates Koloniewachstum von ca. 25 mm nach 10 d bei 25 °C; Kolonien weiß, radiär gefaltet, samtig haarig, zentral erhaben, mit submerser Randzone; ältere Kolonien überwiegend submers wachsend, cremefarben, samtig haarig; Kolonierückseite gelblich weiß bis hell bräunlich gelb.

**MYP:** moderat wachsende Kolonien mit einem Koloniedurchmesser von etwa 40 bis 50 mm nach 10 d bei 25 °C, glatt bis samtig haarig, radiär gefurcht und gefaltet, mit breiter submerser Randzone und erhabenem Zentrum; Kolonierückseite farblos bis hell bräunlich gelb.

## Mikromorphologie

Hyphen hyalin, bis 4 µm breit, in Arthrokonidien zerfallend; Arthrokonidien dickwandig, rundlich, oval bis zylindrisch, (2) 3,5-8 (10) × 2-3,5 (4) µm; Chlamydosporen vorhanden, rund bis oval, (9) 13-23 (26) × (9) 12-22 (24) µm.

## Pathogenität und Ökologie

BSL-1; *Trichosporon japonicum* ist als möglicher Verursacher von systemischen Erkrankungen und opportunistischer Erreger verschiedener Mykosen sowie Besiedler von Hautläsionen dokumentiert worden (Ağirbasli et al. 2008; Kröner et al. 2013; Taj-Aldeen et al. 2009). *T. japonicum* ist ein saprotropher Organismus mit vermutlich weltweiter Verbreitung und wurde bisher in Japan, Deutschland, Italien und der Türkei nachgewiesen (Ağirbasli et al. 2008; Kröner et al. 2013; Manzano et al. 2011; Sugita und Nakase 1998).

## Untersuchtes Material

**JW034P:** Haut- und Nagelproben von einer sonst gesunden, männlichen Person (47 Jahre) mit einer dunkel gefärbten Läsion der linken Wade und einer Onychomykose des linken, kleinen Zehennagels, gesammelt am 06.09.2009 in Puerto Armuelles, Provinz Chiriquí, Panama. Der Pilz wurde am 09.11.2009 einmal aus Nagelmaterial auf Nährmedium mit Cycloheximid isoliert und als JW034p2 subkultiviert.

## Molekulare Identifizierung (Barcoding)

Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA des Isolates JW034p2 (ITS: 557 bp, LSU: 583 bp) mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigt die größte Übereinstimmung mit Sequenzen von Stämmen der Arten *Trichosporon asahii* Akagi ex Sugita, A. Nishikawa & Shinoda, *Trichosporon asahii* var. *asahii* Akagi ex Sugita, A. Nishikawa & Shinoda, *Trichosporon asteroides* (Rischin) M. Ota, *Trichosporon faecale* (Bat. & J.S. Silveira) E. Guého & M.T. Sm. und *Trichosporon japonicum* (Tab. 269-272).

Tabelle 269: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW034p2 (GenBank).

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichosporon faecale</i> (DH545)	100 %	99 % (555/557)	0	EF153624
<i>Trichosporon asahii</i> (IFM 48429)	99 %	99 % (551/554)	0	AB369919
<i>Trichosporon japonicum</i> (CBS 8641)	95 %	100 % (530/530)	0	NR073263
<i>Trichosporon asteroides</i> (ATCC 34900)	95 %	100 % (530/530)	0	KC881079

**Tabelle 270: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW034p2 (GenBank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichosporon japonicum</i> (PUMCHBY11)	99 %	99 % (581/585)	4	EU882091
<i>Trichosporon japonicum</i> (PUMCHBY27)	99 %	99 % (581/585)	4	EU882092
<i>Trichosporon japonicum</i> (CBS 8641)	99 %	99 % (581/585)	4	AF308657
<i>Trichosporon asteroides</i> (CBS 2481)	99 %	99 % (580/585)	4	AF075513

**Tabelle 271: BlastSearch Ergebnisse der ITS nrDNA Sequenz des Isolates JW034p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichosporon japonicum</i> (CBS 9781)	99 %	100 % (530/530)	0	--
<i>Trichosporon asteroides</i> (ATCC 34900)	95 %	100 % (530/530)	0	KC881079
<i>Trichosporon asteroides</i> (ATCC 34902)	68 %	100 % (530/530)	0	KC881081
<i>Trichosporon japonicum</i> (CBS 8641)	95 %	100 % (530/530)	0	AF444473

**Tabelle 272: BlastSearch Ergebnisse der LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW034p2 (Mycobank).**

Stamm	Deckung	Übereinstimmung	Gaps	GenBank Nummer
<i>Trichosporon japonicum</i> (CBS 8641)	96 %	100 % (560/560)	0	AF308657
<i>Trichosporon asahii</i> var. <i>asahii</i> (CBS 4829)	88 %	100 % (512/512)	0	--
<i>Trichosporon asahii</i> (CBS 2479)	96 %	99 % (559/560)	0	AF105393
<i>Trichosporon asteroides</i> (CBS 2481)	96 %	99 % (559/560)	0	AF075513

## Diskussion

Die taxonomische Identität des Stammes JW034p2 wurde anhand von molekularen Daten (ITS nrDNA und LSU nrDNA Sequenz) und phylogenetischen Analysen ermittelt (Abb. 122). Der Vergleich der ITS und LSU nrDNA Sequenz des Isolates JW034p2 mit Sequenzen aus öffentlichen Datenbanken zeigte die größte Übereinstimmung der untersuchten Sequenzen mit Sequenzdaten der nah verwandten Arten *T. japonicum*, *T. asahii*, *T. asteroides* und *T. faecale* (Tab. 269-272). Den BlastSearch Ergebnissen der LSU nrDNA Sequenz muss auf Grund der höheren Variabilität der D1/D2 Region eine größere Relevanz zugesprochen werden, allerdings zeigen nah verwandte Arten innerhalb der nrDNA Region oft nur geringe Sequenzunterschiede von wenigen Basenpaaren, so dass für eine sichere molekulare Bestimmung mehrere molekulare Marker verwendet werden müssen (Fell et al. 2000; Scorzetti et al. 2002).

In phylogenetischen Analysen basierend auf kombinierten Datensätzen aus ITS und LSU nrDNA Sequenzen erfolgte die Gruppierung der Sequenzen des Isolates JW034p2, *T. japonicum* und *T. asteroides* in einem gut unterstützten gemeinsamen Subclade innerhalb des Clades „Ovoides“ nach Middelhoven et al. (2004) (Abb. 122), was eine morphologische Bestimmung des Isolates JW034p2 als *T. japonicum* ermöglichte, da sich *T. asteroides* von *T. japonicum* durch die Ausbildung meristematischer Hyphenzellen und das Fehlen von Appressorien unterscheidet (de Hoog et al. 2014; Sugita und Nakase 1998).

*Trichosporon japonicum* wurde ursprünglich aus Luftproben in Japan isoliert (Sugita und Nakase 1998) ist aber inzwischen auch als Verursacher von Krankheiten bei immunsupprimierten oder anderweitig prädisponierten Personen und als sekundärer Besiedler von Hautläsionen beschrieben worden (Ağırbaşlı et al. 2008; Kröner et al. 2013; Taj-Aldeen et al. 2009). In den Proben der Läsion JW034P wurde ebenfalls der Pilz *Microascus cinereus* (JW034p1) nachgewiesen. *M. cinereus* ist in der Literatur als Verursacher von Infektionen am Menschen, überwiegen von kutanen Haut- oder Nagelmykosen dokumentiert (de Hoog et al. 2014). In mikroskopiertem Probenmaterial konnten Pilzhypen nachgewiesen werden, was allerdings nur einen pilzlichen Ursprung der Läsion bestätigt. Möglicherweise handelt es sich bei der Onychomykose um eine primäre Infektion mit *M. cinereus* und einer anschließenden Besiedlung mit *T. japonicum*. Für eine abschließende Bewertung des Krankheitsfalles wären allerdings eine weitere Probenahme und gegebenenfalls eine genauere Analyse der im Nativpräparat gefundenen Pilzelemente nötig (Gupta et al. 2001; Summerbell et al. 2005).

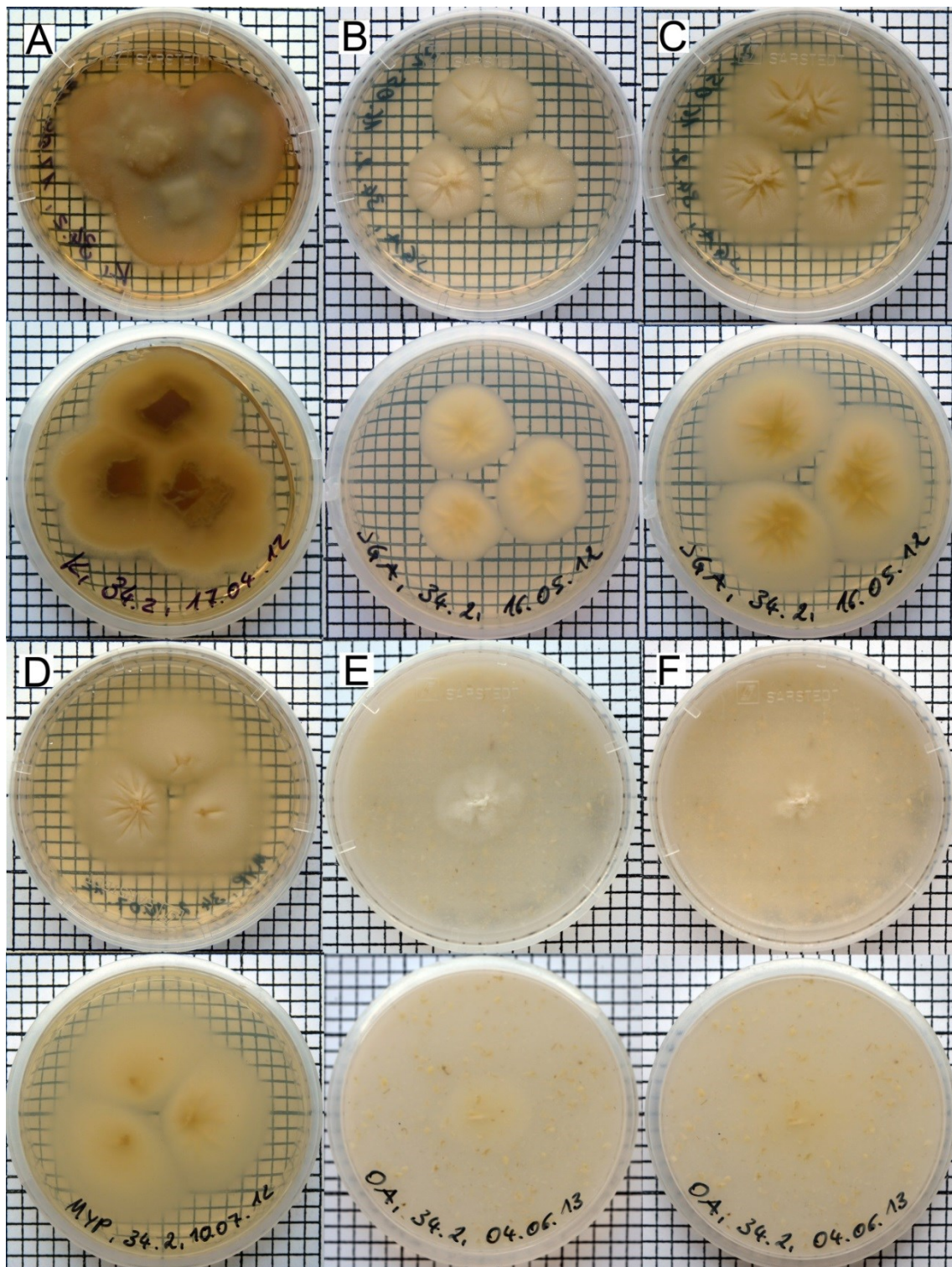


Abbildung 126: Kulturen von *Trichosporon japonicum* (JW034p2) auf verschiedenen Medien. A: Kimmig-Agar (14 d). B: SGA (7 d). C: SGA (14 d). D: MYP (14 d). E: OA (7 d). F: OA (14 d). Ein Quadrat entspricht 0,25 cm<sup>2</sup>.



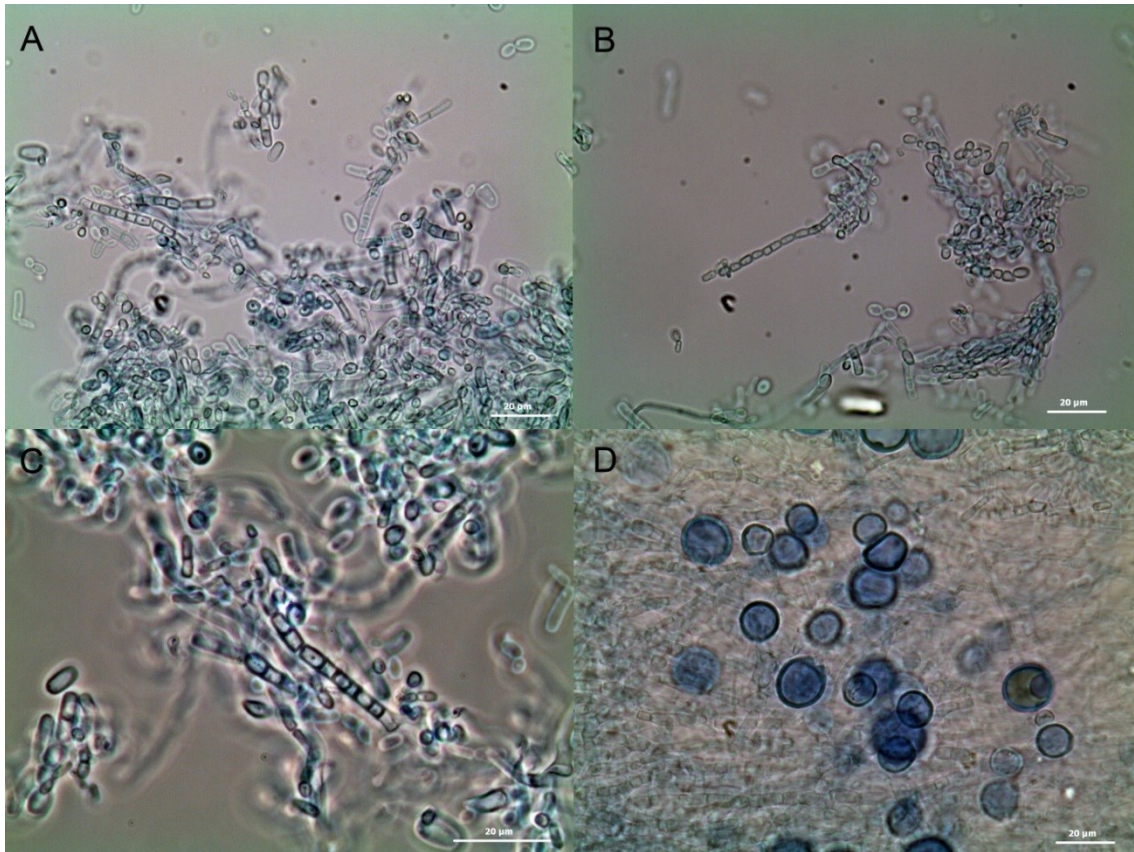


Abbildung 127: Mikromorphologische Strukturen von *Trichosporon japonicum* (JW034p2). A-C: Hyphen zerfallend in Arthrokonidien und freie Arthrokonidien. D: Chlamydosporen. Maßstab = 20  $\mu\text{m}$ .

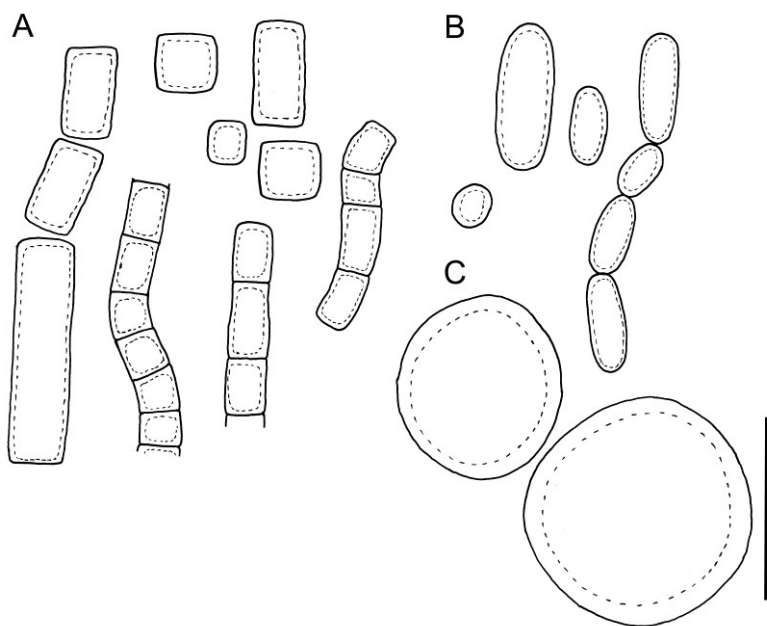


Abbildung 128: *Trichosporon japonicum* (JW034p2). A: Hyphen in Arthrokonidien zerfallend und einzelne Arthrokonidien. B: Hefezellen. C: Chlamydosporen. Maßstab = 10  $\mu\text{m}$ .

## 4 Diskussion

### 4.1 Klinik der untersuchten Läsionen

Die Verbreitung und Ausprägung von superfiziellen, kutanen und subkutanen Mykosen sowie die entsprechenden Erreger variieren in der menschlichen Bevölkerung je nach soziokulturellem, sozioökonomischem und geographischem Umfeld mit einem gehäuf-ten Auftreten in tropischen Regionen (Bhatia und Sharma 2014; Cai et al. 2016; El Fe-kih et al. 2012; Havlickova et al. 2008; Lupi et al. 2005; Rezaei-Matehkolaei et al. 2013; Seebacher et al. 2008; Vena et al. 2012). Mykosen der Füße und im Besonderen Nagelmykosen werden häufig von den betroffenen Personen nicht erkannt oder ledig-lich als ein kosmetisches Problem betrachtet (Burzykowski et al. 2003; Merlin et al. 1999; Watanabe et al. 2010). Die Verbreitung und Persistenz der Infektionserreger so-wie der entsprechenden Erkrankungen in der menschlichen Population in Panama wird zudem durch einen engen räumlichen Kontakt in familiären Strukturen, besonders in ländlichen Regionen und die Beschränkung von medizinischen Konsultationen auf erns-te Erkrankungen begünstigt (de Vos 2001; Gupta 2000; Hammer et al. 2011; Leon 2003; Lloyd und Desai 1992; Nenoff et al. 2014). Personen zeigen mit steigendem Alter ebenfalls eine größere Prävalenz für Pilzinfektionen der Haut und Nägel (Elewski 1998; English und Atkinson 1974; Ghannoum und Isham 2014; Gupta 2000). Entsprechend konnte bei einem Großteil der im Rahmen dieser Studie in Panama untersuchten Perso-nen, die ein durchschnittliches Alter von 50 ( $\pm$  19) Jahren aufwiesen, Läsionen der Füße einschließlich Haut- und Nagelläsionen beobachtet werden (80,8 %; n = 42). Innerhalb dieser Gruppe war der Anteil der Probanden mit Haut- und Nagelläsionen mit 19 Perso-nen (45,2 %) am größten, gefolgt von 17 Personen (40,5 %) nur mit Nagelläsionen, fünf Probanden (11,9 %) nur mit Hautläsionen und einer Person (2,4 %) mit Haut- und Na-gelläsionen der Füße und der rechten Hand („Zwei Füße-eine Hand“ Syndrom). Die zweitgrößte Studiengruppe waren Personen mit sonstigen Hautläsionen (14,3 %; n = 6) und beinhaltete zwei Teilnehmer mit Chromomykosen (33,3 %), einen Probanden mit Tinea nigra (16,7 %) und drei weitere Personen (50 %) mit schuppigen und teilweise wunden Läsionen des Unterarms, der Wade und des Spanns beider Füße. Personen nur mit Nagelläsionen der Fingernägel bildeten die kleinste Gruppe (7,7 %; n = 4), wobei die Probanden jeweils immer nur einen betroffenen Nagel aufwiesen. Die Gruppe bein-haltete drei Personen mit einer klinischen Veränderung des Daumennagels und eine Person mit einer Läsion des Mittelfingernagels. Von den 52 in Panama gesammelten

Proben konnten in 39 Fällen (75 %) erfolgreich Pilzstämme nachgewiesen werden. Von 33 Probanden mit Läsionen der Füße wurden bei drei Personen (9,1 %) mit Hautläsionen, 12 Studienteilnehmern (36,4 %) mit Nagelläsionen und 18 Probanden (54,5 %) mit Haut- und Nagelläsionen Pilzstämme aus dem gesammelten Probenmaterial isoliert. Bei den sechs Personen mit sonstigen Hautläsionen wurden bei beiden Chromomykosen und der Tinea nigra Pilzstämme kultiviert, während von den anderen drei Hautläsionen nur in einem Fall (33,3 %) Pilzisolate nachgewiesen werden konnten. Von den Läsionen der Fingernägel konnten bei zwei Probanden (50 %) Pilze nachgewiesen werden.

Diese Beobachtungen entsprechen den Ergebnissen anderer Studien, die ebenfalls Onychomykosen und Hautläsionen der Füße als die am häufigsten auftretenden mykotischen Erkrankungen beschrieben haben (Budak et al. 2013; Burzykowski et al. 2003; Elewski 1998; Ghannoum und Isham 2014; Havlickova et al. 2008; Ilkit und Durdu 2015; Mügge et al. 2006; Rezaei-Matehkolaei et al. 2013; Watanabe et al. 2010; Welsh et al. 2010). Chromomykosen und Tinea nigra sind weltweit verbreitete, regelmäßig in subtropischen und tropischen Regionen auftretende, durch opportunistische Pilzarten nach traumatischen Inokulationen verursachte Erkrankungen (Bonifaz et al. 2008a; de Hoog et al. 2014; Krzyściak et al. 2014; Lupi et al. 2005; Rossetto und Cruz 2012) und wurden in Panama ebenfalls durch Calero (1946; 1948), Piepenbring et al. (2007), Tapia (1965) und Walsh (1948) beschrieben. Die Läsionen der drei anderen Probanden mit sonstigen Hautläsionen entsprachen nicht dem typischen Erscheinungsbild einer Dermatomykose und stellen wahrscheinlich keine primär durch Pilzinfektionen verursachten Hautveränderungen dar (Fitzpatrick et al. 2001; Frankel 2006; Wolff et al. 2013). Die im Rahmen dieser Studie untersuchten Fingernagelläsionen waren überwiegend oberflächliche Nagelveränderungen und sind wahrscheinlich auf mechanische Verletzungen und evtl. sekundär erfolgte Infektionen mit opportunistisch-pathogenen Organismen zurückzuführen (Das et al. 2008; Elewski 1998; Fitzpatrick et al. 2001; Frankel 2006; Gelotar et al. 2013).

Aus dem Material von 39 Probanden konnten insgesamt 201 Pilzstämme isoliert werden, was einem Durchschnitt von etwa fünf Isolaten pro Läsion entspricht. Die große Anzahl der Stämme ist sehr wahrscheinlich dadurch bedingt, dass ein Großteil der Proben von chronischen, seit mehreren Jahren bestehenden Läsionen gesammelt wurde und somit die entsprechenden Körperregionen im Laufe der fortschreitenden Zersetzung der besiedelten Matrix und der Ansammlung von mazeriertem organischem Material se-

kundär durch saprotrophe Organismen besiedelt bzw. kontaminiert werden konnten (Elewski 1998; Ellis et al. 1997; English und Atkinson 1974; Gupta 2000; Gupta et al. 2012; Weitzman und Summerbell 1995). Zudem sind Füße und Hände generell nicht steril und selbst bei gesunden Personen kann von asymptomatischen Haut- und Nagelregionen ein breites Spektrum verschiedener pilzlicher Organismen, einschließlich humanpathogener Vertreter, isoliert werden (Alvarez und Caicedo 2007; Alteras und Saryt 1979; Bergson und Fernandes 2001; Findley et al. 2013; Paulino et al. 2006; Trofa et al. 2008). Weitere Kontaminationen des Probenmaterials können zudem während der Probenahme selbst erfolgt sein, da viele der Proben nicht in geschlossenen Räumen gesammelt wurden.

## 4.2 Erregerspektrum

Entsprechend der Klassifizierung der Isolate nach dem D-H-S System (Rieth) wurden bei 48,7 Prozent der Proben mit einem positiven Kultivierungsergebnis Dermatophyten ( $n = 19$ ), bei 5,1 Prozent nur Hefestämme ( $n = 2$ ), bei 20,5 Prozent Schimmelpilze und Hefen ( $n = 8$ ) und bei 25,6 Prozent nur Schimmelpilze ( $n = 10$ ) isoliert. Von den 33 Personen mit Läsionen der Füße wiesen 19 Probanden (57,6 %) eine Infektion mit Dermatophyten auf. Bei den restlichen Probanden wurden bei einem Studienteilnehmer (3 %) nur Hefen, von sieben Personen (21,2 %) nur Schimmelpilze und bei sechs Probanden (18,2 %) Hefen und Schimmelpilze kultiviert. Aus dem gesammelten Probenmaterial der Chromomykosen wurden verschiedene Schimmelpilze und aus der Probe der *Tinea nigra* ein dimorpher Pilz isoliert. Von den Läsionen der Fingernägel wurden in dem Material einer Probe nur Schimmelpilze und in der zweiten Probe Hefen und Schimmelpilze nachgewiesen.

Die Isolation von Dermatophyten als Haupterregergruppe von Haut- und Nagelläsionen der Füße entspricht den Ergebnissen vergleichbarer Studien in Asien, Europa und Lateinamerika, allerdings ist die im Rahmen dieser Untersuchung dokumentierte Anzahl der Hefestämme niedriger und von den Läsionen wurden mehr Schimmelpilze kultiviert als von anderen Autoren beschrieben (Brilhante et al. 2005; Chi et al. 2005; Cruz Ch. et al. 2011; Flores et al. 2009; Lim et al. 1992; Mügge et al. 2006; Simonetti et al. 2004; Sinski und Flouras 1984; Wang und Chi 2005). In Indien wurden allerdings von Veer und Mitarbeitern Schimmelpilze ebenfalls als zweithäufigste Organismengruppe von Onychomykosen dokumentiert (Veer et al. 2007). Hiervon abweichend wurden bei Un-

tersuchungen von Haut- und Nagelläsionen der Füße in Indien, Pakistan und Portugal und chronischen Nagelläsionen bei Senioren in England Schimmelpilze als Haupterregergruppe nachgewiesen (English und Atkinson 1974; Farwa et al. 2011; Patwardhan et al. 2007; Viegas et al. 2013).

Im Rahmen dieser Studie wurden Dermatophyten nur von Mykosen der Füße, einschließlich Haut- und Nagelläsionen isoliert, wobei die Stämme von chronischen Läsionen mit einem Befall der Haut und Zehennägeln (57,9 %, n = 12), von Onychomykosen (31,6 %, n = 6) und einer *Tinea pedis* (5,3 %) stammen. Als Dermatophyten wurden nur anthropophile Vertreter der Gattung *Trichophyton* und die Arten *T. interdigitale* und *T. rubrum* kultiviert. *T. rubrum* wurde von 17 Läsionen (89,5 %) und *T. interdigitale* von fünf Läsionen (26,3 %) isoliert, wobei *T. rubrum* von drei Mykosen (15,8 %) und *T. interdigitale* nur von einer Läsion (5,3 %) als alleiniger Pilz nachgewiesen wurde. Von allen anderen Läsionen (63,2 %, n = 12) wurden sowohl Hefe-Stämme als auch Schimmelpilze kultiviert und drei der untersuchten Mykosen (15,8 %) waren Mischinfektionen mit den Dermatophyten *T. interdigitale* und *T. rubrum*. Die Verteilung der in Panama durch diese Arbeit dokumentierten Dermatophyten entspricht den Angaben anderer Studien, die *T. rubrum* als den häufigsten und *T. interdigitale* als zweithäufigsten Erreger von Haut- und Nagelmykosen der Füße in Europa, Nordafrika, Asien und Amerika beschrieben haben (Allen und Taplin 1974; Alvarez et al. 2004; Aly 1994; Brillhante et al. 2005; Budak et al. 2013; Cai et al. 2016; Dias et al. 2011; Effendy 2007; El Fekih et al. 2012; Elewski 1998; Havlickova et al. 2008; Heikkilä und Stubb 1995; Leibovici et al. 2002; Mügge et al. 2006; Ngwogu und Otokunefor 2007; Seebacher et al. 2008; Sinski und Flouras 1984; Summerbell 1997; Vella Zahra et al. 2003; Vena et al. 2012; Yehia et al. 2010). Im Rahmen einer Studie in Australien wurden ebenfalls von 64 Prozent der Studienteilnehmern neben Dermatophyten auch Hefen oder Schimmelpilze von den selben Läsionen isoliert (Ellis et al. 1997). Während Dermatophyten, Hefen und Schimmelpilze häufig gemeinsam von derselben Läsion nachgewiesen werden können und verschiedene Fälle von Mischinfektionen mit Vertretern dieser drei Gruppen beschrieben wurden (Budak et al. 1987; Budak et al. 2013; Ellis et al. 1997; English und Atkinson 1974; Gupta und Nakrieko 2014; Kardjeva et al. 2006; Lagacé und Cellier 2012; Lysková 2007; Monod et al. 2006; Ng et al. 1999; Viegas et al. 2013; Weitzman und Summerbell 1995), sind Mischinfektionen mit mehreren Dermatophytenarten seltener dokumentiert worden (Alvarez et al. 2004; Budak et al. 1987; Dias et

al. 2011; Kardjeva et al. 2006; Yadav et al. 2015) und wurden für Panama im Rahmen dieser Arbeit erstmalig beschrieben.

Hefepilze wurden insgesamt von 15 Probanden (38,5 %) isoliert, wobei bei zwei Probanden (13,3 %) nur Hefestämme, bei acht Läsionen (53,3 %) Hefen und Schimmelpilze und bei fünf Personen (33,3 %) Dermatophyten und Schimmelpilze nachgewiesen wurden. Die Proben nur mit Hefe-artigen Organismen wurden von einer Tinea nigra sowie einem Fuß mit Läsionen der Fußhaut und Zehennägel gesammelt. Die anderen Proben mit Hefestämmen stammen von Haut- und Nagelläsionen der Füße (73,3 %, n = 11), einer Mykose eines Daumennagels (6,6 %) und einer Dermatitis (6,6 %). Im Rahmen dieser Studie wurden Hefe-artige Pilze der Gattungen *Candida*, *Hortaea*, *Sporobolomyces* und *Trichosporon* nachgewiesen. Die größte Gruppe waren hierbei Vertreter der Gattung *Candida* mit den Arten *C. albicans*, *C. duobushaemulonii* und *C. tropicalis*, wobei *C. duobushaemulonii* die am häufigsten kultivierte Art darstellt und von drei Probanden isoliert wurde. Arten der Gattung *Trichosporon*, namentlich *T. asahii*, *T. japonicum* und *T. montevidense*, waren die zweitgrößte Organismengruppe mit *T. asahii* als am häufigsten isolierte Art (n = 2). Der Stamm der Gattung *Sporobolomyces* ebenso wie die Art *Hortaea werneckii*, ein dimorpher und im Rahmen dieser Arbeit als Hefe klassifizierter Pilz, wurden jeweils aus dem Probenmaterial einer Läsion kultiviert. Von den Läsionen nur mit Hefestämmen wurden die Arten *H. werneckii* und *T. asahii* nachgewiesen.

Diese Ergebnisse entsprechen den Angaben anderer Autoren, die ebenfalls Arten der Gattung *Candida* als die am häufigsten von Haut- und Nagelläsionen dokumentierten Hefen beschrieben haben (Brilhante et al. 2005; Burzykowski et al. 2003; Cruz Ch. et al. 2011; Di Chiacchio et al. 2014; Viegas et al. 2013; Lopes et al. 1999; Ng et al. 1999; Vella Zahra et al. 2003). Abweichend hiervon wurden in Brasilien *C. albicans*, *C. tropicalis*, *C. krusei* sowie *C. parapsilosis*, in Deutschland, Italien, im Iran, Portugal und Singapur *C. albicans* und *C. parapsilosis*, in Israel *C. albicans*, in Kolumbien und Peru *C. krusei* als dominante Arten der Gattung *Candida* dokumentiert (Brilhante et al. 2005; Cabete et al. 2015; Flores et al. 2009; Khosravi und Mansouri 2001; Leibovici et al. 2002; Lim et al. 1992; Mejía-Arango et al. 2013; Mügge et al. 2006; Simonetti et al. 2004; Viegas et al. 2013). Die Isolation von Arten der Gattung *Trichosporon* von Haut- und Nagelläsionen wurde ebenfalls in Asien, Lateinamerika und Europa beschrieben (Archer-Dubon et al. 2003; Cruz Ch. et al. 2011; Bergman und Kauffman 1984; Fallahi

et al. 2012; Mügge et al. 2006; Taj-Aldeen et al. 2009), während Arten der Gattung *Sporobolomyces* eher als Kontaminationen dokumentiert wurden (de Hoog et al. 2014; Elewski 1998; Summerbell et al. 2005). *Hortaea werneckii* ist als klassischer Erreger von dunkel pigmentierten, oberflächlichen Hautläsionen (*Tinea nigra*) in subtropischen und tropischen Regionen, einschließlich Panama beschrieben worden (Bonifaz et al. 2008a; de Hoog et al. 2014; Schechtman 2008; Severo et al. 1994; Tapia 1965; Walsh 1948). *Candida duobushaemulonii* [als *C. haemulonii*] wurde ebenfalls in Großbritannien und Nordamerika von Haut- und Nagelläsionen der Füße isoliert (English und Atkinson 1974; Gargeya et al. 1991) und in Panama als Besiedler oberflächlicher Hautveränderungen dokumentiert (Weisenborn 2008). Durch in vitro Experimente zeigten Gargeya et al. (1991), dass *C. duobushaemulonii* proteolytische Fähigkeiten besitzt, aber Keratin selbst nicht als Substrat nutzen kann. Daher ist *C. duobushaemulonii* im Rahmen dieser Studie wahrscheinlich als opportunistischer Besiedler zuvor geschädigter Haut- bzw. Nagelareale zu betrachten.

Schimmelpilze wurden insgesamt von 33 Probanden (84,6 %) isoliert, allerdings wurden lediglich bei zehn Personen (30,3 %) nur Schimmelpilze in dem gesammelten Probenmaterial nachgewiesen. Bei acht Probanden wurden zusätzlich Hefen (24,2 %), bei 12 Personen Dermatophyten (36,4 %) und bei fünf Studienteilnehmern (15,2 %) Hefen und Dermatophyten kultiviert. Die Proben nur mit Schimmelpilzen stammen von zwei Chromomykosen (20 %), zwei Dermatomykosen der Füße (20 %), drei Fußnagelläsionen (30 %), einer Fingernagelläsion (10 %) und von zwei Probanden (20 %) mit Läsionen der Fußhaut und der Zehennägel. Die aus dem in Panama gesammeltem Probenmaterial isolierten Schimmelpilze stellen die größte und ökologisch diverseste Organismengruppe der kultivierten Pilze dar. So wurden von den untersuchten Läsionen sowohl humanpathogene Erreger, als auch opportunistische Arten und rein saprotrophe Pilze 16 verschiedener Gattungen sowie mehrere Vertreter wahrscheinlich bisher nicht wissenschaftlich beschriebener Arten bzw. Gattungen nachgewiesen. Die wiederholte Beprobung von Läsionen, um bei der Isolation von saprotrophen Schimmelpilzen den Erreger eindeutig bestimmen zu können, war im Rahmen dieser Arbeit nicht möglich. Daher wurden für die Beurteilung der isolierten Schimmelpilze als potentielle Erreger, opportunistische Besiedler oder Kontaminanten ein Vergleich mit bereits vorhandenen Literaturdaten, die wiederholte Isolierung von unterschiedlichen Probanden und der Nachweis von Läsionen ohne Dermatophyten oder anderen pathogenen Pilzen, die Anzahl der Isolationen pro Proband sowie die Fähigkeit auf Keratin-haltigen Materialien

und bei 37 °C wachsen zu können als Bewertungskriterien verwendet. Die Charakterisierung bisher nicht als Krankheitserreger dokumentierter Pilzarten als primäre Erreger oder sekundäre Besiedler von Haut- oder Nagelläsionen anhand der Fähigkeit auf Keratin-haltigen Materialien und bei menschlicher Körpertemperatur wachsen zu können ist nicht uneingeschränkt möglich. Aber die entsprechenden Analysen ermöglichen ohne experimentelle Tierversuche eine gewisse Aussage über das pathogene Potenzial der isolierten Pilzarten und deren Relevanz als opportunistische Besiedler (Achterman und White 2012; de Hoog et al. 2014; Reiss et al. 2009; Scott und Untereiner 2004).

Aus dem Probenmaterial wurden Arten der Gattungen *Acremonium* s.l., *Aspergillus*, *Chaetomium*, *Chrysosporium*, *Cladosporium*, *Curvularia*, *Fonsecaea*, *Fusarium*, *Lophotrichus*, *Microascus*, *Neoscytalidium*, *Penicillium*, *Scolecobasidium*, *Scopulariopsis*, *Verticillium* und *Wardomyces* isoliert. Die größte Gruppe bildeten die Isolate der Gattung *Aspergillus* mit neun kultivierten Arten *A. awamori*, *A. clavatus*, *A. flavus*, *A. giganteus*, *A. heteromorphus*, *A. niger*, *A. ochraceus*, *A. sclerotiorum* und *A. versicolor*, wobei die Stämme von insgesamt 13 Läsionen isoliert wurden. Die am häufigsten isolierten Arten der Gattung *Aspergillus* waren *A. flavus*, *A. clavatus* und *A. niger*. Die Gattung *Curvularia* mit den Arten *C. geniculata* und *C. lunata* wurde von fünf Probanden und damit als zweithäufigste Organismengruppe nachgewiesen. Die Gattungen *Fusarium* und *Scopulariopsis* mit den Arten *F. oxysporum* und *F. solani*, sowie *S. carbonaria* und *S. croci* wurden jeweils von vier Probanden isoliert. Isolate des Artkomplexes *Acremonium* s.l. wurden mit insgesamt drei Arten und bei drei Personen dokumentiert. Die Gattung *Penicillium* mit *P. commune* als einziger kultivierter Art wurde von zwei Probanden isoliert. Alle weiteren Gattungen wurden jeweils nur mit einer Art und von einer Person nachgewiesen. Die am häufigsten isolierten Arten innerhalb der Gruppe der Schimmelpilze waren *Curvularia lunata* und *Wardomyces litoralis* und wurden jeweils in dem Probenmaterial von vier Probanden nachgewiesen. Am zweithäufigsten wurden die Arten *Aspergillus flavus*, *Fusarium solani* und *Scopulariopsis carbonaria* isoliert und von jeweils drei Läsionen kultiviert. Die Arten *Aspergillus clavatus*, *A. niger*, *Chaetomium globosum*, *Microascus cinereus*, *Neoscytalidium dimidiatum* und *Penicillium commune* wurden von je zwei Probanden isoliert. *Acremonium collariferum*, *Acremonium* spp., *Aspergillus awamori*, *A. giganteus*, *A. heteromorphus*, *A. ochraceus*, *A. sclerotiorum*, *A. versicolor*, aff. *Chalara* sp., *Chrysosporium tuberculatum*, *Cladosporium sphaerospermum*, *C. tenuissimum*, *Curvularia geniculata*, *Fonsecaea pedrosoi*, *Fusarium oxysporum*, cf. *Fusicladium* sp., cf. *Knufia* sp., *Lophotrichus*



*bartlettii*, cf. *Rhexothecium* sp., *Scolecobasidium* sp., *Scopulariopsis croci* und *Verticillium* cf. *epiphytum* wurden bei jeweils einer Person nachgewiesen.

Ein großer Teil der im Rahmen dieser Studie von Haut- und Nagelläsionen in Panama isolierten Gattungen und Arten sind Vertreter verschiedener coprophiler, saprotropher, pflanzenparasitischer und entomopathogener Organismen mit einer weiten Verbreitung in der Umwelt und wurden primär von pflanzlichen Materialien, in der Erde oder aus Luftproben dokumentiert und sind somit eher als Kontaminationen oder sekundäre Besiedler vorgeschädigter Haut- und Nagelbereiche zu betrachten (Bhargava und Bhargava 1971; Ellis et al. 1997; Domsch et al. 2007; Gupta et al. 2012; Hwang et al. 2012; Tauk-Tornisielo et al. 2005; Taylor und Mc Fadden 1962; Seifert et al. 2011; Summerbell et al. 2005). Die potentiell humanpathogenen oder opportunistischen Schimmelpilze, die von Läsionen ohne Dermatophyten nachgewiesen wurden, waren *Acremonium* spp., *Aspergillus clavatus*, *A. flavus*, *A. niger*, *A. ochraceus*, *Cladosporium tenuissimum*, *Curvularia lunata*, *Fonsecaea pedrosoi*, *Fusarium oxysporum*, *F. solani*, *Microascus cinereus*, *Neoscytalidium dimidiatum*, *Penicillium commune*, *Scopulariopsis carbonaria* und *Wardomyces litoralis*. Die Arten *C. tenuissimum*, *C. lunata* und *F. pedrosoi* wurden als mögliche Verursacher von Chromomykosen isoliert, während die anderen Stämme von Haut- und Nagelläsionen der Hände und Füße nachgewiesen wurden.

*Acremonium* spp., *Aspergillus* spp., *Curvularia lunata*, *Fusarium oxysporum*, *F. solani*, *Microascus cinereus*, *Neoscytalidium dimidiatum* und *Penicillium* spp. wurden ebenfalls im Rahmen anderer Studien in Süd- und Nordamerika, Asien und Europa als Verursacher von Haut- und Nagelläsionen dokumentiert (Alvarez et al. 2004; Bokhari et al. 1999; Cai et al. 2016; Cruz Ch. et al. 2011; Farwa et al. 2011; Godoy-Martinez et al. 2009; Gonçalves de Araújo et al. 2003; Guarro und Gené 1995; Heikkilä und Stubb 1995; Lim et al. 1992; Martínez-Herrera et al. 2015; Miklić et al. 2010; Ng et al. 1999; Revankar und Sutton 2010; Schechtman 2008; Summerbell et al. 2005; Viegas et al. 2013; Wang und Chi 2005), wobei *N. scyталidium* primär in tropischen bis mediterranen Regionen als Erreger von Haut- und Nagelmykosen nachgewiesen wurde (Bokhari et al. 1999; Farwa et al. 2011; Gonçalves de Araújo et al. 2003; Ng et al. 1999; Schechtman 2008; Viegas et al. 2013). *Fonsecaea pedrosoi* ist als regelmäßiger Verursacher von Chromomykosen in lateinamerikanischen Ländern dokumentiert, während *Curvularia lunata* und Arten der Gattung *Cladosporium* nur als gelegentliche Erreger des entspre-

chenden Krankheitsbildes beschrieben wurden (Bonifaz et al. 2001; de Hoog et al. 2014; Krzyściak et al. 2014; Qiu-Xia et al. 2008; Revankar et al. 2002; Revankar und Sutton 2010; Rivitti und Aoki 1999). Alle im Rahmen dieser Studie isolierten Arten der Gattung *Aspergillus*, bis auf *A. giganteus*, wurden als primäre Verursacher und sekundäre Besiedler von Haut- und Nagelläsionen weltweit dokumentiert (Cruz Ch. et al. 2011; de Hoog et al. 2014; Heikkilä und Stubb 1995; Mügge et al. 2006; Nawal et al. 2012). Da allerdings die Proben in Panama zu einem Zeitpunkt gesammelt wurden, in dem Sporen von Arten dieser Gattung dominant in der Außenluft vertreten sind und *Aspergillus*-Arten generell eine hohe Abundanz und Diversität in tropischen Regionen aufweisen und von allen Proben weitere Pilzarten isoliert wurden, sind die Isolate wahrscheinlich überwiegend als eine Kontamination des Probenmaterials in Form von luftgetragenen Sporen oder als opportunistische Besiedler anzusehen (Domsch et al. 2007; Gupta et al. 2012; Seifert et al. 2011; Summerbell et al. 2005; Tauk-Tornisielo et al. 2005; Taylor und Mc Fadden 1962). *Wardomyces litoralis* ist bisher nicht als pathogener oder opportunistischer Pilz dokumentiert worden und weitergehende Daten über die Verbreitung in der Umwelt sind nicht vorhanden. Die große Anzahl an Isolationen dieser Art von verschiedenen Probanden, einschließlich Läsionen ohne Dermatophyten, sowie die Fähigkeit bei 37 °C und auf Keratin-haltigen Materialien wachsen zu können, machen ein gewisses pathogenes Potential dieser Art wahrscheinlich. *Scopulariopsis carbonaria* wurde ebenfalls bisher nicht von Haut- oder Nagelläsionen beschrieben, ist aber im Rahmen dieser Arbeit mehrfach von Nagelmykosen, einschließlich einer Läsion ohne Dermatophyten isoliert worden. Zudem zeigt die Art ein gewisses keratinolytisches Potential (Filipello Marchisio und Fusconi 2001), was eine Besiedlung vorgeschädigter Nagelbereiche ermöglichen würde. Von den in Panama untersuchten Läsionen wurde neben den klassischen Erregern von Mykosen, den Dermatophyten, ebenfalls ein breites Spektrum verschiedener pathogener Schimmelpilze und weiterer bisher nicht im klinischen Kontext beschriebener Arten nachgewiesen. Um die Gesamtheit der in Panama mit Haut- und Nagelläsionen assoziierten opportunistischen und potentiell pathogenen Schimmelpilze zu erfassen und zu klären inwieweit isolierte Organismen, wie z.B. *Acremonium collariferum*, *Scopulariopsis carbonaria* oder *Wardomyces litoralis* als potentielle Erreger oder opportunistische Besiedler von Haut- und Nagelläsionen in Panama relevant sind, müssten wiederholte Probennahmen und populationsbasierte Studien mit einem größeren Umfang durchgeführt werden (Gupta et al. 2001; Martínez-Herrera et al. 2015; Summerbell et al. 2005).

### 4.3 Systematische Stellung der von Haut- und Nagelläsionen isolierten Pilze

Aus den in Panama gesammelten Proben konnten Pilzarten aus vier Klassen der Ascomycota und aus zwei Klassen der Basidiomycota isoliert werden, wobei die Ascomyceten mit 95,3 Prozent aller taxonomisch klassifizierten Stämme den Großteil der kultivierten Arten darstellten. Innerhalb der Ascomyceten wurden Organismen der Klassen Dothideomycetes, Eurotiomycetes, Saccharomycetes und Sordariomycetes und innerhalb der Basidiomycota Arten der Klassen Microbotryomycetes und Tremellomycetes nachgewiesen. Die am häufigsten isolierten Organismen waren Vertreter der Klasse Eurotiomycetes mit 73 Isolaten 15 verschiedener Arten aus vier Gattungen, drei Familien und drei Ordnungen. Die zweitgrößte Gruppe beinhaltet Arten der Sordariomycetes mit 36 isolierten Stämmen, 13 Arten und neun Gattungen in sechs Familien und drei verschiedenen Ordnungen sowie einer taxonomisch nicht zugeordneten Gruppe (*Incertae sedis*). Die am dritthäufigsten nachgewiesene Gruppe bestand aus Vertretern der Dothideomycetes mit 17 Isolaten neun verschiedener Arten aus sieben Gattungen, neun Familien und vier Ordnungen und einer taxonomisch keiner Ordnung zugeordneten Familie (*Incertae sedis*). Die kleinste Gruppe innerhalb der Ascomycota bildeten Organismen der Saccharomycetes mit 14 Isolaten und drei Arten einer Gattung und einer Ordnung. Die Tremellomycetes waren mit sieben Isolaten aus einer Ordnung, Familie und Gattung sowie drei verschiedenen Arten die am häufigsten isolierten Organismen der Basidiomycota. Die Microbotryomycetes wurden im Rahmen dieser Arbeit nur einmal nachgewiesen.

Die taxonomisch diversten Gruppen mit der größten Anzahl an nachgewiesenen Gattungen, Familien und Ordnungen waren die Dothideomycetes und die Sordariomycetes, während die Eurotiomycetes nur die drittgrößte Anzahl isolierter taxonomischer Gruppen aufwies. Die Microbotryomycetes, Saccharomycetes und Tremellomycetes wurden im Rahmen dieser Aufsammlung jeweils nur mit einer Gattung, einer Familie und einer Ordnung in Panama von Haut- und Nagelläsionen dokumentiert. Die in Panama isolierten taxonomischen Gruppen repräsentieren einen Großteil der humanpathogene Organismen beinhaltenden Klassen der Ascomycota und Basidiomycota und entsprechen in Bezug auf die Anzahl der isolierten taxonomischen Einheiten den Mengenverhältnissen der in der Literatur verfügbaren Daten (de Hoog et al. 2014; Kirk und Ainsworth 2011; Reiss et al. 2009). So stellen die Dothideomycetes und Sordariomycetes die Klassen mit den bisher am häufigsten beschriebenen Gattungen, Familien und Ordnungen und die ebenfalls am weitesten in der Umwelt verbreiteten Organismen dar (Hyde

et al. 2013; Kirk und Ainsworth 2011; Piepenbring 2015; Zhang et al. 2006). Die große Anzahl an isolierten Stämmen der Eurotiomycetes ist darauf zurückzuführen, dass die Klasse weit verbreitete und opportunistisch-pathogene Schimmelpilzgattungen wie *Aspergillus* und *Penicillium*, sowie die wichtigsten humanpathogenen Erreger von Haut- und Nagelläsionen der Füße beinhaltet und dieses Habitat mit 80,8 % aller gesammelten Proben die am häufigsten untersuchte Körperregion darstellt. Die isolierten Stämme der anderen Klassen stellen primär saprotrophe Organismen, einschließlich verschiedener opportunistischer Erreger dar und wurden von verschiedenen organischen Substanzen, wie pflanzlichen oder tierischen Materialien, Kot oder sonstigen Ausscheidungsprodukten, im Boden, auf Pflanzen und in Luftproben nachgewiesen (de Hoog et al. 2014; Domsch et al. 2007; Grose et al. 1968; Tauk-Tornisielo et al. 2005; Taylor und Mc Fadden 1962). Diese Beobachtungen entsprechen den Ergebnissen anderer Studien, die unabhängig vom individuellen Gesundheitszustand oder sozioökonomischen Status der entsprechenden Personen ebenfalls ein breites Spektrum saprotropher, opportunistischer und pathogener Pilzarten verschiedener systematischer Gruppen von unterschiedlichen Regionen des menschlichen Körpers und im Besonderen aus dem Bereich der Füße nachgewiesen haben (Ali-Shtayeh et al. 2001; Findley et al. 2013; Gad et al. 1987; Oyeka und Ugwu 2002; Zarrin und Babadi 2014). Der menschliche Organismus ist somit ein Lebensraum für ein breites Spektrum taxonomischer Gruppen mehr oder weniger spezifischer, überwiegend auf den Menschen als Habitat beschränkter, opportunistischer und pathogener Organismen sowie in der Umwelt verbreiteter Pilzarten (Alvarez und Caicedo 2007; Findley et al. 2013; Gad et al. 1987; Oyeka und Ugwu 2002; Zarrin und Babadi 2014).

#### **4.4 Erstnachweise für Panama und neue Arten**

Publizierte Nachweise der in Panama isolierten Pilzarten wurden unter Verwendung von Internet-Suchmaschinen (Google, Google Scholar), PubMed ([www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed)) und Web of Science™ ([webofknowledge.com](http://webofknowledge.com)) recherchiert und mit den im Rahmen dieser Studie isolierten Pilzstämmen verglichen. Die öffentliche Datenbank des „Smithsonian Tropical Research Institute“ (<http://biogeodb.stri.si.edu/fungi/>) beinhaltet zudem Nachweise von über 2.772 in Panama dokumentierten Pilzarten, einschließlich 718 verschiedener anamorpher Pilze. Allerdings umfassen die Nachweise keine medizinisch relevanten Arten (Piepenbring et

al. 2007) und ebenfalls nicht alle in Panama dokumentierten anamorphen und teleomorphen Stadien saprotropher Mikropilze. Ein Großteil der Nachweise der von Haut- und Nagelläsionen in Panama dokumentierten Pilzarten wurden überwiegend in lokalen Fachzeitschriften, Tagungs- oder Krankenhausberichten und im Rahmen von Abschlussarbeiten veröffentlicht (Tab. 5) und sind daher oft nur schwer recherchierbar. Deshalb ist es möglich, dass die dieser Arbeit zugrundeliegenden Nachweise in Panama dokumentierter Pilze, einschließlich humanpathogener Organismen, möglicherweise nicht alle publizierten Daten umfassen. Mehrere der im Rahmen dieser Studie isolierten und in der Literatur als pathogene bzw. opportunistische Pilzarten dokumentierten Organismen wurden zuvor in Panama nicht von Haut- und Nagelläsionen beschrieben. So sind die nachgewiesenen potentiell humanpathogenen Arten der Gattung *Aspergillus* sowie die Arten *Candida tropicalis*, *Chaetomium globosum*, *Cladosporium sphaerospermum*, *Curvularia lunata*, *Fusarium oxysporum*, *Microascus cinereus*, *Penicillium commune*, *Trichosporon asahii*, *T. japonicum* und *T. montevidense* bisher nicht im medizinischen Kontext in Panama dokumentiert worden.

Die Arten *Aspergillus awamori*, *A. heteromorphus*, *Chaetomium globosum*, *Cladosporium tenuissimum*, *Lophotrichus bartlettii*, *Microascus cinereus*, *Penicillium commune*, *Scopulariopsis croci*, *Trichosporon asahii*, *T. japonicum*, *T. montevidense*, *Verticillium epiphytum* und *Wardomyces litoralis* wurden im Rahmen dieser Arbeit ebenfalls das erste Mal in Panama nachgewiesen. Die Isolation von *W. litoralis* in Panama ist zudem der zweite Nachweis dieses Pilzes weltweit und ebenfalls die erste dokumentierte Isolation für den amerikanischen Kontinent.

Im Rahmen dieser Aufsammlung wurden zudem neun Pilzstämme kultiviert, die anhand morphologischer Merkmale sowie ITS und LSU nrDNA Sequenzdaten keiner der bisher beschriebenen Pilzarten zugeordnet werden konnten. So wurden zwei mögliche neue Arten der Dothideomycetes mit taxonomischer Zugehörigkeit zu den Venturiaceae (Venturiales) und der Gattung *Fusicladium* bzw. den Eremomycetaceae (Incertae sedis) sowie der Gattung *Rhexothecium*, vier weitere möglicherweise bisher nicht wissenschaftlich dokumentierte Arten der Sordariomycetes mit vier Isolaten von zwei Vertretern der Gattung *Acremonium* s.str. (Bionectriaceae, Hypocreales), zwei Hyphomyceten mit einem *Chalara*-Stadium bzw. *Phialophora*-artigen Phialiden und einer genetischen Affinität zu der Gattung *Cryptendoxyla* (Cephalothecaceae, Sordariales) und ein mit den Eurotiomycetes, Chaetothyriales, der Familie Trichomeriaceae und der Gattung *Knufia*

assoziiertes Isolat eines meristematischen Ascomyceten nachgewiesen. Die Klassifizierung der entsprechenden Isolate basiert auf einem Vergleich der in Kultur gebildeten morphologischen Strukturen und nrDNA Sequenzen mit publizierten Daten verwandter Arten sowie Sequenzen in GenBank (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) und weiterhin über MycoBank (<http://www.mycobank.org>) verfügbaren öffentlichen Datenbanken und den Ergebnissen phylogenetischer Analysen. Die Stämme stellen überwiegend Vertreter schlecht erforschter taxonomischer Gruppen dar und in den verwendeten Datenbanken war häufig keine ausreichende Anzahl repräsentativer DNA Sequenzen vorhanden. Da im Rahmen dieser Arbeit kein direkter Vergleich der entsprechenden Isolate mit Herbarbelegen sowie lebenden Typus-Stämmen verwandter Arten durchgeführt werden konnte, wurden die Stämme nur vorläufig benannt. Von den in Panama untersuchten Haut- und Nagelläsionen konnten mehrere sehr wahrscheinlich bisher nicht wissenschaftlich beschriebene sowie selten dokumentierte Arten saprotropher und keratinolytischer bzw. keratinophiler Organismen nachgewiesen werden. Die große Anzahl der im Rahmen dieser Untersuchung neu dokumentierter Pilzarten, einschließlich der Erstnachweise ubiquitär verbreiteter und häufig auftretender Organismen, zeigt weiterhin einen großen Forschungsbedarf in Panama und die Nützlichkeit Kultur-basierter mykologischer Forschungsansätze für die Aufklärung der Diversität und Verbreitung von Mikropilzen in der Umwelt und am menschlichen Körper.

## 5 Zusammenfassung

Die vorliegende Studie vermittelt einen epidemiologischen Überblick über das mit Haut- und Nagelläsionen assoziierte Pilzspektrum im Westen Panamas. Hierzu wurden Proben von vermutlich durch Pilzinfektionen verursachten Haut- sowie Nagelläsionen gesammelt und zum Anlegen von Kulturen verwendet. Die isolierten Pilzstämmen wurden basierend auf dem D-H-S System (Rieth), anhand morphologischer Merkmale, nrDNA Sequenzdaten sowie phylogenetischen Analysen klassifiziert und mit Hilfe von Literaturdaten sowie physiologischen Eigenschaften als saprotrophe, opportunistische oder pathogene Organismen beurteilt. In Panama wurden 52 Proben von 51 Personen gesammelt, wobei das Material von 42 Haut- und Nagelläsionen der Füße, vier Läsionen der Fingernägel, zwei Chromomykosen, einer Tinea nigra und drei sonstigen Hautläsionen stammt. Bei 75 Prozent (n = 39) der Proben konnten Pilze kultiviert und insgesamt 201 Pilzstämmen isoliert und subkultiviert werden. Hiervon wurden 50 Isolate (24,9 %) als Dermatophyten, 24 Stämme (11,9 %) als Hefen und 127 Isolate (63,2 %) als Schimmelpilze klassifiziert. Bei 19 Probanden (48,7 %) konnten Dermatophyten isoliert werden, wobei aus dem Probenmaterial von 12 Personen (63,2 %) ebenfalls andere Pilzarten nachgewiesen wurden. Von zwei Läsionen (5,1 %) wurden nur Hefestämme isoliert, wobei einmal eine Schwarze Hefe kultiviert wurde. In dem Material acht weiterer Proben (20,5 %) wurden Schimmelpilze und Hefestämme nachgewiesen und bei zehn Probanden (25,6 %) konnten aus dem Probenmaterial nur Schimmelpilze kultiviert werden. 172 Isolate wurden taxonomisch klassifiziert und 44 Arten aus 25 Gattungen, 17 Familien, 15 Ordnungen, sechs Klassen sowie den Abteilungen Ascomycota oder Basidiomycota zugeordnet. Die Ascomyceten stellen mit 164 Stämmen 40 verschiedener Arten aus 23 Gattungen, 15 Familien, 11 Ordnungen und vier Klassen die am häufigsten isolierte und vielfältigste Organismengruppe dar, während die Basidiomycota nur mit acht Isolaten vier verschiedener Arten zwei unterschiedlicher Gattungen, Familien, Ordnungen und Klassen nachgewiesen wurden.

Im Rahmen dieser Arbeit wurden in Panama die anthropophilen Dermatophyten *Trichophyton rubrum* und *T. interdigitale* dokumentiert, wobei *T. rubrum* die am häufigsten isolierte Art darstellt. Kultivierte Hefen waren *Candida albicans*, *C. duobushaemulonii*, *C. tropicalis*, *Hortaea werneckii*, *Sporobolomyces* sp., *Trichosporon asahii*, *T. japonicum* und *T. montevideense*. Die Schimmelpilze stellen die größte und ökologisch diverseste Organismengruppe der kultivierten Pilze dar. So wurden von den untersuchten Läsionen sowohl humanpathogene Erreger, als auch opportunistische

Arten und rein saprotrophe Pilze sowie mehrere Vertreter wahrscheinlich bisher nicht wissenschaftlich beschriebener Arten bzw. Gattungen nachgewiesen. Aus dem Probenmaterial wurden die Schimmelpilze *Acremonium collariferum*, *Aspergillus awamori*, *A. clavatus*, *A. flavus*, *A. giganteus*, *A. heteromorphus*, *A. niger*, *A. ochraceus*, *A. sclerotiorum*, *A. versicolor*, *Chaetomium globosum*, *Chrysosporium tuberculatum*, *Cladosporium sphaerospermum*, *C. tenuissimum*, *Curvularia geniculata*, *C. lunata*, *Fonsecaea pedrosoi*, *Fusarium oxysporum*, *F. solani*, *Lophotrichus bartlettii*, *Microascus cinereus*, *Neoscytalidium dimidiatum*, *Penicillium commune*, *Scolecobasidium* sp., *Scopulariopsis carbonaria*, *S. croci*, *Verticillium cf. epiphytum* und *Wardomyces litoralis* isoliert. Zudem wurden vier Isolate von zwei vermutlich neuen Arten der Gattung *Acremonium* (Bionectriaceae, Hypocreales), zwei Stämme mit einer genetischen Affinität zu der Gattung *Cryptendoxyla* (Cephalothecaceae, Sordariales) und jeweils ein mit den Gattungen *Fusicladium* (Venturiaceae, Venturiales), *Knufia* (Trichomeriaceae, Chaetothyriales) bzw. *Rhexothecium* (Eremomycetaceae, Dothideomycetidae) assoziierter Stamm kultiviert. Im Rahmen dieser Studie wurden *A. giganteus*, *C. tenuissimum*, *L. bartlettii*, *S. carbonaria*, *S. croci*, *V. epiphytum* und *W. litoralis* erstmalig von Mykosen des Menschen dokumentiert und die in der Literatur als Verursacher sowie Besiedler von Haut- und Nagelläsionen beschriebenen Organismen *A. clavatus*, *A. flavus*, *A. niger*, *A. ochraceus*, *C. tropicalis*, *C. globosum*, *C. sphaerospermum*, *C. lunata*, *F. oxysporum*, *M. cinereus*, *P. commune*, *T. asahii*, *T. japonicum* und *T. montevidense* wurden das erste Mal in klinischem Probenmaterial aus Panama nachgewiesen. Die Arten *A. awamori*, *A. heteromorphus*, *C. globosum*, *C. tenuissimum*, *L. bartlettii*, *M. cinereus*, *P. commune*, *S. croci*, *T. asahii*, *T. japonicum*, *T. montevidense*, *V. epiphytum*, *W. litoralis* und die Gattung *Scolecobasidium* wurden zudem erstmalig für Panama dokumentiert. Die Isolation von *W. litoralis* in Panama ist ebenfalls der erste Nachweis dieses Pilzes außerhalb von Spanien und auf dem amerikanischen Kontinent.

Die große Anzahl im Rahmen dieser Arbeit beschriebener, bisher für die Wissenschaft unbekannter bzw. nicht in Panama dokumentierter Pilzarten lässt auf eine große mykologische Biodiversität in Panama schließen und zeigt den Bedarf weiterer Forschung.



## 6 Literaturverzeichnis

- Abbott EV (1927) *Scolecobasidium*, a new genus of soil fungi. *Mycologia* 19:29–31
- Abildgaard CF, Taylor RL (1962) Histoplasmosis survey of preschool children in Panama. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 11:666–669
- Achterman RR, White TC (2012) Dermatophyte virulence factors: identifying and analyzing genes that may contribute to chronic or acute skin infections. *Int. J. Microbiol.* 2012:358305. doi:10.1155/2012/358305
- Ağirbasli H, Bilgen H, Ozcan SK, Otlu B, Sinik G, Cerikçioğlu N, Durmaz R, Can E, Yalman N, Gedikoğlu G, Sugita T (2008) Two possible cases of *Trichosporon* infections in bone-marrow-transplanted children: the first case of *T. japonicum* isolated from clinical specimens. *Jpn. J. Infect. Dis.* 61:130–132
- Ahmad S, Al-Mahmeed M, Khan ZU (2005) Characterization of *Trichosporon* species isolated from clinical specimens in Kuwait. *J. Med. Microbiol.* 54:639–646. doi:10.1099/jmm.0.45972-0
- Aime MC, Matheny PB, Henk DA, Frieders EM, Nilsson RH, Piepenbring M, McLaughlin DJ, Szabo LJ, Begerow D, Sampaio JP, Bauer R, Weiss M, Oberwinkler F, Hibbett D (2007) An overview of the higher level classification of Pucciniomycotina based on combined analyses of nuclear large and small subunit rDNA sequences. *Mycologia* 98:896–905. doi:10.3852/mycologia.98.6.896
- Ajello L (1954) Occurrence of *Histoplasma capsulatum* and other human pathogenic molds in Panamanian soil. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 3:897–904
- Ajello L (1968) A taxonomic review of the dermatophytes and related species. *Med. Mycol.* 6:147–159. doi:10.1080/00362176885190271
- Ajello L, Georg LK (1957) In vitro hair cultures for differentiating between atypical isolates of *Trichophyton mentagrophytes* and *Trichophyton rubrum*. *Mycopathol. Mycol. Appl.* 8:3–17
- Ajello L, Varsavsky E, Delvingt W (1965) Keratinophilic fungi from Belgian soils. *Trans. Brit. Mycol. Soc.* 48:417–421. doi:10.1016/S0007-1536(65)80063-8
- Al-Doory Y, Parion R (1974) A bibliography of chromomycosis. *Mycopathol. Mycol. Appl.*:91–109
- Ali-Shtayeh MS, Salameh AA, Abu-Ghdeib SI, Jamous RM (2001) Hair and scalp mycobiota in school children in Nablus area. *Mycopathologia* 150:127–135
- Allen AM, Taplin D (1974) Skin infections in eastern Panama. Survey of two representative communities. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 23:950–956

- Alteras I, Saryt E (1979) Prevalence of pathogenic fungi in the toe-webs and toe-nails of diabetic patients. *Mycopathologia* 67:157–159
- Alvarez MI, Caicedo LD (2007) Medically important fungi found in hallux nails of university students from Cali, Colombia. *Mycopathologia* 163:321–325. doi:10.1007/s11046-007-9016-9
- Alvarez MI, González LA, Castro LA (2004) Onychomycosis in Cali, Colombia. *Mycopathologia* 158:181–186
- Alves A, Gouveia Ferreira M, Paulo J, França A, Carvalho Á (2001) Mushroom poisoning with *Amanita phalloides* — a report of four cases. *Eur. J. Intern. Med.* 12:64–66. doi:10.1016/S0953-6205(00)00127-8
- Aly R (1994) Ecology and epidemiology of dermatophyte infections. *J. Am. Acad. Dermatol.* 31:S21-5
- Anbu P, Hilda A, Gopinath SC (2004) Keratinophilic fungi of poultry farm and feather dumping soil in Tamil Nadu, India. *Mycopathologia* 158:303–309. doi:10.1007/s11046-004-3465-1
- Antachopoulos C, Walsh TJ, Roilides E (2007) Fungal infections in primary immunodeficiencies. *Eur. J. Pediatr.* 166:1099–1117. doi:10.1007/s00431-007-0527-7
- Antonissen G, Martel A, Pasmans F, Ducatelle R, Verbrugghe E, Vandebroucke V, Li S, Haesebrouck F, van Immerseel F, Croubels S (2014) The impact of *Fusarium* mycotoxins on human and animal host susceptibility to infectious diseases. *Toxins* 6:430–452. doi:10.3390/toxins6020430
- Antunes J, Pacheco D, Sequeira H, Marques MS, Filipe P, Travassos R (2012) Phaeohyphomycosis of the face, caused by *Cladosporium sphaerospermum*, in an immunocompetent child. *J. Am. Acad. Dermatol.* 66:AB120. doi:10.1016/j.jaad.2011.11.510
- Anzawa K, Kawasaki M, Hironaga M, Mochizuki T (2011) Genetic relationship between *Trichophyton mentagrophytes* var. *interdigitale* and *Arthroderma vanbreuseghemii*. *Med. Mycol. J.* 52:223–227. doi:10.3314/mmj.52.223
- Anzawa K, Kawasaki M, Mochizuki T, Ishizaki H (2010) Successful mating of *Trichophyton rubrum* with *Arthroderma simii*. *Med. Mycol.* 48:629–634. doi:10.3109/13693780903437884
- Archer-Dubon C, Orozco-Topete R, Leyva-Santiago J, Arenas R, Carbajosa J, Ysunza A (2003) Superficial mycotic infections of the foot in a native pediatric population: a pathogenic role for *Trichosporon cutaneum*? *Pediatr. Dermatol.* 20:299–302

- Arx JA (1975) Revision of *Microascus* with the description of a new species. *Persoonia* 8:191–197
- Asgari B, Zare R (2011) The genus *Chaetomium* in Iran, a phylogenetic study including six new species. *Mycologia* 103:863–882. doi:10.3852/10-349
- Assante G, Maffi D, Saracchi M, Farina G, Moricca S, Ragazzi A (2004) Histological studies on the mycoparasitism of *Cladosporium tenuissimum* on urediniospores of *Uromyces appendiculatus*. *Mycol. Res.* 108:170–182
- Attili-Angelis D, Duarte AP, Pagnocca FC, Nagamoto NS, de Vries M, Stielow JB, de Hoog GS (2014) Novel *Phialophora* species from leaf-cutting ants (tribe Attini). *Fungal Divers.* 65:65–75. doi:10.1007/s13225-013-0275-0
- Azevedo E, Caeiro MF, Rebelo R, Barata M (2011) Biodiversity and characterization of marine mycota from Portuguese Waters. *Anim. Biodivers. Conserv.* 34
- Baddley JW, Moser SA, Sutton DA, Pappas PG (2000) *Microascus cinereus* (anamorph *Scopulariopsis*) brain abscess in a bone marrow transplant recipient. *J. Clin. Microbiol.* 38:395–397
- Barde AK, Singh SM (1983) A case of onychomycosis caused by *Curvularia lunata* (Wakker) Boedijn. *Mycoses* 26:311–316. doi:10.1111/j.1439-0507.1983.tb03216.x
- Barnett JA (2004) A history of research on yeasts 8: taxonomy. *Yeast* (Chichester, England) 21:1141–1193. doi:10.1002/yea.1154
- Barr ME (1987) Prodrum to class Loculoascomycetes. Dept. of Botany, Univ. of Massachusetts, Amherst, Mass.
- Barron GL (1966) A new species of *Scopulariopsis* from soil. *Antonie van Leeuwenhoek* 32:293–298. doi:10.1007/BF02097471
- Barron GL (1968) Genera of hyphomycetes from soil. The Williams & Wilkins Company, Baltimore
- Barron GL, Busch LV (1962) Studies on the soil hyphomycete *Scolecobasidium*. *Can. J. Bot.* 40:77–84. doi:10.1139/b62-009
- Barron GL, Cain RF, Gilman JC (1961) The genus *Microascus*. *Can. J. Bot.* 39:1609–1631. doi:10.1139/b61-143
- Barua P, Barua S, Borkakoty B, Mahanta J (2007) Onychomycosis by *Scytalidium dimidiatum* in green tea leaf pluckers: report of two cases. *Mycopathologia* 164:193–195. doi:10.1007/s11046-007-9024-9

- Bashir G, Thokar MA, Ahmad S, Fomda BA, Lone R, Fazili T (2006) Fungemia caused by *Verticillium* species in an immunocompromised child. *Indian J. Med. Microbiol.* 24:65. doi:10.4103/0255-0857.19901
- Batta YA (2004) *Cladosporium tenuissimum* Cooke (Deuteromycotina: Hyphomycetes) as a causal organism of new disease on cucumber fruits. *Eur. J. Plant Pathol.* 110:1003–1009. doi:10.1007/s10658-004-1604-7
- Battaglia E, Visser L, Nijssen A, van Veluw GJ, Wösten HAB, de Vries RP (2011) Analysis of regulation of pentose utilisation in *Aspergillus niger* reveals evolutionary adaptations in Eurotiales. *Stud. Mycol.* 69:31–38. doi:10.3114/sim.2011.69.03
- Bauer R, Begerow D, Sampaio JP, Weiß M, Oberwinkler F (2006) The simple-septate basidiomycetes: a synopsis. *Mycol. Progress* 5:41–66. doi:10.1007/s11557-006-0502-0
- Beck A, Ritschel A, Schubert K, Braun U, Triebel D (2005) Phylogenetic relationships of the anamorphic genus *Fusicladium* s. lat. as inferred by ITS nrDNA data. *Mycol. Progress* 4:111–116. doi:10.1007/s11557-006-0114-8
- Begerow D, Stoll M, Bauer R (2007) A phylogenetic hypothesis of Ustilaginomycotina based on multiple gene analyses and morphological data. *Mycologia* 98:906–916. doi:10.3852/mycologia.98.6.906
- Beguín H, Pyck N, Hendrickx M, Planard C, Stubbe D, Detandt M (2012) The taxonomic status of *Trichophyton quinckeanum* and *T. interdigitale* revisited: a multi-gene phylogenetic approach. *Med. Mycol.* 50:871–882. doi:10.3109/13693786.2012.684153
- Benjamin RK (1949) Two species representing a new genus of the Chaetomiaceae. *Mycologia* 41:346–354. doi:10.2307/3755117
- Benny GL, Kimbrough JW (1980) A synopsis of the orders and families of Plectomycetes with keys to genera. *Mycotaxon* 12:1–91
- Bensch K, Braun U, Groenewald JZ, Crous PW (2012) The genus *Cladosporium*. *Stud. Mycol.* 72:1–401. doi:10.3114/sim0003
- Bensch K, Groenewald JZ, Dijksterhuis J, Starink-Willemse M, Andersen B, Summerell BA, Shin H, Dugan FM, Schroers H, Braun U, Crous PW (2010) Species and ecological diversity within the *Cladosporium cladosporioides* complex (Davidiellaceae, Capnodiales). *Stud. Mycol.* 67:1–94. doi:10.3114/sim.2010.67.01
- Benson PM (1983) White Piedra. *Arch. Dermatol.* 119:602. doi:10.1001/archderm.1983.01650310064013

- Bergman AG, Kauffman CA (1984) Dermatitis due to *Sporobolomyces* infection. Arch. Dermatol. 120:1059–1060
- Bergson CL, Fernandes NC (2001) Tinea capitis: study of asymptomatic carriers and sick adolescents, adults and elderly who live with children with the disease. Rev. Inst. Med. Trop. Sao Paulo 43:87–91
- Berkhout CM (1923) De Schimmelgeslachten *Monilia*, *Oidium*, *Oospora* en *Torula*. Dissertation, Rijksuniversiteit te Utrecht
- Bhargava K, Bhargava KS (1971) Studies on soil fungi from Teak forests of Gorakhpur IV. Isolation of fungi by soil plate and soil dilution plate methods. Sydowia 24:233–240
- Bhartiya P, Daniell M, Constantinou M, Islam A, Taylor HR (2007) Fungal keratitis in Melbourne. Clin. Experiment. Ophthalmol. 35:124–130. doi:10.1111/j.1442-9071.2006.01405.x.
- Bhatia VK, Sharma PC (2014) Epidemiological studies on Dermatophytosis in human patients in Himachal Pradesh, India. SpringerPlus 3:134. doi:10.1186/2193-1801-3-134
- Blackwell M (2011) The fungi: 1, 2, 3 ... 5.1 million species? Am. J. Bot. 98:426–438. doi:10.3732/ajb.1000298
- Blomqvist K (1969) *Arthroderma tuberculatum* isolated from fingernail and beard. Dermatologica 139:229–232
- Bogomolova EV, Minter DW (2003) A new microcolonial rock-inhabiting fungus from marble in Chersonesos (Crimea, Ukraine). Mycotaxon:195–204
- Bohacz J, Kornilłowicz-Kowalska T (2012) Species diversity of keratinophilic fungi in various soil types. Open Life Sci. 7. doi:10.2478/s11535-012-0008-5
- Bokhari MA, Hussain I, Jahangir M, Haroon TS, Aman S, Khurshid K (1999) Onychomycosis in Lahore, Pakistan. Int. J. Dermatol. 38:591–595
- Bonifaz A, Badali H, de Hoog GS, Cruz M, Araiza J, Cruz MA, Fierro L, Ponce RM (2008a) Tinea nigra by *Hortaea werneckii*, a report of 22 cases from Mexico. Stud. Mycol. 61:77–82. doi:10.3114/sim.2008.61.07
- Bonifaz A, Badali H, de Hoog GS, Cruz M, Araiza J, Cruz MA, Fierro L, Ponce RM (2008b) Tinea nigra by *Hortaea werneckii*, a report of 22 cases from Mexico. Stud. Mycol. 61:77–82. doi:10.3114/sim.2008.61.07
- Bonifaz A, Carrasco-Gerard E, Saúl A (2001) Chromoblastomycosis: clinical and mycologic experience of 51 cases. Mycoses 44:1–7

- Botella L, Diez JJ (2011) Phylogenetic diversity of fungal endophytes in Spanish stands of *Pinus halepensis*. *Fungal Divers.* 47:9–18. doi:10.1007/s13225-010-0061-1
- Brasch J, Graser Y (2005) *Trichophyton eboreum* sp. nov. isolated from human skin. *J. Clin. Microbiol.* 43:5230–5237. doi:10.1128/JCM.43.10.5230-5237.2005
- Braun U, Crous PW, Dugan F, Groenewald JZ, de Hoog GS (2003) Phylogeny and taxonomy of *Cladosporium*-like hyphomycetes, including *Davidiella* gen. nov., the teleomorph of *Cladosporium* s. str. *Mycol. Progress* 2:3–18. doi:10.1007/s11557-006-0039-2
- Braun U, Schubert K (2007) Taxonomic revision of the genus *Cladosporium* s. lat. 6. New species, reallocations to and synonyms of *Cercospora*, *Fusicladium*, *Passalora*, *Septonema* and *Stenella*. *Nova Hedw.* 84:189–208. doi:10.1127/0029-5035/2007/0084-0189
- Brilhante RSN, Cordeiro RA, Medrano DJA, Rocha MFG, Monteiro AJ, Cavalcante CSP, Meireles TEF, Sidrim JJC (2005) Onychomycosis in Ceará (Northeast Brazil): epidemiological and laboratory aspects. *Mem. Inst. Oswaldo Cruz* 100:131–135
- Buck JD (1990) Isolation of *Candida albicans* and halophilic *Vibrio* spp. from aquatic birds in Connecticut and Florida (Morphology of Halprowia (Chlamydia) isolated in Reiter's syndrome). *Appl. Environ. Microbiol.* 56:826–828
- Budak A, Bogusz B, Tokarczyk M, Trojanowska D (2013) Dermatophytes isolated from superficial fungal infections in Krakow, Poland, between 1995 and 2010. *Mycoses* 56:422–428. doi:10.1111/myc.12043
- Budak A, Macura AB, Mazur T, Laskownicka Z (1987) Fungal Species Isolated from Skin and Nail Lesions of Hands and Feet of Patients Suspected of Mycotic Infection./Das Pilzartenspektrum an Haut- und Nagelläsionen der Hande und Füße von Patienten mit Mykoseverdacht. *Mycoses* 30:434–439. doi:10.1111/j.1439-0507.1987.tb03643.x
- Bukovská P, Jelínková M, Hrselová H, Sýkorová Z, Gryndler M (2010) Terminal restriction fragment length measurement errors are affected mainly by fragment length, G+C nucleotide content and secondary structure melting point. *J. Microbiol. Methods* 82:223–228. doi:10.1016/j.mimet.2010.06.007
- Burzykowski T, Molenberghs G, Abeck D, Haneke E, Hay R, Katsambas A, Roseeuw D, van de Kerkhof P, van Aelst R, Marynissen G (2003) High prevalence of foot diseases in Europe: results of the Achilles Project. *Mycoses* 46:496–505

- Cabete J, Galhardas C, Apetato M, Lestre S (2015) Onychomycosis in patients with chronic leg ulcer and toenail abnormalities. *An. Bras. Dermatol.* 90:136–139. doi:10.1590/abd1806-4841.20152940
- Cáceres O (2005) Ökologie, Morphologie und Systematik von mit menschlichen Haut- und Nagelläsionen assoziierten Pilzen in Chiriquí, Panama. Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades der Naturwissenschaften, Johann Wolfgang Goethe Universität
- Cáceres O, Kirschner R, Piepenbring M, Schöfer H, Gené J (2006) *Hormographiella verticillata* and an Ozonium stage as anamorphs of *Coprinellus domesticus*. *Antonie van Leeuwenhoek* 89:79–90. doi:10.1007/s10482-005-9011-4
- Cafarchia C, Camarda A, Romito D, Campolo M, Quaglia NC, Tullio D, Otranto D (2006) Occurrence of yeasts in cloacae of migratory birds. *Mycopathologia* 161:229–234. doi:10.1007/s11046-005-0194-z
- Cafarchia C, Weigl S, Figueredo LA, Otranto D (2012) Molecular identification and phylogenesis of dermatophytes isolated from rabbit farms and rabbit farm workers. *Vet. Microbiol.* 154:395–402. doi:10.1016/j.vetmic.2011.07.021
- Cai L, Wu W, Hyde KD (2009) Phylogenetic relationships of *Chalara* and allied species inferred from ribosomal DNA sequences. *Mycol. Progress* 8:133–143. doi:10.1007/s11557-009-0585-5
- Cai W, Lu C, Li X, Zhang J, Zhan P, Xi L, Sun J, Yu X (2016) Epidemiology of superficial fungal infections in Guangdong, Southern China: a retrospective study from 2004 to 2014. *Mycopathologia*. doi:10.1007/s11046-016-9986-6
- Calero MC (1946) Chromoblastomycosis. *Arch. Derm. Syphilol.* 54:265. doi:10.1001/archderm.1946.01510380012002
- Calero MC (1948) Chromoblastomycosis in Panama. *Arch. Derm. Syphilol.* 57:266. doi:10.1001/archderm.1948.01520140128017
- Calero MC, Tapia A (1962) Two cases of sporotrichosis in the Isthmus of Panama. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 11:676–677
- Campbell CK, Johnson EM, Philpot CM, Warnock DW (1996) Identification of pathogenic fungi. Public Health Laboratory Service, London
- Cantrell SA, Casillas-Martínez L, Molina M (2006) Characterization of fungi from hypersaline environments of solar salterns using morphological and molecular techniques. *Mycol. Res.* 110:962–970. doi:10.1016/j.mycres.2006.06.005

- Cappell MS, Hassan T (1992) Gastrointestinal and hepatic effects of *Amanita phalloides* ingestion. *J. Clin. Gastroenterol.* 15:225–228
- Carmichael JW (1962) *Chrysosporium* and some other aleuriosporic hyphomycetes. *Can. J. Bot.* 40:1137–1173. doi:10.1139/b62-104
- Carrión AL (1950) Chromoblastomycosis. *Ann. N.Y. Acad. Sci.* 50:1255–1282
- Carter E, Boudreaux C (2004) Fatal cerebral phaeohyphomycosis due to *Curvularia lunata* in an immunocompetent patient. *J. Clin. Microbiol.* 42:5419–5423. doi:10.1128/JCM.42.11.5419-5423.2004
- Casadevall A, Pirofski L (2006) The weapon potential of human pathogenic fungi. *Med. Mycol.* 44:689–696. doi:10.1080/13693780600928503
- Castellani A (1966) Tinea nigra. Some remarks and annotations, chiefly historical. *Mycopathol. Mycol. Appl.* 30:193–199
- Castresana J (2000) Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. *Mol. Biol. Evol.* 17:540–552
- Cendejas-Bueno E, Kolecka A, Alastruey-Izquierdo A, Theelen B, Groenewald M, Kostrzewa M, Cuenca-Estrella M, Gómez-López A, Boekhout T (2012) Reclassification of the *Candida haemulonii* complex as *Candida haemulonii* (*C. haemulonii* group I), *C. duobushaemulonii* sp. nov. (*C. haemulonii* group II), and *C. haemulonii* var. *vulnera* var. nov.: three multiresistant human pathogenic yeasts. *J. Clin. Microbiol.* 50:3641–3651. doi:10.1128/JCM.02248-12
- Chabasse D (1988) Taxonomic study of keratinophilic fungi isolated from soil and some mammals in France. *Mycopathologia* 101:133–140
- Chabasse D, de Gentile L, Bouchara JP (1989) Pathogenicity of some *Chrysosporium* species isolated in France. *Mycopathologia* 106:171–177
- Chabasse D, Pihet M (2014) Les onychomycoses à moisissures (Onychomycoses due to molds). *J. Mycol. Med.* 24:261–268. doi:10.1016/j.mycmed.2014.10.005
- Chagas-Neto TC, Chaves GM, Melo ASA, Colombo AL (2009) Bloodstream infections due to *Trichosporon* spp.: species distribution, *Trichosporon asahii* genotypes determined on the basis of ribosomal DNA intergenic spacer 1 sequencing, and antifungal susceptibility testing. *J. Clin. Microbiol.* 47:1074–1081. doi:10.1128/JCM.01614-08
- Cheewangkoon R, Groenewald JZ, Summerell BA, Hyde KD, To-Anun C, Crous PW (2009) Myrtaceae, a cache of fungal biodiversity. *Persoonia* 23:55–85. doi:10.3767/003158509X474752



- Chesters CGC (1935) Studies on British pyrenomycetes. *Trans. Brit. Mycol. Soc.* 19:261–IN2. doi:10.1016/S0007-1536(35)80025-9
- Chi C, Wang S, Chou M (2005) The causative pathogens of onychomycosis in southern Taiwan. *Mycoses* 48:413–420. doi:10.1111/j.1439-0507.2005.01152.x
- Chomnunti P, Schoch CL, Aguirre-Hudson B, Ko-Ko TW, Hongsanan S, Jones EB, Kodsueb R, Phookamsak R, Chukeatirote E, Bahkali AH, Hyde KD (2011) Capnodiaceae. *Fungal Divers.* 51:103–134. doi:10.1007/s13225-011-0145-6
- Chun DK, Lee UH, Park HS, Choi JC (2004) Onychomycosis in a premature infant caused by *Candida tropicalis*. *J. Eur. Acad. Dermatol. Venereol.* 18:617–618. doi:10.1111/j.1468-3083.2004.01018.x
- Cole RJ (1986) Etiology of Turkey "X" disease in retrospect: A case for the involvement of cyclopiazonic acid. *Mycotoxin Res.* 2:3–7. doi:10.1007/BF03191956
- Colombo AL, Padovan AC, Chaves GM (2011) Current knowledge of *Trichosporon* spp. and Trichosporonosis. *Clin. Microbiol. Rev.* 24:682–700. doi:10.1128/CMR.00003-11
- Cook WL, Schlitzer RL (1981) Isolation of *Candida albicans* from freshwater and sewage. *Appl. Environ. Microbiol.* 41:840–842
- Cordeiro RA, Brilhante RSN, Pantoja LDM, Moreira Filho RE, Vieira PRN, Rocha MFG, Monteiro AJ, Sidrim JJC (2010) Isolation of pathogenic yeasts in the air from hospital environments in the city of Fortaleza, northeast Brazil. *Braz. J. Infect. Dis.* 14:30–34. doi:10.1590/S1413-86702010000100007
- Crassard N, Hadden H, Piens M, Pondarré C, Hadden R, Galambrun C, Pracros J, Souillet G, Basset T, Berthier J, Philippe N, Bertrand Y (2008) Invasive aspergillosis in a paediatric haematology department: a 15-year review. *Mycoses* 51:109–116. doi:10.1111/j.1439-0507.2007.01449.x
- Crous PW, Braun U, Schubert K. (2007a) The genus *Cladosporium* and similar dematiaceous hyphomycetes. *Stud. Mycol.*
- Crous PW, Braun U, Wingfield MJ, Wood AR, Shin HD, Summerell BA, Alfenas AC, Cumagun CJR, Groenewald JZ (2009a) Phylogeny and taxonomy of obscure genera of microfungi. *Persoonia* 22:139–161. doi:10.3767/003158509X461701
- Crous PW, Groenewald JZ, Shivas RG, Edwards J, Seifert KA, Alfenas AC, Alfenas RF, Burgess TI, Carnegie AJ, Hardy GE, Hiscock N, Hüberli D, Jung T, Louis-Seize G, Okada G, Pereira OL, Stukely, M J C, Wang W, White GP, Young AJ,

- McTaggart AR, Pascoe IG, Porter IJ, Quaedvlieg W (2011) Fungal Planet description sheets: 69-91. *Persoonia* 26:108–156. doi:10.3767/003158511X581723
- Crous PW, Groenewald JZ, Summerell B (2007b) *Exophiala placitae*. *Fungal Planet* 17
- Crous PW, Mohammed C, Glen M, Verkley GJM, Groenewald JZ (2007c) Eucalyptus microfungi known from culture. 3. *Eucasphaeria* and *Sympoventuria* genera nova, and new species of *Furcaspora*, *Harknessia*, *Heteroconium* and *Phacidiella*. *Fungal Divers.* 25:19–36
- Crous PW, Schoch CL, Hyde KD, Wood AR, Gueidan C, de Hoog GS, Groenewald JZ (2009b) Phylogenetic lineages in the Capnodiales. *Stud. Mycol.* 64:17-47S7. doi:10.3114/sim.2009.64.02
- Crous PW, Schubert K, Braun U, de Hoog GS, Hocking AD, Shin H, Groenewald JZ (2007d) Opportunistic, human-pathogenic species in the Herpotrichiellaceae are phenotypically similar to saprobic or phytopathogenic species in the Venturiaceae. *Stud. Mycol.* 58:185–217. doi:10.3114/sim.2007.58.07
- Crous PW, Shivas RG, Quaedvlieg W, van der Bank M, Zhang Y, Summerell BA, Guarro J, Wingfield MJ, Wood AR, Alfenas AC, Braun U, Cano-Lira JF, García D, Marin-Felix Y, Alvarado P, Andrade JP, Armengol J, Assefa A, den Breeÿen A, Camele I, Cheewangkoon R, de Souza JT, Duong TA, Esteve-Raventós F, Fournier J, Frisullo S, García-Jiménez J, Gardiennet A, Gené J, Hernández-Restrepo M, Hirooka Y, Hospenthal DR, King A, Lechat C, Lombard L, Mang SM, Marbach PA, Marincowitz S, Montaña-Mata NJ, Moreno G, Perez CA, Pérez Sierra AM, Robertson JL, Roux J, Rubio E, Schumacher RK, Stchigel AM, Sutton DA, Tan YP, Thompson EH, van der Linde E, Walker AK, Walker DM, Wickes BL, Wong PT, Groenewald JZ (2014) Fungal Planet description sheets: 214-280. *Persoonia* 32:184–306. doi:10.3767/003158514X682395
- Crous PW, Slippers B, Wingfield MJ, Rheeder J, Marasas WF, Philips AJ, Alves A, Burgess T, Barber P, Groenewald JZ (2006) Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae. *Stud. Mycol.* 55:235–253
- Crous PW, Summerell BA, Carnegie AJ, Mohammed C, Wingfield MJ, Himaman W, Groenewald JZ (2007e) Follicolous *Mycosphaerella* spp. and their anamorphs on *Corymbia* and *Eucalyptus*. *Fungal Divers.* 26:143–185
- Crous PW, Wingfield MJ, Guarro J, Cheewangkoon R, van der Bank M, Swart WJ, Stchigel AM, Cano-Lira JF, Roux J, Madrid H, Damm U, Wood AR, Shuttleworth LA, Hodges CS, Munster M, de Jesús Yáñez-Morales M, Zúñiga-Estrada L, Cruy-

- wagen EM, de Hoog GS, Silvera C, Najafzadeh J, Davison EM, Davison PJN, Barrett MD, Barrett RL, Manamgoda DS, Minnis AM, Kleczewski NM, Flory SL, Castlebury LA, Clay K, Hyde KD, Maússe-Sitoe SND, Chen S, Lechat C, Hairaud M, Lesage-Meessen L, Pawłowska J, Wilk M, Sliwińska-Wyrzychowska A, Mętrak M, Wrzosek M, Pavlic-Zupanc D, Maleme HM, Slippers B, Mac Cormack WP, Archuby DI, Grünwald NJ, Tellería MT, Dueñas M, Martín MP, Marincowitz S, de Beer ZW, Perez CA, Gené J, Marin-Felix Y, Groenewald JZ (2013) Fungal Planet description sheets: 154-213. *Persoonia* 31:188–296. doi:10.3767/003158513X675925
- Cruz Ch. R, Ponce E. E, Calderón R. L, Delgado V. N, Vieille O. P, Piontelli L. E (2011) Micosis superficiales en la ciudad de Valparaíso, Chile: Período 2007-2009 (Superficial mycoses in the city of Valparaiso, Chile: period 2007-2009). *Rev. Chilena. Infectol.* 28:404–409
- Cuervo-Parra JA, Romero-Cortes T, Ortiz YG, Ramírez-Lepe M Isolation and molecular identification of *Curvularia lunata*/*Cochliobolus lunatus* causal agent of leaf spot disease of Cocoa. *FSAFM*:829–833
- Curzi M (1930) Una nuova specie di *Microascus*. *Boll. Staz. Patol. Veg. Roma*:302–310
- D’Mello JPF, Placinta CM, Macdonald AMC (1999) *Fusarium* mycotoxins: a review of global implications for animal health, welfare and productivity. *Anim. Feed Sci. Tech.* 80:183–205. doi:10.1016/S0377-8401(99)00059-0
- Daniel CR, Gupta AK, Daniel MP, Sullivan S (1998) *Candida* infection of the nail: role of *Candida* as a primary or secondary pathogen. *Int. J. Dermatol.* 37:904–907
- Darling ST (1906) A protozoön general infection producing pseudotubercles in the lungs and focal necrosis in the liver, spleen, and lymph nodes. *J. Am. Med. Assoc.* 46:1283–1285
- Das NK, Ghosh P, Das S, Bhattacharya S, Dutta RN, Sengupta SR (2008) A study on the etiological agent and clinico-mycological correlation of fingernail onychomycosis in eastern India. *Indian J. Dermatol.* 53:75–79. doi:10.4103/0019-5154.41651
- Das S, Saha R, Dar SA, Ramachandran VG (2010) *Acremonium* species: a review of the etiological agents of emerging hyalohyphomycosis. *Mycopathologia* 170:361–375. doi:10.1007/s11046-010-9334-1
- de Bellis T, Kernaghan G, Widden P (2007) Plant community influences on soil micro-fungal assemblages in boreal mixed-wood forests. *Mycologia* 99:356–367

- de Hoog GS, Ahmed SA, Najafzadeh MJ, Sutton DA, Keisari MS, Fahal AH, Eberhardt U, Verkleij GJ, Xin L, Stielow B, van de Sande WW (2013) Phylogenetic findings suggest possible new habitat and routes of infection of human eumycetoma. *PLoS Negl. Trop. Dis.* 7:e2229. doi:10.1371/journal.pntd.0002229
- de Hoog GS, Arx JA (1973) Revision of *Scolecobasidium* and *Pleurophragmium*. *Kavaka* 1:55–60
- de Hoog GS, Attili-Angelis D, Vicente VA, Gerrits van den Ende AHG, Queiroz-Telles F (2004) Molecular ecology and pathogenic potential of *Fonsecaea* species. *Med. Mycol.* 42:405–416
- de Hoog GS, Gerrits van den Ende AH (1992) Nutritional pattern and eco-physiology of *Hortaea werneckii*, agent of human tinea nigra. *Antonie van Leeuwenhoek* 62:321–329
- de Hoog GS, Guarro J, Gené J, Figueras M (2000) Atlas of clinical fungi, 2nd edition. Centraalbureau voor Schimmelcultures, Utrecht
- de Hoog GS, Guarro J, Gené J, Figueras M (2014) Atlas of clinical fungi, 4th edition (USB-Version). Centraalbureau voor Schimmelcultures, Utrecht, The Netherlands
- de Hoog GS, Vicente VA, Najafzadeh MJ, Harrak MJ, Badali H, Seyedmousavi S (2011) Waterborne *Exophiala* species causing disease in cold-blooded animals. *Persoonia* 27:46–72. doi:10.3767/003158511X614258
- de Hoog GS, Zalar P, Urzi C, Leo FD, Yurlova N, Sterflinger K (1999) Relationships of dothideaceous black yeasts and meristematic fungi based on 5.8S and ITS2 rDNA sequence comparison. *Stud. Mycol.* 43:31–37
- de Martín MC, de López C de (1989) Prevalencia de la infección por *Paracoccidioides brasiliensis* en niños panameños. Informe preliminar (Prevalence of *Paracoccidioides brasiliensis* infection in Panamanian children. Preliminary report). *Rev. Med. Panama* 14:135–138
- de Martín MC, de Talavera L (1990) Casos de Micosis Ocular en el Complejo Hospitalario Metropolitano de la Caja de Seguro Social (1979-88) (Cases of ocular mycosis at the metropolitan hospital complex of the Social Security Fund (1979-88)). *Rev. Med. Panama* 15:27–30
- de Martín MC, Suárez M (1989) Infección por *Paracoccidioides brasiliensis* en personas residentes en Coclé y en Veraguas, República de Panamá (Infection caused by *Paracoccidioides brasiliensis* in people living in Cocle and Veraguas, Republic of Panamá). *Rev. Med. Panama* 14:112–115

- de Oliveira Silva RB, Fusco-Almeida AM, Matsumoto MT, Baeza LC, Benaducci T, Mendes-Giannini MJS (2008) Genetic diversity and antifungal susceptibility testing of *Trichosporon asahii* isolated of Intensive Care Units patients. *Braz. J. Microbiol.* 39:585–592. doi:10.1590/S1517-83822008000300033
- de Vos S (2001) Family structure and school attendance among children 13-16 in Argentina and Panama. *J. Comp. Fam. Stud.* 32:99–115
- Degreef H (2008) Clinical forms of dermatophytosis (ringworm infection). *Mycopathologia* 166:257–265. doi:10.1007/s11046-008-9101-8
- Delfino RJ, Zeiger RS, Seltzer JM, Street DH, Matteucci RM, Anderson PR, Koutrakis P (1997) The effect of outdoor fungal spore concentrations on daily asthma severity. *Environ. Health Perspect.* 105:622–635
- Denning DW, O'Driscoll BR, Hogaboam CM, Bowyer P, Niven RM (2006) The link between fungi and severe asthma: a summary of the evidence. *Eur. Respir. J.* 27:615–626. doi:10.1183/09031936.06.00074705
- Desnos-Ollivier M, Ragon M, Robert V, Raoux D, Gantier J, Dromer F (2008) *Debaryomyces hansenii* (*Candida famata*), a rare human fungal pathogen often misidentified as *Pichia guilliermondii* (*Candida guilliermondii*). *J. Clin. Microbiol.* 46:3237–3242. doi:10.1128/JCM.01451-08
- Di Chiacchio N, Madeira CL, Humaire CR, Silva CS, Fernandes LHG, Dos Reis AL (2014) Superficial mycoses at the Hospital do Servidor Público Municipal de São Paulo between 2005 and 2011. *An. Bras. Dermatol.* 89:67–71. doi:10.1590/abd1806-4841.20141783
- Dias N, Santos C, Portela M, Lima N (2011) Toenail onychomycosis in a Portuguese geriatric population. *Mycopathologia* 172:55–61. doi:10.1007/s11046-011-9402-1
- Diercks FH, Shacklette MH, Kelley HB, Klite PD, Thompson SW, Keenan CM (1965) Naturally occurring histoplasmosis among 935 bats collected in Panama and the Canal Zone, July 1961-February 1963. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 14:1069–1072
- Diezmann S, Cox CJ, Schönian G, Vilgalys RJ, Mitchell TG (2004) Phylogeny and evolution of medical species of *Candida* and related taxa: a multigenic analysis. *J. Clin. Microbiol.* 42:5624–5635. doi:10.1128/JCM.42.12.5624–5635.2004
- Dixon DM, Salkin IF (1986) Morphologic and physiologic studies of three dematiaceous pathogens. *J. Clin. Microbiol.* 24:12–15
- Domsch KH, Gams W, Anderson T (2007) *Compendium of soil fungi*, 2nd ed. IHW-Verlag, Eching

- Doveri F (2011) Additions to “Fungi Fimicoli Italici”: An update on the occurrence of coprophilous Basidiomycetes and Ascomycetes in Italy with new records and descriptions. *Mycosphere*:331–427
- Draheim JH, Mitchell JR, Elton NW (1951) Histoplasmosis; fourth case report from the Canal Zone. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 31:753–760
- Dugan FM, Braun U, Groenewald JZ, Crous PW (2008) Morphological plasticity in *Cladosporium sphaerospermum*. *Persoonia* 21:9–16. doi:10.3767/003158508X334389
- Effendy I (2007) *Das A und O der Nagelmykosen*. Thieme, Stuttgart, New York
- Ejdys E, Dynowska M, Biedunkiewicz A, Sucharzewska E (2013) An overview of the species of fungi occurring in school rooms - a four-year study. *Pol. J. Environ. Stud.*:1691–1700
- El Fekih N, Belghith I, Trabelsi S, Skhiri-Aounallah H, Khaled S, Fazaa B (2012) Epidemiological and etiological study of foot mycosis in Tunisia. *Actas Dermosifiliogr.* 103:520–524. doi:10.1016/j.ad.2011.12.001
- Elewski BE (1998) Onychomycosis: pathogenesis, diagnosis, and management. *Clin. Microbiol. Rev.* 11:415–429
- Elewski BE, Greer DL (1991) *Hendersonula toruloidea* and *Scytalidium hyalinum*. Review and update. *Arch. Dermatol.* 127:1041–1044
- Ellis DH, Marley JE, Watson AB, Williams TG (1997) Significance of non-dermatophyte moulds and yeasts in onychomycosis. *Dermatology (Basel, Switzerland)* 194 Suppl 1:40–42
- Ellis MB (1971) *Dematiaceous hyphomycetes*. Commonwealth Mycological Institute, Kew
- Ellis MB (1976) *More dematiaceous hyphomycetes*. Commonwealth Mycological Institute, Kew, Eng.
- English MP, Atkinson R (1974) Onychomycosis in elderly chiropody patients. *Br. J. Dermatol.* 91:67–72. doi:10.1111/j.1365-2133.1974.tb06718.x
- Enjalbert F, Cassanas G, Rapior S, Renault C, Chaumont J (2004) Amatoxins in wood-rotting *Galerina marginata*. *Mycologia* 96:720–729
- Epplen JT, Ammer H, Epplen C, Kammerbauer C, Mitreiter R, Roewer L, Schwaiger W, Steimle V, Zischler H, Albert E (1991) Oligonucleotide fingerprinting using simple repeat motifs: a convenient, ubiquitously applicable method to detect hyper-variability for multiple purposes. *EXS* 58:50–69

- Erb B, Matheis W (1983) Pilzmikroskopie. Präparation und Untersuchung von Pilzen. Kosmos-Handbücher für die praktische naturwissenschaftliche Arbeit. Frankh, Stuttgart
- Esser K (2000) Kryptogamen, 3., wesentlich überarb. Aufl, Praktikum und Lehrbuch / Karl Esser ; 1. Springer, Berlin [u.a.]
- Falcón CS, del Mar Falcón M, Ceballos JD, Florencio VD, Erchiga VC, Ortega SS (2009) Onychomycosis by *Chaetomium* spp. *Mycoses* 52:77–79. doi:10.1111/j.1439-0507.2008.01519.x
- Fallahi AA, Moazeni M, Noorbakhsh F, Kordbacheh P, Zaini F, Mirhendi H, Zeraati H, Rezaie S (2012) A case report of tinea pedis caused by *Trichosporon faecale* in Iran. *Med. Mycol. Case Rep.* 1:49–51. doi:10.1016/j.mmcr.2012.07.001
- Farwa U, Abbasi SA, Mirza IA, Amjad A, Ikram A, Malik N, Hanif F (2011) Non-dermatophyte moulds as pathogens of onychomycosis. *J. Coll. Physicians Surg. Pak.* 21:597–600. doi:10.2011/JCPSP.597600
- Fell JW, Boekhout T, Fonseca A, Scorzetti G, Statzell-Tallman A (2000) Biodiversity and systematics of basidiomycetous yeasts as determined by large-subunit rDNA D1/D2 domain sequence analysis. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 50:1351–1371. doi:10.1099/00207713-50-3-1351
- Fell JW, Roelijmans H, Boekhout T (1999) Cystofilobasidiales, a new order of basidiomycetous yeasts. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 49 Pt 2:907–913. doi:10.1099/00207713-49-2-907
- Figel IC, Marangoni PR, Tralamazza SM, Vicente VA, Dalzoto PR, do Nascimento MM, de Hoog GS, Pimentel IC (2013) Black yeasts-like fungi isolated from dialysis water in hemodialysis units. *Mycopathologia* 175:413–420. doi:10.1007/s11046-013-9633-4
- Filipello Marchisio V, Cassinelli C, Piscozzi A, Tullio V, Mischiati P (1993) A preliminary survey of cycloheximide-resistant airborne fungi in Turin, Italy. *Mycopathologia* 123:1–8
- Filipello Marchisio V, Fusconi A (2001) Morphological evidence for keratinolytic activity of *Scopulariopsis* spp. isolates from nail lesions and the air. *Med. Mycol.* 39:287–294. doi:10.1080/mmy.39.3.287.294
- Filipello Marchisio V, Nosenzo C, Caramiello R (1992) Preliminary survey of airborne fungal propagules in Turin, Italy. *Mycol. Res.* 96:535–541. doi:10.1016/S0953-7562(09)80977-5

- Fincher RM, Fisher JF, Lovell RD, Newman CL, Espinel-Ingroff A, Shadomy HJ (1991) Infection due to the fungus *Acremonium* (*Cephalosporium*). *Medicine* 70:398–409
- Findley K, Oh J, Yang J, Conlan S, Deming C, Meyer JA, Schoenfeld D, Nomicos E, Park M, Kong HH, Segre JA (2013) Topographic diversity of fungal and bacterial communities in human skin. *Nature* 498:367–370. doi:10.1038/nature12171
- Fitzpatrick TB, Johnson RA, Wolff K (2001) Color atlas and synopsis of clinical dermatology. Common and serious diseases, 4th ed. McGraw-Hill, Medical Pub. Division, New York
- Flores JM, Castillo VB, Franco FC, Huata AB (2009) Superficial fungal infections: clinical and epidemiological study in adolescents from marginal districts of Lima and Callao, Peru. *J. Infect. Dev. Ctries.* 3:313–317
- Francuz B, Yera H, Geraut L, Bensefa-Colas L, Nghiem ZH, Choudat D (2010) Occupational asthma induced by *Chrysonilia sitophila* in a worker exposed to coffee grounds. *Clin. Vaccine. Immunol.* 17:1645–1646. doi:10.1128/CVI.00134-10
- Frankel DH (2006) Field guide to clinical dermatology, 2nd ed. Lippincott Williams & Wilkins, Philadelphia, PA
- Frankel DH, Rippon JW (1989) *Hendersonula toruloidea* infection in man. Index cases in the non-endemic North American host, and a review of the literature. *Mycopathologia* 105:175–186
- Fries EM (1821) *Systema Mycologicum // Systema mycologicum. Sistens fungorum ordines, genera et species, huc usque cognitae, quas ad normam methodi naturalis determinavit / disposuit atque descripsit Elias Fries. Ex Officina Berlingiana, Lundae*
- Fuentefria AM, Suh S, Landell MF, Faganello J, Schrank A, Vainstein MH, Blackwell M, Valente P (2008) *Trichosporon insectorum* sp. nov., a new anamorphic basidiomycetous killer yeast. *Mycol. Res.* 112:93–99. doi:10.1016/j.mycres.2007.05.001
- Fuentes CA, Wolf FA (1956a) *Microascus pedrosoi* is *M. cinereus*: A correction. *Mycologia* 48:446. doi:10.2307/3755365
- Fuentes CA, Wolf FA (1956b) The perfect stage of *Hormodendrum pedrosoi*. *Mycologia* 48:56. doi:10.2307/3755779
- Gad ZM, Youssef N, Sherif AA, Hasab AA, Mahfouz AA, Hassan MN (1987) An epidemiologic study of the fungal skin flora among the elderly in Alexandria. *Epidemiol. Infect.* 99:213–219



- Gams W (1971) *Cephalosporium*-artige Schimmelpilze (Hyphomycetes). G. Fischer, Stuttgart
- Gams W (2000) *Phialophora* and some similar morphologically little-differentiated anamorphs of divergent ascomycetes. *Stud. Mycol.* 45:187–199
- Gams W, Zare R (2001) A revision of *Verticillium* sect. Prostrata. III. Generic classification. *Nova Hedw.* 72:329–337. doi:10.1127/nova.hedwigia/72/2001/329
- Gams W, Zare R, Summerbell RC (2005) (1654) Proposal to conserve the generic name *Verticillium* (anamorphic ascomycetes) with a conserved type. *Taxon* 54:179. doi:10.2307/25065318
- Gardes M, Bruns TD (1993) ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes-- application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Mol. Ecol.* 2:113–118
- Gardiner MR, Oldroyd B (1965) Avian aflatoxicosis. *Australian Vet. J.* 41:272–276. doi:10.1111/j.1751-0813.1965.tb06559.x
- Gargeya IB, Pruitt WR, Meyer SA, Ahearn DG (1991) *Candida haemulonii* from clinical specimens in the USA. *J. Med. Vet. Mycol.* 29:335–338
- Gauthier GM (2015) Dimorphism in fungal pathogens of mammals, plants, and insects. *PLoS pathogens* 11:e1004608. doi:10.1371/journal.ppat.1004608
- Geiser DM, Gueidan C, Miadlikowska J, Lutzoni F, Kauff F, Hofstetter V, Fraker E, Schoch CL, Tibell L, Untereiner WA, Aptroot A (2007) Eurotiomycetes: Eurotiomycetidae and Chaetothyriomycetidae. *Mycologia* 98:1053–1064. doi:10.3852/mycologia.98.6.1053
- Geldenhuis MM, Roux J, Montenegro F, de Beer ZW, Wingfield MJ, Wingfield BD (2004) Identification and pathogenicity of *Graphium* and *Pesotum* species from machete wounds on *Schizolobium parahybum* in Ecuador. *Fungal Divers.*:137–151
- Gelotar P, Vachhani S, Patel B, Makwana N (2013) The prevalence of fungi in fingernail onychomycosis. *J. Clin. Diagn. Res.* 7:250–252. doi:10.7860/JCDR/2013/5257.2739
- Gentles JC, Evans E (1970) Infection of the feet and nails with *Hendersonula toruloidea*. *Med. Mycol.* 8:72–75. doi:10.1080/00362177085190661
- Georg LK (1954) The relationship between the downy and granular forms of *Trichophyton mentagrophytes*. *J. Investig. Dermatol.* 23:123–141. doi:10.1038/jid.1954.92
- Ghannoum M, Isham N (2014) Fungal nail infections (onychomycosis): a never-ending story? *PLoS pathogens* 10:e1004105. doi:10.1371/journal.ppat.1004105

- Giraldo A, Gené J, Cano J, de Hoog GS, Decock CA, Guarro J (2014a) *Acremonium* with catenate elongate conidia: phylogeny of *Acremonium fusidioides* and related species. *Mycologia* 106:328–338. doi:10.3852/13-158
- Giraldo A, Gené J, Cano J, de Hoog GS, Guarro J (2012) Two new species of *Acremonium* from Spanish soils. *Mycologia* 104:1456–1465. doi:10.3852/11-402
- Giraldo A, Gené J, Sutton DA, Madrid H, Cano J, Crous PW, Guarro J (2014b) Phylogenetic circumscription of *Arthrographis* (Eremomycetaceae, Dothideomycetes). *Persoonia* 32:102–114. doi:10.3767/003158514X680207
- Giusiano G, Mangiaterra M, Saito VG, Rojas F, Gómez V, Díaz MC (2006) Etiology of fungaemia and catheter colonisation in Argentinean paediatric patients. *Mycoses* 49:49–54. doi:10.1111/j.1439-0507.2005.01184.x
- Glenn AE, Bacon CW, Price R, Hanlin RT (1996) Molecular Phylogeny of *Acremonium* and its taxonomic implications. *Mycologia* 88:369. doi:10.2307/3760878
- Glushakova AM, Zheltikova TM, Chernov II (2004) Gruppirovki drozhzheĩ v kvartirnoĩ pyli i istochniki ikh formirovaniia (Groups and sources of yeasts in house dust). *Mikrobiologiya* 73:111–117
- Godoy-Martinez P, Nunes FG, Tomimori-Yamashita J, Urrutia M, Zaror L, Silva V, Fischman O (2009) Onychomycosis in São Paulo, Brazil. *Mycopathologia* 168:111–116. doi:10.1007/s11046-009-9209-5
- Gonçalves de Araújo AJ, Bastos OMP, Jeunon Souza MA, Carvalhaes de Oliveira J (2003) Onicomicoses por fungos emergentes: análise clínica, diagnóstico laboratorial e revisão. *An. Bras. Dermatol.* 78:445–455. doi:10.1590/S0365-05962003000400006
- González E, Arauz AB, Rodrigues-French A (2012) Cryptococcal meningitis in patients with AIDS: clinical experience in a tertiary care teaching hospital of Panama, Hosp. Santo Tomás, Panama
- Graeme KA (2014) Mycetism: a review of the recent literature. *J. Med. Toxicol.* 10:173–189. doi:10.1007/s13181-013-0355-2
- Gräser Y, El Fari M, Vilgalys R, Kuijpers AF, de Hoog GS, Presber W, Tietz H (1999a) Phylogeny and taxonomy of the family Arthrodermataceae (dermatophytes) using sequence analysis of the ribosomal ITS region. *Med. Mycol.* 37:105–114
- Gräser Y, Kuijpers AF, Presber W, de Hoog GS (1999b) Molecular taxonomy of *Trichophyton mentagrophytes* and *T. tonsurans*. *Med. Mycol.* 37:315–330

- Gräser Y, Kuijpers AF, Presber W, de Hoog GS (2000) Molecular taxonomy of the *Trichophyton rubrum* complex. *J. Clin. Microbiol.* 38:3329–3336
- Gräser Y, Scott J, Summerbell R (2008) The new species concept in dermatophytes—a polyphasic approach. *Mycopathologia* 166:239–256. doi:10.1007/s11046-008-9099-y
- Griffin DW (2007) Atmospheric movement of microorganisms in clouds of desert dust and implications for human health. *Clin. Microbiol. Rev.* 20:459–77, table of contents. doi:10.1128/CMR.00039-06
- Grose ES, Szekkessy M, Munoz N (1968) Airborne fungus spores in Bogota, Colombia: A five year study. *Med. Mycol.* 6:42–50. doi:10.1080/00362176885190081
- Guarro J, Gams W, Pujol I, Gene J (1997) *Acremonium* species: New emerging fungal opportunists—In vitro antifungal susceptibilities and review. *Clin. Infect. Dis.* 25:1222–1229. doi:10.1086/516098
- Guarro J, Gené J (1995) Opportunistic fusarial infections in humans. *Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis.* 14:741–754
- Guarro J, Gené J, Stchigel AM (1999) Developments in fungal taxonomy. *Clin. Microbiol. Rev.* 12:454–500
- Guarro J, Gené J, Stichgel AM, Figueras J (2012) Atlas of soil ascomycetes. CBS biodiversity series, vol 10. CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, Utrecht, The Netherlands
- Gueidan C, Villaseñor CR, de Hoog GS, Gorbushina AA, Untereiner WA, Lutzoni F (2008) A rock-inhabiting ancestor for mutualistic and pathogen-rich fungal lineages. *Stud. Mycol.* 61:111–119. doi:10.3114/sim.2008.61.11
- Gugnani HC, Oyeka CA (1989) Foot infections due to *Hendersonula toruloidea* and *Scytalidium hyalinum* in coal miners. *Med. Mycol.* 27:169–179. doi:10.1080/02681218980000231
- Gujjari P, Suh S, Coumes K, Zhou JJ (2011) Characterization of oleaginous yeasts revealed two novel species: *Trichosporon cacaoliposimilis* sp. nov. and *Trichosporon oleaginosus* sp. nov. *Mycologia* 103:1110–1118. doi:10.3852/10-403
- Guo L, Xiao M, Kong F, Chen SC, Wang H, Sorrell TC, Jiang W, Dou H, Li R, Xu Y (2011) Three-locus identification, genotyping, and antifungal susceptibilities of medically important *Trichosporon* species from China. *J. Clin. Microbiol.* 49:3805–3811. doi:10.1128/JCM.00937-11
- Gupta AK (2000) Onychomycosis in the elderly. *Drugs & aging* 16:397–407

- Gupta AK, Cooper EA, MacDonald P, Summerbell RC (2001) Utility of inoculum counting (Walshe and English criteria) in clinical diagnosis of onychomycosis caused by nondermatophytic filamentous fungi. *J. Clin. Microbiol.* 39:2115–2121. doi:10.1128/JCM.39.6.2115-2121.2001
- Gupta AK, Drummond-Main C, Cooper EA, Brintnell W, Piraccini BM, Tosti A (2012) Systematic review of nondermatophyte mold onychomycosis: diagnosis, clinical types, epidemiology, and treatment. *J. Am. Acad. Dermatol.* 66:494–502. doi:10.1016/j.jaad.2011.02.038
- Gupta AK, Nakrieko K (2014) Molecular determination of mixed infections of dermatophytes and nondermatophyte molds in individuals with onychomycosis. *J. Am. Podiatr. Med. Assoc.* 104:330–336. doi:10.7547/0003-0538-104.4.330
- Gutierrez ME, Canton A, Connolly P, Zarnowski R, Wheat LJ (2008) Detection of *Histoplasma capsulatum* antigen in Panamanian patients with disseminated histoplasmosis and AIDS. *Clin. Vaccine Immunol.* 15:681–683. doi:10.1128/CVI.00358-07
- Gutierrez ME, Canton A, Sosa N, Puga E, Talavera L (2005) Disseminated histoplasmosis in patients with AIDS in Panama: a review of 104 cases. *Clin. Infect. Dis.* 40:1199–1202. doi:10.1086/428842
- Hallmann C, Fritzlär D, Stannek L, Hoppert M (2011) Ascomycete fungi on dimension stone of the “Burg Gleichen”, Thuringia. *Environ. Earth Sci.* 63:1713–1722. doi:10.1007/s12665-011-1076-y
- Hamada N, Abe N (2009) Physiological characteristics of 13 common fungal species in bathrooms. *Mycoscience* 50:421–429. doi:10.1007/s10267-009-0500-6
- Hambleton S, Nickerson NL, Seifert KA (2005) *Leohumicola*, a new genus of heat-resistant hyphomycetes. *Stud. Mycol.* 53:29–52. doi:10.3114/sim.53.1.29
- Hamer SE, Kulkarni K, Cohen SN (2015) Shiitake dermatitis with oral ulceration and pustules. *Clin. Exp. Dermatol.* 40:332–333. doi:10.1111/ced.12500
- Hammer TR, Mucha H, Hoefler D (2011) Infection risk by dermatophytes during storage and after domestic laundry and their temperature-dependent inactivation. *Mycopathologia* 171:43–49. doi:10.1007/s11046-010-9347-9
- Hansford CG (1943) Contribution towards the fungus flora of Uganda. V. Fungi Imperfecti. *Proc. Linn. Soc. London* 155:34–67. doi:10.1111/j.1095-8312.1943.tb00340.x
- Hao L, Chen C, Zhang R, Zhu M, Sun G, Gleason ML (2013) A new species of *Scolecobasidium* associated with the sooty blotch and flyspeck complex on banana from China. *Mycol. Progress* 12:489–495. doi:10.1007/s11557-012-0855-5

- Hasenclever HF, Shacklette MH, Young RV, Gelderman GA (1967) The natural occurrence of *Histoplasma capsulatum* in a cave. I. Epidemiologic aspects. *Am. J. Epidemiol.* 86:238–245
- Hattori N, Adachi M, Kaneko T, Shimozuma M, Ichinohe M, Iozumi K (2000) Case Report. Onychomycosis due to *Chaetomium globosum* successfully treated with itraconazole. *Mycoses* 43:89–92. doi:10.1046/j.1439-0507.2000.00523.x
- Havlickova B, Czaika VA, Friedrich M (2008) Epidemiological trends in skin mycoses worldwide. *Mycoses* 51 Suppl 4:2–15. doi:10.1111/j.1439-0507.2008.01606.x
- Hawksworth DL (2001) The magnitude of fungal diversity: the 1.5 million species estimate revisited. *Mycol. Res.* 105:1422–1432. doi:10.1017/S0953756201004725
- Hawksworth DL, Eriksson OE (1986) The names of accepted orders of Ascomycetes. *Systema Ascomycetum* 5:175–184
- Hazen KC (1995) New and emerging yeast pathogens. *Clin. Microbiol. Rev.* 8:462–478
- He F, Lin B, Sun J, Liu X (2013) *Knufia aspidiotus* sp. nov., a new black yeast from scale insects. *Phytotaxa* 153:39. doi:10.11646/phytotaxa.153.1.2
- Heidemann S, Monod M, Gräser Y (2010) Signature polymorphisms in the internal transcribed spacer region relevant for the differentiation of zoophilic and anthropophilic strains of *Trichophyton interdigitale* and other species of *T. mentagrophytes* sensu lato. *Br. J. Dermatol.* 162:282–295. doi:10.1111/j.1365-2133.2009.09494.x
- Heikkilä H, Stubb S (1995) The prevalence of onychomycosis in Finland. *Br. J. Dermatol.* 133:699–703
- Hibbett DS (2006) A phylogenetic overview of the Agaricomycotina. *Mycologia* 98:917–925
- Hibbett DS, Binder M, Bischoff JF, Blackwell M, Cannon PF, Eriksson OE, Huhndorf S, James T, Kirk PM, Lücking R, Lumbsch HT, Lutzoni F, Matheny PB, McLaughlin DJ, Powell MJ, Redhead S, Schoch CL, Spatafora JW, Stalpers JA, Vilgalys R, Aime MC, Aptroot A, Bauer R, Begerow D, Benny GL, Castlebury LA, Crous PW, Dai Y, Gams W, Geiser DM, Griffith GW, Gueidan C, Hawksworth DL, Hestmark G, Hosaka K, Humber RA, Hyde KD, Ironside JE, Kõljalg U, Kurtzman CP, Larsson K, Lichtwardt R, Longcore JE, Miadlikowska J, Miller A, Moncalvo J, Mozley-Standridge S, Oberwinkler F, Parmasto E, Reeb V, Rogers JD, Roux C, Ryvarden L, Sampaio JP, Schüssler A, Sugiyama J, Thorn RG, Tibell L, Untereiner WA, Walker C, Wang Z, Weir A, Weiss M, White MM, Winka K, Yao Y, Zhang N

- (2007) A higher-level phylogenetic classification of the Fungi. *Mycol. Res.* 111:509–547. doi:10.1016/j.mycres.2007.03.004
- Hilmioğlu-Polat S, Metin DY, Inci R, Dereli T, Kiliç I, Tümbay E (2005) Non-dermatophytic molds as agents of onychomycosis in Izmir, Turkey - a prospective study. *Mycopathologia* 160:125–128. doi:10.1007/s11046-005-6872-z
- Hof H (2003) *Mykologie für Mediziner. Grundlagen, Pathogenese, Manifestationen, Diagnostik, Therapie ; 64 Tabellen.* Thieme, Stuttgart [u.a.]
- Hoff GL, Bigler WJ (1981) The role of bats in the propagation and spread of histoplasmosis: a review. *J. Wildl. Dis.* 17:191–196. doi:10.7589/0090-3558-17.2.191
- Hölker U, Bend J, Pracht R, Tetsch L, Müller T, Höfer M, de Hoog GS (2004) *Hortaea acidophila*, a new acid-tolerant black yeast from lignite. *Antonie Van Leeuwenhoek* 86:287–294. doi:10.1007/s10482-005-0101-0
- Homolka L, Lisá L, Kubatová A, Valqová M, Janderová B, Nerud F (2007) Cryopreservation of filamentous micromycetes and yeasts using perlite. *Folia Microbiol. (Praha)* 52:153–157
- Hong KH, Ryoo NH, Chang SD (2012) *Phialemonium obovatum* keratitis after penetration injury of the cornea. *Korean J. Ophthalmol.* 26:465–468. doi:10.3341/kjo.2012.26.6.465
- Horner WE, Helbling A, Salvaggio JE, Lehrer SB (1995) Fungal allergens. *Clin. Microbiol. Rev.* 8:161–179
- Horré R, de Hoog GS, Kluczny C, Marklein G, Schaal KP (1999) rDNA diversity and physiology of *Ochroconis* and *Scolecobasidium* species reported from humans and other vertebrates. *Stud. Mycol.* 43:194–205
- Houbraken J, de Vries RP, Samson RA (2014) Modern taxonomy of biotechnologically important *Aspergillus* and *Penicillium* species. *Advances in applied microbiology* 86:199–249. doi:10.1016/B978-0-12-800262-9.00004-4
- Houbraken J, Samson RA (2011) Phylogeny of *Penicillium* and the segregation of Trichocomaceae into three families. *Stud. Mycol.* 70:1–51. doi:10.3114/sim.2011.70.01
- Hsu Y, Kung P, Wu T, Shen Y (2012) Characterization of Indoor-Air Bioaerosols in Southern Taiwan. *Aerosol Air Qual. Res.* doi:10.4209/aaqr.2012.03.0070
- Hubka V, Nováková A, Kolařík M, Jurjević Ž, Peterson SW (2015) Revision of *Aspergillus* section *Flavipedes*: seven new species and proposal of section *Jani* sect. nov. *Mycologia* 107:169–208. doi:10.3852/14-059

- Hubka V, Réblová M, Rehulka J, Selbmann L, Isola D, de Hoog GS, Kolařík M (2014) *Bradomyces* gen. nov. (Chaetothyriales, Trichomeriaceae), a new ascomycete genus accommodating poorly differentiated melanized fungi. *Antonie van Leeuwenhoek* 106:979–992. doi:10.1007/s10482-014-0267-4
- Huhndorf SM, Miller AN, Fernández FA (2004) Molecular systematics of the Sordariales: the order and the family Lasiosphaeriaceae redefined. *Mycologia* 96:368–387
- Hutchison LJ, Untereiner WA, Hiratsuka Y (1995) *Knufia cryptophialidica* gen. et sp. nov., a dematiaceous hyphomycete isolated from black galls of trembling aspen (*Populus tremuloides*). *Mycologia* 87:902–908
- Hwang SM, Suh MK, Ha GY (2012) Onychomycosis due to nondermatophytic molds. *Ann. Dermatol.* 24:175–180. doi:10.5021/ad.2012.24.2.175
- Hyde KD, Jones GE, Liu J, Ariyawansa HA, Boehm E, Boonmee S, Braun U, Chomnunti P, Crous PW, Dai D, Diederich P, Dissanayake A, Doilom M, Doveri F, Hongsanan S, Jayawardena R, Lawrey JD, Li Y, Liu Y, Lücking R, Monkai J, Muggia L, Nelsen MP, Pang K, Phookamsak R, Senanayake IC, Shearer CA, Suetrong S, Tanaka K, Thambugala KM, Wijayawardene NN, Wikee S, Wu H, Zhang Y, Aguirre-Hudson B, Alias SA, Aptroot A, Bahkali AH, Bezerra JL, Bhat DJ, Camporesi E, Chukeatirote E, Gueidan C, Hawksworth DL, Hirayama K, de Hoog GS, Kang J, Knudsen K, Li W, Li X, Liu Z, Mapook A, McKenzie EH, Miller AN, Mortimer PE, Phillips AJ, Raja HA, Scheuer C, Schumm F, Taylor JE, Tian Q, Tibpromma S, Wanasinghe DN, Wang Y, Xu J, Yacharoen S, Yan J, Zhang M (2013) Families of Dothideomycetes. *Fungal Divers.* 63:1–313. doi:10.1007/s13225-013-0263-4
- Hywel-Jones NL (1997) *Torrubiella patchii*, a new species of scale insect pathogen from Thailand. *Mycol. Res.* 101:143–145. doi:10.1017/S0953756296002274
- Ikram A, Hussain W, Satti ML, Wiqar MA (2009) Invasive infection in a young immunocompetent soldier caused by *Scytalidium dimidiatum*. *J. Coll. Physicians Surg. Pak.* 19:64–66
- Ilkit M, Durdu M (2015) Tinea pedis: the etiology and global epidemiology of a common fungal infection. *Crit. Rev. Microbiol.* 41:374–388. doi:10.3109/1040841X.2013.856853
- Irinyi L, Serena C, Garcia-Hermoso D, Arabatzis M, Desnos-Ollivier M, Vu D, Cardinali G, Arthur I, Normand A, Giraldo A, da Cunha, Keith Cassia, Sandoval-Denis M, Hendrickx M, Nishikaku AS, de Azevedo Melo AS, Merseguel KB, Khan A,

- Parente Rocha JA, Sampaio P, da Silva Briones MR, e Ferreira RC, de Medeiros Muniz M, Castañón-Olivares LR, Estrada-Barcenas D, Cassagne C, Mary C, Duan SY, Kong F, Sun AY, Zeng X, Zhao Z, Gantois N, Botterel F, Robbertse B, Schoch C, Gams W, Ellis D, Halliday C, Chen S, Sorrell TC, Piarroux R, Colombo AL, Pais C, de Hoog GS, Zancopé-Oliveira RM, Taylor ML, Toriello C, de Almeida Soares CM, Delhaes L, Stubbe D, Dromer F, Ranque S, Guarro J, Cano-Lira JF, Robert V, Velegraki A, Meyer W (2015) International society of human and animal mycology (ISHAM)-ITS reference DNA barcoding database--the quality controlled standard tool for routine identification of human and animal pathogenic fungi. *Med. Mycol.* 53:313–337. doi:10.1093/mmy/myv008
- Isola D, Selbmann L, de Hoog GS, Fenice M, Onofri S, Prenafeta-Boldú FX, Zucconi L (2013) Isolation and screening of black fungi as degraders of volatile aromatic hydrocarbons. *Mycopathologia* 175:369–379. doi:10.1007/s11046-013-9635-2
- Issakainen J, Jalava J, Hyvönen J, Sahlberg N, Pirnes T, Campbell CK (2003) Relationships of *Scopulariopsis* based on LSU rDNA sequences. *Med. Mycol.* 41:31–42
- Ito T, Okane I, Nakagiri A, Gams W (2000) Two species of *Acremonium* section *Acremonium*: *A. borodinense* sp. nov. and *A. cavaraeaeum* rediscovered. *Mycol. Res.* 104:77–80. doi:10.1017/S0953756299008977
- Iwatsu T, Miyaji M, Okamoto S (1981) Isolation of *Phialophora verrucosa* and *Fonsecaea pedrosoi* from nature in Japan. *Mycopathologia* 75:149–158. doi:10.1007/BF00482809
- Iwen PC, Schutte SD, Florescu DF, Noel-Hurst RK, Sigler L (2012) Invasive *Scopulariopsis brevicaulis* infection in an immunocompromised patient and review of prior cases caused by *Scopulariopsis* and *Microascus* species. *Med. Mycol.* 50:561–569. doi:10.3109/13693786.2012.675629
- Jacobs KA, Rehner SA (1998) Comparison of cultural and morphological characters and ITS sequences in anamorphs of Botryosphaeria and Related Taxa. *Mycologia* 90:601. doi:10.2307/3761219
- James TY, Kauff F, Schoch CL, Matheny PB, Hofstetter V, Cox CJ, Celio G, Gueidan C, Fraker E, Miadlikowska J, Lumbsch HT, Rauhut A, Reeb V, Arnold AE, Amtoft A, Stajich JE, Hosaka K, Sung G, Johnson D, O'Rourke B, Crockett M, Binder M, Curtis JM, Slot JC, Wang Z, Wilson AW, Schüssler A, Longcore JE, O'Donnell K, Mozley-Standridge S, Porter D, Letcher PM, Powell MJ, Taylor JW, White MM, Griffith GW, Davies DR, Humber RA, Morton JB, Sugiyama J, Rossman AY, Rog-



- ers JD, Pfister DH, Hewitt D, Hansen K, Hambleton S, Shoemaker RA, Kohlmeyer J, Volkmann-Kohlmeyer B, Spotts RA, Serdani M, Crous PW, Hughes KW, Matsuura K, Langer E, Langer G, Untereiner WA, Lücking R, Büdel B, Geiser DM, Aptroot A, Diederich P, Schmitt I, Schultz M, Yahr R, Hibbett DS, Lutzoni F, McLaughlin DJ, Spatafora JW, Vilgalys R (2006) Reconstructing the early evolution of Fungi using a six-gene phylogeny. *Nature* 443:818–822. doi:10.1038/nature05110
- Jessup CJ, Warner J, Isham N, Hasan I, Ghannoum MA (2000) Antifungal susceptibility testing of dermatophytes: establishing a medium for inducing conidial growth and evaluation of susceptibility of clinical isolates. *J. Clin. Microbiol.* 38:341–344
- Jukes TH, Cantor CR (1964) Evolution of protein molecules. In: Munro HN, Allison JB (eds) *Mammalian protein metabolism*. Academic Press, New York, pp 21–132
- Kano R, Kawasaki M, Mochizuki T, Hiruma M, Hasegawa A (2012) Mating genes of the *Trichophyton mentagrophytes* complex. *Mycopathologia* 173:103–112. doi:10.1007/s11046-011-9487-6
- Kardjeva V, Summerbell R, Kantardjiev T, Devliotou-Panagiotidou D, Sotiriou E, Gräser Y (2006) Forty-eight-hour diagnosis of onychomycosis with subtyping of *Trichophyton rubrum* strains. *J. Clin. Microbiol.* 44:1419–1427. doi:10.1128/JCM.44.4.1419-1427.2006
- Katoh K, Standley DM (2013) MAFFT Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in performance and usability. *Mol. Biol. Evol.* 30:772–780. doi:10.1093/molbev/mst010
- Kauffman CA (2007) Histoplasmosis: a clinical and laboratory update. *Clin. Microbiol. Rev.* 20:115–132. doi:10.1128/CMR.00027-06
- Kawasaki M, Anzawa K, Wakasa A, Takeda K, Mochizuki T, Ishizaki H, Hemashettar B (2010) Matings among three teleomorphs of *Trichophyton mentagrophytes*. *Nihon Ishinkin Gakkai Zasshi* 51:143–152
- Kawasaki M, Anzawa K, Wakasa A, Takeda K, Tanabe H, Mochizuki T, Ishizaki H, Hemashettar BM (2008) Different genes can result in different phylogenetic relationships in trichophyton species. *Nihon Ishinkin Gakkai zasshi = Japanese journal of medical mycology* 49:311–318
- Keddie F, Shadomy J, Barfatani M (1963) Brief report on the isolation of *Arthroderma tuberculatum* from a human source. *Mycopathol. Mycol. Appl.* 20:129–132. doi:10.1007/BF02054884

- Kendrick B (2000) *The fifth kingdom*, 3rd ed. Focus Pub., Newburyport MA
- Khosravi AR, Mansouri P (2001) Onychomycosis in Tehran, Iran: prevailing fungi and treatment with itraconazole. *Mycopathologia* 150:9–13
- Kim DM, Hwang SM, Suh MK, Ha GY, Choi GS, Shin J, Han SH (2011a) Chromoblastomycosis caused by *Fonsecaea pedrosoi*. *Ann. Dermatol.* 23:369–374. doi:10.5021/ad.2011.23.3.369
- Kim DM, Lee MH, Suh MK, Ha GY, Kim H, Choi JS (2013) Onychomycosis caused by *Chaetomium globosum*. *Ann. Dermatol.* 25:232–236. doi:10.5021/ad.2013.25.2.232
- Kim M, Shin JH, Sung H, Lee K, Kim E, Ryoo N, Lee J, Jung S, Park KH, Kee SJ, Kim SH, Shin MG, Suh SP, Ryang DW (2009) *Candida haemulonii* and closely related species at 5 university hospitals in Korea: identification, antifungal susceptibility, and clinical features. *Clin. Infect. Dis.* 48:e57-61. doi:10.1086/597108
- Kim S, Ko KS, Moon SY, Lee MS, Lee MY, Son JS (2011b) Catheter-related candidemia caused by *Candida haemulonii* in a patient in long-term hospital care. *J. Korean Med. Sci.* 26:297–300. doi:10.3346/jkms.2011.26.2.297
- Kimura M (1980) A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 16:111–120
- Kirk PM, Ainsworth GC (2011) *Ainsworth & Bisby's dictionary of the fungi*, 10th ed. CABI, Wallingford
- Kiyuna T, An K, Kigawa R, Sano C, Miura S, Sugiyama J (2011) Molecular assessment of fungi in “black spots” that deface murals in the Takamatsuzuka and Kitora Tumuli in Japan: *Acremonium* sect. *Gliomastix* including *Acremonium tumulicola* sp. nov. and *Acremonium felinum* comb. nov. *Mycoscience* 52:1–17. doi:10.1007/S10267-010-0063-6
- Klinger EG, James RR, Youssef NN, Welker DL (2013) A multi-gene phylogeny provides additional insight into the relationships between several *Ascospaera* species. *J. Invertebr. Pathol.* 112:41–48. doi:10.1016/j.jip.2012.10.011
- Klite PD (1965) The focal occurrence of histoplasmosis in house-dwelling bats on the Isthmus of Panama. *Sabouraudia* 4:158–163
- Kocube S, Varga J, Sigeti D, Baranji N, Suri K, Tot B, Toldi E, Bartok T, Mesterhazi A (2013) *Aspergillus* species as mycotoxin producers in agricultural products in central Europe. *Zb. Mat. srp. prir. nauk.*:13–25. doi:10.2298/ZMSPN1324013K

- Kondo M, Hiruma M, Nishioka Y, Mayuzumi N, Mochida K, Ikeda S, Ogawa H (2005) A case of chromomycosis caused by *Fonsecaea pedrosoi* and a review of reported cases of dematiaceous fungal infection in Japan. *Mycoses* 48:221–225. doi:10.1111/j.1439-0507.2005.01089.x
- Kong H (1998) *Yunnania* gen. nov. of hyphomycetes. *Mycotaxon* 69:319–325
- Kong J, Zhang T, Zhang W (2007) Notes on soil dematiaceous hyphomycetes from Hexi Corridor, Gansu Province. *Mycosystema*:196–201
- Koukol O (2011) New species of *Chalara* occupying coniferous needles. *Fungal Divers.* 49:75–91. doi:10.1007/s13225-011-0092-2
- Krause H, Ulbricht H (2000) *Batrafen*. Das grosse Buch der Pilzinfektionen ; Beschreibung, Vorkommen, Krankheitsbilder. Schlütersche, Hannover
- Kröner C, Kappler M, Grimmelt A, Laniado G, Würstl B, Griese M (2013) The basidiomycetous yeast *Trichosporon* may cause severe lung exacerbation in cystic fibrosis patients - clinical analysis of *Trichosporon* positive patients in a Munich cohort. *BMC pulmonary medicine* 13:61. doi:10.1186/1471-2466-13-61
- Krzyściak PM, Pindycka-Piaszczyńska M, Piaszczyński M (2014) Chromoblastomycosis. *Postepy Dermatol. Alergol.* 31:310–321. doi:10.5114/pdia.2014.40949
- Kuehn H (1960) Observations on Gymnoascaceae. VIII. A new species of *Arthroderma*. *Mycopathol. Mycol. Appl.* 13:189–197. doi:10.1007/BF02089876
- Kurtzman C, Fell JW, Boekhout T (2011) *The Yeasts: A Taxonomic Study*. Elsevier Science
- Kurtzman CP, Robnett CJ (1997) Identification of clinically important ascomycetous yeasts based on nucleotide divergence in the 5' end of the large-subunit (26S) ribosomal DNA gene. *J. Clin. Microbiol.* 35:1216–1223
- Kurup PV, Schmitt JA (1970) Human-pathogenic fungi in the soils of Central Ohio. *Ohio J. Sci.*:291–295
- Kuruvilla TS, Dias M (2012) *Fusarium solani*: a causative agent of skin and nail infections. *Indian J. Dermatol.* 57:308–309. doi:10.4103/0019-5154.97680
- Kwon-Chung KJ (2012) Taxonomy of fungi causing mucormycosis and entomophthoromycosis (zygomycosis) and nomenclature of the disease: molecular mycologic perspectives. *Clin. Infect. Dis.* 54 Suppl 1:S8-S15. doi:10.1093/cid/cir864
- Lacaz CS, Pereira AD, Heins-Vaccari EM, Cucé LC, Benatti C, Nunes RS, Melo NT, Freitas-Leite RS, Hernández-Arriagada GL (1999) Onychomycosis caused by *Scytalidium dimidiatum*. Report of two cases. Review of the taxonomy of the

- synanamorph and anamorph forms of this coelomycete. *Rev. Inst. Med. trop. S. Paulo* 41. doi:10.1590/S0036-46651999000500009
- Lackner M, Klaassen CH, Meis JF, van den Ende AH, de Hoog GS (2012) Molecular identification tools for sibling species of *Scedosporium* and *Pseudallescheria*. *Med. Mycol.* 50:497–508. doi:10.3109/13693786.2011.618939
- Lacourt I, Girlanda M, Perotto S, Del Pero M, Zuccon D, Luppi AM (2001) Nuclear ribosomal sequence analysis of *Oidiodendron*: towards a redefinition of ecologically relevant species. *New Phytol.* 149:565–576. doi:10.1046/j.1469-8137.2001.00058.x
- Lagacé J, Cellier E (2012) A case report of a mixed *Chaetomium globosum*/*Trichophyton mentagrophytes* onychomycosis. *Med. Mycol. Case Rep.* 1:76–78. doi:10.1016/j.mmcr.2012.09.001
- Lagrou K, Verhaegen J, Peetermans WE, Rijdt T de, Maertens J, van Wijngaerden E (2007) Fungemia at a tertiary care hospital: incidence, therapy, and distribution and antifungal susceptibility of causative species. *Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis.* 26:541–547. doi:10.1007/s10096-007-0339-8
- Larrabee WF, Ajello L, Kaufman L (1978) An epidemic of histoplasmosis on the Isthmus of Panama. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 27:281–285
- Lasso MS (1954) Coccidioidomycosis. *Rev. Med. Panama* 1:3–38
- Lee HB, Park JY, Jung HS, Summerbell RC (2006) *Phaeomoniella zymoides* and *Phaeomoniella pinifoliorum* spp. nov., new acid-tolerant epiphytic fungi isolated from pine needles in Korea. *Mycologia* 98:598–611
- Lee HB, Patriarca A, Magan N (2015) *Alternaria* in food: ecophysiology, mycotoxin production and toxicology. *Mycobiology* 43:93–106. doi:10.5941/MYCO.2015.43.2.93
- Lee WS, Chang SE, Kim DH, Kim MN, Choi JH, Sung KJ, Moon KC, Koh JK (2002) A case of toenail onychomycosis caused by *Trichosporon asahii*. *Korean J. Dermatol.*:980–982
- Lehmann PF, Wu LC, Pruitt WR, Meyer SA, Ahearn DG (1993) Unrelatedness of groups of yeasts within the *Candida haemulonii* complex. *J. Clin. Microbiol.* 31:1683–1687
- Leibovici V, Evron R, Dunchin M, Strauss-Leviatan N, Westerman M, Ingber A (2002) Population-based epidemiologic study of tinea pedis in Israeli children. *Pediatr. Infect. Dis. J.* 21:851–854. doi:10.1097/01.inf.0000027671.15036.b6

- Leon M (2003) Perceptions of health care quality in Central America. *Int. J. Qual. Health Care* 15:67–71
- Li DM, Chen XR (2010) A new superficial fungal infection caused by *Coniosporium epidermidis*. *J. Am. Acad. Dermatol.* 63:725–727. doi:10.1016/j.jaad.2009.06.006
- Li DM, de Hoog GS, Saunte Lindhardt DM, Gerrits van den Ende AHG, Chen XR (2008) *Coniosporium epidermidis* sp. nov., a new species from human skin. *Stud. Mycol.* 61:131–136. doi:10.3114/sim.2008.61.13
- Lim JT, Chua HC, Goh CL (1992) Dermatophyte and non-dermatophyte onychomycosis in Singapore. *Australas. J. Dermatol.* 33:159–163
- Lima ADL, Costa Fortes R, Carvalho Garbi Novaes MR, Percário S (2012) Poisonous mushrooms: a review of the most common intoxications. *Nutr. Hosp.* 27:402–408. doi:10.1590/S0212-16112012000200009
- Liu WC, Li CQ, Zhu P, Yang JL, Cheng KD (2010) Phylogenetic diversity of culturable fungi associated with two marine sponges: *Haliclona simulans* and *Gelliodes carnosa*, collected from the Hainan Island coastal waters of the South China Sea. *Fungal Divers.* 42:1–15. doi:10.1007/s13225-010-0022-8
- Lloyd CB, Desai S (1992) Children's living arrangements in developing countries. *Popul. Res. Policy Rev.* 11:193–216
- Lopandic K, Sugita T, Middelhoven WJ, Herzberg M, Fell JW, Zelger S, Prillinger H (2004) *Trichosporon caseorum* sp. nov. and *Trichosporon lactis* sp. nov., two basidiomycetous yeasts isolated from cheeses. In: Agerer R, Piepenbring M, Blanz P, Oberwinkler F (eds) *Frontiers in basidiomycete mycology*. IHW-Verlag, Eching, pp 99–116
- Lopes JO, Alves SH, Mari CR, Oliveira LT, Brum LM, Westphalen JB, Furian FW, Altermann MJ (1999) A ten-year survey of onychomycosis in the Central Region of the Rio Grande do Sul, Brazil. *Rev. Inst. Med. trop. S. Paulo* 41. doi:10.1590/S0036-46651999000300002
- Lorch JM, Lindner DL, Gargas A, Muller LK, Minnis AM, Blehert DS (2013) A culture-based survey of fungi in soil from bat hibernacula in the eastern United States and its implications for detection of *Geomyces destructans*, the causal agent of bat white-nose syndrome. *Mycologia* 105:237–252. doi:10.3852/12-207
- Lorch JM, Minnis AM, Meteyer CU, Redell JA, White JP, Kaarakka HM, Muller LK, Lindner DL, Verant ML, Shearn-Bochsler V, Blehert DS (2015) The fungus *Tri-*

- chophyton redellii* sp. nov. causes skin infections that resemble white-nose syndrome of hibernating bats. *J. Wildl. Dis.* 51:36–47. doi:10.7589/2014-05-134
- Lumbsch HT (2000) Phylogeny of filamentous ascomycetes. *Die Naturwissenschaften* 87:335–342
- Lupi O, Tyring SK, McGinnis MR (2005) Tropical dermatology: Fungal tropical diseases. *J. Am. Acad. Dermatol.* 53:931–951. doi:10.1016/j.jaad.2004.10.883
- Luttrell ES (1955) The ascostromatic ascomycetes. *Mycologia* 47:511. doi:10.2307/3755666
- Lysková P (2007) Saprotrophic microscopic fungi and dermatophytes accompanying infections of the skin and nails of patients in the Moravian-Silesian Region (Czech Republic). *Czech. Mycol.*:125–137
- Lysková P, Hubka V, Navrátilová P, Kolařík M, Skořepová M (2014) Dva případy mykotické infekce nehtů s účastí *Cryptendoxyla hypophloia* (Two cases of fungal infection of nails with participation of *Cryptendoxyla hypophloia*). *Klin. Mikrobiol. Infekc. Lek.* 20:23–26
- Machouart M, Samerpitak K, de Hoog GS, Gueidan C (2014) A multigene phylogeny reveals that *Ochroconis* belongs to the family Symptoventuriaceae (Venturiales, Dothideomycetes). *Fungal Divers.* 65:77–88. doi:10.1007/s13225-013-0252-7
- Madrid H, Ruíz-Cendoya M, Cano J, Stchigel A, Orofino R, Guarro J (2009) Genotyping and in vitro antifungal susceptibility of *Neoscytalidium dimidiatum* isolates from different origins. *Int. J. Antimicrob. Agents* 34:351–354. doi:10.1016/j.ijantimicag.2009.05.006
- Mahgoub ES (1973) Mycetomas caused by *Curvularia lunata*, *Madurella grisea*, *Aspergillus nidulans*, and *Nocardia brasiliensis* in Sudan. *Med. Mycol.* 11:179–182. doi:10.1080/00362177385190361
- Malloch D (1989) An undescribed species of *Leucosphaerina*. *Stud. Mycol.*:107–112
- Malloch D, Cain RF (1970) Five new genera in the new family Pseudeurotiaceae. *Can. J. Bot.* 48:1815–1825. doi:10.1139/b70-267
- Malloch D, Cain RF (1971) The genus *Kernia*. *Can. J. Bot.* 49:855–867. doi:10.1139/b71-126
- Malloch D, Cain RF (1972) The Trichocomataceae: Ascomycetes with *Aspergillus*, *Paecilomyces*, and *Penicillium* imperfect states. *Can. J. Bot.* 50:2613–2628. doi:10.1139/b72-335

- Malloch D, Cain RF (1973) The Trichocomaceae (Ascomycetes): synonyms in recent publications. *Can. J. Bot.* 51:1647–1648. doi:10.1139/b73-210
- Malloch D, Sigler L (1988) The Eremomycetaceae (Ascomycotina). *Can. J. Bot.*:1926–1932. doi:10.1139/b88-264
- Mandeel Q, Nardoni S, Mancianti F (2011) Keratinophilic fungi on feathers of common clinically healthy birds in Bahrain. *Mycoses* 54:71–77. doi:10.1111/j.1439-0507.2009.01755.x
- Manikandan P, Galgóczy L, Selvam KP, Shobana CS, Kocsubé S, Vágvölgyi C, Narendran V, Kredics L (2011) *Fusarium*. In: Liu D (ed) Molecular detection of human fungal pathogens. CRC Press, Boca Raton, FL, pp 409–425
- Mansower ZF (2009) New records of fungi from the sediments of Shatt Al-Arab River and its creeks. *Marsh. Bull.*:137–147
- Manzano M, Iacumin L, Vendrames M, Cecchini F, Comi G, Buiatti S (2011) Craft Beer microflora identification before and after a cleaning process. *J. Inst. Brew.* 117:343–351. doi:10.1002/j.2050-0416.2011.tb00478.x
- Maraki S, Nioti E, Mantadakis E, Tselentis Y (2007) A 7-year survey of dermatophytoses in Crete, Greece. *Mycoses* 50:481–484. doi:10.1111/j.1439-0507.2007.01403.x
- Marchionini A, Götz H (eds) (2014) Die Pilzkrankheiten der Haut durch Dermatophyten, Softcover reprint of the original 1st ed. 1962. *Handbuch der Haut- und Geschlechtskrankheiten. Ergänzungswerk / Marchionini, A. (Hg): Haut-Geschl. krh. Erg. Bd 4 (abgeschlossen), 4 / 3.* Springer Berlin, Berlin
- Marol S, Yücesoy M (2008) Molecular epidemiology of *Candida* species isolated from clinical specimens of intensive care unit patients. *Mycoses* 51:40–49. doi:10.1111/j.1439-0507.2007.01435.x
- Marques AR, Kwon-Chung KJ, Holland SM, Turner ML, Gallin JI (1995) Suppurative cutaneous granulomata caused by *Microascus cinereus* in a patient with chronic granulomatous disease. *Clin. Infect. Dis.* 20:110–114
- Martínez-Herrera EO, Arroyo-Camarena S, Tejada-García DL, Porrás-López CF, Arenas R (2015) Onychomycosis due to opportunistic molds. *Anais Brasileiros de Dermatologia* 90:334–337. doi:10.1590/abd1806-4841.20153521
- Martin-Sanchez PM, Nováková A, Bastian F, Alabouvette C, Saiz-Jimenez C (2012) Two new species of the genus *Ochroconis*, *O. lascauxensis* and *O. anomala* isolated from black stains in Lascaux Cave, France. *Fungal Biol.* 116:574–589. doi:10.1016/j.funbio.2012.02.006

- Massee G, Salmon ES (1901) Researches on coprophilus fungi. *Annals of Botany*:314–357
- Matheny PB, Wang Z, Binder M, Curtis JM, Lim YW, Nilsson RH, Hughes KW, Hostetter V, Ammirati JF, Schoch CL, Langer E, Langer G, McLaughlin DJ, Wilson AW, Frøslev T, Ge Z, Kerrigan RW, Slot JC, Yang Z, Baroni TJ, Fischer M, Hosaka K, Matsuura K, Seidl MT, Vauras J, Hibbett DS (2007) Contributions of *rpb2* and *tefl* to the phylogeny of mushrooms and allies (Basidiomycota, Fungi). *Mol. Phylogenet. Evol.* 43:430–451. doi:10.1016/j.ympev.2006.08.024
- Matsushima T (1971) *Microfungi of the Solomon Islands and Papua-New Guinea*, Kobe
- Matsushima T (1975) *Icones microfungorum: a Matsushima lectorum*. Matsushima, Kobe, Japan
- Maurya S, Kumar R, Choudhary JS, Prabhakar CS, Shukla G, Das B, Kumar S (2013) *Torrubiella pruinosa*, a teliomorph of an entomopathogenic fungus *Hirsutella versicolor* of mango hopper (*Idioscopus clypealis*) from India. *Arch. Phytopathology Plant Protect.* 46:2356–2359. doi:10.1080/03235408.2013.794530
- McKenzie EHC, Pinnoi A, Wong MKM, Hyde KD, Jones EBG (2002) Two new hyaline *Chalara* species, and a key to species described since 1975. *Fungal Divers.*:129–139
- Mejía-Arango MA, Santa-Vélez C, Cadavid-Sierra M, Vélez LM, Colmenares LM, Restrepo-Jaramillo BN, Cardona-Castro N (2013) Estudio etiológico y epidemiológico de las micosis cutáneas en un laboratorio de referencia - Antioquia - Colombia. *CES Medicina* 27:7–19
- Merlin K, Kilkenny M, Plunkett A, Marks R (1999) The prevalence of common skin conditions in Australian school students: 4 *Tinea pedis*. *Br. J. Dermatol.* 140:897–901. doi:10.1046/j.1365-2133.1999.02822.x
- Meyer W, Mitchell TG (1995) Polymerase chain reaction fingerprinting in fungi using single primers specific to minisatellites and simple repetitive DNA sequences: strain variation in *Cryptococcus neoformans*. *Electrophoresis* 16:1648–1656
- Middelhoven WJ, Scorzetti G, Fell JW (1999) *Trichosporon guehoae* sp.nov., an anamorphic basidiomycetous yeast. *Can. J. Microbiol.* 45:686–690
- Middelhoven WJ, Scorzetti G, Fell JW (2000) *Trichosporon veenhuisii* sp. nov., an alkane-assimilating anamorphic basidiomycetous yeast. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 50 Pt 1:381–387. doi:10.1099/00207713-50-1-381



- Middelhoven WJ, Scorzetti G, Fell JW (2001) *Trichosporon porosum* comb. nov., an anamorphic basidiomycetous yeast inhabiting soil, related to the loubieri/laibachii group of species that assimilate hemicelluloses and phenolic compounds. FEMS Yeast Res. 1:15–22
- Middelhoven WJ, Scorzetti G, Fell JW (2004) Systematics of the anamorphic basidiomycetous yeast genus *Trichosporon* Behrend with the description of five novel species: *Trichosporon vadense*, *T. smithiae*, *T. dehoogii*, *T. scarabaeorum* and *T. gamsii*. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 54:975–986. doi:10.1099/ijs.0.02859-0
- Migheli Q, Balmas V, Harak H, Sanna S, Scherm B, Aoki T, O'Donnell K (2010) Molecular phylogenetic diversity of dermatologic and other human pathogenic fusarial isolates from hospitals in northern and central Italy. J. Clin. Microbiol. 48:1076–1084. doi:10.1128/JCM.01765-09
- Miklić P, Skerlev M, Budimčić D, Lipozencić J (2010) The frequency of superficial mycoses according to agents isolated during a ten-year period (1999-2008) in Zagreb area, Croatia. Acta Dermatovenerol. Croat. 18:92–98
- Millanes AM, Diederich P, Ekman S, Wedin M (2011) Phylogeny and character evolution in the jelly fungi (Tremellomycetes, Basidiomycota, Fungi). Mol. Phylogenet. Evol. 61:12–28. doi:10.1016/j.ympev.2011.05.014
- Minnis AM, Lindner DL (2013) Phylogenetic evaluation of *Geomyces* and allies reveals no close relatives of *Pseudogymnoascus destructans*, comb. nov., in bat hibernacula of eastern North America. Fungal Biol. 117:638–649. doi:10.1016/j.funbio.2013.07.001
- Mngqawa P, Shephard GS, Green IR, Ngobeni SH, de Rijk TC, Katerere DR (2015) Mycotoxin contamination of home-grown maize in rural northern South Africa (Limpopo and Mpumalanga Provinces). Food Addit. Contam. Part B Surveill.:1–8. doi:10.1080/19393210.2015.1121928
- Mochizuki T, Tanabe H, Kawasaki M, Ishizaki H, Jackson CJ (2003) Rapid identification of *Trichophyton tonsurans* by PCR-RFLP analysis of ribosomal DNA regions. J. Dermatol. Sci. 32:25–32
- Monod M, Bontems O, Zaugg C, Léchenne B, Fratti M, Panizzon R (2006) Fast and reliable PCR/sequencing/RFLP assay for identification of fungi in onychomycoses. J. Med. Microbiol. 55:1211–1216. doi:10.1099/jmm.0.46723-0

- Monteiro FT, Vieira BS, Barreto RW (2003) *Curvularia lunata* and *Phyllachora* sp.: two fungal pathogens of the grassy weed *Hymenachne amplexicaulis* from Brazil. Austral. Plant Pathol. 32:449. doi:10.1071/AP03047
- Moody MN, Tschen J, Mesko M (2012) Cutaneous *Curvularia* infection of the forearm. Cutis 89:65–68
- Moosavi MR, Zare R, Zamanizadeh HR, Fatemy S (2011) Pathogenicity of *Verticillium epiphytum* isolates against *Meloidogyne javanica*. Int. J. Pest Manage. 57:291–297. doi:10.1080/09670874.2011.593642
- Mora C, Tittensor DP, Adl S, Simpson, Alastair G B, Worm B (2011) How many species are there on Earth and in the ocean? PLoS biology 9:e1001127. doi:10.1371/journal.pbio.1001127
- Morton F, Smith G (1963) The genera *Scopulariopsis* Bainier, *Microascus* Zukal, and *Doratomyces* Corda. Mycological papers 86. Commonwealth Mycological Institute
- Mota M, Oliveira CM (2005) Characterization of ribosomal DNA from the fungus *Venturia inaequalis* isolated in apple orchards in Portugal. Actas Portuguesas de Horticultura:137–143
- Moucchacca J (1995) Check-list of novel fungi from the Middle East described mainly from soil since 1930. Sydowia:240–257
- Moustafa AF, Abdel-Azeem AM (2011) An annotated checklist of Ascomycota reported from soil and other terricolous substrates in Egypt. J. Basic Appl. Mycol.:1–27
- Mügge C, Haustein U, Nenoff P (2006) Onychomykosen--eine retrospektive Untersuchung zum Erregerspektrum (Causative agents of onychomycosis--a retrospective study). J. Dtsch. Dermatol. Ges. 4:218–228. doi:10.1111/j.1610-0387.2006.05877.x
- Mulder JE, Bondy GS, Mehta R, Massey TE (2015) The impact of chronic Aflatoxin B1 exposure and p53 genotype on base excision repair in mouse lung and liver. Mutat. Res. 773:63–68. doi:10.1016/j.mrfmmm.2015.01.015
- Mülhardt C (2009) Der Experimentator: Molekularbiologie/ Genomics, 6. Aufl. Experimentator. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg
- Nag Raj TR, Kendrick B (1975) A monograph of *Chalara* and allied genera. Wilfrid Laurier University Press, Waterloo, Ont
- Nai C, Wong HY, Pannenbecker A, Broughton WJ, Benoit I, de Vries RP, Gueidan C, Gorbushina AA (2013) Nutritional physiology of a rock-inhabiting, model microcolonial fungus from an ancestral lineage of the Chaetothyriales (Ascomycetes). Fungal Genet. Biol. 56:54–66. doi:10.1016/j.fgb.2013.04.001

- Najafzadeh MJ, Gueidan C, Badali H, Gerrits van den Ende AHG, Xi L, de Hoog GS (2009) Genetic diversity and species delimitation in the opportunistic genus *Fonsecaea*. *Med. Mycol.* 47:17–25. doi:10.1080/13693780802527178
- Nakamura T, Takahashi H (2006) Epidemiological study of *Candida* infections in blood: susceptibilities of *Candida* spp. to antifungal agents, and clinical features associated with the candidemia. *J. Infect. Chemother.* 12:132–138. doi:10.1007/s10156-006-0438-y
- Nawal P, Patel S, Patel M, Soni S, Khandelwal N (2012) A study of superficial mycoses in tertiary care hospital. *Natl. J. Integr. Res. Med.* 3:90–93
- Nenoff P, Herrmann J, Gräser Y (2007) *Trichophyton mentagrophytes sive interdigitale?* A dermatophyte in the course of time. *J. Dtsch. Dermatol. Ges.* 5:198–202. doi:10.1111/j.1610-0387.2007.06180.x
- Nenoff P, Krüger C, Ginter-Hanselmayer G, Tietz H (2014) Mycology - an update. Part 1: Dermatophytes: causative agents, epidemiology and pathogenesis. *J. Dtsch. Dermatol. Ges.* 12:188-209; quiz 210, 188-211; quiz 212. doi:10.1111/ddg.12245
- Nepel M, Voglmayr H, Schönenberger J, Mayer VE (2014) High diversity and low specificity of chaetothyrialean fungi in carton galleries in a neotropical ant-plant association. *PloS one* 9:e112756. doi:10.1371/journal.pone.0112756
- Ng KP, Saw TL, Madasamy M, Soo Hoo T (1999) Onychomycosis in Malaysia. *Mycopathologia* 147:29–32
- Ngwogu AC, Mba IEK, Ngwogu KO (2014) Onychomycosis: Etiology, diagnosis, and treatment. *J. Med. Invest. Prac.* doi:10.4103/9783-1230.132559
- Ngwogu AC, Otokunfor TV (2007) Epidemiology of dermatophytoses in a rural community in Eastern Nigeria and review of literature from Africa. *Mycopathologia* 164:149–158. doi:10.1007/s11046-007-9038-3
- Ninet B, Jan I, Bontems O, Léchenne B, Jousson O, Panizzon R, Lew D, Monod M (2003) Identification of dermatophyte species by 28S ribosomal DNA sequencing with a commercial kit. *J. Clin. Microbiol.* 41:826–830
- Nishimura K, Miyaji M (1984) *Hortaea*, a new genus to accommodate *Cladosporium werneckii*. *Jpn. J. Med. Mycol.* 25:139–146. doi:10.3314/jjmm1960.25.139
- Nityananda K, Sivasubramaniam P, Ajello L (1964) A case of mycotic keratitis caused by *Curvularia geniculata*. *Arch. Ophthalmol.* 71:456–458. doi:10.1001/archopht.1964.00970010472003

- Nolting S, Fegeler K (1987) Medizinische Mykologie, 3., überarbeitete Aufl. Klinik-taschenbücher. Springer-Verlag, Berlin, New York
- Nolting S, Fegeler K (1993) Medizinische Mykologie, 4., überarb. Aufl. Klinik-taschenbücher. Springer, Berlin, Heidelberg, New York, London, Paris, Tokyo, Hong Kong, Barcelona, Budapest
- Nováková A (2009) Microscopic fungi isolated from the Domica Cave system (Slovak Karst National Park, Slovakia). A review. *Int. J. Speleol.* 38:71–82. doi:10.5038/1827-806X.38.1.8
- Nunn MA, Schäfer SM, Petrou MA, Brown JR (2007) Environmental source of *Candida dubliniensis*. *Emerging Infect. Dis.* 13:747–750. doi:10.3201/eid1305.061179
- O'Donnell K (1993) *Fusarium* and its near relatives. In: Reynolds DR, Taylor JW (eds) *The Fungal Holomorph: Mitotic, Meiotic and Pleomorphic Speciation in Fungal Systematics // The Fungal holomorph. Mitotic, meiotic and pleomorphic speciation in fungal systematics : proceedings of an international symposium, Newport, Oregon, 4-7 August 1992.* CAB International, Wallingford, UK
- O'Brien HE, Parrent JL, Jackson JA, Moncalvo J, Vilgalys R (2005) Fungal community analysis by large-scale sequencing of environmental samples. *Appl. Environ. Microbiol.* 71:5544–5550. doi:10.1128/AEM.71.9.5544–5550.2005
- Ohuri A, Endo S, Sano A, Yokoyama K, Yarita K, Yamaguchi M, Kamei K, Miyaji M, Nishimura K (2006) Rapid identification of *Ochroconis gallopava* by a loop-mediated isothermal amplification (LAMP) method. *Vet. Microbiol.* 114:359–365. doi:10.1016/j.vetmic.2005.11.064
- Onofri S, Zucconi L, Isola D, Selbmann L (2013) Rock-inhabiting fungi and their role in deterioration of stone monuments in the Mediterranean area. *Plant Biosyst.* 148:384–391. doi:10.1080/11263504.2013.877533
- Otcenásek M, Dvůrák J (1975) Ecological classification of dermatophytes. *Mykosen* 18:425–434
- Oyeka CA, Ugwu LO (2002) Fungal flora of human toe webs. *Mycoses* 45:488–491
- Pan American Sanitary Bureau of Regional Office of the World Health Organization (1970) *Proceedings International Symposium on Mycoses (1970)*
- Patwardhan NS, Damle AS, Veer P (2007) Study of onychomycosis: Prevailing fungi and pattern of infection. *Indian J. Med. Microbiol.* 25:53. doi:10.4103/0255-0857.31063

- Paulin AE, Harrington TC (2000) Phylogenetic placement of anamorphic species of *Chalara* among *Ceratocystis* species and other ascomycetes. *Stud. Mycol.* 45:209–222
- Paulin-Mahady AE, Harrington TC, McNew D (2002) Phylogenetic and taxonomic evaluation of *Chalara*, *Chalaropsis*, and *Thielaviopsis* anamorphs associated with *Ceratocystis*. *Mycologia* 94:62–72
- Paulino LC, Tseng C, Strober BE, Blaser MJ (2006) Molecular analysis of fungal microbiota in samples from healthy human skin and psoriatic lesions. *J. Clin. Microbiol.* 44:2933–2941. doi:10.1128/JCM.00785-06
- Paulus BC, Kanowski J, Gadek PA, Hyde KD (2006) Diversity and distribution of saprobic microfungi in leaf litter of an Australian tropical rainforest. *Mycol. Res.* 110:1441–1454. doi:10.1016/j.mycres.2006.09.002
- Pavlic D, Wingfield MJ, Barber P, Slippers B, Hardy, Giles E St J, Burgess TI (2008) Seven new species of the Botryosphaeriaceae from baobab and other native trees in Western Australia. *Mycologia* 100:851–866. doi:10.3852/08-020
- Peraica M, Richter D, Rašić D (2014) Mycotoxicoses in children. *Arh. Hig. Rada. Toksikol.* 65:347–363. doi:10.2478/10004-1254-65-2014-2557
- Perdomo H, García D, Gené J, Cano J, Sutton DA, Summerbell R, Guarro J (2013) *Phialemoniopsis*, a new genus of Sordariomycetes, and new species of *Phialemonium* and *Lecythophora*. *Mycologia* 105:398–421. doi:10.3852/12-137
- Perdomo H, Sutton DA, García D, Fothergill AW, Cano J, Gené J, Summerbell RC, Rinaldi MG, Guarro J (2011a) Spectrum of clinically relevant *Acremonium* species in the United States. *J. Clin. Microbiol.* 49:243–256. doi:10.1128/JCM.00793-10
- Perdomo H, Sutton DA, García D, Fothergill AW, Gené J, Cano J, Summerbell RC, Rinaldi MG, Guarro J (2011b) Molecular and phenotypic characterization of *Phialemonium* and *Lecythophora* isolates from clinical samples. *J. Clin. Microbiol.* 49:1209–1216. doi:10.1128/JCM.01979-10
- Peterson SW (2008) Phylogenetic analysis of *Aspergillus* species using DNA sequences from four loci. *Mycologia* 100:205–226. doi:10.3852/mycologia.100.2.205
- Peterson SW, Sigler L (1998) Molecular genetic variation in *Emmonsia crescens* and *Emmonsia parva*, etiologic agents of adiaspiromycosis, and their phylogenetic relationship to *Blastomyces dermatitidis* (*Ajellomyces dermatitidis*) and other systemic fungal pathogens. *J. Clin. Microbiol.* 36:2918–2925

- Phillips AJL, Alves A, Abdollahzadeh J, Slippers B, Wingfield MJ, Groenewald JZ, Crous PW (2013) The Botryosphaeriaceae: genera and species known from culture. *Stud. Mycol.* 76:51–167. doi:10.3114/sim0021
- Piepenbring M (2015) Introduction to mycology in the tropics. The American Phytopathological Society, St. Paul, Minn.
- Piepenbring M, Cáceres Mendez OA, Espino Espinoza AA, Kirschner R, Schöfer H (2007) Chromoblastomycosis caused by *Chaetomium funicola*: a case report from Western Panama. *Br. J. Dermatol.* 157:1025–1029. doi:10.1111/j.1365-2133.2007.08091.x
- Pihet M, Bourgeois H, Mazière J, Berlioz-Arthaud A, Bouchara J, Chabasse D (2008) Isolation of *Trichophyton concentricum* from chronic cutaneous lesions in patients from the Solomon Islands. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* 102:389–393. doi:10.1016/j.trstmh.2008.01.002
- Pini G, Faggi E, Donato R, Sacco C, Fanci R (2008) Invasive pulmonary aspergillosis in neutropenic patients and the influence of hospital renovation. *Mycoses* 51:117–122. doi:10.1111/j.1439-0507.2007.01453.x
- Pires-Gonçalves RH, Miranda ET, Baeza LC, Matsumoto MT, Zaia JE, Mendes-Giannini, Maria José Soares (2007) Genetic relatedness of commensal strains of *Candida albicans* carried in the oral cavity of patients' dental prosthesis users in Brazil. *Mycopathologia* 164:255–263. doi:10.1007/s11046-007-9052-5
- Pirozynski KA, Hodges Jr. CS (1973) New hyphomycetes from South Carolina. *Can. J. Bot.* 51:157–173. doi:10.1139/b73-024
- Pitt JI (1979) The genus *Penicillium* and its teleomorphic states *Eupenicillium* and *Talaromyces*. Academic Press, London, New York
- Pitt JI (2000) Toxigenic fungi and mycotoxins. *Br. Med. Bull.* 56:184–192
- Polishook JD, Bills GF, Lodge DJ (1996) Microfungi from decaying leaves of two rain forest trees in Puerto Rico. *J. Ind. Microbiol. Biotechnol.* 17:284–294. doi:10.1007/BF01574703
- Pontarelli LN, Hasse J, do Carmo Galindo C, Pfeilsticker Pereira Coelho M, Pagani Nappi B, Ivo-dos-Santos J (2005) Onychomycosis by *Scytalidium dimidiatum*: report of two cases in Santa Catarina, Brazil. *Rev. Inst. Med. trop. S. Paulo* 47:351–353. doi:10.1590/S0036-46652005000600008
- Portillo ME, Plasencia V, Nolla J, Segura C (2011) Insuficiencia respiratoria aguda grave en paciente infectado por VIH originario de Panamá (Severe acute respiratory

- failure in an HIV-infected patient from Panama). *Enferm. Infecc. Microbiol. Clin.* 29:783–785. doi:10.1016/j.eimc.2011.06.006
- Qiu-Xia C, Chang-Xing L, Wen-Ming H, Jiang-Qiang S, Wen L, Shun-Fang L (2008) Subcutaneous phaeohyphomycosis caused by *Cladosporium sphaerospermum*. *Mycoses* 51:79–80. doi:10.1111/j.1439-0507.2007.01417.x
- Rakeman JL, Bui U, Lafe K, Chen Y, Honeycutt RJ, Cookson BT (2005) Multilocus DNA sequence comparisons rapidly identify pathogenic molds. *J. Clin. Microbiol.* 43:3324–3333. doi:10.1128/JCM.43.7.3324-3333.2005
- Ramaiah N (2006) A review on fungal diseases of algae, marine fishes, shrimps and corals. *Indian J. Geomarine Sci.* 35:380–387
- Raper KB, Fennell DI (1965) *The Genus Aspergillus*. Williams & Wilkins
- Réblová M (1999) Teleomorph-anamorph connections in Ascomycetes 2. *Ascochalara gabretae* gen. et sp. nov. and its *Chalara*-like anamorph. *Sydowia* 51
- Réblová M, Gams W, Seifert KA (2011a) Monilochaetes and allied genera of the Glomerellales, and a reconsideration of families in the Microascales. *Stud. Mycol.* 68:163–191. doi:10.3114/sim.2011.68.07
- Réblová M, Gams W, Štěpánek V (2011b) The new hyphomycete genera *Brachyalara* and *Infundichalara*, the similar *Exochalara* and species of ‘*Phialophora* sect. *Catenulatae*’ (Leotiomycetes). *Fungal Divers.* 46:67–86. doi:10.1007/s13225-010-0077-6
- Réblová M, Untereiner WA, Réblová K (2013) Novel evolutionary lineages revealed in the Chaetothyriales (fungi) based on multigene phylogenetic analyses and comparison of its secondary structure. *PloS one* 8:e63547. doi:10.1371/journal.pone.0063547
- Reiss E, Shadomy HJ, Lyon GM (2009) *Fundamental medical mycology*. Wiley-Blackwell, Oxford
- Respinis S de, Tonolla M, Pranghofer S, Petrini L, Petrini O, Bosshard PP (2013) Identification of dermatophytes by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry. *Med. Mycol.* 51:514–521. doi:10.3109/13693786.2012.746476
- Revankar SG, Patterson JE, Sutton DA, Pullen R, Rinaldi MG (2002) Disseminated phaeohyphomycosis: review of an emerging mycosis. *Clin. Infect. Dis.* 34:467–476. doi:10.1086/338636

- Revankar SG, Sutton DA (2010) Melanized fungi in human disease. *Clin. Microbiol. Rev.* 23:884–928. doi:10.1128/CMR.00019-10
- Rezaei-Matehkolaei A, Makimura K, de Hoog GS, Shidfar MR, Zaini F, Eshraghian M, Naghan PA, Mirhendi H (2013) Molecular epidemiology of dermatophytosis in Tehran, Iran, a clinical and microbial survey. *Med. Mycol.* 51:203–207. doi:10.3109/13693786.2012.686124
- Rieth H (1967) D-H-S-Diagnostik. *Fortschr. Med.* 85:594
- Ritchie EB (1959) *Fusarium oxysporum* infection of the nail. *A.M.A. Arch. Derm.* 79:705–708. doi:10.1001/archderm.1959.01560180079019
- Rivitti EA, Aoki V (1999) Deep fungal infections in tropical countries. *Clin. Dermatol.* 17:171-90; discussion 105-6
- Robens JF, Richard JL (1992) Aflatoxins in animal and human health. *Rev. Environ. Contam. Toxicol.* 127:69–94
- Robinson RK, Batt CA, Patel PD (eds) (2000) *Encyclopedia of food microbiology*. Academic Press, San Diego
- Rodero L, Cuenca-Estrella M, Cordoba S, Cahn P, Davel G, Kaufman S, Guelfand L, Rodriguez-Tudela JL (2002) Transient fungemia caused by an Amphotericin B-resistant isolate of *Candida haemulonii*. *J. Clin. Microbiol.* 40:2266–2269. doi:10.1128/JCM.40.6.2266-2269.2002
- Rodrigues A, Mueller UG, Ishak HD, Bacci M, Pagnocca FC (2011) Ecology of micro-fungal communities in gardens of fungus-growing ants (Hymenoptera: Formicidae): a year-long survey of three species of attine ants in Central Texas. *FEMS microbiology ecology* 78:244–255. doi:10.1111/j.1574-6941.2011.01152.x
- Rogers DP (1953) Generic names of fungi proposed for conservation. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 3:14–16. doi:10.1099/0096266X-3-1-14a
- Romano C, Bilenchi R, Alessandrini C, Miracco C (1999) Case report. Cutaneous phaeohyphomycosis caused by *Cladosporium oxysporum*. *Mycoses* 42:111–115
- Romano C, Miracco C, Difonzo EM (1998) Skin and nail infections due to *Fusarium oxysporum* in Tuscany, Italy. *Mycoses* 41:433–437. doi:10.1111/j.1439-0507.1998.tb00369.x
- Ropars J, Cruaud C, Lacoste S, Dupont J (2012) A taxonomic and ecological overview of cheese fungi. *Int. J. Food. Microbiol.* 155:199–210. doi:10.1016/j.ijfoodmicro.2012.02.005



- Rossetto AL, Cruz RCB (2012) *Tinea nigra*: successful treatment with topical butenafine. *An. Bras. Dermatol.* 87:939–941. doi:10.1590/S0365-05962012000600025
- Rossmann AY (1999) Genera of Bionectriaceae, Hypocreaceae and Nectriaceae (Hypocreales, Ascomycetes), vol 42. Cebtraalbureau voor Schimmelcultures, Baarn, Delft, The Netherlands
- Rossmann AY, Seifert KA, Samuels GJ, Minnis AM, Schroers H, Lombard L, Crous PW, Põldmaa K, Cannon PF, Summerbell RC, Geiser DM, Zhuang W, Hirooka Y, Herrera C, Salgado-Salazar C, Chaverri P (2013) Genera in Bionectriaceae, Hypocreaceae, and Nectriaceae (Hypocreales) proposed for acceptance or rejection. *IMA fungus* 4:41–51. doi:10.5598/ima fungus.2013.04.01.05
- Ruan S, Kuo Y, Huang C, Hsiue H, Hsueh P (2010) Infections due to *Candida haemulonii*: species identification, antifungal susceptibility and outcomes. *Int. J. Antimicrob. Agents.* 35:85–88. doi:10.1016/j.ijantimicag.2009.08.009
- Ruibal C, Platas G, Bills GF (2008) High diversity and morphological convergence among melanised fungi from rock formations in the Central Mountain System of Spain. *Persoonia* 21:93–110. doi:10.3767/003158508X371379
- Rzhetsky A, Nei M (1992) A simple method for estimating and testing minimum evolution trees. *Mol. Biol. Evol.* 9:945–967
- Sabadin CS, Benvegnú SA, Carvalho da Fontoura MM, Fernandes Saggin LM, Tomimori J, Fischman O (2011) Onychomycosis and tinea pedis in athletes from the state of Rio Grande Do Sul (Brazil): a cross-sectional study. *Mycopathologia* 171:183–189. doi:10.1007/s11046-010-9360-z
- Salkin IF, Hollick GE, Hurd NJ, Kemna ME (1985) Evaluation of human hair sources for the in vitro hair perforation test. *J. Clin. Microbiol.* 22:1048–1049
- Samerpitak K, Duarte APM, Attili-Angelis D, Pagnocca FC, Heinrichs G, Rijs AJMM, Alfjorden A, Gerrits van den Ende AHG, Menken SBJ, de Hoog GS (2015) A new species of the oligotrophic genus *Ochroconis* (Symptoventuriaceae). *Mycol. Progress* 14. doi:10.1007/s11557-015-1023-5
- Samerpitak K, van der Linde E, Choi H, Gerrits van den Ende AHG, Machouart M, Gueidan C, de Hoog GS (2014) Taxonomy of *Ochroconis*, genus including opportunistic pathogens on humans and animals. *Fungal Divers.* 65:89–126. doi:10.1007/s13225-013-0253-6
- Samson RA, Klopotek A (1972) *Scopulariopsis murina*, a new fungus from self-heated compost. *Archiv. Mikrobiol.* 85:175–180. doi:10.1007/BF00409300

- Samson RA, Mouchacca J (1975) Two new soil-borne cleistothecial ascomycetes. *Can. J. Bot.* 53:1634–1639. doi:10.1139/b75-194
- Samson RA, Visagie CM, Houbraken J, Hong S, Hubka V, Klaassen CHW, Perrone G, Seifert KA, Susca A, Tanney JB, Varga J, Kocsubé S, Szigeti G, Yaguchi T, Frisvad JC (2014) Phylogeny, identification and nomenclature of the genus *Aspergillus*. *Stud. Mycol.* 78:141–173. doi:10.1016/j.simyco.2014.07.004
- Sánchez-Torres P, Hinarejos R, Tuset JJ (2009) Characterization and pathogenicity of *Fusicladium eriobotryae*, the fungal pathogen responsible for Loquat Scab. *Plant Disease* 93:1151–1157. doi:10.1094/PDIS-93-11-1151
- Sandoval-Denis M, Sutton DA, Fothergill AW, Cano-Lira J, Gené J, Decock CA, de Hoog GS, Guarro J (2013) *Scopulariopsis*, a poorly known opportunistic fungus: spectrum of species in clinical samples and in vitro responses to antifungal drugs. *J. Clin. Microbiol.* 51:3937–3943. doi:10.1128/JCM.01927-13
- Sano A, Miyaji M, Kamei K, Mikami Y, Nishimura K (2006) Reexamination of *Coccidioides* spp. reserved in the research center for pathogenic fungi and microbial toxicoses, Chiba university, based on a multiple gene analysis. *Nihon Ishinkin Gakkai Zasshi* 47:113–117
- Santi L, Maggioli C, Mastroroberto M, Tufoni M, Napoli L, Caraceni P (2012) Acute liver failure caused by *Amanita phalloides* poisoning. *Int. J. Hepatol.* 2012:487480. doi:10.1155/2012/487480
- Schechtman RC (2008) Nondermatophytic filamentous fungi infection in South America--reality or misdiagnosis? *Dermatol. Clin.* 26:271-83, vii. doi:10.1016/j.det.2007.12.002
- Schell WA, Lee AG, Aime MC (2011) A new lineage in Pucciniomycotina: class Tritirachiomycetes, order Tritirachiales, family Tritirachiaceae. *Mycologia* 103:1331–1340. doi:10.3852/10-333
- Schmit JP, Mueller GM (2007) An estimate of the lower limit of global fungal diversity. *Biodivers Conserv* 16:99–111. doi:10.1007/s10531-006-9129-3
- Schoch CL, Seifert KA, Huhndorf S, Robert V, Spouge JL, Levesque CA, Chen W (2012) Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 109:6241–6246. doi:10.1073/pnas.1117018109

- Schoch CL, Shoemaker RA, Seifert KA, Hambleton S, Spatafora JW, Crous PW (2006) A multigene phylogeny of the Dothideomycetes using four nuclear loci. *Mycologia* 98:1041–1052. doi:10.3852/mycologia.98.6.1041
- Schoch CL, Sung G, López-Giráldez F, Townsend JP, Miadlikowska J, Hofstetter V, Robbertse B, Matheny PB, Kauff F, Wang Z, Gueidan C, Andrie RM, Trippe K, Ciufetti LM, Wynns A, Fraker E, Hodkinson BP, Bonito G, Groenewald JZ, Arzanlou M, de Hoog GS, Crous PW, Hewitt D, Pfister DH, Peterson K, Gryzenhout M, Wingfield MJ, Aptroot A, Suh S, Blackwell M, Hillis DM, Griffith GW, Castlebury LA, Rossman AY, Lumbsch HT, Lücking R, Büdel B, Rauhut A, Diederich P, Ertz D, Geiser DM, Hosaka K, Inderbitzin P, Kohlmeyer J, Volkmann-Kohlmeyer B, Mostert L, O'Donnell K, Sipman H, Rogers JD, Shoemaker RA, Sugiyama J, Summerbell RC, Untereiner W, Johnston PR, Stenroos S, Zuccaro A, Dyer PS, Crittenden PD, Cole MS, Hansen K, Trappe JM, Yahr R, Lutzoni F, Spatafora JW (2009) The Ascomycota tree of life: a phylum-wide phylogeny clarifies the origin and evolution of fundamental reproductive and ecological traits. *Syst. Biol.* 58:224–239. doi:10.1093/sysbio/syp020
- Schubert K, Groenewald JZ, Braun U, Dijksterhuis J, Starink M, Hill CF, Zalar P, de Hoog GS, Crous PW (2007) Biodiversity in the *Cladosporium herbarum* complex (Davidiellaceae, Capnodiales), with standardisation of methods for *Cladosporium* taxonomy and diagnostics. *Stud. Mycol.* 58:105–156. doi:10.3114/sim.2007.58.05
- Schubert K, Ritschel A, Braun U (2003) A monograph of *Fusicladium* s.lat. (Hyphomycetes). *Schlechtendalia*:1–132
- Schwantes HO (1996) *Biologie der Pilze. Eine Einführung in die angewandte Mykologie*; 29 Tabellen. Ulmer, Stuttgart
- Scorzetti G, Fell JW, Fonseca A, Stanzell-Tallman A (2002) Systematics of basidiomycetous yeasts: a comparison of large subunit D1/D2 and internal transcribed spacer rDNA regions. *FEMS Yeast Res.* 2:495–517. doi:10.1111/j.1567-1364.2002.tb00117.x
- Scott JA, Untereiner WA (2004) Determination of keratin degradation by fungi using keratin azure. *Med. Mycol.* 42:239–246. doi:10.1080/13693780310001644680
- Scott PM, Zhao W, Feng S, Lau BP (2012) *Alternaria* toxins alternariol and alternariol monomethyl ether in grain foods in Canada. *Mycotoxin Res.* 28:261–266. doi:10.1007/s12550-012-0141-z

- Seebacher C, Blaschke-Hellmessen R (1990) Mykosen. Epidemiologie - Diagnostik - Therapie, 1. Aufl. Fischer, Jena
- Seebacher C, Bouchara J, Mignon B (2008) Updates on the epidemiology of dermatophyte infections. *Mycopathologia* 166:335–352. doi:10.1007/s11046-008-9100-9
- Seeliger HPR, Heymer T (1981) Diagnostik pathogener Pilze des Menschen und seiner Umwelt. Lehrbuch und Atlas. Georg Thieme, Stuttgart, New York
- Seifert KA, Morgan-Jones G, Gams W, Kendrick B (2011) The genera of hyphomycetes. CBS biodiversity series, vol 9. CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, Utrecht, The Netherlands
- Selbmann L, de Hoog GS, Zucconi L, Isola D, Ruisi S, Gerrits van den Ende AHG, Ruibal C, de Leo F, Urzi C, Onofri S (2008) Drought meets acid: three new genera in a dothidealean clade of extremotolerant fungi. *Stud. Mycol.* 61:1–20. doi:10.3114/sim.2008.61.01
- Selbmann L, Zucconi L, Onofri S, Cecchini C, Isola D, Turchetti B, Buzzini P (2014) Taxonomic and phenotypic characterization of yeasts isolated from worldwide cold rock-associated habitats. *Fungal biology* 118:61–71. doi:10.1016/j.funbio.2013.11.002
- Severo LC, Bassanesi MC, Londero AT (1994) Tinea nigra: report of four cases observed in Rio Grande do Sul (Brazil) and a review of Brazilian literature. *Mycopathologia* 126:157–162
- Shacklette MH, Hasenclever HF (1969) Variation of rates of natural infection with *Histoplasma capsulatum* in bats. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 18:53–57
- Shacklette MH, Hasenclever HF, Miranda EA (1967) The natural occurrence of *Histoplasma capsulatum* in a cave. 2. Ecologic aspects. *Am. J. Epidemiol.* 86:246–252
- Shehata AS, Mukherjee PK, Aboulatta HN, El Akhras, A. I., Abbadi SH, Ghannoum MA (2008) Single-step PCR using (GACA)<sub>4</sub> primer: utility for rapid identification of dermatophyte species and strains. *J. Clin. Microbiol.* 46:2641–2645. doi:10.1128/JCM.00697-08
- Shin J, Kim H, Hong J (2002) Keratitis caused by *Verticillium* species. *Cornea* 21:240–242
- Sifuentes-Osornio J, Corzo-León DE, Ponce-de-León LA (2012) Epidemiology of invasive fungal infections in Latin America. *Curr. Fungal Infect. Rep.* 6:23–34. doi:10.1007/s12281-011-0081-7

- Sigler L, Carmichael JW (1976) Taxonomy of *Malbranchea* and some other hyphomycetes with arthroconidia. *Mycotaxon*:349–488
- Silvera-Simón C, Gené J, Cano J, Guarro J (2008) *Wardomyces litoralis*, a new soil borne hyphomycete. *Mycotaxon*:195–202
- Simon UK, Groenewald JZ, Crous PW (2009) *Cymadothea trifolii*, an obligate biotrophic leaf parasite of *Trifolium*, belongs to Mycosphaerellaceae as shown by nuclear ribosomal DNA analyses. *Persoonia* 22:49–55. doi:10.3767/003158509X425350
- Simonetti O, Bernardini ML, Arzeni D, Cellini A, Barchiesi F, Offidani A (2004) Epidemiology of onychomycosis and paronychia in the area of Ancona (Italy) over a period of 5 years. *Mycopathologia* 158:271–274. doi:10.1007/s11046-004-9615-7
- Singh H, Irwin S, Falowski S, Rosen M, Kenyon L, Jungkind D, Evans J (2008) *Curvularia* fungi presenting as a large cranial base meningioma: case report. *Neurosurgery* 63:E177; discussion E177. doi:10.1227/01.NEU.0000335086.77846.0A
- Sinski JT, Flouras K (1984) A survey of dermatophytes isolated from human patients in the United States from 1979 to 1981 with chronological listings of worldwide incidence of five dermatophytes often isolated in the United States. *Mycopathologia* 85:97–120
- Slippers B, Boissin E, Phillips AJL, Groenewald JZ, Lombard L, Wingfield MJ, Postma A, Burgess T, Crous PW (2013) Phylogenetic lineages in the Botryosphaerales: a systematic and evolutionary framework. *Stud. Mycol.* 76:31–49. doi:10.3114/sim0020
- Smith MR, Davis RL (2015) Mycetismus: a review. *Gastroenterol. Rep.* doi:10.1093/gastro/gov062
- Sohn HE (1997) A case of onychomycosis involving a toe nail caused by *Curvularia* species. *Korean J. Infect. Dis.*:251–255
- Sood S, Pathak D, Sharma R, Rishi S (2006) Urinary tract infection by *Trichosporon asahii*. *Indian J. Med. Microbiol.* 24:294–296
- Spatafora JW, Sung G, Johnson D, Hesse C, O'Rourke B, Serdani M, Spotts R, Lutzoni F, Hofstetter V, Miadlikowska J, Reeb V, Gueidan C, Fraker E, Lumbsch T, Lucking R, Schmitt I, Hosaka K, Aptroot A, Roux C, Miller AN, Geiser DM, Hafellner J, Hestmark G, Arnold AE, Budel B, Rauhut A, Hewitt D, Untereiner WA, Cole MS, Scheidegger C, Schultz M, Sipman H, Schoch CL (2007) A five-gene phylog-

- eny of Pezizomycotina. *Mycologia* 98:1018–1028.  
doi:10.3852/mycologia.98.6.1018
- Steele CW (1967) Fungus populations in marine waters and coastal sands of the Hawaiian, Line, and Phoenix Islands. *Pac. Sci.*:317–331
- Sterflinger K, Baere R de, de Hoog GS, Wachter R de, Krumbein WE, Haase G (1997) *Coniosporium perforans* and *C. apollinis*, two new rock-inhabiting fungi isolated from marble in the Sanctuary of Delos (Cyclades, Greece). *Antonie van Leeuwenhoek* 72:349–363
- Sterflinger K, de Hoog GS, Haase G (1999) Phylogeny and ecology of meristematic ascomycetes. *Stud. Mycol.*:5–22
- Stevens FL (1925) Hawaiian fungi. *Bishop Mus. Bull.*:1–189
- Storti LR, Pasquale G, Scomparim R, Galastri AL, Alterthum F, Gambale W, Rodrigues Paula C (2012) *Candida* spp. isolated from inpatients, the environment, and health practitioners in the pediatric unit at the university hospital of the Jundiaí Medical College, state of São Paulo, Brazil. *Rev. Soc. Bras. Med. Trop.* 45:225–231
- Subramaniam CV (1972) The perfect states of *Aspergillus*. *Current Science* 41:755–761
- Sudman MS, Schmitt JA (1965) Differentiation of *Trichophyton rubrum* and *Trichophyton mentagrophytes* by pigment production. *Appl. Microbiol.* 13:290
- Sugita T, Nakase T (1998) *Trichosporon japonicum* sp. nov. isolated from the air. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 48 Pt 4:1425–1429
- Sugita T, Nishikawa A, Ichikawa T, Ikeda R, Shinoda T (2000a) Isolation of *Trichosporon asahii* from environmental materials. *Med. Mycol.* 38:27–30
- Sugita T, Takashima M, Ikeda R, Nakase T, Shinoda T (2000b) Phylogenetic and taxonomic heterogeneity of *Cryptococcus humicolus* by analysis of the sequences of the internal transcribed spacer regions and 18S rDNA, and the phylogenetic relationships of *C. humicolus*, *C. curvatus*, and the genus *Trichosporon*. *Microbiol. Immunol.* 44:455–461. doi:10.1111/j.1348-0421.2000.tb02520.x
- Sugita T, Takashima M, Nakase T, Ichikawa T, Ikeda R, Shinoda T (2001) Two new yeasts, *Trichosporon debeurmannianum* sp. nov. and *Trichosporon dermatis* sp. nov., transferred from the *Cryptococcus humicola* complex. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 51:1221–1228. doi:10.1099/00207713-51-3-1221
- Sugiyama K, Sano A, Murakami M, Ogawa T, Mishima H, Otake H, Kamei K, Sugiyama S (2008) Three isolations of *Chaetomium globosum* from erythematous

- epilation of canine skin. *Med. Mycol.* 46:505–510. doi:10.1080/13693780801968555
- Suh MK, Lim JW, Lee YH, Ha GY, Kim H, Kim JR, Yaguchi T, Nishimura K (2006) Subcutaneous hyalohyphomycosis due to *Cephalotheca foveolata* in an immunocompetent host. *Br. J. Dermatol.* 154:1184–1189. doi:10.1111/j.1365-2133.2006.07158.x
- Suh S, Blackwell M (1999) Molecular phylogeny of the cleistothecial fungi placed in Cephalothecaceae and Pseudeurotiaceae. *Mycologia* 91:836. doi:10.2307/3761537
- Suh S, McHugh JV, Pollock DD, Blackwell M (2005) The beetle gut: a hyperdiverse source of novel yeasts. *Mycol. Res.* 109:261–265
- Suh S, Nguyen NH, Blackwell M (2008) Yeasts isolated from plant-associated beetles and other insects: seven novel *Candida* species near *Candida albicans*. *FEMS yeast research* 8:88–102. doi:10.1111/j.1567-1364.2007.00320.x
- Summerbell RC (1997) Epidemiology and ecology of onychomycosis. *Dermatology (Basel, Switzerland)* 194 Suppl 1:32–36
- Summerbell RC, Cooper E, Bunn U, Jamieson F, Gupta AK (2005) Onychomycosis: a critical study of techniques and criteria for confirming the etiologic significance of nondermatophytes. *Med. Mycol.* 43:39–59
- Summerbell RC, Gueidan C, Schroers H, de Hoog GS, Starink M, Rosete YA, Guarro J, Scott JA (2011) *Acremonium* phylogenetic overview and revision of *Gliomastix*, *Sarocladium*, and *Trichothecium*. *Stud. Mycol.* 68:139–162. doi:10.3114/sim.2011.68.06
- Summerbell RC, Haugland RA, Li A, Gupta AK (1999) rRNA gene internal transcribed spacer 1 and 2 sequences of asexual, anthropophilic dermatophytes related to *Trichophyton rubrum*. *J. Clin. Microbiol.* 37:4005–4011
- Summerbell RC, Kane J, Krajden S (1989) Onychomycosis, tinea pedis and tinea manuum caused by non-dermatophytic filamentous fungi. *Mycoses* 32:609–619
- Summerbell RC, Weitzman I, Padhye AA (2002) The *Trichophyton mentagrophytes* complex: biological species and mating type prevalence of North American isolates, and a review of the worldwide distribution and host associations of species and mating types. *Stud. Mycol.*:75–86
- Sun P, Mu C, Fan C, Fan Y, Hu J, Ju Y (2014) Cat favus caused by *Microsporum incurvatum* comb. nov.: the clinical and histopathological features and molecular phylogeny. *Med. Mycol.* 52:276–284. doi:10.1093/mmy/myt023

- Sung G, Spatafora JW, Zare R, Hodge KT, Gams W (2001) A revision of *Verticillium* sect. *Prostrata*. II. Phylogenetic analyses of SSU and LSU nuclear rDNA sequences from anamorphs and teleomorphs of the Clavicipitaceae. *Nova Hedw.* 72:311–328. doi:10.1127/nova.hedwigia/72/2001/311
- Sur B, Ghosh GR (1980) Keratinophilic fungi from Orissa, India, II: Isolations from feathers of wild birds and domestic fowls. *Sabouraudia* 18:275–280
- Surash S, Tyagi A, de Hoog GS, Zeng JS, Barton RC, Hobson RP (2005) Cerebral phaeohyphomycosis caused by *Fonsecaea monophora*. *Med. Mycol.* 43:465–472
- Symoens F, Jousson O, Planard C, Fratti M, Staib P, Mignon B, Monod M (2011) Molecular analysis and mating behaviour of the *Trichophyton mentagrophytes* species complex. *Int. J. Med. Microbiol.* 301:260–266. doi:10.1016/j.ijmm.2010.06.001
- Taj-Aldeen SJ, Al-Ansari N, El Shafei S, Meis JF, Curfs-Breuker I, Theelen B, Boekhout T (2009) Molecular identification and susceptibility of *Trichosporon* species isolated from clinical specimens in Qatar: isolation of *Trichosporon dohaense* Taj-Aldeen, Meis & Boekhout sp. nov. *J. Clin. Microbiol.* 47:1791–1799. doi:10.1128/JCM.02222-08
- Takashio M (1973) Une nouvelle forme sexuée due complex *Trichophyton mentagrophytes*, *Arthroderma vanbreuseghemii* sp. nov. *Annl. Parasitol. Humaine Comp.* 48:713–732
- Takizawa K, Hashizume T, Kamei K (2011) Occurrence and characteristics of group 1 introns found at three different positions within the 28S ribosomal RNA gene of the dematiaceous *Phialophora verrucosa*: phylogenetic and secondary structural implications. *BMC Microbiol.* 11:94. doi:10.1186/1471-2180-11-94
- Takos MJ, Elton NW (1953) Spontaneous cryptococcosis of marmoset monkeys in Panama. *AMA Arch. Pathol.* 55:403–407
- Talbot N (2001) Molecular and cellular biology of filamentous fungi. A practical approach. The Practical approach series. Oxford University Press, Oxford, New York
- Tamura K (1992) Estimation of the number of nucleotide substitutions when there are strong transition-transversion and G+C-content biases. *Mol. Biol. Evol.* 9:678–687
- Tamura K, Nei M (1993) Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Mol. Biol. Evol.* 10:512–526



- Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipiński A, Kumar S (2013) MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30:2725–2729. doi:10.1093/molbev/mst197
- Tang AMC, Jeewon R, Hyde KD (2007) Phylogenetic utility of protein (RPB2, beta-tubulin) and ribosomal (LSU, SSU) gene sequences in the systematics of Sordariomycetes (Ascomycota, Fungi). *Antonie van Leeuwenhoek* 91:327–349. doi:10.1007/s10482-006-9120-8
- Tapia A (1965) *Tinea nigra* en la Republica de Panama (*Tinea nigra* in the Republic of Panama). *Arch. Argent. Dermatol.* 15:67–74
- Tapia A, Torres-Calciando A, Arosemena R (1978) Keloidal blastomycosis (Lobo Disease) in Panama. *Int. J. Dermatol.* 17:572–574. doi:10.1111/j.1365-4362.1978.tb06002.x
- Tauk-Tornisielo SM, Garlipp A, Ruegger M, Attili DS, Malagutti E (2005) Soilborne filamentous fungi in Brazil. *J. Basic Microbiol.* 45:72–82. doi:10.1002/jobm.200410418
- Taylor RL (1962) Geographic variation in the prevalence of histoplasmin sensitivity in the Panama Canal Zone. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 11:670–675
- Taylor RL, Mc Fadden AW (1962) Survey of airborne mold flora in Panama. *Mycopathol. Mycol. Appl.* 17:159–164. doi:10.1007/BF02076150
- Taylor RL, Shacklette MH (1962) Naturally acquired histoplasmosis in the mammals of the Panama Canal Zone. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 11:796–799
- Taylor RL, Shacklette MH, Kelley HB (1962) Isolation of *Histoplasma capsulatum* and *Microsporium gypseum* from soil and bat guano in Panama and the Canal Zone. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 11:790–795
- Tedersoo L, Bahram M, Põlme S, Kõljalg U, Yorou NS, Wijesundera R, Villarreal Ruiz L, Vasco-Palacios AM, Thu PQ, Suija A, Smith ME, Sharp C, Saluveer E, Saitta A, Rosas M, Riit T, Ratkowsky D, Pritsch K, Põldmaa K, Piepenbring M, Phosri C, Peterson M, Parts K, Pärtel K, Otsing E, Nouhra E, Njouonkou AL, Nilsson RH, Morgado LN, Mayor J, May TW, Majuakim L, Lodge DJ, Lee SS, Larsson K, Kohout P, Hosaka K, Hiiesalu I, Henkel TW, Harend H, Guo L, Greslebin A, Grelet G, Geml J, Gates G, Dunstan W, Dunk C, Drenkhan R, Dearnaley J, Kesel A de, Dang T, Chen X, Buegger F, Brearley FQ, Bonito G, Anslan S, Abell S, Abarenkov K (2014) Fungal biogeography. Global diversity and geography of soil fungi. *Science* (New York, N.Y.) 346:1256688. doi:10.1126/science.1256688

- Tedersoo L, Pärtel K, Jairus T, Gates G, Põldmaa K, Tamm H (2009) Ascomycetes associated with ectomycorrhizas: molecular diversity and ecology with particular reference to the Helotiales. *Environ. Microbiol.* 11:3166–3178. doi:10.1111/j.1462-2920.2009.02020.x
- Thambugala KM, Ariyawansa HA, Li Y, Boonmee S, Hongsanan S, Tian Q, Singtripop C, Bhat DJ, Camporesi E, Jayawardena R, Liu Z, Xu J, Chukeatirote E, Hyde KD (2014) Dothideales. *Fungal Divers.* 68:105–158. doi:10.1007/s13225-014-0303-8
- Thormann MN, Rice AV (2007) Fungi from peatlands. *Fungal Divers.*:241–299
- Tietz H, Ulbricht H (1999) Humanpathogene Pilze der Haut und Schleimhäute. Entnahme, Anzucht, Differenzierung. Schlüter, Hannover
- Toala II (2010) Fungal Infections in the Complejo Hospitalario Dr. Arnulfo Arias Madrid, Caja De Seguro Social. 2006-2009 Panama City, Panama. Abstracts of the Inter-science Conference on Antimicrobial Agents and Chemotherapy 50, Panama City, Panama
- Trofa D, Gácsér A, Nosanchuk JD (2008) *Candida parapsilosis*, an emerging fungal pathogen. *Clin. Microbiol. Rev.* 21:606–625. doi:10.1128/CMR.00013-08
- Tsuneda A, Hambleton S, Currah RS (2011) The anamorph genus *Knufia* and its phylogenetically allied species in *Coniosporium*, *Sarcinomyces*, and *Phaeococcomyces*. *Botany* 89:523–536. doi:10.1139/b11-041
- Tucker HA, Matheney RG, Porter DB (1951) Histoplasmin sensitivity among cattle in Panama; report of 691 negative tests. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 31:761–765
- Tullio V, Banche G, Allizond V, Roana J, Mandras N, Scalas D, Panzone M, Cervetti O, Valle S, Carlone N, Cuffini AM (2010) Non-dermatophyte moulds as skin and nail foot mycosis agents: *Phoma herbarum*, *Chaetomium globosum* and *Microascus cinereus*. *Fungal Biol.* 114:345–349. doi:10.1016/j.funbio.2010.02.003
- Udagawa S (1962) *Microascus* species new to the mycoflora of Japan. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 8:39–51. doi:10.2323/jgam.8.39
- Udagawa S, Furuya K (1978) A new species of *Microascus* and its peculiar conidial state. *Mycotaxon* 7:91–96
- Untereiner WA, Gueidan C, Orr M, Diederich P (2011) The phylogenetic position of the lichenicolous ascomycete *Capronia peltigerae*. *Fungal Divers.* 49:225–233. doi:10.1007/s13225-011-0097-x

- Untereiner WA, Naveau FA (1999) Molecular systematics of the Herpotrichiellaceae with an assessment of the phylogenetic positions of *Exophiala dermatitidis* and *Phialophora americana*. *Mycologia* 91:67. doi:10.2307/3761194
- Untereiner WA, Scott JA, Naveau FA, Sigler L, Bachewich J, Angus A (2004) The Ajellomycetaceae, a new family of vertebrate-associated Onygenales. *Mycologia* 96:812–821
- van Beyma thoe Kingma FH (1944) Beschreibung einiger neuer Pilzarten aus dem Centraalbureau voor Schimmelcultures, Baarn (Nederland). VIII. Mitteilung. *Antonie van Leeuwenhoek*:41–56. doi:10.1007/BF02272771
- van Oorschot CAN (1980) A revision of *Chrysosporium* and allied genera. *Stud. Mycol.* 20:1–89
- van Uden N, Kolipinski MC (1962) *Torulopsis haemulonii* nov. spec., a yeast from the Atlantic Ocean. *Antonie van Leeuwenhoek* 28:78–80
- van Wyk M, Wingfield BD, Wingfield MJ (2011) Four new *Ceratocystis* spp. associated with wounds on *Eucalyptus*, *Schizolobium* and *Terminalia* trees in Ecuador. *Fungal Divers.* 46:111–131. doi:10.1007/s13225-010-0051-3
- Vanooteghem S, Arts J, Decock S, Pieraerts P, Meersseman W, Verslype C, van Hootegem P (2014) Four patients with *Amanita phalloides* poisoning. *Acta Gastroenterol. Belg.* 77:353–356
- Veer P, Patwardhan NS, Damle AS (2007) Study of onychomycosis: prevailing fungi and pattern of infection. *Indian J. Med. Microbiol.* 25:53–56
- Vella Zahra L, Gatt P, Boffa MJ, Borg E, Mifsud E, Scerri L, Vella Briffa D, Pace JL (2003) Characteristics of superficial mycoses in Malta. *Int. J. Dermatol.* 42:265–271
- Vena GA, Chieco P, Posa F, Garofalo A, Bosco A, Cassano N (2012) Epidemiology of dermatophytoses: retrospective analysis from 2005 to 2010 and comparison with previous data from 1975. *New Microbiol.* 35:207–213
- Vidal P, de los Angeles Vinuesa M, Sánchez-Puelles JM, Guarro J (2000) Phylogeny of the anamorphic genus *Chrysosporium* and related taxa based on nrDNA internal transcribed spacer sequences. In: Kushwaha, Rajendra K. S, Guarro J (eds) *Biology of dermatophytes and other keratinophilic fungi*. Asociación Española de Micrología, Bilbao, Spain
- Vidal P, Ulfig K, Valmaseda M, Guarro J (1999) Studies on keratinophilic fungi. XI. *Chrysosporium undulatum* sp. nov. *Antonie van Leeuwenhoek* 75:171–182

- Viegas C, Sabino R, Prada H, Brandão J, Carolino E, Rosado L, Veríssimo C (2013) Diagnosis of Tinea pedis and onychomycosis in patients from Portuguese National Institute of Health: a four-year study. *Saúde & Tecnologia* 10:36–41
- von Arx JA, Guarro J, Figueras MJ (1986) The Ascomycete genus *Chaetomium*. *Nova Hedw.* 84:1–162
- Walsh EN (1948) Tinea nigra in Panama. *Arch. Dermatol.* 57:732. doi:10.1001/archderm.1948.01520170130013
- Wang H, Wang Y, Chen J, Zhan Z, Li Y, Xu J (2007) Oral yeast flora and its ITS sequence diversity among a large cohort of medical students in Hainan, China. *Mycopathologia* 164:65–72. doi:10.1007/s11046-007-9028-5
- Wang SH, Chi CC (2005) Onychomycosis in Taiwan. *Int. J. Clin. Pract.* 59:906–911. doi:10.1111/j.1742-1241.2005.00497.x
- Wannop CC (1961) The histopathology of turkey "X" disease in Great Britain. *Avian Dis.* 5:371. doi:10.2307/1587768
- Watanabe S, Harada T, Hiruma M, Iozumi K, Katoh T, Mochizuki T, Naka W (2010) Epidemiological survey of foot diseases in Japan: results of 30,000 foot checks by dermatologists. *J. Dermatol.* 37:397–406. doi:10.1111/j.1346-8138.2009.00741.x
- Watanabe T (2002) Pictorial atlas of soil and seed fungi. Morphologies of cultured fungi and key to species, 2nd ed. CRC Press, Boca Raton, Fla.
- Weber E, Görke C, Begerow D (2002) The *Lecythophora-Coniochaeta* complex: II. Molecular studies based on sequences of the large subunit of ribosomal DNA. *Nova Hedw.* 74:187–200. doi:10.1127/0029-5035/2002/0074-0187
- Weisenborn JL, Kirschner R, Cáceres O, Piepenbring M (2010a) *Talaromyces indigoticus* Takada & Udagawa, the first record for Panama and the American continent. *Mycopathologia* 170:203–208. doi:10.1007/s11046-010-9305-6
- Weisenborn JLF (2008) Mit Haut- und Nagelläsionen assoziierte Pilze in Ciriquí, Panama. Diplomarbeit, Johann Wolfgang Goethe Universität
- Weisenborn JLF, Kirschner R, Piepenbring M (2010b) A new darkly pigmented and keratinolytic species of *Acremonium* (Hyphomycetes) with relationship to the Plectosphaerellaceae from human skin and nail lesions in Panama. *Nova Hedw.* 90:457–468. doi:10.1127/0029-5035/2010/0090-0457
- Weitzman I, Chin NX, Kunjukunju N, Della-Latta P (1998) A survey of dermatophytes isolated from human patients in the United States from 1993 to 1995. *J. Am. Acad. Dermatol.* 39:255–261

- Weitzman I, Summerbell RC (1995) The dermatophytes. *Clin. Microbiol. Rev.* 8:240–259
- Welsh O, Vera-Cabrera L, Welsh E (2010) Onychomycosis. *Clin. Dermatol.* 28:151–159. doi:10.1016/j.clindermatol.2009.12.006
- White T, Bruns TD, Lee S, Taylor J (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics:315–322
- Wilken PM, Steenkamp ET, Wingfield MJ, de Beer WZ, Wingfield BD (2013) IMA Genome-F 1: *Ceratocystis fimbriata*: Draft nuclear genome sequence for the plant pathogen, *Ceratocystis fimbriata*. *IMA fungus* 4:357–358. doi:10.5598/imafungus.2013.04.02.14
- Winton LM, Stone JK, Hansen EM, Shoemaker RA (2007) The systematic position of *Phaeocryptopus gaeumannii*. *Mycologia* 99:240–252
- Wolff K, Johnson RA, Saavedra AP, Fitzpatrick TB (2013) Fitzpatrick's color atlas and synopsis of clinical dermatology, 7th ed. McGraw-Hill Medical, New York
- Woronichin NN (1925) Über die Capnodiales. *Annales Mycologici* 23:174–178
- Wu H, Jaklitsch WM, Voglmayr H, Hyde KD (2012) Epitypification, morphology, and phylogeny of *Tothia fuscella*. *Mycotaxon* 118:203–211. doi:10.5248/118.203
- Xi L, Sun J, Lu C, Liu H, Xie Z, Fukushima K, Takizawa K, Najafzadeh MJ, de Hoog GS (2009) Molecular diversity of *Fonsecaea* (Chaetothyriales) causing chromoblastomycosis in southern China. *Med. Mycol.* 47:27–33. doi:10.1080/13693780802468209
- Yadav P, Singal A, Pandhi D, Das S (2015) Clinico-mycological study of dermatophyte toenail onychomycosis in New Delhi, India. *Indian J. Dermatol.* 60:153–158. doi:10.4103/0019-5154.152511
- Yaguchi T, Sano A, Yarita K, Suh MK, Nishimura K, Udagawa S (2006) A new species of *Cephalotheca* isolated from a Korean patient. *Mycotaxon*:309–322
- Yang HU, Ariyawansa HA, Wu H, Hyde KD (2014) The genus *Leptoxyphium* (Capnodiaceae) from China. *Phytotaxa* 176:174. doi:10.11646/phytotaxa.176.1.17
- Yano S, Koyabashi K, Kato K (2003) Intrabronchial lesion due to *Cladosporium sphaerospermum* in a healthy, non-asthmatic woman. *Mycoses* 46:330–332. doi:10.1046/j.1439-0507.2003.00885.x
- Yarita K, Sano A, Samerpitak K, Kamei K, de Hoog GS, Nishimura K (2010) *Ochroconis calidifluminalis*, a sibling of the neurotropic pathogen *O. gallopava*, isolated from hot spring. *Mycopathologia* 170:21–30. doi:10.1007/s11046-010-9292-7

- Yarrow D, Meyer SA (1978) Proposal for Amendment of the Diagnosis of the Genus *Candida* Berkhout nom. cons. Int. J. Syst. Evol. Micr. 28:611–615. doi:10.1099/00207713-28-4-611
- Yau YCW, de Nanassy J, Summerbell RC, Matlow AG, Richardson SE (1994) Fungal sternal wound infection due to *Curvularia lunata* in a neonate with congenital heart disease: case report and review. Clin. Infect. Dis. 19:735–740. doi:10.1093/clinids/19.4.735
- Yehia MA, El-Ammawi TS, Al-Mazidi KM, Abu El-Ela MA, Al-Ajmi HS (2010) The spectrum of fungal infections with a special reference to dermatophytoses in the capital area of Kuwait during 2000–2005: A retrospective analysis. Mycopathologia 169:241–246. doi:10.1007/s11046-009-9252-2
- Yıldırım M, Sahin I, Kucukbayrak A, Ozdemir D, Tevfik Yavuz M, Oksuz S, Cakir S (2007) Hand carriage of *Candida* species and risk factors in hospital personnel. Mycoses 50:189–192. doi:10.1111/j.1439-0507.2006.01348.x
- Youssef YA (1974) On the fungal flora of Libyan soils. Arch. Microbiol. 99:167–171. doi:10.1007/BF00696232
- Yunus AW, Razzazi-Fazeli E, Bohm J (2011) Aflatoxin B(1) in affecting broiler's performance, immunity, and gastrointestinal tract: a review of history and contemporary issues. Toxins 3:566–590. doi:10.3390/toxins3060566
- Zalar P, de Hoog GS, Gunde-Cimerman N (1999) Ecology of halotolerant dothideaceous black yeasts:38–48
- Zalar P, de Hoog GS, Schroers H, Crous PW, Groenewald JZ, Gunde-Cimerman N (2007) Phylogeny and ecology of the ubiquitous saprobe *Cladosporium sphaerospermum*, with descriptions of seven new species from hypersaline environments. Stud. Mycol. 58:157–183. doi:10.3114/sim.2007.58.06
- Zalar P, de Hoog GS, Schroers H, Frank JM, Gunde-Cimerman N (2005) Taxonomy and phylogeny of the xerophilic genus *Wallemia* (Wallemiomycetes and Wallemiales, cl. et ord. nov.). Antonie van Leeuwenhoek 87:311–328. doi:10.1007/s10482-004-6783-x
- Zare R, Gams W (2001a) A revision of *Verticillium* section *Prostrata*. IV. The genera *Lecanicillium* and *Simplicillium* gen. nov. Nova Hedw. 71:1–50. doi:10.1127/nova.hedwigia/71/2001/1
- Zare R, Gams W (2001b) A revision of *Verticillium* section *Prostrata*. VI. The genus *Haptocillium*. Nova Hedw. 73:271–292. doi:10.1127/nova.hedwigia/73/2001/271

- Zare R, Gams W, Evans HC (2001) A revision of *Verticillium* section *Prostrata*. V. The genus *Pochonia*, with notes on *Rotiferophthora*. Nova Hedw. 71:51–86. doi:10.1127/nova.hedwigia/71/2001/51
- Zare R, Gams W, Starink-Willemse M, Summerbell RC (2007) *Gibellulopsis*, a suitable genus for *Verticillium nigrescens*, and *Musicillium*, a new genus for *V. theobromae*. Nova Hedw. 85:463–489. doi:10.1127/0029-5035/2007/0085-0463
- Zarrin M, Babadi N (2014) Mycoflora of the interdigital spaces among girl students in Ahvaz, Iran. Jundishapur J. Microbiol. 7:e12188. doi:10.5812/jjm.12188
- Zeng JS, Fukushima K, Takizawa K, Zheng YC, Nishimura K, Gräser Y, de Hoog GS (2007) Intraspecific diversity of species of the *Pseudallescheria boydii* complex. Med. Mycol. 45:547–558. doi:10.1080/13693780701435341
- Zhang N, Castlebury LA, Miller AN, Huhndorf SM, Schoch CL, Seifert KA, Rossman AY, Rogers JD, Kohlmeyer J, Volkmann-Kohlmeyer B, Sung G (2006) An overview of the systematics of the Sordariomycetes based on a four-gene phylogeny. Mycologia 98:1076–1087
- Zhang Y, Crous PW, Schoch CL, Bahkali AH, Guo LD, Hyde KD (2011) A molecular, morphological and ecological re-appraisal of Venturiales—a new order of Dothideomycetes. Fungal Divers. 51:249–277. doi:10.1007/s13225-011-0141-x
- Zhang Y, Schoch CL, Fournier J, Crous PW, de Gruyter J, Woudenberg JHC, Hirayama K, Tanaka K, Pointing SB, Spatafora JW, Hyde KD (2009) Multi-locus phylogeny of Pleosporales: a taxonomic, ecological and evolutionary re-evaluation. Stud. Mycol. 64:85-102S5. doi:10.3114/sim.2009.64.04
- Zhang Z, Schwartz S, Wagner L, Miller W (2000) A greedy algorithm for aligning DNA sequences. J. Comput. Biol. 7:203–214. doi:10.1089/10665270050081478
- Zhao P, Kakishima M, Uzuhashi S, Ishii H (2012) Multigene phylogenetic analysis of inter- and intraspecific relationships in *Venturia nashicola* and *V. pirina*. Eur. J. Plant Pathol. 132:245–258. doi:10.1007/s10658-011-9869-0
- Zhao R, Desjardin DE, Soyong K, Hyde KD (2008) Advances in the phylogenesis of Agaricales and its higher ranks and strategies for establishing phylogenetic hypotheses. J. Zhejiang Univ. Sci. B 9:779–786. doi:10.1631/jzus.B0860012

## Internetquellen

- <http://babel.hathitrust.org/cgi/pt?id=pur1.32754073482774;seq=1> (20.05.2014)
- <http://biogeodb.stri.si.edu/fungi/>

<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>  
[http://emedicine.medscape.com/infectious\\_diseases#fungal](http://emedicine.medscape.com/infectious_diseases#fungal)  
<http://home.ncifcrf.gov/research/bja/>  
[http://jcm.brc.riken.jp/en/abbr\\_e](http://jcm.brc.riken.jp/en/abbr_e)  
<http://webofknowledge.com>  
<http://www.cbs.knaw.nl/>  
<http://www.cbs.knaw.nl/Collections/BioloMICS.aspx?Link=T&TableKey=1468261600000067&Rec=25155&Fields=All>  
<http://www.cybertruffle.org.uk/cyberliber/index.htm>  
[http://www.efm.leeds.ac.uk/~mark/ISlabbr/O\\_abrvjt.html](http://www.efm.leeds.ac.uk/~mark/ISlabbr/O_abrvjt.html)  
<http://www.indexfungorum.org>  
<http://www.mycobank.org>  
<http://www.mycology.adelaide.edu.au/>  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>  
<https://my.absa.org/tiki-index.php?page=Riskgroups>



## 7 Anhang

### Protokolle

#### **DNA-Isolation mit CTAB nach Talbot 2001 (modifiziert durch Weisenborn)**

- 0,1 - 0,2 g frisches, gefrorenes Pilzmaterial (Kultur) homogenisieren
- Zur Probe im Eppendorf-Tube eine sterile Wolfram-Carbid-Kugel und einen Spatel sterile Glaskügelchen geben
- Probe in Retsch-Schwingmühle bei 30 Hertz für 30 sec homogenisieren, falls erforderlich, Schritt wiederholen
- 150 µl 3,5 M NaCl zugeben und vorsichtig mischen (kurz vortexen)
- 500 µl CTAB-Lysepuffer hinzu geben und vorsichtig mischen (kurz vortexen)
- 20 µl RNase (20 mg/ml) zugeben und für 5 min bei RT inkubieren
- Anschließend 10 µl 2-mercaptoethanol hinzu geben und 30 min bei 65 °C inkubieren (Thriller; Programm 6S1)
- 500 µl CIA vorsichtig hinzu geben und in einem Abzug (!!!) für eine Minute inkubieren
- 20 min auf einer Schüttelplatte (60 rpm.) inkubieren (bzw. mehrmals durch invertieren oder kurzes vortexen mischen)
- Zentrifugieren bei 13.000 G für 10 min bei 4 °C
- Wässrige Phase entnehmen (obere Phase) ohne Proteine und Zellfragmente aus der Zwischenphase mitzunehmen (~500 µl) und in ein neues Röhrchen geben
- Das gleiche Volumen an Isopropanol (~500 µl) zugeben und durch invertieren gründlich mischen
- Anschließend für 1 h bei 8 °C inkubieren und bei 10.000 G für 10 min und 4 °C zentrifugieren
- Pellet in 800 µl 70 % Ethanol (reinst) waschen und bei 10.000 G für 10 min und 4 °C zentrifugieren
- Pellet für 5-10 min bei RT trocknen und anschließend in 50-100 µl ddH<sub>2</sub>O oder Tris Puffer (10 mM, pH 7,2- 8,0) resuspendieren
- Bei 8 °C bzw. -20 °C lagern

## Kryo-Kulturen nach Homolka et al. 2007 (modifiziert durch Weisenborn)

Für 1,5 ml Kryoröhrchen:

- Pro Röhrchen etwa 0,2 g Vermiculit mit 800 µl - 1 ml Kryomedium mischen
- Röhrchen auf etwa  $\frac{3}{4}$  Füllmenge auffüllen
- Autoklavieren (110 °C, 1 bar, 10 min)
- Röhrchen beimpfen und verschrauben
- 4-10 Tage bei 25 °C oder Zimmertemperatur inkubieren (abhängig von Wachstumsgeschwindigkeit des Pilzes, das Röhrchen sollte etwa zu  $\frac{2}{3}$  durchwachsen sein, bei Hefen sind 5 d Inkubationszeit in der Regel ausreichend)
- 1-2 Tage bei -20°C inkubieren oder direkt bei -80 °C einfrieren
- Lagerung bei -80 °C (3-5 Jahre, empfindliche Arten spätestens nach 2 Jahren überprüfen)
- Auftauen bei Zimmertemperatur oder im Wasserbad bei 30 °C
- Röhrcheninhalt zur Rekultivierung auf geeignetes Medium geben (Inhalt kann auf bis zu 3 Petrischalen verteilt werden) und bei 25 °C oder Zimmertemperatur inkubieren

## Tabellen

### DNA-Primer

Tabelle 273: Verwendete DNA-Primer

Primer	Sequenz	Literatur
NL1	5'-gca tat caa taa gcg gag gaa aag-3'	O'Donnell 1993
NL4	5'-ggg ccg tgt ttc aag acg g-3'	O'Donnell 1993
ITS1	5'- tcc gta ggt gaa cct gcg g -3'	White et al. 1990
ITS1f	5'-ctt ggt cat tta gag gaa gta a-3'	Gardes und Bruns 1993
ITS4	5'-tcc tcc gct tat tga tat gc-3'	White et al. 1990
(GACA) <sub>4</sub>	5'-gac aga cag aca gac a-3'	Epplen et al. 1991

Tabelle 274: Verwendete Primerkombinationen und amplifizierte DNA-Regionen

Forward-Primer	Reverse-Primer	Amplifizierte DNA-Region	Fragmentlänge
NL1: 5'-gca tat caa taa gcg gag gaa aag-3'	NL4: 5'-ggg ccg tgt ttc aag acg g-3'	D1/D2-Region der LSU nrDNA	ca. 600 bp
ITS1f: 5'-ctt ggt cat tta gag gaa gta a-3'	ITS4: 5'-tcc tcc gct tat tga tat gc-3'	ITS1, 5.8S nrDNA, ITS2	ca. 700 bp

Forward-Primer	Reverse-Primer	Amplifizierte DNA-Region	Fragmentlänge
ITS1: 5'- tcc gta ggt gaa cct gcg g -3'	ITS4: 5'-tcc tcc gct tat tga tat gc-3'	ITS1, 5.8S nrDNA, ITS2	ca. 700 bp
ITS1f: 5'-ctt ggt cat tta gag gaa gta a-3'	NL4: 5'-ggg ccg tgt ttc aag acg g-3'	ITS1, 5.8S nrDNA, ITS2 und D1/D2-Region der LSU nrDNA	ca. 1.400 bp

## Verwendete PCR-Programme

**Tabelle 275: PCR-Programm Touch60. Verwendetes Thermocycler Programm zur Amplifizierung der ITS-Region und LSU nrDNA mit Taq-Polymerase.**

Primäre Denaturierung	94 °C	3 Minuten
„Touch down“ Prozess	10 Zyklen	
Denaturierung	94 °C	30 Sekunden
Annealing	60 °C (- 1 °C pro Zyklus)	30 Sekunden
Amplifizierung	72 °C	1 Minute
Amplifizierungsphase	25 Zyklen	
Denaturierung	94 °C	30 Sekunden
Annealing	50 °C	30 Sekunden
Amplifizierung	72 °C	1 Minute
Finale Amplifizierung	72 °C	5 Minuten

**Tabelle 276: PCR-Programm KappaHifi. Verwendetes Thermocycler Programm zur Amplifizierung der ITS-Region und LSU nrDNA mit KappaHifi-Polymerase oder Phusion-Polymerase.**

Primäre Denaturierung	95 °C	3 Minuten
Amplifizierungsphase	30 Zyklen	
Denaturierung	98 °C	30 Sekunden
Annealing	50 °C	30 Sekunden
Amplifizierung	72 °C	30 Sekunden
Finale Amplifizierung	72 °C	5 Minuten

**Tabelle 277: PCR-Programm Hifi60. Verwendetes Thermocycler Programm zur Amplifizierung der ITS-Region und LSU nrDNA mit KappaHifi-Polymerase oder Phusion-Polymerase mit zusätzlichem „Touch-down“ Prozess zur spezifischeren Amplifizierung von DNA Fragmenten.**

Primäre Denaturierung	95 °C	3 Minuten
„Touch down“ Prozess	10 Zyklen	
Denaturierung	98 °C	20 Sekunden
Annealing	60 °C (-1 °C pro Zyklus)	30 Sekunden
Amplifizierung	72 °C	1 Minute
Amplifizierungsphase	25 Zyklen	

Denaturierung	98 °C	30 Sekunden
Annealing	50 °C	30 Sekunden
Amplifizierung	72 °C	1 Minute
Finale Amplifizierung	72 °C	5 Minuten

**Tabelle 278: PCR-Programm rDNA. Verwendetes Thermocycler Programm zur Amplifizierung der ITS-Region und LSU nrDNA mit Taq-Polymerase.**

Primäre Denaturierung	95 °C	3 Minuten
Amplifizierungsphase	35 Zyklen	
Denaturierung	98 °C	30 Sekunden
Annealing	54 °C	30 Sekunden
Amplifizierung	72 °C	2 Minute
Finale Amplifizierung	72 °C	5 Minuten

**Tabelle 279: PCR-Programm GACA. Verwendetes Thermocycler Programm zur Amplifizierung von variablen PCR-Fragmenten unter Verwendung des Primers (GACA)<sub>4</sub> und Taq-Polymerase.**

Primäre Denaturierung	94 °C	3 Minuten
Amplifizierungsphase	35 Zyklen	
Denaturierung	95 °C	30 Sekunden
Annealing	50 °C	1 Minute
Amplifizierung	72 °C	1 Minute
Finale Amplifizierung	72 °C	10 Minuten

## DNA-Sequenzen

**Tabelle 280: Übersicht verwendeter Sequenzdaten aus GenBank in alphabetischer Reihenfolge.**

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Acremonium alternatum</i> (CBS 407.66)		HE798150	<i>Hypoxyton deustum</i> , Österreich	Giraldo et al. (2012)
<i>Acremonium asperulatum</i> (CBS 130362)		HE608641	Erde, Spanien	Giraldo et al. (2012)
<i>Acremonium blochii</i> (CBS 993.69)		HE608636	Haut ( <i>Homo sapiens</i> ), Niederlande	Giraldo et al. (2012)
<i>Acremonium blochii</i> (CBS 993.69)	HQ232002		Haut ( <i>Homo sapiens</i> ), Niederlande	Summerbell et al. (2011)
<i>Acremonium borodinense</i> (CBS 101148)		HE608635	Zuckerrohrfeld, Japan	Giraldo et al. (2012)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Acremonium borodinense</i> (CBS 101148)	HQ232003		Zuckerrohrfeld, Japan	Summerbell et al. (2011)
<i>Acremonium citrinum</i> (CBS 384.96)		HF680236	Früchte, Papua Neu Guinea	Giraldo et al. (2014a)
<i>Acremonium cyanophagus</i> (KM1p)		DQ393594	<i>Pseudanabaena constantiae</i> , Deutschland	unveröffentlicht
<i>Acremonium hansfordii</i> (CBS 390.73)		AB540578	<i>Periconia cookei</i> , Indien	Kiyuna et al. (2011)
<i>Acremonium hennebertii</i> (CBS 768.69)		HF680238	Blatt ( <i>Elaeis guineensis</i> ), Zaire	Giraldo et al. (2014a)
<i>Acremonium hennebertii</i> (CBS 768.69)	HQ232044		Blatt ( <i>Elaeis guineensis</i> ), Zaire	Summerbell et al. (2011)
<i>Acremonium</i> sp. (ATT126)		HQ607846	Ameisennest ( <i>Atta texana</i> ), Texas, USA	Rodrigues et al. (2011)
<i>Acremonium spinosum</i> (CBS 136.33)		HE608637	Onychomykose ( <i>Homo sapiens</i> ), Argentinien	Giraldo et al. (2012)
<i>Acremonium varicolor</i> (CBS 130360)		HE608647	Walderde, Spanien	Giraldo et al. (2012)
<i>Apiosporina collinsii</i> (CPC 12229)	EU035443		--	Crous et al. (2007d)
<i>Arachniotus ruber</i> (Syn: <i>Gymnoascus ruber</i> ) (IMI 100913)		AJ315839	Erde, England	unveröffentlicht
<i>Arthroderma cuniculi</i> ( <i>Chrysosporium</i> sp.) (CBS 492.71)		NR077138	Erde und Hasenfell, England	Brasch und Graser (2005)
<i>Arthroderma otae</i> ( <i>Microsporium canis</i> ) (IHEM 2765)		KP132448	Kopfhaut ( <i>Homo sapiens</i> ), Belgien	Irinyi et al. (2015)
<i>Arthroderma persicolor</i> ( <i>Microsporium persicolor</i> ) (IHEM 25505)		KP132833	Haut ( <i>Homo sapiens</i> ), Belgien	Irinyi et al. (2015)
<i>Arthroderma persicolor</i> ( <i>Microsporium persicolor</i> ) (IHEM 3451)		KP132835	<i>Clethrionomys glareolus</i> , Groß Britannien	Irinyi et al. (2015)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Arthroderma simii</i> ( <i>Trichophyton simii</i> ) (IHEM 19927)		KP132855	Haut ( <i>Homo sapiens</i> ), Belgien	Irinyi et al. (2015)
<i>Arthroderma simii</i> ( <i>Trichophyton simii</i> ) (UAMH 2944)		AF170455	Huhn ( <i>Gallus</i> sp.), Indien	Summerbell et al. (1999)
<i>Arthroderma tuberculatum</i> ( <i>Chrysosporium tuberculatum</i> ) (CBS 473.77)		NR077140	Federn, Illinois, USA	Brasch und Graser (2005)
<i>Arthroderma uncinatum</i> ( <i>Trichophyton ajelloi</i> ) (WM 06.342)		EF568086	klinisches Material, Adelaide, Australien	unveröffentlicht
<i>Arthroderma vanbreuseghemii</i> (IHEM 14193)		JQ407185	--	Beguin et al. (2012)
<i>Arthroderma vanbreuseghemii</i> (IFM 58270)		AB566295	Ratte ( <i>Rattus</i> sp.), Japan	unveröffentlicht
<i>Arthroderma vanbreuseghemii</i> (Typ) (IHEM 19701)		JQ407189	--, Belgien	Beguin et al. (2012)
<i>Arthrographis arxii</i> (Syn: <i>Phitoascus langeronii</i> ) (IFM 47378/UAMH 4234)		AB213442	Kot (Pflanzenfresser), Indien	unveröffentlicht
<i>Arthrographis arxii</i> (Syn: <i>Eremomyces langeronii</i> ) (UAMH 5361)		AB128972	--	unveröffentlicht
<i>Arthrographis chlamydospora</i> (UTHSC 06-1053)		HG004554	--	Giraldo et al. (2014b)
<i>Arthrographis curvata</i> (UTHSC 11-1163)		HG004556	--	Giraldo et al. (2014b)
<i>Arthrographis globosa</i> (UTHSC 11-757)		HG004553	--	Giraldo et al. (2014b)
<i>Arthrographis kalrae</i> (CBS 234.76)		AB116535	Keratitis ( <i>Homo sapiens</i> ), Johannesburg, Südafrika	unveröffentlicht

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Arthrographis kalrae</i> (CBS 693.77)		NR126108	Sputum ( <i>Homo sapiens</i> ), Indien	unveröffentlicht
<i>Arthrographis lignicola</i> (CBS 689.83)		AB213452	Holzchips und Rinde, Alberta, Kanada	Giraldo et al. (2014b)
<i>Arthrographis longispora</i> (UTHSC 05-3220)		HG004555	--	Giraldo et al. (2014b)
<i>Arthrographis pinicola</i> (CBS 653.89)		NR077121	Fraßgänge von <i>Ips latidens</i> in <i>Pinus contorta</i> , Alberta, Kanada	unveröffentlicht
<i>Arthrographis</i> sp. (07MA20)		JX270420	--	Lorch et al. (2013)
<i>Arthroopsis hispanica</i> (UTHSC 09-3174)		HE965756	--	Giraldo et al. (2014b)
<i>Aureobasidium pullulans</i> (5.3)		DQ683015	--	unveröffentlicht
<i>Aureobasidium pullulans</i> (L5-1)		DQ683019	--	unveröffentlicht
<i>Bandoniozyma aquatica</i> (ATCC MYA-4876)	KC171328	KC171357	Wasser, Brasilien	unveröffentlicht
<i>Bandoniozyma glucofermentans</i> (BG02-7-15-015A-1-1)	AY520334	JN381033	Darminhalt ( <i>Amphix laevigatus</i> ), USA	Suh et al. (2005)
<i>Bradomyces alpinus</i> (CCFEE 5478)		HG974249	Gestein (Alpen), Italien	Hubka et al. (2014)
<i>Bradomyces oncorhynchi</i> (CCF 4369)	HG426063	HG426062	<i>Oncorhynchus mykiss</i> (Fischfarm),--	Hubka et al. (2014)
<i>Brycekendrickomyces acaciae</i> (CBS 124104)	FJ839641	FJ839606	Blätter ( <i>Acacia auriculiformis</i> ), Indonesien	Crous et al. (2009a)
<i>Cadophora fastigiata</i> (120)		JX839455	Dialysewasser, Brasilien	Figel et al. (2013)
<i>Cadophora fastigiata</i> (Syn: <i>Phialophora fastigiata</i> ) (IFM 41577)		AB190392	--	unveröffentlicht
<i>Capronia monsonii</i> (CBS 101.67)		AF050247	<i>Populus tremula</i> , Schweden	Untereiner und Naveau (1999)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Capronia munkii</i> (DAOM 216388)		AF050248	--	Untereiner und Naveau (1999)
<i>Capronia peltigerae</i> ( <i>Knufia peltigera</i> ) (UAMH 11090)		HQ709322	--	Untereiner et al. (2011)
<i>Cephalotheca foveolata</i> (IFM 53377)	AB178269	AB278171	Chronische subkutane Infektion ( <i>Homo sapiens</i> ), Korea	Suh et al. (2006)
<i>Cephalotheca sulfurea</i> (CBS 135.34)		HE610372	Garten-Schilfrohr, Groß Britannien	Perdomo et al. (2013)
<i>Cephalotheca sulfurea</i> (CBS 135.34)	AF096188		Garten-Schilfrohr, Groß Britannien	Suh und Blackwell (1999)
<i>Ceratomyrium carniolicum</i> (CBS 175.95)		KC978733	<i>Pyrola rotundifolia</i> , Schweden	Nai et al. (2013)
<i>Chaetomium funicola</i> (OC 13)	EF154451		Haut, <i>Homo sapiens</i> , (Panama, Chiriquí)	Piepenbring et al. (2007)
<i>Chaetomium funicola</i> (XSD-95)		EU326205	Erde, China	unveröffentlicht
<i>Chaetomium globosum</i> (CBS 164.62)	JN209920		--, Polen	unveröffentlicht
<i>Chaetomium globosum</i> (BLE21)		FN868476	<i>Pinus halepensis</i> , Spanien	Botella und Diez (2011)
<i>Chaetomium globosum</i> (8)		EU301639	Walderde, China	unveröffentlicht
<i>Chaetomium globosum</i> (CBS 164.62)		JN209920	--, Polen	unveröffentlicht
<i>Chaetomium globosum</i> (CBS 373.66)		KC109756	verrottende Pflanzen, Kalifornien, USA	unveröffentlicht
<i>Chaetomium globosum</i> (IFM 40873)		AB449658	--, Japan	Sugiyama et al. (2008)
<i>Chaetomium globosum</i> var. <i>flavoviride</i> (MUCL 39526)		JN209875	abgestorbener Baumstamm, Ungarn	unveröffentlicht
<i>Chaetomium globosum</i> var. <i>griseum</i> (MUCL 39527)		JN209899	--	unveröffentlicht
<i>Chaetomium murorum</i> (C96)		HM365268	--	Asgari und Zare (2011)



Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Chaetomium murorum</i> (CBS 138.58)		JX280831	Blatt, Mongolei	de Hoog et al. (2013)
<i>Chaetomium murorum</i> (CBS 566.85)		JX280832	Erde, Kenia	de Hoog et al. (2013)
<i>Chaetomium murorum</i> (HMUABO 823097)		KC425265	--, China	unveröffentlicht
<i>Chaetomium murorum</i> (UOA/HCPF 9860)		GQ376100	Gemälde, Griechenland	unveröffentlicht
<i>Chrysosporium articulatum</i> (UAMH 4320)		AJ007841	--	Vidal et al. (1999)
<i>Chrysosporium carmichaelii</i> (CBS 643.79)		NR077133	--, Michigan, USA	Vidal et al. (1999)
<i>Chrysosporium europae</i> (UAMH 4587)		NR077134	Erde, Spanien	Vidal et al. (1999)
<i>Chrysosporium keratinophilum</i> (CBS 104.62)		AB361655	Erde, Papua Neu Guinea	unveröffentlicht
<i>Chrysosporium merdarium</i>		DQ888721	--	de Bellis et al. (2007)
<i>Chrysosporium merdarium</i> (CBS 408.72)		AJ390384	Dung, Illinois, USA	Vidal et al. (1999)
<i>Chrysosporium merdarium</i> var. <i>roseum</i> (CBS 388.68)		KF225604	Erde, --	unveröffentlicht
<i>Cladophialophora australiensis</i> (CBS 112793)	EU035402	EU035402	„Sportgetränk“, Australien	Crous et al. (2007d)
<i>Cladophialophora chaetospira</i> (CBS 114747)		EU035403	<i>Phyllostachys bambusoides</i> , China	Crous et al. (2007d)
<i>Cladophialophora potulentorum</i> (CBS 112222)		EU035409	„Sportgetränk“, Australien	Crous et al. (2007d)
<i>Cladophialophora potulentorum</i> (CBS 114772)	EU035410		„Sportgetränk“, Australien	Crous et al. (2007d)
<i>Coccidioides immitis</i> (IFM 45816)		AB232891	<i>Homo sapiens</i> , USA	Sano et al. (2006)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Coccidioides posadasii</i> (IFM 50993)		AB232895	<i>Homo sapiens</i> , Japan	Sano et al. (2006)
<i>Coniochaeta hoffmannii</i> (CBS 245.38) (Syn: <i>Lecythophora hoffmannii</i> )		NR111518	Butter, Schweiz	Perdomo et al. (2013)
<i>Coniochaeta hoffmannii</i> (CBS 245.38) (Syn: <i>Lecythophora hoffmannii</i> )	AF353599		Butter, Schweiz	Weber et al. (2002)
<i>Coniochaeta lignicola</i> (CBS 267.33) (Syn: <i>Lecythophora lignicola</i> )		NR111520	--, Schweden	Perdomo et al. (2013)
<i>Coniochaeta lignicola</i> (CBS 267.33) (Syn: <i>Lecythophora</i> <i>lignicola</i> )	AF353601		--, Schweden	Weber et al. (2002)
<i>Coniosporium perforans</i> (Syn: <i>Knufia perforans</i> ) (CBS 885.95)		AJ244230	Marmor, Griechenland	de Hoog et al. (1999)
<i>Cosmospora butyri</i> (CBS 301.38)		DQ286652	Butter, Dänemark	Lee et al. (2006)
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CCF 4522)		HG518411	Onychomykose ( <i>Homo</i> <i>sapiens</i> ), Kanada	Lagacé und Cellier (2012)
<i>Cryptendoxyla hypophloia</i> (CBS 508.70)	AB191032		Holz ( <i>Acer saccharum</i> ), Kanada	Yaguchi et al. (2006)
<i>Cylindrosyndonium lauri</i> (CBS 240.95)	EU035414		Blattstreu ( <i>Laurus</i> sp.), Kanarische Inseln	Crous et al. (2007d)
<i>Doratomyces microsporus</i> (ATT132)		HQ607849	Ameisennest ( <i>Atta texana</i> ), Texas, USA	Rodrigues et al. (2011)
<i>Doratomyces</i> <i>purpureofuscus</i> (CBS 523.63)	AF400851		Erde (Weizenfeld), Deutschland	Issakainen et al. (2003)
<i>Doratomyces</i> <i>purpureofuscus</i> (HSAUP 052690)		FJ914690	--, China	unveröffentlicht
<i>Doratomyces stemonitis</i> (CBS 127.22)	DQ836907		Pflanzensamen, Niederlande	Zhang et al. (2006)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Doratomyces stemonitis</i> (ICMP 14955)		EF029213	Kot ( <i>Sphenodon punctatus</i> ), Neuseeland	unveröffentlicht
<i>Doratomyces verrucisporus</i> (HSAUP 051029)		FJ914680	--, China	unveröffentlicht
<i>Dothidea hippophaeos</i> (CBS 186.58)		AF027763	<i>Berberis vulgaris</i> , Schweiz	Jacobs und Rehner (1998)
<i>Dothidea sambuci</i> (DAOM 231303)		NR111220	--	unveröffentlicht
<i>Emmonsia crescens</i> (UAMH 132)		AF038351	Lunge ( <i>Peromyscus maniculatus nebrascensis</i> ), Alberta, Kanada	Peterson und Sigler (1998)
<i>Emmonsia parva</i> (UAMH 130)		AF038333	--, Arizona, USA	Peterson und Sigler (1998)
<i>Emmonsia pasteuriana</i> (UAMH 9510)		EF592152	kutane Läsion, HIV-Patient ( <i>Homo sapiens</i> ), Italien	Peterson und Sigler (1998)
<i>Endococcus fusigera</i> (Orange 17098)	FJ645262		<i>Rhizocarpon lavatum</i> , Island	unveröffentlicht
<i>Epidermophyton floccosum</i> (ATCC 26072)		AY213646	Fuß, <i>Homo sapiens</i> , --	Rakeman et al. (2005)
<i>Epidermophyton floccosum</i> (WM 05.5)		EF568054	--, Australien	unveröffentlicht
<i>Eremascus albus</i> (UCB50-026)		GQ867787	--	Klinger et al. (2013)
<i>Exophiala castellanii</i> (CBS 158.58)	FJ358241		<i>Homo sapiens</i> , Sri Lanka	Gueidan et al. (2008)
<i>Exophiala castellanii</i> (CBS 158.58)		GU225940	<i>Homo sapiens</i> , Sri Lanka	unveröffentlicht
<i>Exophiala dermatitidis</i> (CBS 149.90)		AF050268	<i>Homo sapiens</i> , Deutschland	Untereiner und Naveau (1999)
<i>Exophiala dermatitidis</i> (CBS 207.35)		KF928444	Chromomykose ( <i>Homo sapiens</i> ), Japan	Attili-Angelis et al. (2014)
<i>Exophiala jeanselmei</i> (CBS 677.76)		AF050271	<i>Homo sapiens</i> , England	Untereiner und Naveau (1999)
<i>Exophiala placitae</i> (CPC 13707)	EU040215		--	Crous et al. (2007b)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Exophiala salmonis</i> (CBS 110371)		JF747139	Trinkwasserfilter, Niederlande	de Hoog et al. (2011)
<i>Exophiala</i> sp. (2H5-S0-P7-3)	KM232445		--	Crous et al. (2007d)
<i>Faurelina indica</i> (CBS 126.78)		GU291802	Ziegenzung, Indien	Réblová et al. (2011a)
<i>Fonsecaea monophora</i> (SUMS0300)		EU28527	Chromoblastomykose, China	Xi et al. (2009)
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (7013)		HM748581	<i>Homo sapiens</i> , Venezuela	unveröffentlicht
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (CBS 271.37)		AF050276		Untereiner und Naveau (1999)
<i>Fonsecaea pedrosoi</i> (IHEM 5638)		KP132210	<i>Homo sapiens</i> (Hand), --	unveröffentlicht
<i>Fusicladium africanum</i> (CPC 12828)	EU035423		<i>Eucalyptus</i> sp., Südafrika	Crous et al. (2007d)
<i>Fusicladium amoenum</i> (CBS 254.95)	EU035425		Blattstreu ( <i>Eucalyptus grandis</i> ), Kuba	Crous et al. (2007d)
<i>Fusicladium carpophilum</i> (CBS 497.62)		EU035426	<i>Prunus</i> sp., Schweiz	Crous et al. (2007d)
<i>Fusicladium carpophilum</i> (CBS 497.62)	EU035426			Crous et al. (2007d)
<i>Fusicladium eriobotryae</i> (FE41)		EU282476	<i>Eriobotrya japonica</i> , Spanien	Sánchez-Torres et al. (2009)
<i>Fusicladium intermedium</i> (CBS 110746)	EU035432		Blattstreu ( <i>Eucalyptus</i> sp.), Madagaskar	Crous et al. (2007d)
<i>Fusicladium mandshuricum</i> (CBS 112235)	EU035433		<i>Populus simonii</i> , China	Crous et al. (2007d)
<i>Fusicladium oleagineum</i> (CBS 113427)		KF766166	<i>Olea europaea</i> , Neuseeland	Slippers et al. (2013)
<i>Fusicladium ramoconidii</i> (CBS 462.82)		AY251086	Nadeln ( <i>Pinus</i> sp.), Niederlande	Braun et al. (2003)
<i>Fusicladium ramoconidii</i> (CBS 462.82)	EU035439		Nadeln ( <i>Pinus</i> sp.), Niederlande	Crous et al. (2007d)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Geomyces auratus</i> (CBS 108.14)		NR111872	in Erde vergrabenes Filterpapier, Norwegen	Minnis und Lindner (2013)
<i>Geomyces pannorum</i> var. <i>asperulatus</i> (RR 102)		AJ938166	Rhizosphäre von <i>Fagus sylvatica</i> , Groß Britannien	unveröffentlicht
<i>Graphium dubautiae</i> (HSAUP 042788)		FJ914669	--, China	unveröffentlicht
<i>Graphium eumorphum</i> (FCUL 060807SF12)	JF746156		<i>Fagus sylvatica</i> submerged in Sesimbra marina, Portugal	Azevedo et al. (2011)
<i>Gymnoascus reesii</i> (UOA/HCPF 8413)		GQ376102	Haut ( <i>Homo sapiens</i> ), --	unveröffentlicht
<i>Hortaea werneckii</i> (SACCR #16)		DQ336709	--	Cantrell et al. (2006)
<i>Hortaea werneckii</i> (SD 454)		GQ334390	--	unveröffentlicht
<i>Hyalocladosporiella tectonae</i> (CPC 23133/CBS 137989)	KJ869199	KJ869142	Blätter von <i>Tectona grandis</i> , Brasilien	Crous et al. (2014)
<i>Kernia hyalina</i> (CBS 766.70)		KF001699	Kuhdung, Nebraska, USA	unveröffentlicht
<i>Knufia aspidiotus</i> (BJ01A17)		JX84378	Schildlaus, China	He et al. (2013)
<i>Knufia cryptophialidica</i> (DAOM 216555)	JN040500	NR121501	--	Tsuneda et al. (2011)
<i>Knufia endospora</i> (UAMH 10396)		JN040510	--	Tsuneda et al. (2011)
<i>Knufia epidermidis</i> (CCFEE 5814)		JX681060	--	Isola et al. (2013)
<i>Knufia petricola</i> (CBS 726.95)	KC978741	NR111871	Marmor, Engelstatue im Museumsgarten, Messina, Italien	Nai et al. (2013)
<i>Leptoxyphium glochidion</i> (IFRDCC 2651)		KF982307	--	Yang et al. (2014)
<i>Leptoxyphium kurandae</i> (CPC 17274)		JF951150	--	Crous et al. (2011)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Leptoxyphium madagascariense</i> (CBS 124766)		GQ303277	<i>Eucalyptus camaldulensis</i> , Madagaskar	Cheewangkoon et al. (2009)
<i>Leucosphaerina arxii</i> (CBS 737.84)		HE608640	Pferdedung, North Carolina, USA	Giraldo et al. (2012)
<i>Leucosphaerina arxii</i> (CBS 737.84)	HQ232159		Pferdedung, North Carolina, USA	Summerbell et al. (2011)
<i>Leucothecium emdenii</i> (CBS 576.73)		FJ358286	landwirtschaftlich genutzte Erde, Niederlande	Gueidan et al. (2008)
<i>Leucothecium emdenii</i> (Typ <i>Arthrographis alba</i> ) (CBS 370.92)		AB213450	Sediment, Spanien	unveröffentlicht
<i>Microascus cinereus</i> (CBS 365.65)	HG380423		Erde, Indien	Sandoval-Denis et al. (2013)
<i>Microascus cinereus</i> (FMR 12339)		KP132754	Sternum ( <i>Homo sapiens</i> ), USA	Irinyi et al. (2015)
<i>Microascus cirrosus</i> (CBS 217.31)	HG380429		<i>Prunus</i> sp., Italien	Sandoval-Denis et al. (2013)
<i>Microascus cirrosus</i> (ATCC MYA-4885)	JQ906766		<i>Homo sapiens</i> , Frankreich	unveröffentlicht
<i>Microascus cirrosus</i> (CBS 217.31)	AF275539		<i>Prunus</i> , Italien	unveröffentlicht
<i>Microascus cirrosus</i> (ATCC MYA-4885)		JQ906771	<i>Homo sapiens</i> , Frankreich	unveröffentlicht
<i>Microascus cirrosus</i> (UOA/HCPF 14291)		KC254062	Ohr ( <i>Homo sapiens</i> ), Griechenland	unveröffentlicht
<i>Microascus cirrosus</i> (FMR 12332)		KP132439	Bronchoalveoläre Lavage ( <i>Homo sapiens</i> ), USA	Irinyi et al. (2015)
<i>Microascus giganteus</i> (A98/CBS 746.69)	AF275540		Insektenfraß an Totholz, Ontario, Kanada	unveröffentlicht
<i>Microascus longirostris</i> (CBS 267.49)	AF400865		Haut, <i>Sciurus vulgaris</i> , Niederlande	Issakainen et al. (2003)
<i>Microascus manginii</i> (CBS 506.66)	JQ434682		Hühnermist, Kanada	Ropars et al. (2012)
<i>Microascus manginii</i> (DAO 225614)		JN942891	--	Schoch et al. (2012)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Microascus niger</i> (MUCL 40746)	HG380434		Stinktiera, Kanada	Sandoval-Denis et al. (2013)
<i>Microascus trigonosporus</i> (CBS 218.31)	JQ434679		--, USA	Ropars et al. (2012)
<i>Microascus trigonosporus</i> var. <i>trigonosporus</i> (CBS 665.71)		AM774156	Erde, Kalifornien, USA	Silvera-Simón et al. (2008)
<i>Microascus trigonosporus</i> var. <i>trigonosporus</i> (CBS 218.31)		DQ491513	--, USA	unveröffentlicht
<i>Microsporium audouinii</i> (IHEM 275)		KP132443	Kopfhaut ( <i>Homo sapiens</i> ), Deutschland	Irinyi et al. (2015)
<i>Mycosphaerella fimbriata</i> (CBS 120736)		EF394836	<i>Eucalyptus</i> sp., Australien	Crous et al. (2007e)
<i>Mycosphaerella pyri</i> (CBS 100.86)		EU167606	Blätter ( <i>Pyrus communis</i> ), Niederlande	Simon et al. (2009)
<i>Myriodontium</i> <i>keratinophilum</i> (DUMC 134.08)		EU925387	--	unveröffentlicht
<i>Ochroconis cordanae</i> (CBS 475.80)		KF156022	abgestorbenes Laubblatt, Kolumbien	Samerpitak et al. (2014)
<i>Ochroconis macrozambiae</i> (CPC 17262)		KJ869123	Laub ( <i>Macrozamia</i> sp.), Australien	Crous et al. (2014)
<i>Ochroconis minima</i> (CBS 510.71)		HQ667522	Rhizosphäre ( <i>Gossypium</i> <i>arboreum</i> ), Nigeria	Samerpitak et al. (2014)
<i>Ochroconis mirabilis</i> (CBS 729.95)		KF156029	Tauchatemgerät, Niederlande	Samerpitak et al. (2014)
<i>Ochroconis mirabilis</i> (CBS 124.65)		HQ667532	Hautläsion ( <i>Homo</i> <i>sapiens</i> ), Indien	Samerpitak et al. (2014)
<i>Ochroconis sexualis</i> (PPRI 12991)		KF156018	--, Südafrika	Samerpitak et al. (2014)
OTU „Chaetothyriales sp.“ (T261_Tm3)	KF614886		--	Nepel et al. (2014)
OTU (N203T_244)		DQ307328	Meerwasser, Süd- Chinesisches Meer	unveröffentlicht

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Parascedosporium putredinis</i> (CBS 102083)		HQ185348	<i>Chrysalidocarpus lutescens</i> , Japan	Lackner et al. (2012)
<i>Phaeococcomyces chersonesos</i> (Syn: <i>Knufia petricola</i> ) (IMI 389175/Ch49)	AJ507323	AJ507323	Mamorgestein, Ukraine	unveröffentlicht
<i>Phialemonium atrogriseum</i> (CBS 604.67)		HE610367	Nudeln, Ukraine	Perdomo et al. (2013)
<i>Phialemonium atrogriseum</i> (CBS 604.67)	HQ231981		Nudeln, Ukraine	Summerbell et al. (2011)
<i>Phialemonium inflatum</i> (H34)		GU566291	Rhizosphäre ( <i>Phalaris arundinacea</i> ), Tschechische Republik	Bukovská et al. (2010)
<i>Phialemonium obovatum</i> (CBS 279.76)		AB278187	Systemische mykotische Infektion ( <i>Homo sapiens</i> ), North Carolina, USA	Suh et al. (2006)
<i>Phialemonium obovatum</i> (CBS 400.83)	AB278189		Subkutane mykotische Infektion (Hund), USA	Suh et al. (2006)
<i>Phialophora verrucosa</i> (IFM 51934)	AB550779		--	Takizawa et al. (2011)
<i>Pseudogymnoascus</i> (Syn: <i>Geomyces</i> ) <i>destructans</i> (ATCC MYA-4855)		KC171349	Flügelhaut ( <i>Myotis lucifugus</i> ), New York, USA	unveröffentlicht
<i>Pseudogymnoascus pannorum</i> var. <i>asperulatus</i> (UAMH 183)		KJ755500	Erde, USA	unveröffentlicht
<i>Pseudogymnoascus pannorum</i> var. <i>pannorum</i> (CLM 323.96)		AF307760	--	Lacourt et al. (2001)
<i>Rhinocladiella atrovirens</i> (MUCL 9905)		AF050289	--	Untereiner und Naveau (1999)
<i>Sarocladium strictum</i> (CBS 346.70)		NR111145	mit <i>Puccinia</i> sp. infizierte <i>Triticum aestivum</i> Blätter	Rakeman et al. (2005)
<i>Scedosporium apiospermum</i> (CBS 117407)		HQ185335	Keratitis ( <i>Homo sapiens</i> ), Brasilien	Lackner et al. (2012)



Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Scedosporium boydii</i> (CBS 101.22)	AY213623	NR111144	Mycetom ( <i>Homo sapiens</i> ), Texas, USA	Rakeman et al. (2005)
<i>Scedosporium minutisporum</i> (CBS 116911)	EF151327		Fluss-Sediment, Spanien	Zeng et al. (2007)
<i>Scolecobasidium anellii</i> (CBS 284.64)		FR832477	Stalaktit, Bari „Grotto di Castellani“, Italien	Martin-Sanchez et al. (2012)
<i>Scolecobasidium anomalum</i> (CBS 131816)		HE575201	Höhlensediment, Montignac „Lascaux Höhle“, Frankreich	Martin-Sanchez et al. (2012)
<i>Scolecobasidium calidifluminale</i> (CBS 125818)		AB385698	Heißes Quellwasser, Präfektur Kanagawa, Japan	Yarita et al. (2010)
<i>Scolecobasidium constrictum</i> (CBS 102086)		HQ667538	Schildkröten-Aquarium, Österreich	Samerpitak et al. (2014)
<i>Scolecobasidium constrictum</i> (CBS 202.27)		AB161063	Erde, Louisiana, USA	Ohuri et al. (2006)
<i>Scolecobasidium constrictum</i> (CBS 211.53)		HQ667519	Erde, Ontario, Kanada	Samerpitak et al. (2014)
<i>Scolecobasidium dendroides</i> (HSAUP074025)		FJ914704	--	unveröffentlicht
<i>Scolecobasidium gamsii</i> (IMF52653/CBS 239.78)		AB161064	Blatt ( <i>Caryota plumosa</i> ); Botanischer Garten Peradeniya, Sri Lanka	Ohuri et al. (2006)
<i>Scolecobasidium humicola</i> (CBS 780.83)		HQ667539	Blattstreu ( <i>Podocarpus</i> sp.), Shinjuku Gyoen Park, Tokio, Japan	Samerpitak et al. (2014)
<i>Scolecobasidium lascauxense</i> (CBS 131815)		FR832474	Höhlensediment, Montignac „Lascaux Höhle“, Frankreich	Martin-Sanchez et al. (2012)
<i>Scolecobasidium longiphorum</i> (CBS 435.76)		KF156038	Erde unter Asphaltplaster, Alberta, USA	Samerpitak et al. (2014)
<i>Scolecobasidium musae</i> (HLHKBJ22)		JQ364738	Bananenschale, <i>Musa basjoo</i> , Provinz Hainan, China	Hao et al. (2013)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Scolecobasidium</i> sp. (HLS212)		FJ770070	<i>Gelliodes carnosus</i> , Süd-Chinesisches Meer	unveröffentlicht
<i>Scolecobasidium terreum</i> (CBS 203.27)		HQ667544	Erde, Louisiana, USA	Samerpitak et al. (2014)
<i>Scolecobasidium terreum</i> (CBS 536.69)		FR832480	Waldboden, Kanada	Martin-Sanchez et al. (2012)
<i>Scolecobasidium tshawytschae</i> (CBS 100438)		HQ667562	Lebermykose ( <i>Oncorhynchus tshawytscha</i> ), Kalifornien, USA	Samerpitak et al. (2014)
<i>Scolecobasidium verruculosum</i> (CBS 119775)		KF156014	Wurzel ( <i>Hevea</i> sp.), Malaysia	Samerpitak et al. (2014)
<i>Scolocobasidium gallopavum</i> (CBS 437.64)		HQ667553	Gehirnabszess ( <i>Meleagris gallopavo</i> ), South Carolina, USA	Samerpitak et al. (2014)
<i>Scopulariopsis brevicaulis</i> (IFM 54315)	AB363754		Erde, Japan	unveröffentlicht
<i>Scopulariopsis brevicaulis</i> (WM 04.498)		AJ853776	klinisches Material ( <i>Homo sapiens</i> ), Australien	unveröffentlicht
<i>Scopulariopsis brevicaulis</i> (UAMH 7771)		AY625065	--, USA	unveröffentlicht
<i>Scopulariopsis brumptii</i> (MUCL 9003)	HG380450		Luft, England	Sandoval-Denis et al. (2013)
<i>Scopulariopsis brumptii</i> (UTHSC 11-708)	HG380457		Klinisches Material ( <i>Homo sapiens</i> ), Spanien	Sandoval-Denis et al. (2013)
<i>Scopulariopsis brumptii</i> (FMR 12241)		KP132748	Sputum ( <i>Homo sapiens</i> ), USA	Irinyi et al. (2015)
<i>Scopulariopsis brumptii</i> (FMR 12210)		KP132744	Sputum ( <i>Homo sapiens</i> ), USA	Irinyi et al. (2015)
<i>Scopulariopsis candida</i> (Syn: <i>Microascus manginii</i> ) (DAOM 225614)		JN942891	--	Schoch et al. (2012)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Scopulariopsis candida</i> (Syn: <i>Microascus manginii</i> ) (CBS 506.66)	JQ434682		Hühnermist, Kanada	Ropars et al. (2012)
<i>Scopulariopsis carbonaria</i> (MUCL 9027)	HG380462		Erde, Panama	Sandoval-Denis et al. (2013)
<i>Scopulariopsis chartarum</i> (MUCL 9001)	HG380463		Tapete, England	Sandoval-Denis et al. (2013)
<i>Scopulariopsis chartarum</i> (FMR 3997)		AM774160	Flusssediment, Spanien	Silvera-Simón et al. (2008)
<i>Scopulariopsis chartarum</i> (ATCC 16279)		AY625066	Erde, Deutschland	unveröffentlicht
<i>Scopulariopsis croci</i> (CBS 158.44)	AF400878		<i>Crocus</i> sp. „Queen of the Blues“, Niederlande	Issakainen et al. (2003)
<i>Scopulariopsis flava</i> (CBS 207.61)	JQ434645		Käse, England	Ropars et al. (2012)
<i>Scopulariopsis fusca</i> (CBS 289.38)	JQ434677		<i>Homo sapiens</i> , Italien	Ropars et al. (2012)
<i>Scopulariopsis fusca</i> (CBS 401.34)	JQ434675		Hasenkadaver, Österreich	Ropars et al. (2012)
<i>Scopulariopsis gracilis</i> (UTHSC 11-1532)	HG380480		--, USA	Sandoval-Denis et al. (2013)
<i>Scopulariopsis gracilis</i> (CBS 369.70)	HG380467		verdorbene Lebensmittel, Japan	Sandoval-Denis et al. (2013)
<i>Scopulariopsis gracilis</i> (FMR 12224)		KP132760	Sputum ( <i>Homo sapiens</i> ), USA	Irinyi et al. (2015)
<i>Scopulariopsis hibernica</i> (HSAUP 063244)		FJ946484	--, China	unveröffentlicht
<i>Scopulariopsis hibernica</i> (--)		KJ704846	Erde (Schalottenbeet), China	unveröffentlicht
<i>Scopulariopsis koningii</i> (CBS 208.61)	AF400882		Elefant, Frankreich	Issakainen et al. (2003)
<i>Scopulariopsis murina</i> (HDN13-409) (ursprünglich als <i>Coniochaeta hoffmannii</i> zu GenBank übermittelt)		KF986441	--	unveröffentlicht

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Scytalidium cuboideum</i> (UTHSC 10-2389)		HE965762	--	Giraldo et al. (2014b)
<i>Spilocaea pomi</i> (Syn: <i>Venturia inaequalis</i> ) (CBS 180.47)		EU282481	--	Sánchez-Torres et al. (2009)
<i>Sympodiella acicula</i> (CCF3736)		EU449953	<i>Pinus sylvestris</i> (Nadelstreu), Tschechei	unveröffentlicht
<i>Sympoventuria capensis</i> (CBS 120136)	DQ885906		Blattstreu ( <i>Eucalyptus</i> sp.), Südafrika	Crous et al. (2007c)
<i>Thermomyces lanuginosus</i> (CBS 632.91)		NR121309	verrottende <i>Parthenium</i> <i>argentatum</i> Sträucher, Kalifornien, USA	Hambleton et al. (2005)
<i>Tothia fuscella</i> (WU 31398)		JF927786	<i>Teucrium chamaedrys</i> , Österreich	Wu et al. (2012)
<i>Trichomerium</i> <i>deniquatum</i> (MFLUCC10-0884)		JX313654	--, Thailand	Chomnunti et al. (2011)
<i>Trichomerium foliicola</i> (MFLUCC10-0078)		JX313655	--	Chomnunti et al. (2011)
<i>Trichomerium gleosporum</i> (MFLUCC10-0087)		JX313656	--	Chomnunti et al. (2011)
<i>Trichophyton</i> <i>concentricum</i> (IHEM 13435)		KP132801	Haut ( <i>Homo sapiens</i> ), Fidschi Inseln	Iryni et al. (2015)
<i>Trichophyton</i> <i>concentricum</i> (IHEM 22406)		EU083908	<i>Homo sapiens</i> , Salomon Inseln	Pihet et al. (2008)
<i>Trichophyton erinacei</i> (CBS 511.73)		KC784358	<i>Erinaceus europaeus</i> , Neuseeland	Sun et al. (2014)
<i>Trichophyton</i> sp. von <i>Arthroderma benhamiae</i> (CBS 344.79)		Z97996	Haut ( <i>Homo sapiens</i> ), Niederlande	Gräser et al. (1999a)
<i>Trichophyton</i> sp. von <i>Arthroderma benhamiae</i> (CBS 677.86)		Z97997	Nagel ( <i>Homo sapiens</i> ), Deutschland	Gräser et al. (1999a)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Trichophyton interdigitale</i> (Neotyp) (CBS 428.63)		JX122216	Tinea pedis ( <i>Homo sapiens</i> ), Niederlande	Respinis et al. (2013)
<i>Trichophyton interdigitale</i> (CBS 558.66)		Z98001	Tinea pedis ( <i>Homo sapiens</i> ), Niederlande	Gräser et al. (1999a)
<i>Trichophyton interdigitale</i> (--) TypI		AF506033	--, Schweiz	unveröffentlicht
<i>Trichophyton interdigitale</i> (--) TypII		AF506036	--, Schweiz	unveröffentlicht
<i>Trichophyton interdigitale</i> (SJEZ5146) TypIII*		FM986758	--, Deutschland	Heidemann et al. (2010)
<i>Trichophyton interdigitale</i> TypIII		AF506034	--, Deutschland	Ninet et al. (2003)
<i>Trichophyton interdigitale</i> (IFM 51386) TypIV		AB246678	Höhlenerde, Südafrika	unveröffentlicht
<i>Trichophyton kraidenii</i> (UAMH 8546)		AF170461	<i>Homo sapiens</i> , Kanada	Summerbell et al. (1999)
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (CD392)		HQ223449	Hase, Italien	Cafarchia et al. (2012)
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (IHEM19024)		JQ407192	--	Beguin et al. (2012)
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> (Neotyp) (CBS 318.56)		Z97995	tiefe Trichophytose ( <i>Homo sapiens</i> ), Niederlande	Gräser et al. (1999a)
<i>Trichophyton mentagrophytes</i> ( <i>Trichophyton sarkisovii</i> ) (CBS 101546)		JX122271	<i>Camelus bactrianus</i> , --	Respinis et al. (2013)
<i>Trichophyton quinckeanum</i> (IHEM13576)		JQ407214	Favus (Nagetier), Australien	Beguin et al. (2012)
<i>Trichophyton quinckeanum</i> (IMI 140690)		AB094657	--, Japan	Mochizuki et al. (2003)
<i>Trichophyton rubrum</i> (CBS 202.88)		AJ270804	Tinea pedis, Ontario, Kanada	Gräser et al. (2000)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Trichophyton schoenleinii</i> (CBS 433.63)		Z98010	Haar ( <i>Homo sapiens</i> ), Niederlande	Gräser et al. (1999a)
<i>Trichophyton terrestre</i> (UAMH 657)		KM091305	--	Lorch et al. (2015)
<i>Trichophyton verrucosum</i> (IFM 56813)		AB443930	Haut ( <i>Homo sapiens</i> ), Japan	unveröffentlicht
<i>Trichophyton verrucosum</i> (ME351)		LN614525	Haut, Unterarm ( <i>Homo sapiens</i> ), Tschechische Republik	unveröffentlicht
<i>Trichophyton violaceum</i> (UOA/HCPF13250)		JQ322678	Tinea capitis ( <i>Homo sapiens</i> ), Griechenland	unveröffentlicht
<i>Trichosporon aquatile</i> (CBS 5973)	AF075520		Wasser, USA	Fell et al. (1999)
<i>Trichosporon aquatile</i> (CBS 5973)		AF410475	Wasser, USA	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon asahii</i> (CBS 2479)	EU559350	FJ943429	<i>Homo sapiens</i> , Japan	unveröffentlicht
<i>Trichosporon asteroides</i> (CBS 2481)	AF075513		Haut ( <i>Homo sapiens</i> ), Schweiz	Fell et al. (1999)
<i>Trichosporon asteroides</i> (CBS 2481)		NR073241	Haut ( <i>Homo sapiens</i> ), Schweiz	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon brassicae</i> (CBS 6382)	JN939476		Kohl, Japan	Schoch et al. (2012)
<i>Trichosporon brassicae</i> (CBS 6382)		NR073251	Kohl, Japan	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon caseorum</i> (HB819 / CBS 9052)	AJ319757	AJ319758	Weichkäse, Österreich	Lopandic et al. (2004)
<i>Trichosporon coremiiforme</i> (CBS 2482)	AF139983		Hautläsion nach Bienenstich, Costa Rica	Middelhoven et al. (2000)
<i>Trichosporon coremiiforme</i> (CBS 2482)		NR073249	Hautläsion nach Bienenstich, Costa Rica	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon cutaneum</i> (CBS 2466)	AF075483		--	Fell et al. (1999)
<i>Trichosporon cutaneum</i> (CBS 2466)		NR073216	--	Scorzetti et al. (2002)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Trichosporon dehoogii</i> (CBS 8686)	AF444718	NR077100	--	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon dermatis</i> (CBS 2043)	AB044569		Hautläsion ( <i>Homo sapiens</i> ), Deutschland	Sugita et al. (2001)
<i>Trichosporon dermatis</i> (CBS 2043)		AB035581	Hautläsion ( <i>Homo sapiens</i> ), Deutschland	Sugita et al. (2000b)
<i>Trichosporon domesticum</i> (CBS 8280)	JN939449		Holz, Japan	Schoch et al. (2012)
<i>Trichosporon domesticum</i> (CBS 8280)		NR073239	Holz, Japan	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon dulcitum</i> (CBS 8257)	JN939472	JN943741	Erde, Niederlande	Schoch et al. (2012)
<i>Trichosporon faecale</i> (CBS 4828)	AF105395		Kot ( <i>Homo sapiens</i> ), -	Middelhoven et al. (2000)
<i>Trichosporon faecale</i> (CBS 4828)		NR073242	Kot ( <i>Homo sapiens</i> ), -	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon gamsii</i> (CBS 8245)	AF444708	NR073247	Erde, Kolumbien	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon gracile</i> (CBS 8189)	JN939453		Saure Milch, Deutschland	Schoch et al. (2012)
<i>Trichosporon gracile</i> (CBS 8189)		NR073255	Saure Milch, Deutschland	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon guehoae</i> (CBS 8521)	AF105401		Erde, Niederlande	Middelhoven et al. (1999)
<i>Trichosporon guehoae</i> (CBS 8521)		AF410476	Erde, Niederlande	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon inkin</i> (CBS 5585)	AF105396		Tinea cruris ( <i>Homo sapiens</i> ), --	Middelhoven et al. (2000)
<i>Trichosporon inkin</i> (CBS 5585)		NR073243	Tinea cruris ( <i>Homo sapiens</i> ), --	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon insectorum</i> (ATCC MYA-4361)	FJ196728	NR111353	Darminhalt ( <i>Eurysternus</i> sp., Scarabaeidae), Insel Barro Colorado, Panama	Fuentefria et al. (2008)
<i>Trichosporon japonicum</i> (CBS 8641)	AF308657		Luft, Japan	Middelhoven et al. (2001)
<i>Trichosporon japonicum</i> (CBS 8641)		NR073263	Luft, Japan	Scorzetti et al. (2002)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Trichosporon japonicum</i> (PUMCHBY27)	EU882092	EU863543	--, China	Guo et al. (2011)
<i>Trichosporon jirovecii</i> (CBS 6864)	AF105398		Zehennagel ( <i>Homo sapiens</i> ), Tschechische Republik	Middelhoven et al. (2000)
<i>Trichosporon jirovecii</i> (CBS 6864)		NR073252	Zehennagel ( <i>Homo sapiens</i> ), Tschechische Republik	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon lactis</i> (HB865 / CBS 9051)	AJ319756	AJ319759	Frichkäse, Österreich	Lopandic et al. (2004)
<i>Trichosporon laibachii</i> (CBS 5790)	EU559352		Erde, --	unveröffentlicht
<i>Trichosporon laibachii</i> (CBS 5790)		NR073244	Erde, --	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon montevidense</i> (CBS 6721)	JN939467		Wasser (Wasserreinigungstank), Uruguay	Schoch et al. (2012)
<i>Trichosporon montevidense</i> (CBS 6721)		NR073245	Wasser (Wasserreinigungstank), Uruguay	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon mucoides</i> (CBS 7625)	AF075515		Meningitis ( <i>Homo sapiens</i> ), Belgien	Fell et al. (1999)
<i>Trichosporon mucoides</i> (CBS 7625)		NR073246	Meningitis ( <i>Homo sapiens</i> ), Belgien	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon multisporum</i> (CBS 2495)	JN939464		Rattenkot ( <i>Rattus rattus</i> ), Frankreich	Schoch et al. (2012)
<i>Trichosporon multisporum</i> (CBS 2495)		JN943729	Rattenkot ( <i>Rattus rattus</i> ), Frankreich	unveröffentlicht
<i>Trichosporon oleaginosus</i> (ATCC 20509)	HM802135	HM802135	Molkerei, USA	Gujjari et al. (2011)
<i>Trichosporon ovoides</i> (CBS 7556)	AB189942		„White piedra“ ( <i>Homo sapiens</i> ), --	unveröffentlicht
<i>Trichosporon ovoides</i> (CBS 7556)		NR073254	„White piedra“ ( <i>Homo sapiens</i> ), --	Scorzetti et al. (2002)
<i>Trichosporon scarabaeorum</i> (CBS 5601)	JN939492	NR077066	Darminhalt Käferlarve ( <i>Coleoptera scarabaeidae</i> ), Südafrika	Schoch et al. (2012)



Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Trichosporon sporotrichoides</i> (CBS 8246)	JN939469		Erde, Surinam	Schoch et al. (2012)
<i>Trichosporon sporotrichoides</i> (CBS 8246)		AF444470	Erde, Surinam	Scorzetti et al. (2002)
<i>Uncinocarpus queenslandicus</i> (IFM 47370)		AB361646	Hühnerfedern, Australien	unveröffentlicht
<i>Venturia cerasi</i> (CBS 444.54)		EU035452	<i>Prunus cerasus</i> , Deutschland	Crous et al. (2007d)
<i>Venturia chlorospora</i> (CBS 466.61)		EU035453	<i>Salix caesia</i> , Schweiz	Crous et al. (2007d)
<i>Venturia chlorospora</i> (CBS 470.61)	EU035454		<i>Salix daphnoides</i> , Frankreich	Crous et al. (2007d)
<i>Venturia chlorospora</i> (CBS 471.61)		KF793773	<i>Salix alba</i> , Liechtenstein	unveröffentlicht
<i>Venturia inaequalis</i> (CBS 535.76)	EU035460		<i>Sorbus aria</i> , Schweiz	Crous et al. (2007d)
<i>Venturia inaequalis</i> (ENFVN19/97EU)		DQ887774	<i>Malus x domestica</i> . (Apfelplantage), Portugal	Mota und Oliveira (2005)
<i>Venturia inaequalis</i> (HIR-2)		HQ434423	--, Japan	Zhao et al. (2012)
<i>Venturia lonicerae</i> (CBS 445.54)		EU035461	<i>Lonicera caerulea</i> , Schweiz	Crous et al. (2007d)
<i>Venturia nashicola</i> (VPP012)		AB499858	Birne, Taiwan	unveröffentlicht
<i>Venturia pirina</i> (38998)		HQ434429	--, Japan	Zhao et al. (2012)
<i>Venturia pirina</i> (ATCC 38995)	EF114714		<i>Pyrus communis</i> var. <i>amanlis</i> , --	Winton et al. (2007)
<i>Venturia populina</i> (CBS 256.38)	EU035467		<i>Populus canadensis</i> , Italien	Crous et al. (2007d)
<i>Venturia saliciperda</i> (CBS 480.61)	EU035471		<i>Salix cordata</i> , Schweiz	Crous et al. (2007d)

Art (Stamm)	GenBank Nummer		Substrat (Region)	Literatur
	LSU nrDNA	ITS nrDNA		
<i>Venturia saliciperda</i> (CBS 481.61)		KF793785	<i>Salix elegantissima</i> , Schweiz	unveröffentlicht
<i>Venturia tremulae</i> (CBS 112625)	EU035438		<i>Populus tremula</i> , Frankreich	Crous et al. (2007d)
<i>Venturia tremulae</i> var. <i>grandidentatae</i> (CBS 695.85)	EU035473		<i>Populus tremuloides</i> , Kanada	Crous et al. (2007d)
<i>Venturia tremulae</i> var. <i>populi-albae</i> (CBS 694.85)	EU035474		<i>Populus alba</i> , Frankreich	Crous et al. (2007d)
<i>Venturia tremulae</i> var. <i>tremulae</i> (CBS 693.85)		KF793786	<i>Populus tremula</i> , Frankreich	unveröffentlicht
<i>Veronaepsis simplex</i> (CBS 588.66)		KF156041	Blattstreu ( <i>Acacia karroo</i> ), Südafrika	Braun et al. (2003)
<i>Veronaepsis simplex</i> (CBS 588.66)	EU041877		Blattstreu ( <i>Acacia karroo</i> ), Südafrika	Crous et al. (2007d)
<i>Wardomyces humicola</i> (CBS 369.62)		AM774157	Erde in einem tropischen Gewächshaus, Ontario, Kanada	Silvera-Simón et al. (2008)
<i>Wardomyces inflatus</i> (CBS 216.61)		AM774155	Erde, Quebec, Kanada	Silvera-Simón et al. (2008)
<i>Wardomycopsis humicola</i> (FMR 3993)		AM774159	Flusssediment, Spanien	Silvera-Simón et al. (2008)
<i>Yunnania penicillata</i> (CBS 130296)		JN831359	schimmeliges Schweinefleisch, Yunnan, China	unveröffentlicht
<i>Zeloasperisporium hyphopodioides</i> (CBS 218.95)	EU035442		Luft, Kuba	Crous et al. (2007d)

**Tabelle 281: Übersicht der im Rahmen dieser Arbeit sequenzierten nrDNA Abschnitte.**

Isolat JW034p1
JW034p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
aagtcgtaacaaggtctccgttggtgaaccagcggaggatcattaccgaagtactctcataccctttgtgaactactcccattgccgcgctgtgcct cggcggggaggtccgggggtgctcggcgtccccgggccccgccggccgccgaactctcatttgcaaaaggactgtatgttctgat tatacttgaaaaacaagtcaaaacttcaacaacggatctcttggtctgcatc gatgaagaacgcagc gaaatgcgataagtaagtgaattgcagaatt cagtgaatcatcgaactttgaacgcacattgcgccggcagcaatctgcgggcatgcctgtccgagcgtcattctgcctcgagcgggttcggccc ctagcgggcccgtccgcccccgtgtggggcgtgcggccctgtgcccgcaggccctgaaatgaagtggcgggtcccgccggcggcccccctg cgtagtagtaaaacacctcgcacccgggtcccggcggaggccagccgtcgaacctttctctgatggtttgacctcgatcaggtagggtaccctg aacttaagcatatcaaggcgggggaggaaacttctggcgcgggtgtagagcaaggacggggggaggcaggctcgggcagatttacgccatca tcagtcacccagctcgaattagccatgaagagatagaagcggacgaagggggaaggagagcggcggagagcggcgcagtgctctggcagg

cacgcgcggcgatgtgattcatgcataagaggataagcgagatgacgtccagtaatgaccgttccgtagattcaggaacgggga
<b>JW034p1</b> LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
gcggaagaaaagaaccaacagggattgccccagtaacggcgagtgaaagcggaacagctcaaattgaaatctggcccccgggggccgagttgtaattgaaaggatgctctgcaaggtgccgtccgagttccctggaaacgggacgccgcagagggtgagagccccgtacggctggacgccgagcctctgtgaagctcctcagcagctgagtagttgggaatgctgctcaaaatgggaggtaaacccctttaaagtaaataccggccagagaccgatagcgcacaagtagagtgatcgaagatgaaaagcactttgaaaagagagttaaaaagcacgtgaaattgtgaaaagggaagcgcttgcgaccagactcgcgccgtccgagcagccgtcgtcgtcggcggcactccggcgggctggccagcatcagttcgcctcggggggagaaaggcgccgggaatgtggcctacggagtgattatagccccggcgtaataccccggcgagactgaggaccgcgctatgcaaggatgctggcgtaatggcgtcagcagccgct
<b>Isolat JW034p2</b>
JW034p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ttgatgcttaagttcagcgggtagtctacctgatttcagccagagtcгаагтаатгтсcttgcggacgattagaagcacgcttcaacacaatggaccagtgaaactattacaccagacattaatgtcaaaactgtctaactctttaaaggcgagcgcagatcgcagagccccaaatccaatccattaggaaacctagtgttgagatttcagactgaaacaggtatgctcctccggaatacagagagcgcaagctgcgtcaaagattcagattcactgaattctgcaattcactactatcgaattcgtcgtctctcagcagagcaagagatccgtgtgaaattttattttgtataataaaacgacgttcattacacattgtttgtaaaatactcacttgcgcaagtagtagaagctacaggtgtaagtgatataagccaattaaaggcaatcactaatgatcctccgcaagttcacctacggaaacctgttacgactttactctct
<b>JW034p2</b> LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
ggagaaaaaagaaactaacaaggattcccctagtaacggcgagtgaaagcggaagagctcaaattgaaatctggcagctcttcgattgtccgagttgtaattctatagaggcgttccgtccggaccgtccaagctcctggaaggagatcaaaaggaggggtataatcccgtacttaacacgaccaccgggtcctgtgatacgtctctacgagtcgagttgttgggaatgcagctcaaaatgggtggtgaaatccatcaaaagctaaatattggcgagagaccgatagcgaaacagtaaccgtgagggaagatgaaaagcactttggaagagaggttaaacagctgaaattgtgaaaagggaacgattgaaagcagctgttcttggattcagccagttctgctgacttcttgaacgggtcaacatcagtttgcgctgataaaggtagtagaatgtgacttccggaagtgtatagcctattatcacatacactgggtgagactgaggactgcagctcgccttatggccggctcggacagctcagctagatgtga
<b>Isolat JW034p4</b>
JW034p4 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
aagcggaggaaaaagaaccaacagggattgcctagtaacggcgagtgaaagcgcaacagctcaaattgaaatctggcgcaagcccaggtgtaattgttagaggatgcttctggcagcggccgggtctaatgctctggaacagagctcatagagggtgagaatcccgtatgcgaccggctgcaccgctcagtagctcctcagcagtcgagttgttgggaatgcagctcaaatggggagggtaaattcttctaaggctaaataccggccagagaccgatagcgcaaaagtagagtgatgaaagatgaaaagcactttgaaaagagagttaaaaagcacgtgaaattgtgaaaagggaagctcacgcaaccagactgtcggcgggtgtccggcggctcttgcagccgtatctgcccggcagccagcactcacttgggagcggcgataaaggcgtcggaatgtagccctcggggcattatagccgcgcaacatagccgctcccgagtgaggctccgcctcggctagatgctggcgtactggttgcctgaggcccgtctga
<b>Isolat JW035p1</b>
JW035p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ggaagtaaaagtcgtaacaaggtctccgttggtgaccagcggagggatcattaccgaagtaccctcaaacaggctgtgaccatacctactgccgctgtctcggcggggaggtcggacgtcgggggtgggctcgcgcccgccgcccagggccgccccggcgccgcaaacctaaatctgcaaaagcgtactgcatgctctgatttaaaacaaaaaagtaaaacttcaacaacggatctcttggcttctggcatcgtgaaagcagcgaaatgcgataagtaattgtaattgcagaattcagtgaaatcagtaacgcaattgcgccggcagcaatctgccggcgatgcctgtccgagcgtatttccctcagcagcgggtccagctccggggctggggccgcggccgggtgtgggctcctgcgctggccgcwgtccccgaaatgaaaggcggtcccggcggcggccccctgcgtagtagctacacctgcacccgggtccc
<b>35p1</b> LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
catatcaataagcggaggaaaagaaccaacagggattgccccagtaacggcgagtgaaagcggaacagctcaaattgaaatctggccccctctggggcccaggttgaattgaaaggatgcttctgcaaggtgccgtccgagttccctggaacgggagccatagagggtgagagccccgtacgtcggacgccgagcctctgtaagctcctcagcagtcgagtagttgggaatgctgctcaaatgggaggtaaacccttcaaaagctaaataccggccagagaccgatagcgcaaaagtagagtgatcgaagatgaaaagcactttgaaaagagagttaaaaagcacgtgaaattgtgaaaagggaagcgttgcgaccagacttgcgccgtcggatcagccgtcgtcggcgggtcactccggcgggctcaggccagcagctgttcgctggggggagaaagcggtgggaatgtgctctcgaggtatagcccggcgtaataacctggggggaccgagaccgcgctatgcaaggatgctggcgtaatggtcgtcagcaccgtctga
<b>Isolat JW035p2</b>
35p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tcttgctattagaggaaagtaaaagtcgtaacaaggttccgtagtgtaacctcggaaggatcattaacgcgagggcggaggtgccccccacgagtagggaccgagcttccatcagggtgagcagactgcccggcgtacgccccattctgtctacctaccgggttgcctcggcgggcccgcgtcccctgcccaggagagaccgtccggcggccccctctgggaagcctcagccggaccgcgccggagagacaccaagaaaaattctctgaagagctgtcagctgagcgttagcaagcacaatcagtaaaacttcaacaacggatcttgggtccgcatcgtgaaagcagcagaaatgcgataagtaattgtaattgcaattccgtgaaatcagtaacgttgaacgcaattgcgcccttggcattccgggggcatcctgttcgagcgtattcaaccctcaagcccggctgtgtgagaccgtccggccccctcctcggggcgggacgcgccgaaaagcagtgccagggccgacttccggtctcaggcgaatggcgcaaaactcagcgcctcaggaccggccctggccccaatcttatatatatatctttcaggtgacctggatcaggtaggatataccgctgaactaaagcatataaagcggga
<b>35p2</b> LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
gcatacaataagcggaggaaaagaaccaacagggattgccccagtaacggcgagtgaaagcggaagagctcaaattgaaatctggcctccccg

<p>ggggtccgagttgtaattfcagaggatgcttggggcgggccccgtctaaagtcttggaacaggacgtcagaggggtgagaatccgtctggggcggcggcccggcccgtgtaggctcttgacgagtcgagttgttgggaatgcagctctaaagggtgtaatttcacgtaaaatccggccggagaccgatagcgcaaaagtagtgatcgaagggtfaaaagcacctgaaaaagggttaaacacgcacgtgaaattgtgaaaggggaagcgttgcggcagactcggggggcggggtcaggggctcgtcgcctgctgactgcccgtcccccggccagcatcagcttgacggccggtcaaaagcccccgaatgtgtcgtccttagggacgtcttatagccgggggtgcaatggcccgtcggactgaggaaacgcgtccggctcggatgctggcgtattgctgtaagcggcccgtctgaa</p>
<p><b>Isolat JW036p1</b> 36p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p>
<p>tggtcatttagaggaagtaaaagtcgtaacaagggttccgtaggtgaacctgcggaaggatcattaccgagtgtagggctcagcggccaactcccaccgtgttactgtacttagttgcttcggcgggcccccattcatggcggcgggggtctcagccccgggccccggcccggagacaccacgaactctgtctgatctgtaggtctgagttgattgtatcgaatcaggttaaaacttcaacaatggatctctggttccggcatcgaagaacgcagcgaatgcgataactagtgaaatgcgaatccgtgaatcatcagctcttgaacgcacattgccccctggattcggggggcagcctgtccgagcgtcattgctgcccataagcagcggctgtgtgtgggtcgtcgtcccctcgggggggacgggccccaaaggcagcggcggcaccgcgtccgaccccgagcgtatgggcttgcaccccgtctgtaggccccggcggcgttgcgaacgcaaatcaatcttttccaggtgacctggatcaggtagggatccccgtgaactaaagcatatcaataagcgga</p>
<p>36p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</p>
<p>atatcattaaagcggagaaaaaacaaccgggattgcctcagtaacggcagtgaaagcggcaagagctcaaattgaaagctggctccttgggggtccgcattgtaattfcagaggatgcttgggtggcggccctgtctaagtgcctggaacgggctcagagagggtgagaagccgtctgggtgggagggggtgtccgccccgtgtgaaagctctgacgagtcgagttgttgggaatgcagctctaaatgggtgtaatttcacgtaaaagcgtgtaaaactgccccggagacgtagcgcacaagtagagtgatcgaagatgaaaagcacttfgaaaagaggtfaaaaagcagctgaaattgtgaaagggaagcgttgcgaccagactgcctccagggttcagccggcattgcccgggtgacttccctggggcgggcccagcgtcgtttggcgccggcgtcaaaagctcccgaatgtagccctccggggcacctatagccgggagtgcaatggccagcctggaccgaggaaacgcgttccggcacggcagctggcataatggtcgtaacgaccgtcgtg</p>
<p><b>Isolat JW036p2</b> 36p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</p>
<p>ggagaaaaaagaaaccaacagggtgccccagtaacggcagtgaaagcggcaacagctcaaattgaaatctggctcctggcggccgagttgtaattgtagaggatgctttgtgaggtgacctccgagttccctggaacgggacgccatagagggtgagagccccgctctggttggacaccgacccctctgtaaaagctcttcgacgagtcgagtagttgggaatgctctaaatgggaggtatagttcttaaaagcgttaaaatccggccagagaccgatagccacaagtagagtgatcgaagatgaaaagaacttfgaaaagagagttaaacagtagctgaaattgtgaaagggaagcgttgcgaccagggcttccccgggtgacttccggcccaaggccagcagcagctcggctggggacaaaggcttccgggaatgtgctcctccggggagtggtatagccggttgcgtaataacctgtggcggactgaggttcgcgcattcgaaggatgctggcgtaatggtcatcagtgaccctct</p>
<p><b>Isolat JW036p3</b> 36p3 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p>
<p>tattgatctctaaagtcagcgggtattcctactctgattcaggtcaaccactaaagatataggggtttacggcaagccggcggggtactacaaaagcagaatgggtactactgagagtagctccgactccgcccgatgactttggggaactaggccctggagacctagattcccacgctaagcaacaggggcttaaggggtgaaatgacgctcgaacaggatgcccactagaaactaatggcgcaatggtcgttcaagattcgatgattcactgaattcgcattcacattactatgcatttgcgtcgttctatcagcagcaaccaagagatcgtgtgaaagtttaacttattaagtgaagcattcagagatagctataataacagagtttagcagtcaccggcgccgtgtagcgcggccaggtgtaaacacagggcgaacggcggcccggagcaacggcggtaaagtacataggggttggagtttagataactcagtaaatgatccctccggtggtcaccaacggagacctgttacgactttactcctcta</p>
<p>36p3 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</p>
<p>gtcgttgacgaccattaccgacatccttgcagagcgcgttctccgtcccccgggggtattacgcccggggtataaacctcccgaaggagctacttccccaggcccttacccttaaggaaaccgatgctgacctcaaccaggcggagtgaccggcgagaagccggatgatccgctggaaaaagctgtgacgaaacgcttcccttaacaatttcaactgtctatftaacctctttcaaaagtcttcatcttctgatcactctacttctgctatcggctctggccggtatftagctttagaagaattaccctccatttagagcagcattccaaactactgactcgtcgaaggagctatacagaggttggcgtcaaccgtacggggtctcacctctccggcgtccggtccaggaactggaaggcgcctcaccaaaagcctcctcacaattacaacttcggaccgctaggccagatttcaattgagctgttgcgcttactcgc</p>
<p><b>Isolat JW037p1</b> 37p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p>
<p>gacagcggaggacattaccgaaagttactctcaaaaccttggtagacctaccctgcctcggcggagggcggctccggggcgggcccccggcggccccgccccggcggccccggcgccaaactcttacttgcacagcggactgtactgtctgatttggtaataaaaacagtaaaacttcaacaaggatcttgggtcggatcgtgaaagaacgcagcgaatgctgataagtaatgtaattgcagaattcagtgatcatcgaatcttgaacgcacaftgcggccgagtaactgcccggcatcctgtccgagcgtcatttctccccctgacccccggcctcgtccgcccgtcgggtgtggggcgtacggggaacctcgcgtcggccccgtagggccccgaaatgaaagtgccgggtcccggcgccccctgcgtagtagcttacaactcgcacgtccggcgaggccagccgtaaaaccccccaattatgattgactcggatcagtaggggtactcgtgaaactaaagcagatacaataagcgagggaa</p>
<p>37p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</p>
<p>aagcggagaaaaaagaaccaacagggtgcccmtagtwcggcgagtgaaagcggcaacagctcaaattgaaatctggtccccggggggcccaggtgtaattgaaagaggtactttggcggagcgcctccgagtgccctggaacgggacgccacagagggtgagagccccgtatggtggagccgagcctctgtaaaagctcttcgacgagtcgagtagttgggaatgctgctcaaatgggaggttaaaccttcaaaagcgttaaaactggccagagaccgatagcgcacaagtagagtgatcgaagatgaaaagcacttfgaaaagagagttaaacagcagctgaaattgtgaaagggaagcgttgcgaccagacttgcgccgtcggatcaaccgtcgtcgtcggcgccactccggcgggctcagsscagcatcggttccctgggggggagaagggcgggggaatggtgct</p>

ctgaggagtgtatagcccgccgtaataccctggcgaccgaggaccgcggtatgcaaggatgctggcgtaatgctcgtcagcagccgcttga
<b>Isolat JW037p3</b>
37p3 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gagcctcgttggtgaccagcggaggacattaccgaagtactcttcaaaaccttggtagccctaccctgcccgtgctcggcgggaggcggctccggggcgccccgcggccgccccggcgccccgccggcgcccaactctactttgcacagcggactgtactgtatttggtaataaaacaaagtcaaaactttcaacaacggatctcttggctctggcatcgtgaagaacgagcgaatgcaagtaagtgaattgcagaattcagtgatcgcgaatctttgaacgcacattgccccggcagtaactgcccggcatgctgcccagcgtatctcccctgacccccggctctgccggcgctcgggtgtggggcgtacggggagcctgcgctcgcacccctagggccccgaaatgaagtggcggtcccggcgccccctgctagtagctcttacaactcgcatcgggtcccggcgaggccagcgtcaaaccccccaattatgatgttgacctcggatcagttagggtaccgctgaactaagcatatcaataagcgaggaa
37p3 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
tcaagacgggtgctgacgaccattaccagcctctgcatagcggcggctcctggcggccggggtattaccgcccgggggtataaactccggagagccacattcccggccttctccccaggcgaaccgatgctggcctgagcccggcgagtgcccggcagagcagcgggtgatccgagggcgcaagtctgctgcaagcgtcccttcaacaattcactgctgtttaaactcttcaaaagtctttcactcttgcactctactgtgcgtatcggctctctggcagatatttagcttgaagggttaccctccatcttggagcagcattccaaactactgactcgtcgaaggagctttacagagctcggcgccaaccatacgggctctcaccctctgtggcgtcccgtccaggcactc
<b>Isolat JW039p1</b>
39p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
agtaacggcagtgaaagcggcaacagctcaaatgtgaaactgctccctctggggcccagggtgtaattgaaagagatgcttctgcaagggtccgctccgagttccctggaaacgggagccatagagggtgagagccccgtacggcggacggcggcctctgtaagctcctcagcagctgagtgagttgggaaatgctcaaaatgggagtaaaccttcaaaagctaaataccggcagagaccgatagcacaagtagagtgatcgaagatgaaaagcactttgaaaagagtgtaaaaagcacgtgaaatgtgaaagggaagcgttgcgaccagactgcccgtcggatcagccgtcgtcgcggcggtgactccggcggtcagggcagcagctcgtcctggggggagaagggcggtgggaatgtggctctcggaggttatagcccggcgtaataccctcggcgggaccgaggaccgcggtatgcaaggatgctggcgtaatgctcagcagaccgctt
<b>Isolat JW039p2</b>
39p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
agaggaaagtaaaagcgtaaacaaggttccgtaggtgaaactgcccgaaggatcattaacgcgagccggaggctggccccacgataggaccgacgttccatcaggggtgacgagcgtgcccggcgtacgccccacttctgtctacctaccgggtgctcggcggcgctccccctgccagggagagccgtccggggccccctctgggagcctcagccggaccgcccggcggaggacagacaccaaaaaatctctgaagagctgacgtctgagcgtttagcaagcacaatcagttaaaacttcaacaacggatctctgttccggcagcgtatgaaagcagcgaatgcgataagtaagtgaattgcagaattccgtgacatcgaatcttgaacgcacattgcccctctggcattccggggggcagctgttgcagcgtattcaaccctcaagccggcttctgtatggagaccgctccggccccctcctggggggcggagcgcgccgaaagcagtgccagggccgcttccagcgaatggcagccaattcagcgcctcagggaccgcccgcctgcccccaactttatatatatatatctttcaggtgacctcggatcaggtaggataccgctgaactaagcatatc
39p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
ccccgataagcggagaaaagaacacagggattgccccagtaacggcagtgaaagcggcaagagctcaaatgtgaaatctggcctccccgggggtccgagttgtaattgcaagagatgcttggcgccggccccgtctaatgcttggaaacaggacgtcagagagggtgagaatccgcttggggcggcggccccgcccgtgtaagctcctcagcagctgagttgttgggaatgcagcttaagcgggtgtaaatctcaaaagctaaataccggccggagaccgatacgcaagtagagtgatcgaaggttaaaagcacttgaagggaggttaaacagcagcgtgaaatgttgaaggggaagcgttgcgccagactcggggggcgggtcagcggcgctcgtcggccgtgactgcccgtccccggccagcatcagcttgcagcggcgggtcaaaaggcccgggaatgtgctctagggagctttagaccgggggtgcaatgcccggcctcggagactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggcgtaagcggcccgt
<b>Isolat JW039p4</b>
39p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tctccttattgatgcttaagttcagcgggtctctactgatccgaggtcaacctgggttaaaagtggttfaacggccggaaccgcggcgcgaccagagcagatgtatgctactacgctcgggtgcgacagcggagccgcccactgctttcaggcctcggcagccgcaggtccccacacaagcccggggctgatggtgaaatgacgctcgaacagcagcctcccagaaatgctggcggcgcaatgtcgttcaagattcagtgattcactgaattctgcaatcacattactatcgaattcgtcgtcttctcatcagcagcaagcagatccgttggaaagtgtgacttattcagtagaagactcagagagccataaaatcaagaagttggtgacctccggcggcgccccgggtggggccagggggcggccgggggtaaacccccggggccgcccggcgaagcaccggtatagtaacgttcacatggttagggagtttgcactctgtaatgatccctcggctggttcaccaacggagacctgttaccacttctctcaaatgaccaaga
39p4 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
atacaataagcggagaaaagaacacagggattgcccagtaacggcagtgaaagcggcaacagctcaaatgtgaaatctggcctcggccgggtgtaattgcaaggaagctttagcggcggcacctctgagctcccggaaagggcgccatagagggtgagagccccgtatagttggatgctagcctgtgtaagctcctcagcagctgagtagttgggaatgctgctcaaaatggaggtaaatcttctaaagctaaataccggccagagaccgatagcgaagaatgagtgatgaaagcacttgaagaggggttaaatgacagtgaaatgttgaaggggaagcgttggaccagactgcccggcgggatcaccggtgactccgcccggctcaggccagcagcgttctcgggggataaaggtcctgggaacgtagctcctccgggaggttatagcccggcgtaatgcccctcgggggaccgaggtcgcgactcgaaggtgctggcgtaatggtcatcagcagccgcttga

<b>Isolat JW039p5</b> 39p5 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
acggctggccttcgccgggaccgatcgaggtgtagactactacgcagggggcgcgcggcgggaccgccacttcatttccgggactgcggccag gcccgaggacccaacaccggggcgcggcccagccccggaggactgggaaccgctgctcgaggggagaaatgacgctcggacagggcatgcc ggcagattgctgccggcgaatgtgcttcaagattcgatgattcactgaattctgaattcacattactatcgatffctgctgcttcttcacatgatgcca gaaccaagagatccgtgtgaaagtcttactgtttttgtaataatcagagcatgcatgactttgcagatttagagtttggccgcccggggggccg ggcgtgcggggcgggcgcgagccccaccccgacgtccgacctccccgaggacaacgccccca
<b>Isolat JW041p2</b> 41p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gctggccccacgataggaccgacgttccatcaggggtgagcagctgcgccggcgtacgccccatttctctacctaccgggtgcctcg gcgggccgcgctccccctgccagggagagccgtccggcggggccccctctgggtgctcgcgaccggaccgcccggcggaggacagaccaag aaaaaattctctgaagagctgctagctgagcggttagcaagcacaatcagtaaaattcaacaacggatctcttgggtccggcatcgaagaacgca gcaaatgcgataagtaattgcaattgcagaatccgtaaatcgcgaatcttgaacgcacattggccctctggcaatccggggggcagcctgttcga gctgattcaaccctcaagcccggctgtgtgatggacgaccgtccggccccctctggggggggagcgcgccgaaaaagcagtgccagggcc cgattccgctccttaggcgaatggcgagcaatcagccctcagggaccggcgcctcggccccaatctttatatatatatatcttttcagttgac ctggatcaggtaggataaccgctgaaactaagcatatacaataagcggg
<b>41p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
taagcggaggaagaacaacagggattgccccagtaacggcagtgaaagcggcaagagctcaaatgaaatctggcctccccggggggtccg agttgtaattgagagagctgctcggcgcggccccgtcaagtcttggaacagcagctcagagagggtgagaaggagcgggagggcggcc cgccgccctgtgaaactcctcagcagctcagtgagttggtgggaatgcagctcgaagcgggtggtaaattcctaaagcctaaatccggcggagaccg atagcgcacaagttagctgcaaggttaaaagcacctgtaaaagggagtgtaaaacagcagctgaaattggtgaaagggaaagcgttcggccagac tcggggggcggggtcagcggcctcgtccggcctcggcctccccggcagcagctcgcagcggcgtgacggcggtcaagggccccggaatg tgtgtcttagggacgtctatagccgggggtgcaatcgggcccgctgagactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggccgtaagc ggccccgtct
<b>Isolat JW041p7</b> 41p7 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tatgatctgtaagtacggggtatccctaccgatccgaggtcaactgaaaagatatataataaagattggggccagggcggccggtcctgagg gcgctgaattggctgccattccctaggaagccggaatcgccgctggcactgctttcggcgcggtccgcccccgaaggaggggcccggacg gtcgtccatcacacaagcgggctgaggggtgaaatgacgctcgaacggcatgcccccggaaatgccagagggcgcaatgtgcgtcaagatc gatgattcaggaattctgcaattcactactatgcattcgtcgttctctatcgatccggaaccaagagatccgtgtgaaagttaactgattgtg ctgtcaaacgtcagactgacagctctcagagaattttctgtgtctctccggcgggcgggtccggctcgaagctccagaagggggcccgc cggacggctctccctggcagggggagcgcggccgccgaggaaccgggtgaggtagacaagaatgggggctacggccggcgacgtcgtc accctgatggaacgctggtccctatcgtggggggccagcctccggcctgcgcttaatgatcctccgagttcacctacgaaacctgttacgacttt acttctctaaatgaccaaga
<b>Isolat JW041p10</b> 41p10 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
cggaggaagaagaacaacagggattgctcagtaacggcagtgaaagcggcaacagctcaaatgaaatctggcctccccgggggtccgaattgta attgacagaggatgctccgggtcgggtctctccgagttccctggaacgggaccgatagagggtgagagcccgctggtcggaaaccagcccac gtgaggctcccctcagcagctcagtagtttgggaatgctgcttaaggaggatatactcctccaaggctaaataccggctagagaccgatagcgac aagtagagtgatcgaagatgaaaagcactttgaaaagagagtaaatagcacgtgaaattgctgaaagggaaagcgttattaccagacttgggtcggc ggtcaaccggcgccagcgcgggggactcgcggccccaggccagcagctcctcgtcggggcgaagggctcgggaatgtagctccccctc gggggaggttatagccggcgtgcataccctcggggggctgaggctccgctccgaagatgctggcgtaatggaatcagtgaccgcttga ggggagctccggcctgctgcttcaatgatccttccgaggttacctacggaacctgttacgactttactcctctaatga
<b>Isolat JW041p11</b> 41p11 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tgatccgaggtcaactgaaaaagatatataataaagattggggcagggcgccggctcagaggcgtgaaattggctgccattcgcctagga agccggaatcgcgctggcactgctttcggcgctccgcccccgaaggaggggccggacggtctccatcacacaagcgggcttgaggg gtgaaatgacgctcgaacggcatcccccggaatgccagaggcgcaatgtgctcaaaattc gatgattcacggaattctgcaattcactact tatcgattcgtcgttctcatcgatccggaaaccaagagatccgtgtgaaagttaactgattgtgcttcaaacgctcagactgacagctctcag agaattttctgtgtctcgtcggcggcggtccggctcgcagagccagggggcggcggacggctctccctggcaggggggagcgcg gcccggcagggcaaccgggtgagtagacaagaatgggggcgtacggccgcacgtctcaccctgatggaacgctcggtccctatcgtggg ggccagcctccggcctgctggttaatgatccttccgaggttacctacggaacctgttacgactttactcctctaatga
<b>41p11 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
ttccgagtgaagcgcaagagctcaaatgaaatctggcctccccgggggtccgagttgtaattgcaaggatgcttggcgcggccccgcttaa gttccctggaacagagctcagagagggtagaataccgctgtggcgggcgcccgcgcccgtggaagctctcagagctcagattgttggga atcgagctcaaacgggtgtgaaattcactaaagctaaataccggccggagaccgatagcgcacaagtagagtgatcgaagggttaaaagcacttga aaaggagtaaacagcagctgaaattgtgaaagggaagcgttcggcagactcggggggcggggtcagcggcgctcgtcccgtgact gcccgctccccggccagcagctcagcggccggcctcaaaagccccggaaatgtgctgtcttagggagctctatagccgggggtgcaatcggg cccgtcagactgaggaaacgcgctccgctcggatgctggcgtaatggccgtaagcgccccgc

<b>Isolat JW041p17</b> 41p17 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
agcggaggaaaagaaccaacaggcattgcctcagtaacggcgagtgaaaggcaacagctcaaatfgaaatctggctcccttgggggtccgaattgtaatttcagagatgcctcgggtgcgggttcctccgagttccctggaacggggacgcatagaggggtgagagccccgtctgctggaacccagccc atgtgaggtccctcagcagtgctgagtagttgggaatgctgcttaagggggagtatactcctccaaggctaaataccggctagagaccgatagcgcacaagtagatgatcgaagatgaaagcactftgaaaagagagtcaaatagcactgaaatgctgaaagggaagcgcttattaccagacttgggttcgg cggftcaaccggcgccacgcgccggggcactccgccggccaggccagcatagctctccgtcgggggcaaaaggcgtcggaatgtagctccccctcggggggagtgtatagcccggcgtgcataccctcggggggctgaggtccgcgtccgcaaggatgctggcgtaatctaatcagtaccctcttga
<b>Isolat JW042p1</b> 42p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
agcggaggaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaaaggcaacagctcaaatfgaaatctggctcccttggggggccgagtgtaattgaaaggatgcttctgccaaggtgccgtccgagttccctggaacggggacgcatagaggggtgagagccccgtacgctggagccgagcc tctgtgaaactcctcagcagtgctgagtagttgggaatgctgctcaaatgggaggtaaacccttctaaagctaaataccggccagagaccgatagcgcacaagtagatgatcgaagatgaaaagcactftgaaaagagagtaaaaacacgtgaaattggtgaaagggaagcgcttgcgaccagacttgcgcc cgtcggatcagccgtcgttcggcggtgactccggcggtcaggccagcagcgggtccctggggggaagaaaggcggtgggaatgtgctcttc ggagtgtatagcccgcgtaataccctcggggggaccgaggaccgcgctatgcaaggatgctggcgtaatggtcgtcagcagaccctctga
<b>Isolat JW044p1</b> 44p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tatatataataaagattggggccagggcgggcggctgagggcgctgaaatggctgccattcgcctaggaaagccggaatcgcggcctggccactgct ttcggcgctcccccgaaggggggcgagggcggcggcggctgcatcacaaagccggcgctgagggggtgaaatgacgctcgaacaggcatgcc ccccgaaatacaggggcgcaatgtgctgtaaaagctgagttacacggaattctgcaatcactactatcgcatttcgctgcttctcatcgatgc cggaaaccaagagatccgtgtgaaagtfttaactgattgctgtaaacgctcagactgacagtattcagagaatfttttctggtgctgctccggcg ggcgcggtcggctcagggctccagaagggggccggcgagggctcctcggcagggggagcggccgccgaggaaccgggtgagta gacaagaatggggcgtacggccggcgacgctcctaccctgatgaaagctcggctcct
<b>44p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
cgatgctcgggcggccccgtctaatgcttggaaacaggacgacagaggggtgagaatcccgtcttggcgggggcccgcccgctgtgaa gctccttcgacgagtcgagttgttgggaatgcagctctaaagggtgtgaaatttcatctaaagctaaataccggccggagaccgatagcgacacaagta gagtgatcgaaggttaaaagcacttgaaaagggagtaaacagcagctgaaattgtgaaagggaagcgcttgcggccagactcggggggcgggg ttcagcgggcgctcgcggctgactcggcgtccccggccagcagctcgcagggcggtcaaaagccccggaatgtgctctcagggga cgtcttatagccgggggtgcaatcgggccctcgaagactgaggaacgcgctccggctggatgctggcgtaatggccgtaagcggccccgctt
<b>Isolat JW044p2</b> 44p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gtcagtagactcggaaaggatcattaagcgttcccagccggcctcggcgccgggctgagatataagccgggctgctgctgggggtcggccg catatgccattctgtactgacctgctcggcggtcggcgtccggcagcgggagggccggaagccgctggagcgtctgccccgcggccctgg tctgagccgagcaggacagctaaaactcttacttaaacggcgtctgagcgtataagcaaaaatcaataaaacttcaaacaggatcttgggtcc ggcactgatgaaagcagcgaatgcgataagtaatgtgaaatgcagaattccgtaaatcagcaatcttgaacgcaatcgcggccccgtgattcc gggggcatgctcgttcgagcgtcattgcaaccctcaagcccggcttgtgtgatggagaccgccccctcagtgggcgggagcggccgaaaaag cagtgccagggcagatccggcgctgagcgaatgggacttccaccgctctagaccggccggcactggcctcagaccggaggtctcctaaac cggagcctccatccaaggtgacctggatcagtagggataccgctgaaactaagcatatcaataagcggaa
<b>44p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
ccaggcggccacggcctaagtccctggaacaggacgacagaggggtgagaatcccgtcttggcagttggcccgcggccgtgtgaaactccttga cgatcagattgttgggaatgcagctctaaagggtgtaaaatctcaaaagctaaatattggccgagaccgatagcgacaagtagatgatcga aaggttaaaagcacttgaaaagggagtaaacagcagctgaaattgtgaaagggaagcgcttgcggccagactcggcgcggggttcagcgggtg cgcgtcaccgtgtactcccccccggccagcagcagcttctgacggccggcgaagccccgggaatgtatcctctcgggacgtcttatagcc gggggtgcaatcggccccgtcgggactgaggaacgcgctcggcctggatgctggcgtaatggccgtaagcggccccgtct
<b>Isolat JW044p3</b> 44p3 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gcttattgatagcttaagtgcagcgggtatccctactgacgcaggtcactgaaagatataataataaagattggggccagggcgggcggctcgtgag ggcgctgaaatggctgcccattcgcctaggaagccggaatcggcgctggcactgctttcggcgcgctcccggccccgaaggaggggcgac ggctgcatcacacaagccgggtgaggggtgaaatgacgctcgaacagcagctgccccgggaatgcaagggggcgaatgctcgttcaagatt cgatgctcaggaattctgcaattcactactatcgaattcgtcgtcttctcagcggcggcgaacaaagagatccgtgtgaaagtfttaactgattgt gcttgcataacgctcagactcactcagagaatftttctggtgctgctcctccggcgggcggctcggcgtcagggcggcggcggcggccg ccggacggctcctcggcaggggagcggcggccggcgggcaaccgggtgagtagacaagaatggggcgtagggcggcgccggcgcacgtctgct caccctgatggaagcgtcggctcctctggtggggccagcctccggcctgctgcttgaatgatccttccg
<b>44p3 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
ttcaagacgggcccgttacggccattacgcagcagccgagccgagcgcttctcagctcgcagggccgacttgcacccccggctataagacgctc cctagagacgacacattccggggcccttgaccggcctcgaagctgatgctggccccgggagcggcgagtcacggcgacgagcggcgctga acccccccccgagctcggcgaagcgttcccttcaacaattcagctgctgttaactcccttcaagggtcttfaacttctgactactctctgtg cgctatcggtcctccggcggtatftagctttagatgaaattaccaccgcttagagctcattccaacaactcagctcgtcgaaggagctcagcggg cggggggccccgccaaagacgggatttccacctctgacgtctgttcaaggaaacttagacggggccggcggccgaaacatcctctgcaaat

caactcggacccccggggaggccagatttcaaattgagctctgccgctact
<b>Isolat JW044p4</b>
44p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gatgcatcgtggacgagctcgcgggacggcgcctccctcccactccgcccttccgcggcggcagggggacggggggcggccgatcctccgc gcagcacttccgaagccttagcagcctgaaaaggtgcgcctcgcgactataaacgagaaaaggaggctcgaattgtagtccgatctccgc ggcaacactgtcaacttgcgggaacgccctaaagacctaacaaccaagcgtccgggaaacggcggcgtggccgagtaacagccctgggtacgg taacagcttgaggtatgagacgcccttccccctccgccgaaaggaggtgggggggagaggcgtcgaatgggccacctgcagccaagtc ctaacgcggcgggttccctccggcgccacggatgccgttcacaggccagatggcagtggtggccggcccccgcagcagcgggcggcggcgctaa gacatggtcggcctccccggaatcgggggggagaagtttgcgcgacgacgaacgagaaaaagccgttccgtaggtgaacctgcggaaggatc attaccgggttccccgggctccgcccccgtcccatatcctctgcaaacctctctcccggacctcccgtggcgaagaggcggccgagggagga gggaaaggcctcccactcggggccttccccctccccgcgacggcccgccagccagcggagaacgaaaaactctgcctcaaacgttgcgttct gagcgacactatgaaaatagcgaaaaacttcaacaacggatctcttgggttggcaacgatgaaagcgcagcgaatgcgataagtaattgtaattgc agaattcagtaatcatcgaatttgaacgcacattgcgccccctggtattccggggggcagcctgttcgagcggcatttcgacctcaagccccggct tgggtatggcctccgccgcggggggggccgaaaccgtaggcgtcgcggcagcgggctctgagcgtagcaagagagcgcgaagcctccctc gtccggagatcctctccagcggcgttgaaaaaagaaaccaccgtcggcgaagagggggctcggccccccgttcggcgtgtaattggtggc ctcgtacggcgggtgcaat
44p4 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
tgcatacctcaaaagcggaggaagaacacacagcattgctcagtaaacggcagtgaggcgaacagctcaaatgaaatctggcggccagcc cgagttgtaattgcagagagctctcgggtgagcgcgggtcccaagtccttggaaacagcagcgtcacagagggtgagaaccccgacctggccgccc gtccccccgtcgaagctcctcgcagcagtcgagttgttggaaatgcagctcaaaactggtgtaaatccatctaaagctaaataccggccagagac cgtatagcgacaagtagagtgatcgaagatgaaaaacacttfgaaaagagagtaaaaagtacgtgaaattgtgaaagggaagcgttgcggccag actcggccgcggatgctcagccccggcagggcggcgcactctccgcggccggccagcagcgttccggcggcggcgaacaaaggcggccg gaactggccccctcggggggtttatagccggcgcgcaatcgaccagccggaccgaggtcgcgttcagccaggtgctggcgtaatgg ccgtaagcggcccgttga
<b>Isolat JW044p5</b>
44p5 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ggatagcttaagttcagcgggtatccctacctgatccgaggtcaaccttgggtgatggaggctccggtaaggagacctccggtctgagccaggtgcc ggccggtcctagaagcgggtggaatccattcgtcaggcggcgaatctcggcctggccactgctttcgggcgctcccggcactgaagggggg acggctgtccatcacacaagccgggcttgagggtgcaatgacgctgaacaggcatccccccggaatacagggggcgaatgtgcttcaaga ttcgtatgattcacggaattctgcaattcacttactgcattctcgtcgtcttcatcagtcgggaaccaagagatccgtgtgaaagttaattgattt tgcctatagcctcagacggccgtttaaagtaaaagtttgaactgtcctccggcgtcgcagaccagggccgcccgggacagacgtccagggcgttccg gccgtccgctggcggagcggcacccgaggaactgggtcagtagacaagaatgggcatatgccggcgacccccagcagacggccggctatat ctcaagcccggcggcggggcggcgtcggcaacgcttaattgatcctccgaggttaccctacggaaacctgttacgactttactctctca
44p5 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
gcgaggaagaagaacacagggattgccccagtaacggcagtgaaaggcgaacaaagctcaaatgaaatctggctccttagggggtccgagttgt aattgtagaggatgcttcgggtgcggccacggcctaagttccttggaaacagcagtcacagagggtgagaatcccgtcttggcagttggcccgcgcc cgtgtgaagctcctcagcagtcgagttgttggaaatgcagctcgaagcgggtgtaaatctatctaaagctaaatattggccggagaccgatagcgc acaagtagagtgatcgaaggtfaaaagcacctgaaaaaggagtaaacagcagctgaaattgtgaaagggagcgttgcggccagactcggcgg cggggtcagcgggtgcgctcaccgtgactccccgcccccggccagcagctgactgacggccggcgaagggccccggaatgtatcgtctc cgggacgtctatagccgggggtgcaatcggccccgtcgggactgaggaacgcgcttcggcgtcggatgctggcgtaatggccgtaagcggcccgt
<b>Isolat JW044p6</b>
44p6 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
aagctgtaacaaggttccgtaggtgaacctgcggaaggatcattaaagcgttccgacggcggcctcggccgggcttgagatagcccgggc gtcgtcgggggtcggcggcatatgcccattctgtactgaccaggtgctcggcgtccgctccgccagcggacggccggaagccgctggac gtctgtccccggccctggtcgcagcggcggagacgtctaaaacttacttaaacggcgtctgagcgtataagcaaaaatcaataaaactttc aacacggatccttgggtccgcatcgaataacgcagcgaatgcgataagtaattgtaattgcagaattccgtgaatcagcaatcttgaacgca cattgcggccctggtattccggggggcatcctgttcgagcgtcattgcaacctcaagcccggcttgtgtgatggacgaccgtccccctcagtggg cgggacgcggcggaaagcagtgggcaggccgagattccggcgcctgagcgaatgggacttccaccgtcttaggaccggccggcaccctggcctca gaccggaggtctccttaaccggagcctcctacccaaggttgacctcggatggatagcaccgctgaactaaagcagatcat
44p6 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
tgcatacctcaaaagcggaggaagaacacacagggattgccccagtaacggcagtgaaaggcgaacaaagctcaaatgaaatctggccttagg gggtccgagttgtaattgtagaggatgcttcgggtgcggccacggcctaagttccttggaaacagcagtcacagagggtgagaatcccgtcttggcag ttggccccggcccgtgtaagctcctcagcagtcgagttgttggaaatgcagctcgaagcgggtgtaaatctctctaaagctaaatattggccgga gaccgatagcgacaagtagagtgatcgaaggtfaaaagcacctgaaaaaggaggtfaaacagcagctgaaattgtgaaagggaagcgttgcggc cagactcggcgcggggtcagcgggtgcgctcaccgtgactccccgcccccggccagcagctgactgacggccggcgaagggccccgg aatgtatcgtctcgggacgtctatagccgggggtgcaatcggccccgtcgggactgaggaacgcgcttcggcgtcggatgctggcgttatggccgta agcggcccgttga
<b>Isolat JW045p1</b>
45p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
cgcttattgatagcttaagttcagcgggtatccctacctgatccgaggtcaacctggaagaatggttggaaaactcggcagggcggccgcaatccta



<p>cagagcatgtgacaagccccatagctcaggatcggacgcggtgccgctgctcttccggcccgtccccggagagggggacggcgacc  aacacacaagccgggcttgaggcagcaatgacgctcggacagccatgccccggaaataccaggggcccgaatgtgcttcaaaactcagatgat  cactgaattctgcaattcacattgatctcgtcgttctcatgatgccggaaccaagatccattgtgaaagttaactgattgattcaatc  aactcagactgcacgcttcagacagtgcttctggtgggctcgcggcgccggggccgagggcgcggcccccggcgccgacaagc  ggcggcccgcgaagcaacaggggtacaatagacacggatggaggggtggcccaaaggaccgactcggtaatgatcttccgagttcacctac  ggaagttacgagtgccggctttggcccacctc</p>
<p><b>Isolat JW045p2</b>  45p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p>
<p>tgaaaagatataatataaagattggggccaggcggccgctcaggcgtgaaatggctgccattcgcctaggaagccggaatcggcgc  tgccactgctttcggcgctcccggcccgaaggagggggcggacggctgctcatcacacaagccgggcttgagggtgaaatgacgctcga  acagggatgccccgggaatgcccagggcgcaatgtcgttcaagattgatgattcaaggaaatctgcaattcacattactatcgcattcgtcgt  tcttcatgatgccggaaccaagagatccgttggaaagttaactgattgcttgcctaaacgctcagactgacagctctcagagaattttctggtgc  tgcctccggcggcgccggctcggctcagggctcccagaaggggcccggcggacggctcctggcagggggagcggcccccggcgggcaac  cgggtgaggtagacaagaatgggggctacggccggcgcacgtcgtcaccctgatggaacgctggctcctatctggtggggccagcctccggc  ctgccc</p>
<p>45p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</p>
<p>caataagcggagaaaagaaccaacagggattgccccagtaacggcgagtgaagcggcaagagctcaaattgaaatctggctccccgggggtc  cgagttgtaatttcagaggatgcttcggcgccggccccgttaagtcttggaaacaggacgtcagaggggtgagaatcccgtcttggcggggc  gcccgcggcggtggaagctcttcgacgagtcgagtggttgggaatgcccgttaagcgggtgtaaatctcctaaagctaaatccggccggaga  ccgatagcgcaagtagagtgatcgaaggttaaaagcaccttgaaaagggttaaacagcagctgaaattgttgaagggaagcgttgcggcca  gactcgggggggggttcagggcgctcgcgccgtgactgcccgtccccggcagcatcagcttcgacggccggtcaaaaggccccgg  aatgtgctctctaggacgcttataagccgggggtgcaatcggcccgtcagactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggccgta  agcggcccgtctga</p>
<p><b>Isolat JW048p1</b>  48p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p>
<p>aagtcgtaacaaggtctccgttggtgaaccagcggaggatcattactgagttataaaactcaaaccttggtaacctaccgctgctcctggcgtg  agctacggctaccctgtaactaccctggagctaccctagatgacctatagctaccctgacttaccctgcagctaccctatagctaccctggagctacc  tggagctaccctgtagtcggctcggccgcgaaggaccgttaactctgtttttaccactgttctctgaattttaaactaaatagttaaacttcaac  aacggatctctggttctggcatcgtgagaacgcagcgaatgcgataagtaattggaattgcagaatcagtgatcgaatcttgaacgcacatt  gcccattagtagttagggcatgcttctgagcgtcattcggcccctggttcttggagcgttgggaatctacggcgtgattctcctaaagtta  gtggcggagtaggttacactcagcgtagtaactctcctcgtcgtggtggccctggctgtagccgttaaaaccctatatttctagtggtgacctc  ggattagtaggaatacccgtgaacttaagcatataaagcggaggaa</p>
<p>48p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</p>
<p>tgcataataagcggagaaaagaaccaacagggattgccctagtaacggcgagtgaagcggcaatagctcaaattgaaatctggccctcgtggt  ccgagttgaaattgtagaggatgctttggtgctgctccgagttccctggaacgggacgccagagaggggtgagagcccgtaccggtggacgct  aacctatataatgctcctcagcagtcgagtagtgggaatgctcctaaatggaggtaaattctcctaaagctaaatccggccagagaccgatag  cgcacaagtagagtgatgaaagatgaaagcacttgaagaggggttaaatgacacgtgaaattgtgaaagggaagcgtttgcaccagacctttc  cagtgagatcatccggtatctaccgggtgacttgcctgattagccagcatcgggtttcttaggggataaagcgttgggaaacgtagctctcaggg  agtgtatagcccctgctgaatacccctgggggaccgagggaccgctctcaaggatgctggcgtaatggctgcaacgaccgctctga</p>
<p><b>Isolat JW048p2</b>  48p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p>
<p>tctccgcttattgatgcttaagttcagcgggtagtctactgattgaggaaatagcatggtgcaagtgaagcgtagactcgtcgggatatttata  gaggatgcaaaaccactggcgggtgagaagaatcacgctcaaacaggcatgcttggagaatccccaaaggcgaatgtgctgcaagattcagat  gattcagctcgaatgcatactagctatcgaattcgtcgtctcctcagtcgagaaaccaagagatccgttggaaagttaattttgtaattgaac  ttaatgtggtttataatcaaaacagtggttggtaagtttttaatgatcttccgaggtcacctacgaaacctgttacgactttactcctctaaat  gaccaaga</p>
<p>48p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</p>
<p>ggaggaagaaaccaacagggattgctcagtaacggcgagtgaagcggcaagagctcaacttggaaatcgtccggcgagttgtagtctggagggc  ggccggtccgcttgcgcaaccaaatcaagctctggaacgagcgttgaaggggtgacagcccgtggattttgtgtgcttggccccgtgct  tgccgacgagtcgagttgttgggaatgagctcaagtgggtgtaaatccatcaaaactaaataaccggcagagaccgatacgaacaagtacagt  aatggaagatgaaagcacttgaagagagagtaaacagtagctgaaattgttgaagggaagggctgagctagacaactgtcagcctcgggtg  gagcggaaactaaaagtgggagctgatgtagcaacccccggggtgcaatatacaactcagatggttctgctcggcggagatcgcctattgaa  ggatgctggcgaatggctgcaagccaccgt</p>
<p><b>Isolat JW048p3</b>  48p3 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p>
<p>tgatgcttaagttcagcgggtagctcactgattgaggaaatagcatggtgcaagtgaagcgtagactcgtcgggatatttattagcggatgcaa  aacaccctggcgggtgagaagaatcacgctcaaacaggcatgcttggagaatccccaaaggcgaatgtgcttcaagattcagatgattcagctc  gcaagtcatactagctatcgtcgtctcctcagtcgagaaaccaagagatccgttggaaagttaattttgtaattgaaacttaactggtgg  gtttataaactaaacagtggttggtaagtttttaatgatcttccgaggttccctacggaaacctgttacgactttactcctctaaatgaccaaga</p>

48p3 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
tcaagacgggtgcttcgaccattgcgccagcatctcaaatggcgatctcggcggaagcaggaacctctgagagttgataatgcaacccgg gggggtgctacatcagctcccacttttagtccgctcaccgatgctgacagttgctagctgcaagccctcccttcaacaattcagctactgttact ctctttcaagtgcttttcatctttcattactgtactgttcgctatcggctctcggcgtaatttagctttagatggaattaccaccacttagagctgattcc caaaactcgaactgctcggcagaccaggggccaagcacaacaacaaaatccacggggctgaccccttcaagcgcctcgtccagaggacttaga tttggttgcgaaggcgaccggccgctccagactacaactgccggagcgattcaaaagttagctcttggcgttccactcgccttactgaggcaat ccctgttggttcttctcccg
<b>Isolat JW049p1</b>
49p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ctttctctgtacttttagagagtaaaagtcgtacaagttcgtgcacagtacagaacaggagtgatccttctgttaggtgaacactgcccgaagccttagcag cccgaagggtagccctccgcgactgagtaatacagagaggtgcttgaatgctagctcgaactgcccgaactgcccgaactgcccgaaccc taaagacctgacaccaagcaccatcgaaacgggtggtggtgcccagcctaattgcccctgggtatgtaatagttcaaggtatgagactccctccggcagg ggggaaaagaagtcgaaatgggcaatccgacccaagtcctacagccttctcttccggggagggccacggacgctgttcacaggccaatggtagt gggtgaacctattaggttcgctaaagatatggtcgtctctggcgaaagcccaggggtaagtttactgaaacctccacaacgttccgtaggtgaacc tgcggaaggatcattatgagttagggtctctagggccgacctccaaccttcttacttagacctcagttgcttccgagggccgtcttaactgaccg ctggaggaccgctaatacgggtgttacctctggcagtgctgcccagcctaactcctaactctggatcaatcatgattacaatgtctaaagtattat tcaataaaagcaaaacttcaacaacggatctctgttctggcagcagtaagaacgcagcgaatgcgataagtaatgcgaattgcagaatccagtg agtcacgaactttgaacgcacattgccccttggattccgaaaggcagcctgttcgagcgtcattatccccctcaagcccctgtgcttgggttgg acggcttgggtggagcagttcacacttccaccctcctaagacaatgacggcggcctgcccgaacccccggtacactgagcttcttattgagcacgtat cggatgactgctgcccgtctctcctccgcatcttttttttagtgacctgatcagtaggatcgcctgactagcttcaactagagagcgaagagaaa
<b>Isolat JW050p2</b>
50p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
gaggaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaaagcggcaacagctcaaatgaaatctggctctcggggcggagttgtaattgta gaggatgcttttgggtgaggtgcccctcgagttccctggaacgggacgccatagagggtgagagccccgtctggttggacaccgatcctctgtaaagctcc ttcgacgagtcgagtagtttgggaatgctgctctaaatgggaggtatatgcttctaaagctaaataccggccagagaccgatagcgcacaagtagagtg tcgaaagatgaaaagaacttgaagagaggttaaaagtagctgaaattgtgaaagggaaagcgttggaccagacttgggcttgggtgatcatccgg gggtctccccgggactctccggctcaggccagcatcagttcggcctggggataaaggcttccgggaatgtggctctcctccggggaggttatagccc gctgctgaataacctgtggcggactgaggtcgcgactcgaaggatgctggcgaatggtcatcagtgaccctg
<b>Isolat JW050p3</b>
50p3 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
aagtcgtaacaagtttctgaggtgacctcgggaaggatcactgagtgctatattcgtgttcttccggaggggcgaagctaccgacctgatgcat tctatccgagggcgcgtccgatgacagcggctcgtgacgttggagttaccggagcagggcgttctcgaagggggaagctccgggtcgggcccgt ggcgcgactctcggcacaacttccgcggaagtgttaggctgacctgcccggcggcggcgtattttctacaactcttgaagaaaacgtgaaagtctga atacaaaacaaatgaaaagcaaaacttcaacaacggatccttggctctgcaacgatgaagaaacgcagcgaacgcgaaagtaagtgcgaattgca gaatcagtgatgatcgaatcttgaacgcacattgcccctcctggtattccgggagggcacgcctgttcgagcggcattacaactccaagcgtggcttga tgtggcgatgcttttgcgagagcggagacacgctggaacgcgttggcggccggcggaccacgagcgtagcaagacgagagtaaatcgat cgatttgggttccgacggaggtccgcatgggactgcacttccgagtgtaagtcatagaacttcaagtttggcctcggatcagcgggggatacccgct gaacttaagcactaaggggggggagaaa
50p3 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
gaggagcggaggaaaagaaccaacgggattgccctagtaacggcgagtgaaagcggcaacagctcaaatgaaatctggagccttggcttccg agttgtaatttcagaggagcctcggagggcgagacgggtcgaagtgccttggaaagataaccgagaggggtgagagctccgatccggccgatctt gcgctccgtgtagggccccctcagcagtcgagttggttggaaatgacgtcgaagcgggtgtaaaatccatctaaagttaaactgcccagagaccg atagcgaacaagtagagtgatcgaagatgaaaagcacttgaagagagatcaaacgtagctgaaattgtgaaagggaaagcgtggggcaga cttggacgggggttgcgcttcttttggagcgtgacttcccgcgtgcaaggcagcagcgttccggggccgacaaaagacgttgggaatgtggc tcccctcggggaggttatagcccggcgtgcaatggcggcaccctgggaccgagaccgcgcttgcgaaggatgctggcgaatggcctatgcggc ccgt
<b>Isolat JW050p4</b>
50p4 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
aaaccaacaggattgccctagtaacggcgagtgaaagcggcaacagctcaaatgaaatctgttccccccggggggccgagttgtaattgaaaga ggatgcttttggcagggcgccttccgagtgccctggaacgggacgccacagagggtgagagccccgtatggtcggacccgagcctctgtaaagctc cttcgacgagtcgagtagtttgggaatgctgctcaaaatgggaggttaaaccttctaaagctaaataccggccagagaccgatagcgcacaagtagag tgatcgaagatgaaaagcacttgaagagaggttaaacgacgtgaaattgtgaaagggaaagcgttgcgaccagactcgcggccgggatca ggcgtcgtcgtcggcggcactccggcgggctcggccagcagctggttccgggggggagaaagcggcgggaatgtggctctcggaggtgt tatagcccggcgcgaataacctcggcggaccgagaccgcgctatcaaggatgctggcgaatggtcgtcagcgaccgtcttga
<b>Isolat JW051p3</b>
51p3 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tatgatgcttaagtacgggtatccctactgatccgaggtcaactgaaaagatatataataaagattggggccaggggcggccgtcctgagg gcgctgaaattgctgcccattcgcctaggaagccggaatcgcgccctggccactgctttcggggcgtcccggccccgaaggaggggcggcggacg gtcgtccatcacacaagccgggcttgaagggtgaaatgacgctcgaacagggatgccccggaaatgccagagggcgcaatgtgcgtcaagattc gatgattcaggaattcgaattcacattactatcgcatttccgctgcttctcatcagtcggcgaacaaagagatccgttggtaagtttaactgattgtg

cttgctaaacgctcagactgacagctctcagagaatftttcttggtgtctgtctccggcgggcgcggtccggctcagggctcccagaagggggcccgc cggacggctctccctggcaggggggagcgcggccgcccaggcaaccgggtgaggtagacaagaatgggggctacggccggcgacgtctgctc accctgatggaacgctggctccatctggtggggccagcctccggcctgcgcttaatgatcctccgcacgtcacctacggaacctgttacgact ttacttctctaa
<b>51p3_LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
ataagcggaggaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaagcggcaagagctcaaatgaaatctggcctccccgggggtcc gagttgtaattgacagaggatgcttcggcgcgccccgctaaagtcttgaacaggacgtcagagaggggtgagaatcccgtcttggcggggcgg cccgcgccctgtgaaagctctcagcagtgagtggttgggaatgagcttaagcgggtggttaaattcatctaaagctaaataccggccggagac cgatagcgacaagtagagtgatcgaaggttaaaagcacttgaagagggttaaacagcacgtgaaattgtgaaagggaagcgttgcggccag actcggggggcgggttaccggcgctcgcgccctgactgcccggcctcccgggccagcatagcttcgacggccgggtcaagggccccgga atgtgtcgtcttagggagctttatagccgggggtgcaatgcggccgctcggagactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggcgtaa cggccccgtct
<b>Isolat JW051p4</b>
51p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
taagcgcaggccggaggctggccccacgataggaccgacttccatcagggggtgagcagcgtgcggccggcctacggccccattctgtcta ctcaccgggttgcctggcgggcccgcgctccccctgccaggagagccgtccggcgggcccccttgggagcctcagccggaccgcggccgc ggaggacagacaccaaaaaatctctgaagagctgtcagctgtgagcgtttagcaagcacaatcagttaaaacttcaacaacggatctctgttccg gcatcgtatgaagaacgcagcgaatgagataagtaattgtaattcagaatccgtgaaatcagcaatcttgaacgcacattgcccctctggcattccg gggggcatgctgttcgagcgtcattcaaccctcaagcccggctgtgtgatgagcaccgtccggcccctccctcggggggcgggacgcgcccga aaagcagtgggcaggccggaatccggctcctagggcgaatggcagccaatfcagcgcctcaggaccggccgcccctggccccaatctttatata atatacttcaggtgacc
<b>51p4_LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
taagcggaggaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaagcggcaagagctcaaatgaaatctggcctccccgggggtccg agttgtaattgacagaggatgcttcggcgcgccccgctaaagtcttgaacaggacgtcagagaggggtgagaatcccgtcttggcggggcggcc cgcgccctgtgaaagctctcagcagtgagtggttgggaatgagcttaagcgggtggttaaattcatctaaagctaaataccggccggagaccg atagcgcacaagtagagtgatcgaaggttaaaagcacttgaagagggttaaacagcacgtgaaattgtgaaagggaagcgttgcggccagac tcggggggcgggttaccggcgctcgcgccctgactgcccggcctcccgggccagcatcagcttcgacggccgggtcaagggccccggaatg tgtcgtcttagggagctttatagccgggggtgcaatgcggccgctcggagactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggcgtaa ggccccgtct
<b>Isolat JW051p6</b>
51p6 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tagaggaaagtaaaagcgtaaacaaggttccgtaggtgaacctcgggaagatcattaacgcgcaggccggaggctggccccccacgataggaccg acgttccatcaggggtgagcagacgtgcgcccggcgtacggccccattctgtctacctaccgggttgcctcggcgggcccgcgctccccctgccagg gagagccgtccggcgggcccccttgggagcctcagccggaccgcccggcggaggacagacaccaaaaaatctctgaagagctgtcagt ctgagcgtttagcaagcacaatcagttaaaacttcaacaacggatctctgttccggcatcgtatgaagaacgcagcgaatgagataagtaattgtaatt gcagaattccgtgaatcagcaatcttgaagcgcacattgcccctctggcattccgggggcatgctgttcgagcgtattcaaccctcaagcccgg ctgtgtgatggacaccgtccggccccctctcggggcgggacgcgccgaaagcagtgccaggccggtatccggcttctagggcaatgg gcagccaatcagcggcctcaggaccggccgcccctggccccaatctttatataatataatcttttcaggttgacctggatcaggtaggataccgctg aacttaagcatatca
<b>51p6_LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
gcgaggaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaagcggcaagagctcaaatgaaatctggcctccccgggggtccgagtt gtaattgacagaggatgcttcggcgcgccccgctaaagtcttgaacaggacgtcagagaggggtgagaatcccgtcttggcggggcggcccgc gcccgtgtaagctcctcagcagtgagtggttgggaatgagcttaagcgggtggttaaattcatctaaagctaaataccggccggagaccgata gcgcacaagtagagtgatcgaaggttaaaagcacttgaagagggttaaacagcacgtgaaattgtgaaagggaagcgttgcggccagactc ggggggcgggttaccggcgctcgcgccctgactgcccggcctcccgggccagcatcagcttcgacggccgggtcaagggccccggaatgtg cgtcttagggagctttatagccgggggtgcaatgcggccgctcggagactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggcgtaa cccgtc
<b>Isolat JW055p4</b>
55p4_LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
taagcggaggaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaagcggcaacagcctcaaatgaaatctggcctccccgggggtccgagtt gagttgtaattgaaagaggatgctttggcgagcgcctccgagtgccctggaacgggacgccacagaggggtgagagccccgtatgctggagccg agcctctgaaagctcctcagcagtgagtggttgggaatgctgctcaaaatgggaggtaaacccttctaaagctaaataccggccagagaccgat agcgcaagaatgagtgatcgaagatgaaagcacttgaagagagagttaaacagcacgtgaaattgtgaaagggaagcgttgcggccagactc gcggccggcggatcagccgtcgtcgtcggcgccactcggcggtcggccagcatcgttccgggggggagaagggcggcggggaatg tggctctcggagtgatagccggccgcaataccctggcgggaccgagaccgcgctatgcaaggatgctggcgtaatgctcagcagacc cgtctga
<b>Isolat JW056p4</b>
56p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tattgatatgcttaagttcagcgggtatccctacctgatccagggtcaacctgaaagatatataatataaagattggggccaggccggccggtcctga gggcgctgaattggctgccattcgcctaggaagccggaatcggcctggccactgcttttcggcgctcccggccccgaaaggaggggccggga



gtgccgcgctgccttggggccgtccccggagagggggacggcgaccaacacacaagccgggcttgagggcagcaatgacgctcggacag gcatgccccgggaataccaggggcgcaatgtgctgcaagactgatgactgcaatctgcaattcacattgattatcgcattcgtcgtcttc atcgatgccggaaccaagatccattgtgaaagttaactgattgattcaatcaactcagactgcacgcttcagacagtgctgtgtggggtccg gcgggcacggggccgggggcaaaagcgccccggcgccgacaagcgggccggccgaagcaacagggtataatagacacggatgga ggtggcccaaaggaccgactcggtaatgatcttccgcaggttaccatc
<b>Isolat JW059p1</b> 59p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
ggaggaagaaacacaggattgcctcagtaacggcgagtgaaagcggcaagagctcaaattgaaagctgctcctcggggccgattgtaatt tgcagaggatgctcgggcatgccccgttaagtgcctggaaagggcgtcatagagggtgagaatcccgtctgggacggggtgctcgtgctccg gtgaagctcctcagcagtgagttgttgggaatgcagctcaaatgggtgtaaatctcatctaaagcctaatactggccggagaccgatagcgaca agtagagtgatgaaagatgaaagcacttggaaagagagttaaacagcagtgaaattgtgaaagggaaagcgttgcgaccagactcggcgccg ggttaaccggcattcgtccgggtgacttccccgtggcgggccagcgtcgttggcgccggcgtcaaagcctccggatgtatcggcctcggg gttcttatagccgggggtgcaatgcggcctgctggaccgaggaacgcgctcggctcggacgctggcgtaatgctgtaaatgaccgctc
<b>Isolat JW059p2</b> 59p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ttagaggaaagtaaaagcgtacaaggttccgtaggtaacctgcggaaggatcattgattgctttataggcttataactatataccacttacacctg aactgttactactgacgcaagtcgagattttacaacaatgtgtaataaacgctgtttatatacaaaaataaaccttcaacaacggatctctggctc cgatcagatgaagaacgcagcgaatgcaataagtaattgcaaatcagtgatcatcgaatcttgaacgcagcttgcgctctctggtattccg gagagcatgctgttcaagtcgtaataagttcactgggtcattgtgtgaaagcgtccttaatcgtccgaaaggacaactacttactctggcctgaa atcaggtaggactaccgctgaacttaagcatatca
59p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
agcggaggaagaaactaacaaggattccccagtaacggcgagtgaaagcgggaagagctcaaattgaaatctgcagcttccgattgctcggattg taactatagaggcgtttccgtgccggaccgttccaagtctcctgaaagggatcaaaaggggtgataatcccgtacttaacacgaccaccgggtgct ctgtgatacgtcttacgagtcgagttgttgggaatgcagctcaaaatgggtgtaattcactcaaaagcctaataattggcgagagaccgatagcgaa aagtaccgtgagggaaagatgaaagcacttggaaagagagttaaacagctacgtgaaattgtgaaagggaaacgattgaagcagctgctgtcttgg attcagccagttctgctgctacttcttggaaacgggtcaacatcagtttgcgggtgataaaggtagtaggaatgtgacttccggaggtgtatagcc tattatcacatacactgggtgagactgaggactgcagctcgccttatggccggcctcggcagcttcgagcttaggatgtgacataatggctttaa accgctc
<b>Isolat JW061p1</b> 61p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ctccgttattgatagcttaagtcagcgggtatccctacctgatccgaggcaacctggaaaagattgattgctcggcaagcggccggcggcctac agagcgggtgacaaaagccccatagcctgaggtacggacgggtgcccggctgcttggggccgtccccggagaggggacgacgacca acacacaagcgtgctgatggcagcaatgacgctcggacaggcatccccggaaataccagggggcgaatgtgctcgaagactcagatgattc acggaattctgcaattcacactagttatcattcgtcgttctcctcagtgccggaaccaagatccattgtgaaagttaactgattgcgatacaat caactcagactcactagatcagacagatcgtggtgctcggcgggcgccggcgccgggctgagagccccggcgccatgaaatggcgggccc gccgaagcaactaagttacagtaaacacgggtgggaggtgggctcgttaggaacctactcggtaatgatccttccgcaggttccactacggaag c
<b>Isolat JW061p3</b> 61p3 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
cgcttattgatagcttaagttcagcgggtatccctacctgatccgaggtaacctgaaaagatataatataataaagattggggccaggcggcggg cctgagggcgtgaaattgctgccattcgcctaggaagcggaaatcggcctgcccactgctttcggcgctcccggccggagggggc cggacggctgctcatcacaaagccgggctgaggggtgaaatgacgctcgaacaggatgccccggaaatgccagagggcgcaatgtcgttca aagattcagatcaggaattctgcaattcacttactatcattcgtcgttctcctcagtgccggaaccaagagatccgttgtgaaagttaact gattgtgcttctaaccgctcagactgacagctctcagagaattttcttgggtgctcctcggcgggcgctcggctcagggctccagaaggg gccccggagcggctcctggcaggggagcggccggcgaggcaaccgggtgaggtagacaagaatggggcgctacggccggcgccacg tctgctaccctgatggaacgtcggctcctatcgtggggggccagcctccggcctg
61p3 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
taagcggaggaagaaacacaggattgcctcagtaacggcgagtgaaagcggcaacagctcaaattgaaatctgccccaggccgagttgta atttcagagagatgcttgcgacgtgcttccaagtccctggaacgggacgcatagagggtgagagccccgtacggtagtcacctagcctctgt gaagctcctcagcagtcgagtagttgggaatgctgcttaaatgggaggtatagcttctaaagcctaataaccggctagagaccgatagcgacaa gtagagtgatgaaagatgaaagcacttggaaagagggttaaacagctacgtgaaattgctgaaagggaaagccttatgaccagactggccgggtg atcaccgctgttctggcggtgacttggccggccagccagcatcagttcgtcgggggataaagcctcgggaaagtagctcctcgggaggtg tatagaccgtgcaataaccctggggcggactgaggtacgcttctgcaaggatgctggcgtaatggtcatcagtgaccgctctg
<b>Isolat JW061p4</b> 61p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
aagttcagcgggtatccctacctgatccgaggtcaacctgaaaagatataatataaagattggggccaggcggcggcggctcctgagggcgtgaa tggctgccattcgcctaggaagcggaaatcggcctgcccactgctttcggcgctcccggccggagggggcggacgctgctcctc acacaagcgggctgaggggtgaaatgacgctcgaacaggatgccccggaaatgccagagggcgcaatgtcgttcaaaagattcagatgattc ggaattctgcaattcacttactcattcgtcgttctcctcagtgccggaaccaagatccgttgtgaaagttaactgattgcttctaacc

gctcagactgacagctctcagagaatftttctgtgtctgtcctccggcgggcgcggtccggctcaggctcccagaagggggcccggcgacggct ctccctggcaggggagcgcggcccgccaggcaaccgggtgaggtagacaagaatgggggctacggccggcgacgctgtctcaccctgatg gaactcggctccatctgtggggggcagcctccggcctgcgcgtaatgatcctccgca
<b>61p4 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
ctgtgttcaagacgggcccgttacggccattaccgacatccgagccggagcgcgttctcagtctcagggccgattgcacccccggctataag acgtccctagagacgacacattccggggcctttgaccggccgtcgaagctgatgctggccggggagcgggcagtgacgggacgagcggcc gctgaacccccccccgagctggccgcaagcgtccctttcaacaattcacgtgctttaaactccctttcaagggtgctttaaacttccgatcacta ctgtgctgctatcggtctccggcggctatttagctttagatgaaatffaccaccgcttagagctgattcccaacaactcagctcgcgaaggagcttac acggggcggggcccggcccaagacgggattctcaccctctctgacgtcctgttccaaggaaacttagacggggggcgcgccgaagcctctctgc aaattacaactcggacccccgggggagccagattcaaatfgagctctgccgctac
<b>Isolat JW061p9</b>
JW061p9 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ttcttgctcatttagaagaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaacctgcggaaaggatcattaccgagtgccggctctcggggcccaacctcc caccctgtctaccgtaccattgtctcggcggggcccgcgcctgtcggcggcgggggggctctgccccggggcccgtgcccgccgaagacc caacacgaactgtctgaaagcatgagctgagtgattctttgcaatcagttaaaactttcaacaatggatctctgttccggcagcaggaagacc agcgaatgcgataactaatgtgaattgcagaattcagtgatcctgaaagcagacattgcggccctggtatccggggggcagctgctccg agcgtcattgctgcctcaagcccggcttgtgtgtgggtcgtcgtccccccgggggggagcggcccgaaggcagcggcggcaccgctccg atcctcagcgtatgggcttctcaccctccgtaggaccggcggcggcctgccctctcc
<b>Isolat JW061p10</b>
61p10 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tctcctcgttattgatgcttaagttcagcgggtatccctactgatccgaggtcaaccttgagaagttcaaaaggctcgcggcggcgccgct gcgctccaagcagaggtgttttactacgctcagggcaagacgccaccgccaggtcttgaggcgcgccgcggaaaggcgggtcccaacacca gcagagcttgagggttgaatgacgctgaacaggcatccctcggaaataccgagggcgcgaatgctcgttcaaaagattcagatgactactg caattcacattactatcgatttcgctgcttctcctgatccagaaccaagatccgttggtaaaagttagttattgattgttttcagacggcaactg cactgaccggagttcagtgctcctctgcccggcgtcggcaccccccggacggagggcggccgcggaggaccggccccgcaaaagcaacagag gtgggtacacaaaagggtgggaggtacggccgagcccgaatcaactcggtaatga
<b>61p10 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
gaggaaaaaacaacacagggattgcctcagtaacggcagtgaaagcggcaacagctcaaatfgaaagctggccccccgggggtccggtgtaa ttgttagaggatgattcggcagggctcccgcctaagtccttggaaagggcgtcatagagggtgagaatcccgtatgagggtgggctgcttagccat gtgaatctcctcagcagctgaggtgttgggaatgcagctctaaatgggaggtaaatfttcttaaaagctaaataaccggccagagaccgatagcgcaca agtagagtgatgaaagatgaaagcatttggaaagagagttaaaaagctgtaaatgttgaagggaagcgttgcagccagactgtccgagtt gctcagccgctcctgaccggcgcactctctcggccaggccagcatcagttcggcggtcggataaaggccccgggaacgtagctcctcggg gagtgattagccccggggttgaatgcggccagcctggactgagatctcgttcggctaggatgctggcgtaatggctgtaagcggcc
<b>Isolat JW061p12</b>
61p12 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
agacggccgcttacggccattaccgacatccgagccggagcgcgttctcagtctcagggccgattgcacccccggctataagacgtcccta gagacgacacattccggggcctttgaccggccgtcgaagctgatgctggccggggagcgggcagtgacgggacgagcggccgctgaaccc cgcccccgagctggccgcaagcgttccctttcaacaattcacgtgctttaaactccctttcaaggtgctttaaacttccgatcactctactgtgcgt atcggtctccggccggtatttagctttagatgaaatffaccaccgcttagagctgattcccaacaactcagctcgcgaaggagcttcacacgggccc ggggcccccggcaagacgggattctcaccctctctgacgtcctgttccaaggaaacttagacggggggcgcgccgaagcctctctgcaaatfacaac tcggacccccgggggagccagattcaaatfgagctcttggcgtcactgcg
<b>Isolat JW062p4</b>
62p4 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
tgcatacaataagcggaggaaaagaaccaacagggattgccccagtaacggcagtgaaagcggcaagagctcaaatfgaaatctggcctccccg ggggtccgagttgtaattgcaagaggtctcgggcggcggccccgctaaagttccttgaacaaggacgtcagagagggtgagaatcccgttgggc gggcggcccggcccgtgtgaagctctcagcagctgaggtgttgggaatgcaactcgaaggggtgtaaatfctcaaaagctaaataaccggcc ggagaccgatagcacaaagtagatgacgaaaggttaaaagcacttgaaaaaggagttaaacagcagctgaaattgttgaagggaagcgttgc ggccagactcggggggcggggtcagcggcgcgtcgtcccgtcactgcccgtccccggccagcatcagcttgcagccgggtcaaaggcc cccgaatgtgctgctctagggacgtcttagccgggggtgcaatgcggcccgtcagactgaggaaagcgcgtccggctcggatgctggcgtaatg cccgtaaagcggcccgtcttga
<b>Isolat JW062p6</b>
62p6 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tctccgcttattgatgcttaagttcagcgggtattcctactcattcaggtgaactcttgaaaaagtggcgttttacggcagtgccgcggcgcgt cctggttgcgaggtgtatgttactacgcaaaaggaaagctgcagcagaccgcaaatcattcggggcggcgacctcaccggccgcaaacgacg gaggaggaacccggtcccccaacacaaagcagggttggggtgaaatgacgctcgaacaggcatgccgccagaatactggcggcgcaatgt gcgttcaaaagttcagatgactcgaatttcaattacattactatcgatttcgctgcttctcagatgccagaaccaagatccgttggtaag ttttgattcattgataataatccactcagacatgattgtaaaatagaaaggttggctcctccggcggggccatggatccggtgcggcctccctgag ggggcggcgttccggggcgtaaaaccggcaagcaacgttgggtataagttcacagggttgggagttgtaaacctggtaatgatccctccgctg gttcaccaacggagacctgttacttctcttaaatgaccaaga

62p6_LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
agcggaggaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaaaggcaacagctcaaatgaaatctggcccctagggcccagttgta atftgacagagatgcttttggcgaggtgcttccgagttccctggaacgggacgccatagagggtgagagccccgctggttgataccagcctctgta aagctcctcgacagtcgagtagtttgggaatgctgcttaaattggaggatatagtcttctaaagctaaataccggccagagaccgatagcgcacaagt agagtgatcgaaaagatgaaacacttfgaaaagggttaaacagctgtaaaattgtgaaagggaagcgtttataccagacttggaccgggtgaat catccagcgttctcgtgctgactttgccgggctcaggccagcatcagttgtccgggggataaaggcttagggaatgtggctcctccgggagtgtat agcctctgcataataccctggggcggactgaggttcgcgcatctgcaagatgctggcgtaatggtcatcaacgaccctctga
<b>Isolat JW062p8</b>
62p8 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
cgcaggccggaggctgccccccacgataggccaaacgtccgctcaggggtagcagatgtgcgccggccgtaccgccccattctgtctacattact cggttgctcggcgggcccgcgctctcccaggagagcctgctggcgagcctctctttagtggttaaacgctggaccgcgcccggcggagacagacgc aaaaaaattcttcagaagagctgctgctgagcgttagcaagcaaaaatcagtaaaacttcaacaacggatctctggttccggcatcgatgaagaac gcagcgaatgogataagtaattgtaattgcagaattcctgtaatcagtaattcttgaaacgcacattgccccctggcattccggggggcagcctggt cgagcgtcatttcagcccccaagcccggctgtgtgatggagaccgtccggcgccccctctttgggggtgcggagcgcggcgaagaagcagtg ccaggccgcgattccgcttctagggcaatgggcaacaacagcgcctccaggaccggccgcctggcctcaaatctgtttatctatcaggtg accctggatcaggtgatacccgtgacttaagcatatca
<b>Isolat JW062p9</b>
62p9 ITS (ITS4) : internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gcgcaaaattgtgctgcctgcgaaccagaggtcggctccaatcgtttaaagcagcttggcgagcaagacaaaacgccaacaccaagcaa agcttgagggtacaaatgacgctcgaacaggcatgccccttggataccaaaaggcgcaatgtgctgcaagattcagattcactgaattctgcaatt caactacgtatcgactttcgtcgttctcatcagtgccagaaccaagagatcgtgtgaaagtgtaaatgatttacatttgttactgacgctgactg cattaacaaaaaggtttatggtgtgctgctggtggcgaacccgccaggaaacaacagtgcgcaaaagcaaggkgaaataaaataaatcc agccgaagcctcatattgtattgtgtaattgatccctccagggttaccctacggagacctgtttacttctctaaatgaccaagac
62p9_LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
tgtcagtgctcatccgttctagctgagaaaagaaccaacaggattgccctagtaacggcgagtgaaaggcaacagctcaaatgaaatctgg ctcttcagagtcagtgtaatttcagaggcgccttggcttggcagcggccaagtcttggaaacaggacgtcacagagggtgagaatcccgtac gtgctcgtatgtatccgtgtaaaagcccctcagcagtcgagtggttgggaatgcagctctaaatggaggtaaatcttctaaagctaaatattggc cagagaccgatagcgcacaagtagagtgatgaaagcactttgaaagagagtgcaaacagcagcgtgaaattgtgaaagggaagcgtt cagccagactgcttgcagttgctatccgggctttgccgggtcactctctcagggcagccagcagcatcatttggcgggtgggataaaggctctgac acgtaccaccttccgggtggacataggggatgacataaccaccagcctggactgaggtccgcgcatctgtaggatgctggcgtaatggctgta ggggcccgtc
<b>Isolat JW062p11</b>
JW062p11 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tcttgtaaataggaagtaaaagtcgtaacaaggtcctcagtggtgacactgaggatcattacacaataaacatgaagcctgaccgcaa caggcggcaaggctggagtattttattacctgtctttgcgacttgtgttctggcggggtcggccgctccaggaccacatgataacctttttatg cagtgcaatcagcgtcagtagacaacaatgaaatcattacaacttcaacaacggatccttggcttggcagcagtgaaagcagcgaatgcgata cgtagtgtgaaatgcagaatcagtgatcctgaaatccttgaaacgcacattgcgcccttggatccaaggcagcctgttcgagcgtcattgtaccct caagcttgcctggtgttggcgctttttgctttggttttgcacaagactcgccttaaacgattggcagccggcctactggtttcagcgcagcagcatttt gcgcttgaatcagcaaaagaggacggcactccatcaagactctatcactttgacctcgatcaggtagggatacccgtgacttaagcatatca
<b>Isolat JW062p12</b>
62p12 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
taccgatccgaggtcaactgaaaagatataatataatgattggggccaggcggcggcgtcctgagggcgctgaattgctgcccattcgccctagg aagccggaatcggcggcctgcccactgcttttggcgcgctcccgcccccgaaggaggggcccggacggctgctcatcacacaagccggcctgagg gggtgaaatgacgctcgaacaggatccccccggaatgccagaggcgcaatgtgcttcaagattcagattacggaaattctgcaattcacatta cttatcgattcgtcgttctcagcagccggaaccaagatccgttggaaagtttaactgattgtcgtgctaaacgctcagactgacagctctc agagaatttttctggtgctctcctccggcggcgcggtccggctcagggcctccagaaggggcccggcggacgctctcctggcagggggagcg cggcccggcaggcaaccgggtgaggtagacaagaatggggcgctacggccggcgcacgtctgtcaccctgatggaacgtcggctccatcgtg ggggccagcctccggc
<b>Isolat JW062p14</b>
62p14 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gtatccctaccgatccgaggtcaacctgaaaagatataatataatgattggggccaggcggcggcgtcctgagggcgctgaattgctgccatt cgcttaggaagccggaatcggcggcctgcccactgcttttggcgcgctcccgcccccgaaggaggggcccggacggcgtcctcacacaagccg ggctgagggtgaaatgacgctcgaacaggcatccccccggaatgccagaggcgcaatgtgcttcaagattcagattcacggaattctgca attacattactatcgatttctcgtgcttctcagcagccggaaccaagagatccgttggaaagttaactgattgtcgttctaaacgctcagactga cagctctcagagaatttttctggtgctctcctcggcgggcgcggtccggctcagggctcccagaaggggcccggcggacgctctcctggcagggggagcg ggggagcgcggcccggcaggcaaccgggtgaggtagacaagaatggggcgctacggccggcgcacgtctgtcaccctgatggaacgtcggctccatcgtg ccctatcgtggggggccagcctccggcctgccc
62p14_LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
ataagcggaggaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaaaggcaagagctcaaatgaaatctggcctccccgggggtcc gagttgtaatttcagagagatgctcggcgcgccccgctaaagtcttggaaacaggacgtcagagagggtgagaatcccgtcttggcggggcg

cccgcgccgtgtaagctcttcgacgagtcgagttggtggaatgcagcttaagcgggtggtaatttcacatcaaagctaaataccggccggagac cgatagcgacaagtagatgagtcgaaaggtfaaaagcacctfgaaaaggagtaaacagcacgtaaatggtgaaagggaagcgcttcggccag actcggggggcggggttacgggctcgtcggcctgcactgcccggccagcatcagcttcgacggccggtcaaaaggcccccga atgtgtcgtctctaggagctcttatagccgggggtgcaatgcggccgctcggactgaggaacgcgctccggctggatgctggcgtaatggcgtaa ggggccctct
<b>Isolat JW063p2</b> 63p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tgatatgcttaagtacaggggatccctacatccgatccgaggtcaacctgaagaaaaatggtggagacgctggcggccggccgacctagtcga gccccgtgacaaaagcccataccgctcaggaccggacacggctccgccgctgctttcgggcccgctccccgggggggacgacgaccaaacaca agccgggcttgatggcagcaatgacgctcggacagggatgccccggaaatgcccggggcgaatgctgcttcaaaagactcagatgactactgaat tctgcaattacattactatcgcagttcgtcgttctcactgatccggaaaccaagagatccattggtgaaagtttgactgattttatattacagactcagact gcatcactcagggatgaaagttcagtagtccccggcggctcggcccgggggttccccggcgaagcaacagtgttaggtattcaggggtgggag ttggcgcccggggcagcccgcactcagtaatgatctccgagggtcactacggaacctgttacactttacttctctaa
<b>Isolat JW063p4</b> 63p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gatgatgcttaagtacaggggatccctacatccgatccgaggtcaacctgataagataaaacagattttgagggcaggcgccggctcctggagcgct ggttgggtccattcgctaggaagccggaatcgcggcctggccactgctttcggcgctcccgacccccaaagacggggcgccggagcgct gtccatcacacaagccgggctgaaagggctgaaatgacgctcgaacaggatgccccggaaatgcccagggggcgaatgtgcttcaaaagattcga tgaatcaggaattctgcaattcattactatcgcatttcgctcgttctcactgatccggaaccaagagatccggtgtaagtttaactgattttgctt gtaacgctcagactgacagctcttctgaaagaatttttgcgctcctccggcgccggtccagcggtttagccactaaagagaggtcggcgacc ggctcctcggagagcgccgcccggcggaggaaccgagtaatgtagacaagaatggggcggtacggccggcgcacatcgtcaccctgcaggg acgttggccctatcgtggggccagcctccggcctgcgctaatgatcttccgactcacc
63p4 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
ggagaaaagaaaccaacagggattgccccagtaacggcgagtgaaagcggcaagagctcaaatgaaatctggcctccccggggcccgatgtt aatftgcagaggatgcttgggtgcccggcctgaagtcttgaacaggacgctcagagagggtgagaatcccgttggcggccgctccgcgc ccgtgtaagctctcgcagagtcgagttgttgggaatcagcttaagcgggtgtaaatctcactaaagctaaatattggccggagaccgatacgc cacaagtagatgacgaaaggtfaaaagcacctfgaaaaggagtaaacagcacgtaaatggtgaaagggaagcgcttcggccagactgggg gccccgttcagggggtcctcgtcggcctgtattctcgtcctccggccagcatcagtttcgacggccggtcaaaagccccggaatgtgctctc gggacgtctatagccgggggtgcaatgcggccgctcggactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggccgtaagcggccgct
<b>Isolat JW063p5</b> 63p5 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ctccgcttattgatgcttaagtfcagcgggtatccctacatccgatccgaggtcaacctgataagataaaacagattttgaggccaggcgccggcctg gagcggctggttgggtccattcgctaggaagccggaatcgcggcctggccactgctttcggcgctcccgacccccaaagacggggcgcc ggaggtcgtccatcacacaagccgggctgaaagggctgaaatgacgctcgaacaggatgccccggaaatgcccagggggcgaatgtgcttca aagattcgatgattcaggaattctgcaattcattactatcgcatttcgctcgttctcactgatccggaaccaagagatccggttgaagtttaact gattttgcttgaacgctcagactgacagctctctgaaagaatttttgcgctcctccggcggcggtccagcggttagccactaaagagagggc tcggcaacggctcctggagagcggcggcccgaggcaaccgagtaatgtagacaagaatggggcggtacggccggcgacatctgctcacc cctgacggagtttggccctatcgtggggggccagcctccggcctgcgctaatgatcttccgaggttaccctacgaaacctgttacactttact ctctca
63p5 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
aaagcggaggaaaagaaaccaacagggattgccccagtaacggcgagtgaaagcggcaagagctcaaatgaaatctggcctccccggggcccc agtgtaatttcagaggatgcttgggtgcccggccgctcctaagttccttgaacaggacgctcagagagggtgagaatcccgttggcggcgccgctc cgcgccgtgtaagctctcgcagagtcgagttgttgggaatcagcttaagcgggtgtaaatctcactaaagctaaatattggccggagaccga tagcgcacaagtagatgacgaaaggtfaaaagcacctfgaaaaggagtaaacagcacgtaaatggtgaaagggaagcgcttcggccagact cggggcgggggtcagcggggtcctcgtcggcctgtattctcgtcctccggccagcatcagtttcgacggccggtcaaaagccccggaatgtgctc gtctctgggagctctatagccgggggtgcaatgcggccgctcggactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggccgtaagcggc ccgtc
<b>Isolat JW063p6</b> 63p6 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tatgcttaagtacaggggatccctacatccgatccgaggtcaacctgataagataaaacagattttgagggcaggcgccggcctcctggagcgctggt tgtgccattcgctaggaagccggaatcgcggcctggccactgctttcggcgctcccgacccccaaagacggggcgccggagggctgctcc atcacacaagccggctgaaagggctgaaatgacgctcgaacaggatgccccggaaatgcccagggggcgaatgtgcttcaaaagattcagatgatt cacggaattcgaattcattactatcgcatttcgctcgttctcactgatccggaaccaagagatccggttgaagtttaactgattttgcttacta acgctcagactgacagctcttctgaaagaatttttgcgctcctccggcggcgctccagcggttagccactaaagagagggctcggcaacggct ctcctggagagcggcggccgcccgggcaaccgagtaatgtagacaagaatggggcggtacggccggcgacatctgctcaccctgacggagctt tggccctatcgtggggggccagcctccggcctcgcgctaatgatcttccgaggttcactacggaacctgttacactttacttcc
63p6 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
caagacggccgcttacggccattaccgacatccgagccggagcgcttctcagtcaccgacggccgacttcacccccgctataagacgtcc cgagagacgacacattccggggccttgaccggcgtcgaactgatgctggccgggagacgaggaatacagggcgacgagcaccgctgaa ccccccccgagctgcccgaagcgtcctcttcaacaattcagctgctgttaactcccttcaaggtgcttttaaccttcgactctacttctggc



ctatcggctccggccaatattagctttagatgaaatfaccacccgcttagagctgcatcccaacaactc gactcgtcgaaggagcttcacacgggcg cggaccgcccgccaaagacgggattctcaccctctctgacgtctgtccaaggaacttagacggcgccgcaccggaagcatctctgcaaattaca ctcggggcccccgggggagccagattcaaatfagctctgccgctcactcgcgctfactggggcaatccctgtgtttctttctcc
<b>Isolat JW063p7</b> 63p7 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gatatgcttaagttcagcgggtatccctacctgatccgaggtcaacctgataagataaaaacagattttgagggcaggggcgccggctcctggagggcgtg gtttgttccattcgcctaggaagccggaatcgcgccctggcactgcttttcggcgccgtccgcacccccaaaagacggggcgccggacggcgtg ccatcacacaagccgggctfagggctgaaatgacgtcgaacaggcatgcccccggaatgccagggggcgcaatgctcgttcaagattcgtg attcacggaattctgcaattcacattactatcgcattcgtcgtcttcctcgcgtccgggaaccaagagatccgttggtaaagtttaactgattttgctg ctaacgctcagactgacagctctctgaaagaatttttgcgtctgcctccggcgccgcggttccagcgtttagccactaaagagagggctcggcaacg gctctcctgggagagcgcggcccgcgaggaaccgagtaatgtagacaagaatggggcggtacggccggcgcaatctgctcaccctgacggag gtttggccctatcgtggggccagcctccggcctgcgcgctaatgatcctccgaggttcacctacggaaaccttgttacgactttactctctaa
<b>Isolat JW064p1</b> 64p1 ITS (ITS4): internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
cccggcgaggacagacaccaagaaaaattctctgaagagctgacgtctgagcgtttaagcaagcacaatcagttaaacttcaacaacggatctctg gttccggcatcgatgaagacgcagcgaatgcgataagtaattgtaattcgaatccgtaaatcagtaatttgaacgcacattgcgccctctggc attccggggggcagctgttcgagcgtcattcaacccctcaagccggctgtgtgatggacgaccgtccggcccctccctcggggggcgggagcgcg cccgaaaagcagtgggccagggcgcgattccggcttctagggcaatggcgagccaattcagcgcctcaggaccggccgcctggcccaatcttat atatata
<b>Isolat JW066p3</b> 66p3 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tagaggaagtaaaagtcgtaacaaggtcctcgtaggtgaacctgcggaggatattacaagtaccccggtcctaaccaccgggatgttcataaccctt gtgtccgactctgttgcctccggggcgaacctgcctcggcgggggctccgggtggacactcaaaccttgcgtaacttgcagctctgagtaattaa ttaataaataaaactttaaacaacggatctctgttctgcatcgatgaagaacgcagcgaatgataagtaattgtaattgcagaattcagtaaatc cgaatcttgaacgcacattgcgccctggtattccggggggcagctcctgagcgtcattcaccactcaagcctcgttggattgggaacgcgg tccgccgctgctcaaatcaccggctgggtctctgctcccgaagcgttggaaactatcgttaaggggtcctcgggaggtacgccgtaaaacaa accatttcaagggtgacctcggatcaggtaggataaccgctgaacttaagcatataaagggag
<b>66p3 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
agcggaggaaaagaaaccaacagggtgctctagtaacggcgagtgaaagcagcaatagctcaaatfagaatctggcgtcttcgacgtccgagttgta atgttagaggatctctgagtaaccaccgacctaaagtcttggaaacaggacgtcatagagggtgagaatcccgatcgggtcggaaagggtgctctata cgtagctcttcgacgagtcgagttgttgggaatgacgtcctaattgggaggtaaattcttaagcctaataattggccagagaccgatagcgcacaag tagagtgatgaaagatgaaagcacttggaaagagagttaaaagcagctgaaattgttaaaagggaaggattgcaaccagactgctcgcgggtt ccgccgctcttaccggctactcgcggtgcaaggccagcatcgtctgtgccgctgataagacttgaggaatgtagctcctcgggaggtgta gcctcttggatgacgagcgcggggcaggtccgcgctcggctagatgctggcgtaatggtcgtaatccgccgcttga
<b>Isolat JW066p4</b> 66p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
cgcttattgatgcttaagttcagcgggtatccctacctgatccgaggtcaaccttagaaaaattgggggttgggtgcgacaggcgccggccgggcctaca agagcgggtgacaagccccatagcgtcagggaccggacgcggtgccgccgcttccggccgccccgcggtgaggcgggggacgggggc ccaacacacaagccgtgcttagggcagcaatgacgctcggacaggcatgcccccggaataccagggggcgcaatgtcgttcaaagactgatga ttactgaaattctgcaattcacattagttatcgcattcgtcgtcttctcgcgtccgggaaccaagagatccgttggtaaagtttaactgattatgataatc aactcagactgcaaaactcagaacagagttcatgttgggtcttcggcgccgcccggggcgccggagggcctcccggcgccgctccggaag acggcggggcccgggaagcaacaaggtacaatagacaggggtgggaggtggaccagagggcccgcactcggtaatgatcctccgcaggttac ctacggaaacctgttacgactttactct
<b>Isolat JW067p1</b> 67p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tattgatgcttaagttcagcgggtatccctacctgatccgaggtcaacctgaaaaatgggggttgggtgcgacaggcgccggccggcctga gggcgctgaattggctgccattcgcctaggaagccggaatcgccgctggcactgctttcggcgccgtcccggccccgaaaggagggggcggga cggctgctcatcacacaagccggcttaggggtgaaatgacgctcgaacaggcatgcccccggaatgccagaggcgcaatgtcgttcaaaga ttcgtgattcaggaattctgcaattcacattactatcgcattcgtcgtcttctcgcgtccgggaaccaagagatccgttggtaaagtttaactgatt gtcttgtaaacgctcagactgacagctctcagagaattttctgtgctgtctcctccggcgccgctccggctcaggctcccagaaggggccc ggcgagcgtctcctggcaggggagcgcggcccccggaggcaaccgggtgaggtgagaaagatgggggcgtacggccggcgacgctc ctcaccctgatggaagctcgttccctatcgtggggggccagcctccggcctcgcgcttaagatcctccgcagctcactcaggaacacctgttacga ctttactctcctaaatg
<b>Isolat JW067p2</b> 67p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
taagttcagcgggtatccctactgatccgaggtcaacctgataagataaaaacagattttgagggcaggcgccggctcctggagggcgtgtgtttgccc attcgcctaggaagccggaatcgccgctggccactgctttcggcgccgtcccgcacccccaaaagacggggcgccggacggctgctcacaaca agcgggcttaggggctgaaatgacgctcgaacaggcatgcccccggaatgccagggggcgcaatgtcgttcaaagattcagattcagggaa ttctgcaattcacattactatcgcattcgtcgtcttctcgcgtccgggaaccaagagatccgttggtaaagtttaactgattttgctgtaacgctca gactgacagctctctgaaagaatttttgcgtctgcctccggcgccgctccagcgtttagccactaaaagagaggtcggcgaacggctcctctg

gagagcgcggcccgaggcaaccgagtaatgtagacaagaatggggcggtagcggcggcgcacatctgctcacccctgacggacgtttggcct atcgtggggggccagcctccggcctgcgcgctaatgatcctccgcaggtcacctacggaaacctgttacgactttactctctctaaa
<b>67p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
gaggaaaaaacaacagggaattgcccagtaacggcgaagtgaagcggcaagagctcaattgaaatctggcctccccggggggccgagttgta atttgacagagatgcttgggtgcccggcgtctaatgcttggaaacagagctcagagagggtgagaatcccgtctggggggcgggtccgccc cgtgtaagctcctcgcagctgagtggttgggaatgcagctctaaagggtggttaattcatctaaagctaaatattggccggagaccgatagcgc acaagttagatgacgaaaggttaaaagcaccttgaaaaggagtaaacagcacgtgaaattgtgaaagggaagcgttggccgagactcggggg cggggttcagcgggtgctcgtcggcgttattctcgtctcccggccagcatcagtttcgacggcggcgtcaaaaggccccggaaatgtgctcctc ggacgtcttatagccgggggtgcaatgcccggcgtcgggactgaggaaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggccgtaagcggccgt
<b>Isolat JW067p3</b>
<b>67p3 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</b>
gttatgatgcttaagttcagcgggtatccctactgatccgaggtcaacctgataagataaaacagattttgagccaggcggcggcgtctgagggc ctgtttgttgcctatccgctaggaagcgggaatcggcggcctggcactgctttcggggcgtcccgacccccaaagacggggggcggcggacggt cgtccatcacaaagccggcgtgagggctgaaatgacgctcgaacaggtatccccggaaatgccagggggcgaatgtcgttcaaaagattc atgattcacggaattctgcaattcacattactatcgtcattcgtcgttctcagcagccggaaccaagagatccgttggaaagttaactgattttgc ttgtaacgctcagactgacagctcttgaagaatttttgcgtctcctcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggc cggctcctgggagagcggggccggc gacgtttggcctatcgtggggggcagcctccggcctgcccgttaatgatcctccgca
<b>Isolat JW067p5</b>
<b>67p5 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
tttcatatccaataagcggagaaagaacaacagggtgctctagtaacggcgaagtgaagcagcaatagctcaattgaaatctggcgtcttcg gctccgagttgtaattgtagaggatccttggcagccaccgacctaaagtcttggaaacagagctcatagagggtgagaatcccgtatgctc gaaagcaccctacagctgctcctcgcagctgagttgttgggaatgcagctctaaatgggaggtaaattctctaaagctaaatattggccagga ccgatagcgcacaagtagatgacgaaagatgaaaagcacttggaaagagagttaaaaagcacgtgaaattgtgaaagggaaggattgcaacca gactgctcgggtgttccggcgtctctgaccggtctactcggcgttcgagccagcatcgtctggtcggcgtgataagacttgaggaatgtagct ccctcgggagtgattatgctctgtgatgcagcagcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggc aa
<b>Isolat JW067p6</b>
<b>67p6 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</b>
tcttgctatttaggaagtaaaagcgaacaaggttccgtaggtgaacctcgggaaggatcattaacgcgagccgggaggtggccccccacga tagggaccgacttccatcaggggtgagcagagctgcggcggcgtacggccccattctgtctacccaccgggtgctcggcggggcggcgtccc cctgccaggagagccgtccggcggggccctctgggagcctcagcggaccgcggccgggagacagacaccaagaaaaattctctgaag agctgtcagctgagcgtttagcaagcacaatcagttaaacttcaacaacggatcttgggtccggcagcagcgaatgagataag taattgaaatgcagaatccgtgaatcatgaatcttgaagcgaattgcggcctctggcattccggggggcagcctgttcgagcgtattcaaccct caagcccggcttgtgatgagcaccgtccggccctcctcggggggcgggacgcggccgaaaagcagtgccagggccgcatccggcttcta ggcgaatggcagcgaattcagcggcctcaggaccggcggcctggcccaatcttatatatatatctttcaggtgacctggatcaggtaggg ataccgctgaactaaagcatac
<b>67p6 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
ttcaagacgggcccgttacggcattacgccagcatccgagccggagcggcttctcagctcgcagggccgcatcacccccgggtataagacgtcc ctagagacgacacattccggggcctttgaccggcgtcgaagctgatgctgcccggggagcgggcaagtgcacggcggcagcggccgctgaa ccccggccccgagcttggccgcaagcgttcccttcaacaatttcaacgtgctgtttaaactccctttcaaggtgctttaaactttcgtactctactgtgc gctatcggctcggccgggtatttagctttagataaaattaccaccgcttagagctgcatccaaacaactcgaactcgtcgaaggagcttcaacgggc gcccggcccccggcaagacgggattctaccctctctgacgtcgttccaaggaacttagacggggggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggc aactcggacccccgggggagggccagattcaaatgagctcttggcgtcactcggcgttact
<b>Isolat JW067p7</b>
<b>67p7 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</b>
gatcattagcgcgagggcggaggctggccccacgataggccaacgtccgtcaggggtgagcagatgtgcggcggcgtaccggccattctt gtctacattactgggtgctcggcggcggcggcgtctcccaggagagcggctcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggc ggacagagcgaaaaaattcttcagaagagctgcaagctgtagcgttagcaagcgaataatcagttaaacttcaacaacggatccttgggtccggcagc gatgaagaacgcagcgaatgcaataagtaattgaaatgcagaattcgtgaatcagcgaatcttgaacgcacattgcggccccctggcattccggggg gcatgctgttcgagcgtcattcagcccccaagcccggccttgtgtgatgagcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggcggc aagcagtgccagggc tatacgtgactcggatcagctagggataaccgctgaaactaaagcagataataagcggag
<b>67p7 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
tagcggagaaagaacaacagggaattgcccagtaacggcgaagtgaagcggcaagagctcaattgaaatctggcctccccggggggccgga gttgaatttgcagagatgcttgggtgcccggcgtctaatgcttggaaacagagctcagagagggtgagaatcccgtctggcggggcggcggc ggc agcgcacaagtagatgacgaaaggttaaaagcaccttgaaaaggagtaaacagcacgtgaaattgtgaaagggaagcgttggccggcagactc ggggggcgggggtcagcgggtgctcgtcggcgttattctcgtctcccggccagcatcagtttcgacggcggcgtcaaaaggccccggaaatgtgctg ctctcgggacgtcttatagccgggggtgcaatgcccggcgtcgggactgaggaaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggccgtaagcggccc

gtc
<b>Isolat JW067p8</b>
67p8 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
aggaaagtaaaagtcgtaacaaggtttccgtaggtgaacctgcggaagatcattagcgcgagccggaggctggccccccacgataggccaaac gtccgtcaggggtgagcagatgtgcgccggcgtaccgccattcttctactactactcggctgctcggcggccgctctccaggagagccgt tcggcgagcctctcttaagtgctaaacgctggaccgccccggaggacagacgcaaaaaattcttcaagaagctgtcagctgagcgttagc aagcaaaaatcagttaaaactttcaacaacggatctcttggtccggcatc gatgaagacgcagcgaatgcgataagtaattggaattcagaattccgt gaatcatcgaattttgaacgcacattgcgccccctggcattccggggggcatgcctgttcgagcgtcattcagcccccaagcccggctgtgtgatgg acgaccgtccggcgccccgtctttgggggtcggggacgcgccgaaaagcagtgggcaggccgattccggcttctaggcgaatgggcaacaa accagcgcctccaggaccggccgcccctggcctcaaaatctgtttatactatcaggttgacctcggatcagggtaggataccgctgaacttaagcata tca
67p8 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
gaggaaaaaacaacacagggattgccccagtaacggcgagtgaaagcggcaagagctcaaatgtgaaatctggcctccccggggggccgagttgta atgtgacagaggatgctcgggtcggccgcccgtctaaatgcttggaaacaggacgtcagagagggtgagaatcccgtctggcgggcggtccggcc cgtgtgagctcctcgcagctgagtggttgggaatgcaacttaagcgggtgtaaaatctcatctaaagctaaatattggccggagaccgatagcgc acaagtagagtgatcgaaggttaaaagcaccttgaaaaaggagtaaacagcacgtgaaattgtgaaagggaagcgtcggccagactcggggg cgggggtcagcgggtgctcgtcgtccgtgtattcctcgtctccggccagcatcagtttcgacggccggcgaaggccccggaaatgtgtcgtctc ggacgtctatagccgggggtgcaatgcggcccgtcgggactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgaatggccgtaagcggccgt
<b>Isolat JW069p1</b>
JW069p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
agaggaagtaaaagtcgtaacaaggtttccgtaggtgaacctgcggaagatcattaccgagtgccggccctctgggtccaacctcccaccgtgttat cgtacctgtgtcctcggcggggcccgcctctcggacggccgcccgggagggcctccgcgccccggggccgcgccgcccgaagaccacaacatga actctgtctgaaagtttgcagctctgagttgattatcataatcagttaaaactttcaacaacggatccttggtccggcatc gatgaagacgcagcgaatg cgataactaatgtaattgcagaattcagtaatcatcagctcttgaacgcacattgcgccccctggtattccggggggcatgcctgtccgagcgtcattg ctgccctcaagcacggttgtgtgtggccccctccccggttccccggggacggggcccgaagggcagcggcggcaccgcgtccggtctcagc gtatggggcttgcaccgctctgttagggccggccggcgcctgtcgcaccaaccaatfttctaaggttgacctcggatcaggtagggataaccgct gaacttaagcatatc
<b>Isolat JW070p1</b>
70p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tcttgctcattagaggaagtaaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaacctgcggaagatcattaccgagtgccggccctctgggtccaacctcccaccgtgttat gttacctataaccgttctcggcggggccccggggttaccccccggcgccccctgggccccaccggggcggccgggaggtcaccaaactct tgataattatggcctctctgagcttctgactgaataagtaaaaactttcaacaacggatccttggcttggcctc gatgaagacgcagcgaatgcgat aagtaattggaattgcagaatcagtaatcatcgaatcttgaacgcacattgcgccccggcagcattctggcgggcatgcctgttcgagcgtcattcaac catcaagccccggcctgtgttggggacctgcggctgcgcagccctgaaaagcagtgccgggctcgtctcgcaccgagcgtagtagcatacat ctcgtctggtcgcgccgggggtccggccggttaaacacccttttaaccaaggttgacctcggatcaggtaggagaccgctgaacttaagcatatca
<b>Isolat JW070p3</b>
70p3 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gcgttgcatttagaggaagtaaaagtcgtaacaaggtttccgtaggtgaacctgcggaagatcattaacgcgagccggaggctggccccccac gataggaccagacgttccatcaggggtgagcagacgtgcgccggcgtacccccattcttctacctaccgggtgctcggcggggccgcgctc ccctgccaggagagaccgtccggcgggccccctctgggagcctcgcagccggaccgccccggcggaggacagaccaagaaaaatftctga agagctgtcagctgagcgtttagcaagcacaatcagttaaaactttcaacaacggatccttgggtccggcatc gatgaagaacgcagcgaatgcgata agtaattgtaattgcagaattccgtgaatcagtaatcttgaacgcacattgcgccccctggcattccggggggcatgcctgttcgagcgtcattcaacc ctcaagcccggcgtgtgtgatggacacgtccggccccctcctcggggggggagcgcgccgaaaaagcagtgccagcgcgctgattccggctcc tagggcaatgggagccaattcagcggcctcaggaccggccgcccctggccccaatctttatataatataatcttttcaaggttgacctcggatcaggtagg gataaccgctgaacttaagcatatcaataa
70p3 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
cctccgtgtgaaagtcctcgcagcagctgagttgttgggaatgcagctcgaagcgggtgtaaatctcatctaaagctaaataaccggccggagaccgata gcccacaagtagagtgatcgaaggttaaaagcaccttgaaaaggagttaaacagcagctgaaattgtgaaaagggaagcgttgcggccagactc ggggcggggttcagcggcgctcgtcggcgtcactgcccgtccccggccagcagcctcgcagggccgtcaaaagccccggaaatgtgt cgtctcaggagcgtctatagccgggggtgcaatgcggcccgtcggactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgaatggccgtaagcgg cccgtc
<b>Isolat JW070p4</b>
70p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ttatgatgcttaagttcagcgggtatccctacctgatccgaggtcaacctgaaaagatataatataataaagattggggccaggcggccggctcctga ggcgctgaattgctgccattcgcctagggaagcggaaatcggcctgcccactgctttctggcgcgctcccggccccgaaggaggggccgga cgctcgtccatcacacaagccggcgttgggggtgaaatgacgctcgaacagcagctgccccggaaatgccaagaggcgaatgtcgttcaaaaga ttcagatgattcaggaattcgaattcacttactatcgaattcgtcgtcttctcagatgcccgaaccaagagatcgttgtgaaagtfttaactgatt gtcgttctaaacgctcagactgacagctctcagagaatttttctgtgtctcctccggcggcgcggtccggctcaggctcccaagggggccc ggcggagcgtctccctgcagggggagcggccccggcggcaaccgggtgaggtagacaagaatggggcgtacggccggcgcacgtctg ctcaccctgatggaacgtcggctcctatcgtggggggccagcctccggcctgcgcttaatgatcctccgagt

<b>Isolat JW071p5</b>
71p5 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tcctccgcttattgatatgcttaagttcagcgggtatctactctgatccgagtgcaacattcagaagttgggggttaacggcttgccgcgccgctacca gttgcgaggggttactactacgcaatggaagctgcagcagaccgccactagattcggggccggctgcccaaggctcggcgcaccccaacc aaaccgggggcttggaggtgaaatgacgctgaacagcagcagccgcagaatactggcgggcgcaatgtcgttcaaagattcagatcactg aattctgcaattcacttactatcgcaatttgcgttctcactgatccagaaccaagatccgtgttgaagttttgattttatggtttactcagaag ttacatatagaacagagtttaggggtcctctggcgggctcccgtttaccgggagcgggctgatccgccgaggcaacaattggtatgttcacagggg ttgggagttgtaaacctcgtaaatgatccctccgctggttcaccaacggagacctgttacgactttacttctctaaatgaccaaga
71p5 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
ggaggaaaagaaaccaacagggtatgccttagtaacggcggagtgaaagcggcaacagctcaaattgaaatctggctctcgggcccgagttgtaattgt agaggatactttgatgcgggtcctccgagttccctggaacgggacgccatagagggtgagagccccgtctggttgatgccaaatctctgtaaagtcc ttcgacgagtcgagtagttgggaatgctgctctaaatgggaggtatattctctaaagctaaataccggccagagaccgatagcgcacaagtagagtg tcgaaaagatgaaaagcactttgaaaagagaggttaaaaagtagctgaaattgtgaaagggaaagcgtttatgaccagacttgggcttggtaatcactggg gttctcccagtgcaatttccagtcaggccagcatcagtttccccggggataaaagacttcgggaatgtggctctctcggggagtggtatagccggt gtgtaataccctgggggggactgaggttcgcgcatctgcaaggatgctggcgtaaatggtcatcaacgaccgcttg
<b>Isolat JW071p7</b>
71p7 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tagaggaaagtaaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaacctcgggaaggatcactactgattgcttaattgcaccacatgtgttttcttgaacaact gctttggcggggccagcctgccgcaaggtctaaactacaacaaatttttatcaactgtcacaccagattactaataatgcaaaaacttcaacaa cggatctcttgggtctcgcagcaggaagcagcgaatgcgacagtaaatgaattgcagatattcgtgaatcactgaatcttgaacgcaacttgcg ccctctggtattccggagggcagcctgtttgagcgtctttctccctcaaacgcgtgggtttggtgtgagcaatacagacttgggttgccttgaagagcgtg agtgttaagcgggagccttgaacaatggcttagtctaaccaaaacattgcttggcggtaacgtccaccagatatacttcaaaacttgacctcaaa tcaggtaggactaccgctgaacttaagcatatca
71p7 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
gaggaaaaagaaaccaacagggtatgcctcagtagcggcggagtgaaagcggcaaaagctcaaattgaaatctggcgtcttggcgtccgagttgtaattg aagaaggtatcttgggccgctctgtctatgttcttggaaacggagcgtcacagagggtgagaatcccgctgcgatgagatgaccgggctctgtgtaa gttctctcagcagtcgagttgttgggaatgcagctctaaatgggtgtaaatccatctaaagctaaatattggcgagagaccgatagcgaacaagtac agtgtgaaagatgaaaagcactttgaaaagagagtgaaaagtagctgaaattgtgaaagggaaagcgttgagatcagacttggatatttgcagctg ctctctcgggggcccggcgtgcggttaccgggccagcagcgttggagcggcaggataatggcggaggaaatgggcacggcctctgctgtgtgtat agcctctgacgatactgccagcctagaccgaggactcgggttttaacctaggatgttggcataatgatcttaagtcgcccgt
<b>Isolat JW071p10</b>
71p10 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tagaggaaagtaaaagtcgtaacaaggtcctcgggtggaaccagcggaggatcattaccgagttfacaactcccaaacctgtgacataccaattgt gcctcggcggatcagcccgtcccgtaaacgggacggcccggcagaggaccctaaactctgttctatatactctgagtaaaaccataaataa atcaaaacttcaacaacggatccttggctctgcatcaggaagcagcaaaatgcgataagtaattgaaatgcagaattcagtaaatcatgaat cttgaacgcacattcggcccagcattctgcccgggcatgctctgagcgtcattcaacctcaagccccgggttgggttggggatcggcggag ccctcggcgaagccggccccgaaatctagtgccggtctcgtcagcttccattgcgtagtagtaaaacctcgcaactgtgacggcgcggccaa gcccgttaaaccccccaactctgaatgttgacctcggatcaggtaggaaataccgctgaacttaagcatatca
<b>Isolat JW073p1</b>
73p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ttgatagcttaagttcagcgggtagctcactgattgaggaatagcatggtgcagtgaaagcgtgacttcgctcggatattgatttagcggatgc aaaaccacctggcgggtgagaagaatcacgctcaaacaggcatgcttggagaatgcccaaggcgaatgtgcgttcaagattcagatgattcacgt ctgcaagtcatactagctatcattcgtcgttctcactgatgcgagaaccaagagatccggttgaagtttataatgttaattgaactaacgtgt gggtttataatctaaaacagtggtttgtaagttttatgatccttccgaggttcactacgaaacctgttacgactttacttctctaaatgaccaaga
73p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
ggaggaaaagaaaccaacagggtatgcctcagtaacggcggagtgaaagcggcaagagctcaacttggaaatcgtccggcggagttgtagctggaggc ggccggtccgcttgcgaaccaaactaagctcttggaaagggcgttgaaggggtgacagccccgtgattttgtttgtgcttggccccgtgct tgccgacgagtcgagttgttgggaatgcagctctaaatgggtgtaaatccatctaaagctaaataccggcgagagaccgatagcgaacaagtacag aatgaaagatgaaaagcactttgaaaagagagtgaaacagtagctgaaattgtgaaagggaaagcgttgcagctagacaactgtcagcatcgggtg gagcggaaactaaaagtgaggagctgatgtagcaacccccggggttgcattatacaactctcagatggttctcgtcggccgaggatcgctatttga aggatgctggcgaatggctgcaagccaccgctct
<b>Isolat JW073p2</b>
73p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
ggaggaaaagaaaccaacagggtatgccttagtaacggcggagtgaaagcggcaacagctcaaattgaaatctggcctcgggtccgagttgtaattgt agaggatgctttgtgctggtcctccgagttccctggaacgggacgccatagagggtgagagccccgtctggtcggataccaatctctgtaaaagctc cttcgacgagtcgagtagttgggaatgctgctctaaatgggaggtatattcttctaaagctaaataccggccagagaccgatagcgcacaagtagagtg atcgaaaagatgaaaagcactttgaaaagaggttaaacagtagctgaaattgtgaaagggaaagcgttgcagcagacttggccccgttaatcatcca gtgttctactggtcacttggccggcccaggccagcatcagttcggcgggggataaaagcctcgggaatgtggctccccgggagtggtatagccc gttgcgaataccctcgcgtggactgaggttcgcgcatctgcaaggatgctggcgtaaatggtcatcagcga

<b>Isolat JW073p4</b>
73p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ttatgtcttggcattaggaagtaaaagtcgtaacaaggtctccgtaggtgaacctgaggagggatcattacaagtaccaccgggttaaccaccgggatgttcataacccttgggtgcccactctgttgcctccggggcgacctgctcggggggggctccgggtggacacttcaactcttgcgtacttgcagfctgagtaaaactaataataaaactttaaacaacggatctctgttctggcatcgtatgaagaacgcagcgaaatgcgataaagtaagtgaattgcagaattcagtgaaatcgaatcttgaacgcacattgcccctggatfctccggggggatgctgttcgagcgtatccaccactcaagcctgcttggatfgggcaacgaggctccgcccgtcctcaatcgaccggctgggtcttctgcccctaagcgttgggaaactatfcgtaaaagggtgctcgggaggctacgcccgtaaaacaaccacttctaagggtgacctggatcaggtagggatacccgctgaacttaagcatatcaa
<b>Isolat JW074p1</b>
74p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ttcgacggctggcctacgcccggaccgatgaggtgcttactactacgaggggcccgcggcgggaccgccacttcatttaaggcctgcccggcttctacaccgcagatcccctaccggggcgccggcagggcccctagggaccgaaccccgcactagggagaactgactctcggatcggcatgcccggcatattgctgctggcgaatgctggtcaagattctatgattcactgactctgcaattcacattactatctcatttgcgttcttcatcgtatgccagaa ccaagagatccgtgttgaagtttactgttttcaagattaatcagaacgtacagtcacttggcaattaagagttcggcggcccggggggggcccggggtgggagcggccgaccgctccaccgcagacctatcggcaggcaacgctgcaatggggtagtgtcacaaaatgggtatgaagagt aactcggtaatgatccctccgctgggtcaccacggagacctgttaccacttttact
74p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
gagtgagcggcacagctcaattgaaatctggctcccttgcggggcccagttgtaattgaaaggatgcttctgcaaggtgcttccgagttccctgg aacgggacgccgtagagggtgagaccccgtacggtaggacgccgacctctgtaagctctcgcagagtcgagtagtttgggaatgctgctcaaa atgggaggtaaacccctctaaagctaaatactggccagagaccgatagcgcacaagtagagtgatcgaagatgaaagcacttgaagagaggtta aaaagcacgtgaaattgtgaaagggaaagcgttgcacagactcgcgccgtcggatcagccgtcgttgcggcggtgactccggcgggctcgg gccaagatcagttcgcctcgggggagaaagggcgaggaatgtggctctcggagtgattatagcctgcccgtataatccccggcgggactgaggac cgcgctatcaggatgctg
<b>Isolat JW074p4</b>
74p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gatccgaggtcaacctgaaaagatatatatataaagattggggccaggcggcggctcctgagggcgtgaattggctgccattcgcctaggaa gccggaatcggcctggccactgcttctggggcgcgtcccgcaccccgaaggaggggccggacggctgctccatcacacaagccggcttggagg gttgaaatgacgctgaaacagcatgccccggatgccagagggcgcaatgtgctgcaagattcagatgattcaaggaattctgcaattcacattact atcgcatttgcgtgcttctcatcgtatccggaaccaagagatccgttgtgaaagtttaactgattgtgcttctaagcctcagactgacagctctcag agaattttcttggctgtcctccggcggggcggctcggctcagggctcccagaagggggcccggcggacggctcctggcagggggagcgcgcg gccgccgaggcaaccgggtgaggtagacaagaatgggggctagcggcggcgcacgtctgctcaccctgatggaacgctggctcctatcgtggg gggccagcctccgcccgtcgttgaatgatcctccgcaggttccactacgaaacctgttacttacttctctca
<b>Isolat JW074p5</b>
74p5 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tyctaaagttcagcgggtattcctacatgacgaggtcaacgttctggtgagattgctcttcttttttttacggccggagcctgctggcaccacggg cgacatattgctactaccccggacacacagcaggctccgccactgacttcaagggcccacggcggcagggcccgtggcggcccaacaccaagcagt gcttggagggtgaaatgacgctcgaacagcatgcccggcagagtgctggcggcgcaatgtgcttcaagattcagatgattcactgaattctgcaait cgcattacttaccatttctgctgcttctcatcgtatgtagcgaagagatccgttgtgaaagttttatcgcatttaccatgtagagactcagagttca ggtagttacagaatagtttaagggcttccggcgggcccgggggggctgcaactcctcccggagctgcccggcgaacgacgcccagcaggtatggtcacagtggtttgggagttttcaactctgtaatgatcctccgctggttaccacacggagacctgttacaacttttacttctctaaa
74p5 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
tcaataagcggagaaaagaaccaaggattgccccagtaacggcagtgaaagcggcaatagctcgaattgaaatctgcttcggcccaggt gtaactgttagaggacgctttggcgggtgcttccgagttccctggaacgggacgccacagaggggtgagagcccgtatggcgataccaagcctc tgtaaaagctcctcagcagtgagtagcttgggaatgctgcttaagtgggaggtaaacttcttaagctaaataaccggctagagaccgatagcgcac aagtagagtgatcgaagatgaaagcactttgaaaaggggttaaacagtacgtgaaattgtgaaagggaaagcgttgtgaccagacttgcgggg ctgatcaccagcgtctccgctggtgactcggcccggctcaggccagcgtcggttggcggggggataaaaagcctagggaaatgtagctcccc ggaggagtgtatagccctccgcaaatatccccggcggcagggaggtccgcgccctgcaaggacgctggcgtaattggtcatcagcgaccctgtgaa
<b>Isolat JW074p6</b>
74p6 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tctctcccctattgatcttaagtacgagggatccctactgatccgaggtcaacctgaaagaaaatggttggacgtcggctggcggcccggcggc cctaaatcagcgggtgacaaaagccatagcctcagagaccggacacgggtgcccggcctgcttctggggcccgtccccgggggggacgacgac ccaacacacaagcgggctgatggcgagcaatgacgctcggacagcagcatgccccggatgccaagggggcgcaatgtgcttcaagactcagat gattcactgaattctgcaattcacttactatcagcttctgctgcttctcatcgtatccggaaccaagatccattgtgaaagtttactgattttatatt cagactcagactgcatcactctcagcagatgaagttcagtagtccccggcggcctcggcccggagggctccccggcgaacagctgttaggtagtc acgggtgggaggttggggcccggagcagcccgcactcagtaatgatccatccgagttcacctacagga
<b>Isolat JW074p7</b>
74p7 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gtgaacctgaggaggtatcaacgcgacggccggaggtggccccacgataggaccagcttccatcaggggtgagcagactgcccgg ccgtaccccccacttcttactcaccgggtgctcggggggcggcctccccctgcccaggagagcgtccggcggggccccttctgggagcct cgagcccggaccgcccggggagggacagacacaaagaaaatctctgaaagctgtcagctgtgagcgttgaagcacaatcagttaaaactttc

<p>aacacggatctcttggctccggcatcgatgaagaacgcagcgaaatgcgataagtaatgtaattgcagaattccgtgaatcatcgaatcttgaacgca cattgcgccctctggcattccggggggcatgctgctgagcgtcattcaaccctcaagcccggcttggtagtgacgaccgtccggccctccctc ggggcgggagcgcgccgaaaagcagtgccaggccgcgattccggctcctagggcaatggcgaccattcagcgcctcaggaccggccgc ctggcccaatctttatataatataatcttccagtgacctcgatc</p>
<p><b>74p7_LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b></p>
<p>atatcaataagcggagaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaagcggcaagagctcaaatfgaaatctggcctccccgg gggtccgagttgtaattgcagaggatgctcgggcgcggccccgtctaagttccttgaacaggacgtcagagagggtgagaatcccgcttggggc ggcggccgcgccgtgtaagctcttcgacgagtcgagttgttgggaatgcagcttaagcgggtgtaaatctcatctaaagctaaataccggccg gagaccgatagcgcaagtagagtgatcgaaggttaaaagcacttgaagggagtaaacacacgtgaaatgttgaaggggaagcgttgcg gccagactcggggggcgggttcagcggcgctcgcgccgtgactgcccggcagcatcagcttcgacggccgtcaagggccc cccgaatgtgctcttagggacgtctatagccgggggtgcaatgcggccgctgagactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatg cccgttaagcggccgctc</p>
<p><b>Isolat JW075p1</b></p>
<p>75p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p>
<p>cgfctactatgatatgcttaagtcagcgggtatccctacgtgacgggtaacactgataagataaaacagattttgagccaggcggccggctctgga ggcgtggttggccattcgcctaggaagccggaatcggcctggcactgctttcggcgcgctcccacccccgaagacggggggcggccgg acggctgcatcacacaagccgggctgaggggctgaaatgacgctcgaacaggcatgccccgggaatgccagggggcgaatgtgcttcaaa gattcagatgattcacggaattctcaattcacattactatcgaattcgtcgttcttcacgatgccggaaccaagatccgttggaaagtttaactga ttttgctgtaacgctcagactgacagctcttctgaaagaatttttgcgctcgtcctccggcggcgccggtccagcgtttagccactaaagagaggctc gccgaacggctcctctgggagagcgcggccccggaggaaccgagtaatgtagacaagaatggggcggtacggccggcgacatctgctcacc ctgacggagcttggcctatcgtggggggccagcctccggcctgcgctaatgaccttccgagtc</p>
<p><b>75p1_LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b></p>
<p>gaggaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaagcggcaagagctcaaatfgaaatctggcctccccggggcccgagttgta attgacagagatgctcgggtgcccgcgccgtctaagttccttgaacaggacgtcagagagggtgagaatcccgcttggcggggcggctccgccc cgtgtgaagctccttcgacgagtcgagttgttgggaatgcagcttaagcgggtgtaaatctcatctaaagctaaatattggccggagaccgatagcgc acaagtagagtgatgaaaggttaaaagcacttgaaaaggagttaaacagcacgtgaaatgttgaaggggaagcgttgcggccagactcggggg cggggttcagcgggtgctcgcgccgtgattctcctcgtcctccggccagcatcagttcagcggccgggtcaagggccccggatgtgctcctc ggagctctatagccgggggtgcaatgcggccgctgggactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggccgtaagcggccgctc</p>
<p><b>Isolat JW075p2</b></p>
<p>75p2 ITS (ITS1) : internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p>
<p>atagggcaaacgtccgctcaggggtgagcagatgtgcgccggcgtaccgcccattctgtctacattactgggtgctcggcggggcgcgctctcc caggagagccgttcggcgaacctctttagtgctaaccgctggaccgcccggcggaggacagacgcaaaaaattcttcagaagagctgtcag tctgagcgttagcaagcaaaatcagttaaacttcaacaacggatctcttggctccgcatcagatgaagaacgcagcgaatgcgataagtaatgtgaa ttcagaattccgtgaatcatcgaatcttgaacgcacattgcgccctggcattccgggggcatgctgttcgagcgtcattcagcccctcaagccc ggcttgtgtgatggacgaccgtccggcggccccgcttgggggtgcgggacgcgccgaaaagcagtgccagggccgcatccggctcctagggc gaatgggcaacaaccagcgcctccagaccgcccctggcctcaaatctgtttatactatcaggtgacctggatcagtagggatacccgctg aactaagcatatca</p>
<p><b>75p2_LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b></p>
<p>cggaggaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaagcggcaagagctcaaatfgaaatctggcctccccggggcccgagtt gtaattgacagagatgctcgggtgcccgcgccgtctaagttccttgaacaggacgtcagagagggtgagaatcccgcttggcggggcggctccgc gcccgtgtgaagctccttcgacgagtcgagttgttgggaatgcagcttaagcgggtgtaaatctcatctaaagctaaatattggccggagaccgatag cgcaagtagagtgatgaaaggttaaaagcacttgaaaaggagttaaacagcacgtgaaatgttgaaggggaagcgttgcggccagactcgg ggcggggttcagcgggtgctcgcgccgtgattctcctcgtcctccggccagcatcagttcagcggccggtaaaagggccccggatgtgctc ctcgggacgtctatagccgggggtgcaatgcggccgctgggactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggccgtaagcggccgct cttga</p>
<p><b>Isolat JW075p3</b></p>
<p>75p3 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p>
<p>ggtatgatatgcttaagtcagcgggtatccctactgatccgaggtcaacctgataagataaaacagattttgagccaggcggccggctctggaggcg ctggtttgttcccattcgcctaggaagccggaatcggcctggcactgctttcggcgcgctccgcacccccgaagacggggggcggcggacggg cgtccatcacacaagccgggcttggggctgaaatgacgctcgaacaggcatgccccgggaatgccaggggggcgaatgtgcttcaagattc atgattcacggaattctgcaattcacattactatcgcattcgtcgttctcagcagtgccggaaccaagagatccgttggaaagtttaactgattttgc ttgtaacgctcagactgacagctcttctgaaagaatttttgcgctcgtcctccggcggcgccggtccagcgtttagccactaaagagaggctcggca cggctcctcgggagagcgcggccccggaggaaccgagtaatgtagacaagaatggggcggtacggccggcgacatctgctcaccctgacg gacgttggccctatcgtggggccagct</p>
<p><b>75p3_LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b></p>
<p>ggaggaaaagaaccaacaggattgccccagtaacggcgagtgaagcggcaagagctcaaatfgaaatctggcctccccggggcccgagttg aatfgcagaggatgctcgggtgcccgcgccgtctaagttccttgaacaggacgtcagagagggtgagaatcccgcttggcggggcggctccgccc ccgtgtgaagctccttcgacgagtcgagttgttgggaatgcagcttaagcgggtgtaaatctcatctaaagctaaatattggccggagaccgatagc cacaagtagagtgatcgaaggttaaaagcacttgaagggagtaaacagcacgtgaaatgttgaaggggaagcgttgcggccagactcgggg cgggggttcagcgggtgctcgcgccgtgattctcctcgtcctccggccagcatcagttcagcggccggtaaaagggccccggatgtgctcctc</p>

gggacgtctatagccgggggtgcaatgcgccccgtcgggactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggccgtaagcggccccgtc
<b>Isolat JW075p4</b>
75p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ctccgctttattgatagcttaagttcagcgggtatccctacgtatccgaggtcaacctgataagtataaacagattttgaggccaggcggccggctct ggaggcgtggtttgtgccattcgcctaggaagccggaatcgcggcctggccactgctttcgggcgctcccaccaccaagacgggggcgc cggacgctcctatcacacaagccgggcttggggctgaaatgacgctcgaacagcatgccccggatgccaggggcgcaatgtcgttc aaagattcgtatgacggaattctgcaattcattactatcgaatttcgctcgttcttcatcgtccggaaccaagagatccgttgtgaaagttaa ctgattttgcttgaacgctcagactgacagctcttgaagaatTTTTGCTGCTGCTCCGGCGGGCGGGTCCAGCGTTAGCCACTAAAGAGG gctcgcgaacggctcctgggagagcggccgccagggaaccagtaagtagacaagaatggggcggtagccggcgccacatctgctc accctgacggagcttggccctatcgtggggggccagcctccggcctgcgcgtaagatgctctccgcaagggtcacctacggaacctgttacgacttt tacttctcta
75p4 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
ggagggaaaagaaaccaacagggttgcctcagtaacggcgagtgaaagcggcaagagctcaaatfgaaatctggcctccccggggcccagttgt aatftgcagaggatgctcgggtgcggcccgcttaagttccttgaacaggacgtcagagagggtgagaatcccgtctggcgggcggtccgcgc cgtgtgaaactcctcgcagagtcgagttgttggaaatgcagcttaagcgggtgtaaatftcatctaaagtaaatattggccggagaccgatagcg cacaagtagatgacgaaaggttaaaagcacttgaaggggagtaaacagcacgtgaaattgtgaaagggaagcgttgcggccagctcgggg gcggggtcagcgggtgctcgtcggcctgtattcctcgtcctccggccagcatcagtttcgacggccggtcaaaaggccccggatgtcgtctc gggacgtctatagccgggggtgcaatgcgccccgtcgggactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggccgtaagcggccccgtt ga
<b>Isolat JW075p5</b>
75p5 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tcagcgggtatccctactgatccgaggtcaactgataagtataaacagattttgaggccaggcggccggctcggaggcgtggtttgtgccattc cctaggaagccggaatcgcggcctggccactgctttcgggcgctcccaccaccaagacggggcgccggacgctcctatcacacaagcc ggccttgggggctgaaatgacgctcgaacaggcatgccccggatgccaggggcgcaatgtcgttcaagattcgtatgattacggaattctg caattcacattactatcgaattcgtcgttcttcatcgtccggaaccaagagatccgttgtgaaagttaactgattttgcttgaacgctcagactg acagctcttctgaaagaatTTTTGCTGCTGCTCCGGCGGGTCCAGCGTTAGCCACTAAAGAGGCTCGCCGAACGCTCCTCTGGGAGA gcgcgccccgccgaggaaccgagtaatgtagacaagaatggggcggtagcggcgccacatctgctcaccctgacggagcttggccctatcgt ggggggccagcctccggcctgcccgtatgatcct
75p5 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
agcggaggaaaagaaaccaacagggttgcctcagtaacggcgagtgaaagcggcaagagctcaaatfgaaatctggcctccccggggcccag ttgtaattgcagaggatgctcgggtgcggccgccgtctaaftccttgaacaggacgtcagagagggtgagaatcccgtctggcgggcggtccg cgccctgtgaaactcctcgcagagtcgagttgttggaaatgcagcttaagcgggtgtaaatftcatctaaagtaaatattggccggagaccgata gcgcaaaagtagatgacgaaaggttaaaagcacttgaaggggagtaaacagcacgtgaaattgtgaaagggaagcgttgcggccagactc ggggcggggtcagcgggtgctcgtcggcctgtattcctcgtcctccggccagcatcagtttcgacggccggtcaaaaggccccggatgtcgtc tctcgggacgtctatagccgggggtgcaatgcgccccgtcgggactgaggaacgcgctccgctcggatgc
<b>Isolat JW075p6</b>
75p6 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tattgatgcttaagttcagcgggtatccctacgtatccgaggtcaacctgataagtataaacagattttgaggccaggcggccggctcggaggcg ctggtttgtgccattcgcctaggaagccggaatcgcggcctggccactgctttcgggcgctcccaccaccaagacggggcgccggacggt ctcctatcacacaagccgggcttggggctgaaatgacgctcgaacaggcatgccccggatgccaggggcgcaatgtcgttcaagattc atgattcaggaattctgcaattcacattactatcgaattcgtcgttcttcatcgtccggaaccaagagatccgttgtgaaagttaactgattttgc ttgtaacgctcagactgacagctcttgaagaatTTTTGCTGCTGCTCCGGCGGGTCCAGCGTTAGCCACTAAAGAGGCTCGCCGA cgctcctcgggagagcggccccggaggaaccgagtaatgtagacaagaatggggcggtagcggcgccacatctgctcaccctgacg gacgttggccctatcgtggggggccagcctccggcctgcgcgtaatgatcctccgaggtcacctacggaacctgttacgacttt
75p6 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
tagcggaggaaaagaaaccaacagggttgcctcagtaacggcgagtgaaagcggcaagagctcaaatfgaaatctggcctccccggggcccga gttgaattgcagaggatgctcgggtgcggccgccgtctaaftccttgaacaggacgtcagagagggtgagaatcccgtctggcgggcggtcc gcggcctgtgaaactcctcgcagagtcgagttgttggaaatgcagcttaagcgggtgtaaatftcatctaaagtaaatattggccggagaccgat agcgcaaaagtagatgacgaaaggttaaaagcacttgaaggggagtaaacagcacgtgaaattgtgaaagggaagcgttgcggccagactc ggggcggggtcagcgggtgctcgtcggcctgtattcctcgtcctccggccagcatcagtttcgacggccggtcaaaaggccccggatgtcgtc ctcgggacgtctatagccgggggtgcaatgcgccccgtcgggactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgtaatggccgtaagcggcccc tct
<b>Isolat JW076p2</b>
76p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ttgatgcttaagttcagcgggtagctcctacgtatttgagaaatagcatggtcagtgaaagcgtgacttctgctggatatttattagcggatgca aaaccactggcggtgagaagaatcacgctcaaacaggcatccttggagaatgccccaggcgcaatgtcgttcaagattcgtatgattcagctc tgaagtcatactactatcgaattcgtcgttcttcatcgtcggagaaccaagagatccgttgtgaaagttaatttttaattgaactaactggtg ggtttataaatctaaacaggttttgaagttttaattgatcctccgaggtcacctacggaacctgttacgactttacttctctatgaccaaga
76p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
ggagggaaaagaaaccaacagggttgcctcagtaacggcgagtgaaagcggcaagagctcaaatfgaaatcgtccggcgagttgtatgctggaggc

ggccggtccgcttgcgcaaccaaataagtcctctggaacgagcgccttgaagggtgacagccccgtgattttgttgttgccttggccctggct tccgacgagtcgagttgttgggaatgcagctctaagtggtgtaaaftccatctaaagctaaataccggcgagagaccgatagcgcaaacgacag aatggaagatgaaaagcactttgaaaagagagtgaaacagctgtaaaattgtgaaagggaaggcttgcagctagacaactgacagcctgggtg gagcggaaactaaaagtgaggagctgatgtagcaacccccggggtgcaftatacaactctcagatggtcctgcttcccaggatcgcctattgaa ggatgctggcgaatggctgcaagccaccgctc
<b>Isolat JW076p3</b> 76p3 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
ggagaaaaaagaacacagggattgccttagtaacggcgcgagtgaaagcggcaacagctcaaattgaaatctggtccctcggggcccagattgtaatt gcagaggatgctttggcgcggtgcttccgagtgccctggaacgggacgccacagagggtgagagccccgatggcggacaccaagcctatgtaa agctccttcgacgagtcgagtagttgggaatgctgctcaaaatgggaggtaaaccccttctaaagctaaatctggccagagaccgatagcgcaaat agagtgatcgaagatgaaaagcactttgaaaagagagtgaaaaacagctgaaatgtgaaagggaagcgtttgcaccagacttgcgccctggga tcagccgtccctgtgggggtgcaactcggcgggctcagccagatcagttcgtcagggggagaagggcggggaatgtggcttccggag gttatagcccgccgtaataaccctcggcggactgaggaccgcgtaagcaaggatgctggcgtaatggctgcagcagaccgctc
<b>Isolat JW076p4</b> 76p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
aagttcagcgggtatcctcctgattgaggtcaaggtatgaattaaattgtggtggcactagcaaaataagcgttttgataaacctaagtcgcttaaaa taagttccacgtaaatcttcaacaacactagcgtattgctcaacaccaaaccgggggttggaggagaatgacgctcaaacaggcatgccctttgg aataccaaaggcgaatgtgctgcaagattcagattcagaatattcgaattcatattacgatacgcattcgtcgttctcatcgatgcgagaac caagagatccgttggaaagtgtgactattgtaataataaatacaagttgactgtaataaaaaagttggttagtataacctctggcggtagattgctccc gccacaaagaatgtgcaataaaaaacacatgtgtgcaatfaagccaatccagtaattgctccctccgcaagggtccactacggaacctgtrtaccaa tttacttctcca
76p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ggagaaaaaagaacacagggattgccttagtagcggcgcgagtgaaagcggcaaaagctcaaattgaaatctggtccttcagagtcgagttgtaatt gaagaaggtatcttgggtctgctctgtctatgttcttgaacagaacgacacagagggtgagaatcccgtcgcgatgagatgatccaggcctatgtaa gttccctcgaagagtcgagttgttgggaatgcagctctaagtggtgtaaatccatctaaagctaaatattggcgagagaccgatagcgcaaacgac agtgatgaaagatgaaaagcactttgaaaagagagtgaaaagtagctgaaattgtgaaagggaaggcttggatcagacttggattttgtatgttac ttctcgggggtgacctctacagttatcggccagatcagttggcggtaggagaattcgttggaaatgtggcacggcttcggtgtgttatagcctt cgtgatactgccagcctagactgaggactcgggtttatactaggatgttgcaataatgatcttaagtcgcccgtctt
<b>Isolat JW076p5</b> 76p5 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
aacgtgcggaggatcattacagattgaaaaactcccaaacactgtgaatcactctgccgcttgcctggcgggacgctccggggaggagctg ccgctcccttacggggggcggccggaaagccctataactactctgaatttggctggcaactctgagattagcatgcaaatgcgactaaaacaa aaaaactttcaacaacggatcttggctctagcctgatgaagacgcagcgaatgcgataagtaattgaaatgcaaatcagtaatcatcgaatc ttgacgcacattgcggccgacactctggcgggcatgctctgagcgtcattcaacctcaagccagcttgggttggggcggccaggaact tcggcgcgtgagcctgaaagtcagtgccggacttctgtgtgctcggcgtagtagtaaatatgctcctgtggacgcctgcgggctccttgcgtaa aacgcttcaaccagaaactgacctggatcaggtaggaatacccgctgaacttaagcatatcaataagcg
76p5 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
tagcggagaaaaaagaacacagggattgccccagtaacggcgcgagtgaaagcggcaaatagctcgaattgaaatctggcctaggcccagattgtaac ttagaggatgctttggcgcggtgcttccgagttccctggaacgggacgccacagagggtgagagccccgatggcggacaccaagcctctgtaaa gctccttcgacgagtcgagtagcttgggaatgctgcttaaatgggaggtaaactcttctaaagctaaataccggctagagaccgatagcgcaaacgta gagtgatcgaagatgaaaagcactttgaaaagagggttaaacagctgtaaaattgtgaaagggaagcgttgcaccagacttgcggcgggctgat catccagcggctcctgctgctgactcggcggcctcagccagcgtcgggtgctcggggggataaaagcctagggaatgtagctcctccggggag gttatagccctccgcaataatccccggcggcagcagagtcggcggcctgcaagacgctggcgtaatggctcagcagaccgctcttga
<b>Isolat JW076p6</b> 76p6 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
aagcggagaaaaaagaacacagggattgccttagtaacggcgcgagtgaaagcggcaacagctcaaattgaaatctggtccctcggggcccagttg taatttcagaggatgctttggcgcggtgcttccgagtgccctggaacgggacgccacagagggtgagagccccgatggcggacaccaagcctat gtaaagctccttcgacgagtcgagtagttgggaatgctgctcaaaatgggaggtaaacccctctaaagctaaatctggccagagaccgatagcgca aagtagagtgatgaaagatgaaaagcactttgaaaagagagtgaaaagcagctgaaattgtgaaagggaagcgtttgcaccagacttgcggcct cggatcagccctcctcgtggcggtgcaactcggcgggctcagccagcatcagttcgtcaggggggagaagggcgggggaatgtggctcttc ggaggttatagcccgccgtaataaccctcggcggactgagaccgcgctgaagcaagatgctggcgtaatggctcagcagaccgctcttga
<b>Isolat JW077p1</b> 77p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
gatagcttaagttcagcgggtgagtcctacctgattcagccagagcaaaagtaattgcttgcggacgattagaagcagcgttcaacacaatggacca gtgaaactattaccagacataatgtcaaaactgtaactctttaaaggcggagcagatcagaatcgcagacgccaaatccaatcattaggaaacct agtgttgagattcatgactgaaacagcagctctccggaataccagagagcgaagctgcttcaagattcagattcactgaattctgcaattc acattactatcgaattcgtcgttcttcatcgatcggagagccaagatccgttggaaattttttgtataataaaacagcttaccacatgt ttgtaaaaatactcacttgcgtcaagtagtagaacagttcacaggtgtaagtgatatagttaaacctataaaaggcaatcactaatgatcctccgag ttcacctacggaacctgttacgactttacttct



<p>77p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</p> <p>ggaggaaaagaaactaacaaggattcccctagtaacggcagtgaaagcgggaagagctcaaattgaaatctggcagctcttgattgtccgagttgtaattctatagaggcgtttccgtgccggaccgtccaagctcctggaagagatcaaaagagggtgataatcccgtacttaacacgaccaccgggtgctctgtgatacgtctctacgagtcgagttgttgggaatcgactcaaaatgggtggtgaaatccatctaaagctaaatattggcgagagaccgatagcgaacaagtaccgtgagggaaagatgaaaagcactttggaagagagtaaacagctacgtgaaattgtgaaagggaacgattgaagtcagctcgttcttggattcagccagttctgctgctacttccctggaacgggtcaacatcagtttctccgtgataaaggtagtagaatgtgacttccggaagtgtatagcctattatcacatacactgggtgagactgaggactgcagctcgccttatggccggccttcgggcacgttcgagcttaggatgttgacataatgcttfaaacgaccgtcttg</p>
<p><b>Isolat JW077p5</b></p> <p>77p5 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p> <p>tcctccgcttattgatagcttaagttcagcgggtattcctactgatccgaggtcaaccttgagaagttggaggtttaccggcgaggcgaaccactatcca aagcgaggttactactacacagaggagttgcggagggccgccactgcaatctggggctggccgcgaaggcccaatccccaacaccaggccgggc ctgaggggtgaaatgacgctcggacagggatgccaccagaactgtggtggcgcaatgtgcgtcaagattcgtgactcactgaattctgcaattcac attactatcgcattcgtcgtctctcagatgccagagcaagagatccgtgctgaaagttaattcatttatgtttgtactcagaagctccgtataaa agcaagagttgtaccctcggcggcgcgtcgcagcctggacgccggaagacaccaggaaagccgccgaagcaacagtggtatgttcacaaagggtt gggagttttactactataatgatccctccgtggttccaaacggagacctgttgcacttttacttctctaatgaccaagacctggtcctccgcttattga tat</p>
<p><b>Isolat JW077p6</b></p> <p>77p6 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</p> <p>tcaagacgggtcattgatgaccattacgccagcatcctgcagaacgcgtacctagcccggccagggtattacgaacggtctataacacttccgaag aagctacattcccgaagcctttatccccgaggcgagctgatgctggcctggaccggcaagtgaccggcgagaacggcgatgattaccggagcc caagtctgtcataaacgcttcccttcagcaatctcagctactatcaacctcttttcaaaagtgtttcactcttctgactcacttactgtgcgtatcgtctct ggccggtattagcttgaagagctatacctcccatttgagcagcattccaaactactcactcgtcgaaggagttcacagaggttaggcgtacgacc ggacgggctctcacctctatgctcctccgttccagggaactcgaagacacgtcgcagaacaatcctctacaattacaattcggaccggagggcc agatttcaatttgagctgttgcgcttactcggcgttactgaggaatccctgttggttctttctccgct</p>
<p><b>Isolat JW080p1</b></p> <p>80p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p> <p>gtcggcaccgtccgccgaagcaacgacaagtagcttagacataggtggaggtcgggcccagggtggaaccctaactgtaatgatccttctccsgctt atgatagcttaagttcagcgggtattcctactgatccgaggtcaacctgcaagaaagaggtggacggcggcggcggcggcggcggcggcggcggc tgaagagctcgttgcaccggaggggtccacggacaccgtcttttcttgagaccagttgttcaaacgtacaactgggtccaacacaaaccgggggtt tgaagaggtataatgacgctcgaacaggtatccatcgaatacaaatggcgcaatgtgcgtcaagattcgtgactcacggaaattctgaattc gcaattactatcgcattcgtcgttctctcagatgccagaaccaagatccgttgtgaaagttttgtttcattatgaatttacttcagacgacacagt tggtttggaggggttaataagagggccatcggcggacgctcaccagggggtcggccccggcggtcaagacctgctggccgaccggtcggcgaagc aacgacaaggtacgttagacataggggtgggaggtcggccagggtgggaaccctaactcggtaatgatccttcccgaggt</p>
<p>80p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</p> <p>taagcggaggaagaaacaaacagggattgcttagtaacggcagtgaaagcggcaacagctcaaatgaaatctggccttacggctcggagttgtaa ttttagaggtggtttggcaccgcccggtttaaattcttggaaacagaatgtcgaagagggtgagaatcccgtcttgaccgcggttagggctcgtgta aaactccttcagcagctcagctgttgggaatgcagggtcaaaatgggtgtaaatctatcaaaagctaaatattggccagagaccgatagcgcacaagt agagtgatcgaagatgaaaagcactttgaaaagagagtaaacgatgtgaaattgtgaaagggaagcgtggcaaccagactcgtgacgggggt cccccctgctcgggttgggtcacttccccgtgctcggccatcagtttcgaggggtcggtaagggccccgggaatgtatccacgcttccgggggtg gacttatagccccgggtgcatcggcctcccgggactgaggaacgcgcttcggcgagatgatggcgtaatggtgtcagc</p>
<p><b>Isolat JW081p2</b></p> <p>81p2 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p> <p>tcttggctattagaggaagtaaaagtcgaacaaggctcctgttggtaaccagcggagggatcattatagagtgctaaactccaaccttgtgaacatatacgtgttgcggcgggttggggggccagcggccaccgtcggccggggaccacaaactcctggttctagcggaaatctctgagtgaaagcaaaa taatacaaaacttcagcaacggatcttggctctagcagatgaaagacgacgaaatgcgataagtaattgtaattgcagaattcagtgaaatcagcaaatcgtaatccttgaacgcacattgccccggcagcactctggcgggcatcctgtcagcgtcattcaaccctcaggccccccggcggcgtggcgttggg gattggcagccagccagccccgaaatctagtgccggtcctccggcagctccctgtgcaagtagcagtagcagatacctcgcagcgggacagcgggtcgtgaccac gccgtaaaacccccacttctcaagggtgacctcggatcaggtaggactaccctgactaaactaaagcgaatgacatcaataagcggagga</p>
<p>81p2 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</p> <p>tcaataagcggaggaagaaacaaacagggattgctcagtaacggcagtgaaagcggcaacagctcaaatgaaatctggccccaggcccaggtt gtaattgcaagaggtgcttctggcgacgtgccttccaaagtccctggaacgggacccatagaggggtgagagccccgtacggtagtcacctagcctct gtaagctccttcagcagctcagtagtattgggaatgctgctctaaatgggaggtatagcttctaaagctaaataaccggctagagaccgatagcgcaca agtagagtgatcgaagatgaaaagcactttgaaaagaggggttaaacagctacgtgaaattgctgaaaggggaagcgttatgaccagacttggccgggtg aatccccgtcgttctcggcgggtgacttccggccagggccagcagctcgtcctccggggataaaaggcttccggaaaagtagctccctcgggagtg ttagaccgttgcgaataccttggggcggactgaggtacgcttctgcaagatgctggcgtaatggtatcagtgaccctgttga</p>
<p><b>Isolat JW081p4</b></p> <p>81p4 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p> <p>tcctccgcttattgatagcttaagttcagcgggtatcctactgatccgaggtcaactgataagataaaacagattttgagggccaggggcggccggctcgtgg agggcgtggttgggttcccattcgcctaggaagccggaatcggcggcctggccactgctttcggcgctcccgcacccccaaagacggggggcc</p>

ggacggctgcatcacacaagccgggctgaggggctgaaatgacgctcgaacaggcatgccccgggaatgccagggggcgaatgtgcttca aagattcgatgattcacggaattctgcaattcacattctatcgaattcgcgtcgtcttcatcgaatgcccgaaccaagagatccgtgttgaagtttaact gattttgcttgaacgctcagactgacgctcttctgaaagaatttttgcgtcgtcctccggcggcggtccaagctttagcactaaagagagggc tcgccgaacggctctcgggagagcgcccccgggcaaccgagtaatgtagacaagaatggggcggtacggccggcgacatctgctcacc cctgacggacgttggccctatcgtggggggccagcctccggcctcgcgctaataatgcttcccgaggttccctacggaaacctgttacgactttact t
<b>81p4 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
ggaggaagaaaccaacagggttgcctcagtaacggcgagtgaaagcggcaagagctcaaatgaaatctggcctccccggggcccaggttgt aatttcagaggatgcttgggtgcccggcctgaattccttgaacaggacgctcagagagggtgagaatcccgttggcgggcggtccgcgc ccgtgtgaagctcttcgacgagtcgagttgttgggaatcagcttaagcgggtgtaaatctcatctaaagctaaatattggccggagaccgatacgc cacaagtagatgacgaaaggttaaaagcacttgaaggggagtaaacagcacgtgaaattgtgaaagggaaagcgttgcggccagactcgggg cgggggtcagcgggtgctcgtcgtccctgctcctccgggcaacatcagtttcgacggccggtcaaaaggccccgggaatgtgctcctc gggacgtctatagccgggggtgcaatgcggccgctgggactgaggaacgcgctccggctcggatgctggcgaatggccgtaagcggcccgtct
<b>Isolat JW081p7</b>
81p7 ITS (ITS1) : internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
cgtgtataccgtacttggcttccggcggcccggcgaagcggccgcccggggggcgtcaaacccccctcctagggcagcggcccgggag acaccaactgaaactgctgaaagtttggctgagttcagttgatacgaatcagtaaaacttcaacaatgatacttggctccggcatcgaaga acgcagcgaatgcaataatgtaattgcagaatcagtaacatcagcttgaacgcacattgcacccccgtgattccgggggtatccctgt ccgagcgtcattgctccctcaagcagcgttgggtgctcgtccccccggggacggccgaaagcagcggcggcaccgcgtccggc ctcgagcgtatggggcttgcaccgctcttgaagccggcggcgtgcccgcagctgaaaagcaaccaactatttctcaggttgacctggatca ggtagggataccccgctgaacttaagcatatca
<b>Isolat JW081p9</b>
81p9 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tctccgcttattgatgcttaagttcagcgggtattcctactgattcaggtcaacattcagaagtgggtgtttacggcgtggccgcccgtctccag ttcgaggtgtagctactacgaatggaagctgcccgggaccgccactgtattggggacggcgtgtgcccagggggcgcctcggcatccc caacgccagcccggggcgtgaggtgtaatgacgctcgaacaggcatgcccgcagaactgcccggcgcaatgctggtcaagattcagtg attcactgaattctgcaattcacattctatcgaattcgcgtcgtcttcatcgaatgcccagaccaagagatccgtgtgaaagtttaattattgctgttt actcagaagaacataatagaacaagtttaggggtcctctggcggggggcggcccgtgttacggggcctgtgtcccgccgaagcaactgttaggt atgttcacagggtgatgaktgtataactcggtaatgatccctccgctggttaccacaa
<b>81p9 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
ggaggaagaaaccaacagggttgcctcagtaacggcgagtgaaagcggcaacagctcaaatgaaatctggcctcgggcccaggttgaattgt agaggatgctttggtgaggtgcttccgagttccctggaacgggacgccatagaggggtgagagccccgtctggttggacaccgatcctctgtaaagctc cttcacagagtcgagtagttgggaatgctcctaaatggaggtatgcttctaaagctaaataccggccagagaccgatagccacaagtagagtg atcgaagatgaaagaacttgaagagagatgaaacagctcgtgaaattgtgaaagggaaagcctgtgaccagacttggcgttgggtgatcatccgg ggttctccccgggtgactctccggcccagccagcatcagttccctgggggacaaaggctcgggaatgtgctcctccgggaggtgtatagcc cgttgcgtaataccctgtggcggactgaggttcgcgatcgaaggatgctggcgaatggtcatcagtgaccctgtt
<b>Isolat JW081p10</b>
81p10 ITS (ITS1): internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tcatcaccctgacatacctaaactgttcttccggcgggaacagacrgccccgtaaacaggccgccccgccagaggacccttaactctgttctta ttatgttctctgagtaaaacaagcaataaataaaacttcaacaacggatccttggctctggcagcgaatgagaaagcagcgaatgcgataagta gtgaattgcagaattcagtgaaatcgaacttgaacgcacattgcggccagctattctggcggcatgcttgcagcgttacaacctcagg ccccgggctggcgttgggagcggcggcggcccctcgggacacgcccgtccccaaatagctggcggctcccggcagcttccattgct agtagtaaacctcgaactggagagcggcggccacgccgtaaacaccaacttctgaatgtgacctgaaatcaggtggaataaccgctgaa cttaagcatatcaataagcgrgagga
<b>Isolat JW081p11</b>
81p11 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tcttggctcattagaggaagtaaaagcgtgaaacaggtccttgggtgaccagcggagggatcattatagagtgctaaactcaaaccttgtgaacata actggttcttccggcgggttggggggccagcggccaccgctgcccggcgggacccaaactcctgcttctagcggaaatctctgagtgaaagcaaa taatacaaaacttcagcaacggatcttggctctagcagcagtaagaacgcagcgaatgcaataatgtgaattgcagaatcagtgaaatcagc aatcttgaacgcacattgcccggcagcactctggcgggcatcctgttcgagcgtcattcaaccctcagggccccccggcggcgtggcgttggg gattgacagccagcccccgaacttagtggcgtccctccgactccctgtgagtagcagacctcgcagcgggacagcgggtctgaccac gccgtaaacccccctacttctcaaggtgacctcggatcaggtaggactaccgctgaacttaagcatatc
<b>81p11 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b>
cggaggaagaaaccaacagggttgcctcagtaacggcgagtgaaagcggcaacagctcaaatgaaatctggccccagggcccaggttgaattgt cagaggatgcttctggcagctgcttcccaagttccctggaacgggacgccatagaggggtgagagccccgtacggtagtgacctgacctgtgaa ctccttcgacgagtcgagtagttgggaatgctgcttaaatggaggtatagcttctaaagctaaataccggctagagaccgatagccacaagtaga gtgatcgaagatgaaagcacttgaagaggggttaaacagctcgtgaaattgctgaaagggaaagccttatgaccagacttggccgggtgaaac ccgtcgttctcggcgggtgacttccggcccagccagcatcagttcgtccgggggataaaggcttccgggaaagtagctccctcgggaggttatag accgttggcaataaccctggggcggactgaggtacgcttctgcaaggtgctggcgaatggtcatcagtgaccctgt

<b>Isolat JW083p1</b>
83p1 ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ttagaggaaagtaaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaacctgcggaaggatcattgtagtgccttaattggctaaactatatacatcacctgtg aactgtttgattgaatctcggattcgattttatacaaacattgtgtaatgaactgcattatatacaaaaaaaacttcaacaacggatctctggctctc catcgatgaagaacgcagcgaatgcgataaagtaatgtaattgcagaatcagtgatcatcgaatcttgaacgcaactgcgctctctggatfctccgga gagcatgcctgtttgagtgatgaaatcaaccattagggttcttaattggcttgattggaggttgcagctgactggctcctctaaagagttagca agttgaactattgctatctggcgtaataagttctgctggaatggtattggaagcgtcttctaatecgtctcggacaatttttgactctggcctcaaatcaggt aggactacccgctgaacttaagcata
83p1 LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
agacggctgttaaaagccattatgcaacatcctaagctcgaactgggccaacccggccaaaaggcgagctgcagtcctcagctcaccagtgat gtgaacctagggctataaacctcccaggggagtcacattcctaatacctttatccaccggacaaaactgatgtgaccgttcaaaaggaaagtagactagaag aactagctgaatcaatgaacacgactgacttcaatcgtttcccttcaacaattcactgactgttaactcctttcaaaaggtctttcatcttccctcaccgt actgttcgctatcggctctcgcgaatatttagctttagatggaattaccaccattttgagctgattcccaaaactcgaactcgtagagaactatcaca gagcactgatggtgtgcaagtacgggattaccctcttgatacctgttcaagggacttagacacagttcagcacgaaaacgctctatagattac aactcggactatcgaagacagccagattcaaatfgagctttccgggtcactcggcttactaggggaatcctgtttagttcttctcc
<b>Sequenzen untersuchter Referenzstämme</b>
<b><i>Arthrographis arxii</i> CBS 203.78</b>
LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
catatcaataagcggagaaaacaaacacaggattgccccagtaacggcgagtgaaagcggcaacagctcaatttgaatctggccccagggc ccgagttgtaattgcagaggtatctttggcgcggcgcctccgagttccctggaaacgggacgccaatagaggggtgagagccccgtctggctggagcgc aagccagtgtaaaagctcctcgcagcagtcgagtagttgggaatgctgctctaaatgggaggtatgtcttctaaagctaaatagccagagaccgata gcgcaaatgtagtgatcgaagatgaaaagcacttgaaaaaggggttaaacagctacgtgaaattgtgaaagggagcactgtgaccagactgg gccccgtgaatcaccagcttctcgtgctgactcgcggcctcaggccagcatgctcgcgggggataaaaagcttgggaactggctcc ctcgggaggttatagcccgttcacaataacctcgggtgactgaggtcgcgctccgcaaggatgctggcgtaatggtcaccagtgaccgcttga
<b><i>Doratomyces microsporus</i> IHEM 2276</b>
LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
gagttgtaattgaaaggatgcttttggcggcgcctccgagtgccctggaacgggacgccacagaggggtgagagccccgtatgtaggacgccg agcctctgtaaaagctcctcgcagcagtcgagtagttgggaatgctgctcaaatgggaggtaaaccccttcaaaagctaaatattggccagagaccgata gcgcaaatgtagtgatcgaagatgaaaagcacttgaagagaggttaaacagcagctgaaattgtgaaagggagcgttgcgaccagactgg gccccgtgcatcaaccgctcctcgtggcggcgcactccggcgggctcaggccagcatgcttctccgggggagaaaagcgggtgggaatgtggc tcttcggaggttatagcccctccgctaatgccccgggggactgaggaccgcgctaaagcaaggatgctggcgtaatggtcagcagaccgctt gaa
<b><i>Pithoascus platysporus</i> CBS 419.73</b>
LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
agcggaggaaaagaaaccaacagggttgcctcagtaacggcgagtgaaagcggcaacagctcaatttgaatctggccccaggccccgagttgta attgacagagatgcttttggcggcgcctccgagttccctggaaacgggacgccaatagaggggtgagagccccgtctggctggacgccaaagcagtg taaagctcctcgcagcagtcgagtagttgggaatgctgctctaaatgggaggtatgtcttctaaagctaaatagggccagagaccgatagcgcaaa gtagagtgatcgaagatgaaaagcacttgaagaggggttaaacagctacgtgaaattgtgaaagggagcactgtgaccagacttggccccggtg aatcatccagcgttctcgtgctgactcgcggcctcaggccagcatgctcgcgggggataaaaagcttgggaactggctcctcgggaggt gttatagcccgttcacaataacctcgggtgactgaggtcgcgctccgcaaggatgctggcgtaatggtcaccagtgaccgcttga
<b><i>Scopulariopsis brevicaulis</i></b>
LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
aagcggaggaaaagaaaccaacagggttgccttagtaacggcgagtgaaagcggcaacagctcaatttgaatctggccccaggccccgagtgat tgaattgaaaggatgcttttggcggcggcgcctccgagttccctggaaacgggacgccagaggggtgagagccccgtacgctggacgccgagc ctctgtaaaagctcctcgcagcagtcgagtagttgggaatgctgctcaaatgggaggtaaaccccttcaaaagctaaatgctggccagagaccgatagcg cacaagtagatgatcgaagatgaaaagcacttgaagagaggttaaaaagcagctgaaattgttaaaagggagcgttgcgaccagacttgcgc cgtcggatcaaccgctcgtcggcggcgcactccggcgggctcaggccagcatgctcgcgggggagaaaagcggcgggaatgtggctctt cggaggttatagcccgttgaataacctcgggtgactgaggaccgcgctatgcaaggatgctggcgtaatggtcagcagaccgcttga
<b><i>Scopulariopsis fusca</i> CBS 401.34</b>
LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit
agcggaggaaaagaaaccaacagggttgcctcagtaacggcgagtgaaagcggcaacagctcaatttgaatctggccccaggccccgagtgat tgaattgaaaggatgcttttggcggcggcgcctccgagttccctggaaacgggacgccagaggggtgagagccccgtacgctggacgccgagc ctctgtaaaagctcctcgcagcagtcgagtagttgggaatgctgctcaaatgggaggtaaaccccttcaaaagctaaatgctggccagagaccgatagc gcaaatgtagtgatcgaagatgaaaagcacttgaagagaggttaaaaagcagctgaaattgttaaaagggagcgttgcgaccagacttgcgc cgtcggatcaaccgctcgtcggcggcgcactccggcgggctcaggccagcatgctcgcgggggagaaaagcggcgggaatgtggctctt cggaggttatagcccgttgaataacctcgggtgactgaggaccgcgctatgcaaggatgctggcgtaatggtcagcagaccgcttga
<b><i>Wardomyopsis inopinata</i> CBS 122041</b>
ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ttcctccttattgaaatgcttaagttcagcgggtaaaccttaccctgatcccagggtcaaacattaccgaagtacccttcaaaacctttgtgaacctaccc

<p>tgccgtgcctcggcgggagggcggggaaggcccccggccgccccgccccgcggcggcgcgcaactcttattgcacagcggacaacgcctctgattfagaataaaacaagcaaaacttcaacaacggatctctgttctggcatcgatgaagaacgcagcgaatgcgataagtaattgtaattgcagaatcagtgaaatcatcgaatcttgaacgacattgcgccccggcagtaatctccgggcatgctgcccagcgtcattctgccctcagcgcgggtccgacctagccggcgtgcctcggctggtggccaccacggggagccctagcgtccccgggccccgaaatgaagtggcagccccgccgcggccccctgcgtagtagtcaaacgctcgcacgggccccggcggagcctgccgtaagccctcaactcagatggttgacctggatcaggtagggttaccgcgtaactaagcatatcaataaggccggaggaa</p>
<p><b>LSU: D1/D2-Region der großen ribosomalen Untereinheit</b></p> <p>tatcaataagcggaggaaaagaaccaacagggtgccccagtaacggcagtgaaaggcgaacagctcaaatgaaatctggtccctgcggggcccaggttaattgaaaggatgctttggcgagggcctccgagtgccctggaacgggacgcatagagggtgagagccccgtatggtggagccgagcctctgtaaacgctcttcgacgagtcgagtagtggaaatgctgctcaaaatgggaggtaaacccctctaaagctaaactaggccagagacgtagcgcacaaagtagatgacgaaagatgaaagcactttgaaagagagtaaacacagcgtgaaatggtgaaagggaagcgttgcgaccagactgcgccccgggatcagcgtcgtcgtcggcgccgactccggcggttccggccagcagcagcgtcgtcggcgccccgggagaaaggcgccgggaatggtgctcgcggatggtatagcccgcctgcaatccctggcgggaccgaggaccgcggtatcaaggatgctggcgtaatggtcgcagcaccgtctga</p>
<p><b>Wardomyces litoralis CBS 119740</b> ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p> <p>cgagtcgtgctggaagagcgtcggacagcgatgccagcagactgcccggcgcacgctgctcaaaagcttctttgactcgaattctgcaatccactactatcgacttctgcgtcttctcagtgatccagaaccaagatccgttggaaagtttgacttctttattaccaaaaacagcagctacagtcctgctgtgcaaaaagagtgctggcggccccggcgcccaactcttatttgcagcggactgtacgtctgatttggtaataaaacaagctcaaaacttcaacaacggatctctgttccgcatcgaagaacgcagcgaatgcgataagtaattgtaattgcagaattcgaatcgcattcttgaacgcattgcgccccggcagtaatctgcgggcatgctcgtcggagcgtcattctcccctgacccccgctctcggcgcgctggttggggcgtacggggagcctcgcgtcagccccgtaggccccgaaatgaagtggcggctccgccggcggccccctgctagtagtcttacaactcgcacgggtcccggcgaggccagccgtaaaccccccaattatgattgacctggatcagtagggttaccgcgtaactaagcatatcaaaaggcggaggaaatt</p>
<p><b>Trichophyton interdigitale</b> ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p> <p>agaggagtaaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaacctgcccgaaggatcattagcgcgacggccggaggctggcccccccacgataggggcaaacgtccgtcaggggtagcagatgtgcgccggcgtaccgccccattctgtctactactcggttgcctcggcgggccgcgctctccaggagagccgttcggcgagcctctttagtggctaaacgctgaccgcggccggaggacagacgcaaaaaaattcttcaagaagcgtgctgagcgttgaagcaaaaaatcgttaaaacttcaacaacggatctctggtccggcatcgaagaacgcagcgaatgcgataagtaattgtaattgcagaattcctggaatcagtaacttgaacgcattgcgccccctggcattccggggggcatgctgctgagcgtcattcagcccccaagccccgcttctggtgatggacgaccgtccggcggccccgtcttgggggtgcggggacgcgccgaaaagcagtgccaggccgcgattccggctcttaggcgaatgggcaacaaaccagcgcctccaggaccggccggcctggcctcaaaatctgtttatctatcaggttgacctggatcagtagggatgccgtaactaagcatatcat</p>
<p><b>Trichophyton interdigitale var. nodulare</b> ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p> <p>agaggagtaaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaacctgcccgaaggatcattagcgcgacggccggaggctggccccccacgataggggcaaacgtccgtcaggggtagcagatgtgcgccggcgtaccgccccattctgtctactactcggttgcctcggcgggccgcgctctccaggagagccgttcggcgagcctctttagtggctaaacgctgaccgcggccggaggacagacgcaaaaaaattcttcaagaagcgtgctgagcgttgaagcaaaaaatcgttaaaacttcaacaacggatctctggtccggcatcgaagaacgcagcgaatgcgataagtaattgtaattgcagaattccgtgaaatcagtaacttgaacgcattgcgccccctggcattccggggggcatgctgctgagcgtcattcagcccccaagccccgcttctggtgatggacgaccgtccggcggccccgtcttgggggtgcggggacgcgccgaaaagcagtgccaggccgcgattccggctcttaggcgaatgggcaacaaaccagcgcctccaggaccggccggcctggcctcaaaatctgtttatactatcaggttgacctggatcagtagggatgccgtaactaagcatcata</p>
<p><b>Arthroderma benhamiae</b> ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p> <p>ttggctcattagaggaaagtaaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaactgcccgaaggatcattaacgcagggccggaggctggccccccacgatagggatcaacgttccatcagggggtgagcagatgtgcggcgtaccgccccattctgtctactactcggttgcctcggcggccgcgctctctgggagagtcgtccggcgagcctcttggggctttagctggatcgcgccggcgagacagacataaaaaatctgaaaagctgttagctgagcgttagcaagcaaaatcagtaaaacttcaacaacggatctctggtccggcagcgtgaaagaacgcagcgaatgcgataagtaattgtaattgcagaattccgtgaaatcagtaacttgaacgcattgcgccccctggcattccggggggcatgctgctcggagcgtcattcaaccctcaagccccgcttctggtgatcgaccgtccggcccccttctgggggtgagcgcgccgaaaagcagtgccaggccgcgattccggctcttaggcgaatgggcaataaccagcggcctccaggaccggccggcctggcctcaaaatctgtttatactatcaggttgacctggatcagtagggatgccgtaactaagcatcaat</p>
<p><b>Trichophyton erinacei</b> ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2</p> <p>agaggagtaaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaactgcccgaaggatcattaacgcgagggccggaggctggccccccacgatagggatcaacgttccatcagggggtgagcagatgtgcggcgtaccgccccattctgtctactactcggttgcctcggcggccgcgctctctgggagagcgtccggcgagcctctcggggctttagctggatcgcgccggcgaggacagacataaaaaatctgaaaagctgttagctgagcgttagcaagcaaaatcagtaaaacttcaacaacggatctctggtccggcatcgaagaacgcagcgaatgcgataagtaattgtaattgcagaattccgtgaaatcagtaacttgaacgcattgcgccccctggcattccggggggcatgctgctcggagcgtcattcaaccctcaagccccgcttctggtgatcgaccgtccggcccccttctgggggtgagcgcgccgaaaagcagtgccaggccgcgattccggctcttaggcgaatgggcaataaccagcggcctccaggaccggccggcctggcctcaaaatctgtttatactatcaggttgacctggatcagtagggatgccgtaactaagcatcaat</p>

atctttgacgcacattgcgcctctggtattccggggggcatgcctgtccgagcgtcattcaacccctcaagccggcttgtgtgatggacgaccgtcc ggcccccttctgggggctggacgcgccgaaaagcagtgccagggccgcgatttcggcttctggcgaatgggcaatcaaccagcgcctcag gaccggcgcctctgggcttccccaaatctctctgagatttttccaggtgacctcggatcaggtaggataaccgctgaactaagcatat
<b><i>Trichophyton mentagrophytes</i></b> ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
cggaggatcatttaacgcgcagggccgggagggctggccccccacgataggccaaacgtccgtcagggggtgagcagatgtgcggccggcgtgta ccgccccattctgtctacttactcggfttgcctcggcgggcccgcctcctccaggagagccgttcggcagcctctcttagtgctaaacgctggac cgcgcccccggaggacagacgcaaaaaattcttcagaagagctgtcagctgtgagcgttagcaagcaaaaatcagttaaaacttcaacaacgatct cttggttccggcatcgtgaagAACgcagcgaatgcgataagtaattgaaattcagaattccgtaatcatcgaatcttgaacgcacattgcgccctt ggcattccgggggcatcctgttcgagcgtcattcagcccccaagccggcttgtgtgatggacgaccgtccggcggccccgtctttgggggtgcg ggacgcgccgaaaagcagtgccagggcgcgattccggcttctaggcgaatgggcaacaaccagcgcctccaggaccggccgcttggcctc aaaatctgtttatactatcaggttgacctcggatcagtagggatacccgctgaactaagcatatc
<b><i>Trichophyton mentagrophytes var. asteroides</i></b> ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
agaggaaagtaaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaacctgcggaaggatcattaacgcgcagggccggaggctggccccccacgataggccaaa cgtccgtcaggggtgagcagatgtgcgccggccgtaccgccccattctgtctacttactcggfttgcctcggcgggcccgcctctctcaggagagcc ttcggcagcctctcttagtgctaaacgctggaccgcgccggaggacagacgcaaaaaattcttcagaagagctgtcagctgtgagcgttagc aagcaaaaatcagttaaaacttcaacaacggatcttgggtccgcatcgtgaagaacgcagcgaatgcgataagtaattgaaattgcagaattccgt gaaatcagcaatcttgaacgcacattgcgcccttggcattccggggggcatcctgttcgagcgtcattcagcccccaagccggcttgtgtgat acgaccgtccggcggccccgtctttgggggtgcgggacgcgccgaaaagcagtgccagggccgcgattccggcttctaggcgaatgggcaaca accagcctccaggaccggccgcttggcctcaaaaatctgtttatactatcaggttgacctcggatcaggtaggataaccgctgaactaagcatat cataa
<b><i>Trichophyton quinckeanum</i></b> ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
agaggaaagtaaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaacctgcggaaggatcattaacgcgcagggccggaggctggccccccacgataggccaaa cgtccatcaggggtgagcagatgtgcgccggccgtaccgccccattctgtctacttactcggfttgcctcggcgggcccgcctctctcaggagagcc gttcggcagcctctcttagtgctaaacgctggaccgcgccggaggacagacgcaaaaaattcttcagaagagctgtcagctgtgagcgttagc gcaagcaaaaatcagttaaaacttcaacaacggatcttgggtccgcatcgtgaagaacgcagcgaatgcgataagtaattgaaattgcagaattc cgtgaaatcagcaatcttgaacgcacattgcgcccttggattccggggggcatcctgttcgagcgtcattcagcccccaagccggcttgtgtgat ggacgaccgtccggcacccttctcgggggtgcgggacgcgccgaaaagcagtgccagggccgcgattccggcttctaggcgaatgggcaac aaaccagcgcctccaggaccggccgctcggcctcagaatctgtttatactatcaggttgacctcggatcaggtaggataaccgctgaactaagca tatac
<b><i>Trichophyton schoenleinii</i></b> ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ttagaggaaagtaaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaacctgcggaaggatcattaacgcgcagggccggaggctggccccccacgataggccaa aacgtccatcaggggtgagcagatgtgcgccggccgtaccgccccattctgtctacttactcggfttgcctcggcgggcccgcctctctcaggagag ccgttcggcagcctctcttagtgctaaacgctggaccgcgccggaggacagacgcaaaaaattcttcagaagagctgtcagctgtgagcgttagc gcaagcaaaaatcagttaaaacttcaacaacggatcttgggtccgcatcgtgaagaacgcagcgaatgcgataagtaattgaaattgcagaattc cgtgaaatcagcaatcttgaacgcacattgcgcccttggattccggggggcatcctgttcgagcgtcattcagcccccaagccggcttgtgtgat ggacgaccgtccggcacccttctcgggggtgcgggacgcgccgaaaagcagtgccagggccgcgattccggcttctaggcgaatgggcaac acaaccagcgcctccaggaccggccgctcggcctcagaatctgtttatactatcaggttgacctcggatcaggtaggataaccgctgaactaag catatcataagcggagga
<b><i>Trichophyton rubrum var. nigricans F2d</i></b> ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
cgcagggccggaggctggccccccacgataggaccgacgttccatcaggggtgagcagacgtgcgccggcgtaccgccccattctgtctactca cccgggtgcctcggcgggcccgcctccccctgccaggagagccgtccggcgggcccccttctggagcctcagccggaccgcgccggcggag gacagaccacaagaaaaattctctgaagagctgtcagctgtgagcgtttagcaagcacaatcagttaaaacttcaacaacggatcttgggtccggc gatgaagaacgcagcgaatgcgataagtaattgaaattcagaattccgtgaaatcagcaatcttgaacgcacattgcgcccttggcattccggggg gcatcctgttcgagcgtcattcaaccctcaagccggctgtgtgatggacgaccgtccggccccctcctcggggggcgggacgcgccgaaaag cagtgccagggccgcgattccggcttctaggcgaatgggcaagcaatcagcgcctcaggaccggccgcttggcccccaatctttatataatata tctttcagttgacctcggatcagtagggataaccgctgaactaagcatatc
<b><i>Trichophyton tonsurans F11c</i></b> ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ggcttggctcattagaggaaagtaaaagtcgtaacaaggttccgtaggtgaacctgcggaaggatcattaacgcgcagggccggaggccggccccccag ataggccaaaacgtccgtcaggggtgagcagatgtgcgccggccgtaccgccccattctgtctacttactcggfttgcctcggcgggcccgcctctcc caggagagccgttcggcagcctctctttatagcgtcaacgctggaccgcgccggaggacagacgcaaaaaaaattcttcagaagagctgt tcagctgtgagcgttagcaagcaaaaatcagttaaaacttcaacaacggatcttgggtccggcattcgtgaagaacgcagcgaatgcgataagta tgaaattgcagaattccgtgaaatcagcaatcttgaacgcacattgcgcccttggcattccggggg cccggcttgtgtgatggacgaccgtccggcggccccgtctcgggggtgcgggacgcgccgaaaagcagtgccagggccgcgattccggcttct ggcgaatgggcaacaaccagcgcctccaggaccggccgcttggcctcaaaaatctgtttatactatcaggttgacctcggatcaggtaggataacc

gctgaacttaagcatatcaataagcggagga
<b><i>Microsporium cookei</i> CBS 202.66</b>
ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
agaggaagtaaaagtcgtaacaagggttccgtaggtgaacctgcggaaggatcattaacgcgtaggccgctgcctggctaccatgcctccctcgggt ctccccggggtcgaagcgggtacgccgccggccacaaaatcgccattctgtctacctaccgggtgcctcggcgggtgccgcgccccctctta gctgagggggagcggccagggcgggagatccgtctccctcccgctccgcgccccggaggaccatctgaaaaaccccttfaaatcatcgtctcc gtctgagcataacaagcaatcagftaaaactttcaacaacggatctctgttccggcatcgtgaagaacgcagcgaaatgcgataagtaatgtgaatt gcagaattccgtgaatcatcgaatcttgaacgcacattgcgccccctggtattccggggggcatgctgttcgagcgtcattcaaccctcaagcccgg ctgtgtgatggacaccgtccccccccctcagacggagggggacgcgccgaaaagcagtgccagggccgcgcttccggcacataggcgaatg ggacacaccaaccgtctaagggaccggccggctactgctggccttactggtactctttgtccgtaaatTTTTTcaggtgacctcggatcagggtaggga tacc
<b><i>Microsporium fulvum</i> IHEM 994</b>
ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
ccggccacagcccattctgtctatctacctggtgcctcggcggccgcgcaactcgtgccgccggggatgtttatctccctggaccgcgccccc gaggagcgtataaaatcatgaatactgttcagctgagcgtaaagcaagtgaatcagftaaaactttcaacaacggatccttgggtccggcatcgtgaa gaacgcagcgaaatgcgataagtaatgtgaattgcagaatccgtgaatcatcgaatcttgaacgcacattgcgcccctctggtattccggggggatgcc gttcgagcgtcattcaaccctcaagcccggcttgtgtgatggacgaccgtctcgcctccccgatccggggaggggggacgctccgaaaagcagt ggcagggccgcatccggctcctggcgaatgggcaacaaactacgcctctaggaccggccgctcttgccctagttccggttagggatgaacttg a
<b><i>Microsporium gypseum</i> DHS 4d</b>
ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
tttagggaagtaaaagtcgtaacaagggttccgtaggtgaacctgcggaaggatcattaacgcgagccggttgaaaggcgcgccgggacccaggt ccgccgtgcaagtccgccggccacacgtccattctgtctactaccagttgcctcggcggcctcgcgccgccagaggagtgattataaaatccatg aatactgtccgtctgagcgttagcaagtaaaatcagftaaaactttcaacaacggatccttgggtccggcatcgtgaagaacgcagcgaaatgcgataa gtaatgtgaattgcagaattccgtgaatcatcgaatcttgaacgcacattgcgcccctctggtattccggggggcatgctgttcgagcgtcattcaacc tcaagcggcgttgtgtgatggacaccgtccccccctccccggctccggggagggggacgcgccgaaaagcagtgccagggccgcgattcc ggctcctgggcgaatgggcaacaaaccagcgcctctaggaccggccgctcttgccctagttccgt
<b>Sequenzdaten aus der Datenbank des CBS</b>
<b><i>Microascus cinereus</i> FMR 12347</b>
ITS: internal-transcribed spacer 1, 5.8 S nrDNA, internal-transcribed spacer 2
aaaacaagtccgtggtgaaccagcggagggatcattaccgaagtactcttatacccttttgaactactaccattgccgcggtgctcggcggg gaggtccgccccgggtgctccggcgtccccggccccggccggcgcggaactctcattgcaaaagcggactgtatgtctgattatattctg aaaacaagtaaaactttcaacaacggatccttgggtctggcatcgtgaagaacgcagcgaaatgcgataagtaatgtgaattgcagaattcagta catcgaatcttgaacgcacattgcgcccggcagcaatctgccgggatcctgtccgagcgtcatttctgccctcagcgcggttcggccccctagcgg gccgtccgcccccgggtgttggggcgtcggccctcgtcccagggcctgaaatgaagtggcgggtcccgccggcggccccctgcgtagtag taaagcacctcgcacgtgggtcccggcggaggccagcctcgaacctcttctcttgatggtttgacctcgatcagggtagggtaccgctgaactaaag atatcaataagcggaggaa

## **Danksagung**

Hiermit möchte ich allen Personen danken, die zur Entstehung dieser Arbeit durch hilfreiche Anregungen oder Diskussionen, Unterstützung jeglicher Art, Motivation, ein freundliches Miteinander und angenehmes Arbeitsklima beigetragen haben. Mein besonderer Dank gilt Frau Prof. Dr. Meike Piepenbring für die Betreuung dieser Arbeit und das mir entgegengebrachte Vertrauen mit der Möglichkeit meinen persönlichen Forschungsinteressen nachzugehen sowie die in Panama aufgebauten Forschungsstrukturen nutzen zu können. Mein weiterer Dank gilt Betzabeth K. Henríquez S. für ihre Hilfe und Unterstützung bei der Probennahme in Panama, ihrer Familie für ihre herzliche Gastfreundschaft sowie allen Personen, die sich bereitwillig als Probanden zur Verfügung gestellt und somit diese Arbeit letztlich erst ermöglicht haben. Prof. Dr. Helmut Schöfer möchte ich für interessante Einblicke in den klinisch-mykologischen Alltag, Prof. Dr. Walter Gams, Prof. Dr. G. Sybren de Hoog, Prof. Dr. Roland Kirschner und Dr. Ralph Mangelsdorff für interessante, lehrreiche und hilfreiche thematische Hinweise sowie Anregungen zu mykologischen Fragen, Dr. Orlando Cáceres und Familie Cáceres für die freundliche Unterstützung in Panama und Los Algarrobos sowie Dr. Hans Peter Seidl für die zur Verfügung gestellten Pilzkulturen danken. Weiterer Dank gilt Manfred Ruppel für die technische Assistenz bei der Anfertigung von rasterelektronischen Aufnahmen sowie für unzählige Tassen Tee und interessante Gespräche, Carola Glatthorn und Claudia Nesselhauf für ihre Unterstützung und Hilfe bei organisatorischen Aufgaben sowie Fragen sowie eine angenehme und kollegiale Atmosphäre. Zudem möchte ich Dr. Tina A. Hofmann für die freundliche und gemeinsame Zusammenarbeit in Panama und Deutschland, dem Deutschen Akademischen Austauschdienst (DAAD) für finanzielle Unterstützung in Panama sowie meiner Familie und meinen Freunden für ihr Verständnis, ihre Motivation und Hilfe in allen Situationen danken.

