

Literaturhinweis

REEB, V.; LUTZONI, F. & ROUX, C. (2004): Contribution of RPB2 to multilocus phylogenetic studies of the *Euascomycetes* (*Pezizomycotina*, Fungi) with special emphasis on the lichen-forming *Acarosporaceae* and evolution of poly-spory. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 32: 1036-1060 (zu beziehen über <http://www.sciencedirect.com/science>, \$ [US] 30,-).

LIU, Y. J & HALL, B. D. (2004): Body plan evolution of *Ascomycetes*, as inferred from an RNA polymerase II phylogeny. – *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* 101: 4507-4512 (kostenlos zugänglich unter <http://www.pnas.org/cgi/content/full/101/13/4507>).

Ein zuverlässiges phylogenetisches System aller Organismen zu erstellen, welches auf der evolutionären Abstammung beruht, ist insbesondere bei Organismen, welche nicht so vielfältige morphologische Merkmale wie etwa Wirbeltiere ausprägen, nur möglich, wenn man in ausreichenden Umfang auf molekulare Merkmale wie z.B. Sequenzen von Nukleinsäuren oder Proteinen zurückgreift. Die Pionierzeit molekularer Abstammungsanalysen ist vorbei, man hat erkannt, dass molekulare Daten nicht prinzipiell zuverlässiger als klassisch ermittelte Daten sind. Entscheidende Vorteile der Moleküluntersuchung liegen aber in der Möglichkeit, sehr große Mengen von voneinander relativ unabhängigen Daten zu ermitteln, sowie in der vergleichsweise einfachen Zählbarkeit der Merkmale. Ihr Nachteil besteht im Arbeits- und Kostenaufwand zur Ermittlung dieser Daten, denn es hat sich z.B. bei der vergleichenden Genomanalyse verschiedener, recht nahe verwandter Hefearten gezeigt, dass erst eine relativ hohe Zahl molekularer Merkmale (über 20.000 DNS-Basenpositionen, das entspricht etwa 20 durchschnittlich großen Genen) eine Rekonstruktion der Abstammung mit absoluter Widerspruchsfreiheit erlaubt. Deshalb ist es sehr wichtig, sich nicht auf die bisher vorzugsweise analysierten ribosomalen RNS (Ribonukleinsäure)-Gene zu beschränken, sondern weitere Gene in die Analyse einzubeziehen.

Ein aussichtsreicher Kandidat ist bei Pilzen das Gen für die RNS-Polymerase II, welche die Transkription der Mehrzahl der Gene in Boten-RNS durchführt. Dieses Proteingen besteht aus über 2700 DNS-Basenpaarpositionen, welche als Merkmale für die Rekonstruktion der Phylogenie genutzt werden können. Beide Arbeiten befassen sich mit der Nutzung jenes Gens für die Stammbaumrekonstruktion insbesondere der komplex gebauten Ascomyceten (*Euascomycetes* oder *Pezizomycotina*). LIU & HALL bieten einen komprimierten, aber dennoch lesbaren Überblick der Rekonstruktion zusammen mit einer Diskussion der Evolution der wesentlichen morphologischen Merkmale der Ascomyceten (z.B. der Fruchtkörperorganisation, des Baus der Asci und der Flechtenbildung). REEB et al. geben dagegen nicht nur einen detaillierten und anspruchsvollen Einblick in die Verfahrensweise der Stammbaumrekonstruktion, sondern beschreiben aufgrund ihrer umfassenderen Analyse auch mehrere höhere Taxa (*Acarosporomycetidae*, *Ostropomycetidae* und *Lichinomycetes*) neu und weisen auf möglicherweise nicht monophyletische Gruppen hin (z.B. *Lecanoromycetes* und *Leotiomyces*). Da ihre Analyse die RNS-Gene der großen und der kleinen Untereinheit des Ribosoms sowie die DNS-Sequenz des RNS-Polymerase II-Gens umfasst, können sie sich auf mehr als 11.000 Merkmale stützen, von denen mehr als 2.000 zwischen den 83 einbezogenen Arten variabel sind. Auch die von ihnen favorisierte Verfahrensweise der Stammbaumrekonstruktion (ein Bootstrap auf Basis des Bayesianischen Verfahrens – B-BP) ist recht überzeugend, denn das Verzweigungsmuster des erhaltenen Stammbaums (seine Topologie) bleibt identisch, auch wenn man die RNS-Gene und das Proteingen unabhängig voneinander zur Rekonstruktion verwendet.

Dennoch unterscheiden sich die Ergebnisse beider Arbeiten nicht grundlegend. Zudem zeigt sich, dass existierende phylogenetische Hypothesen auf morphologischer Grundlage über die Stammesgeschichte der Schlauchpilze oft nicht widerlegt, sondern bestätigt werden. Die Stärke molekularer Untersuchungen liegt eher in der Potenz, eine zuverlässige Stammbaumrekon-

Fortsetzung von Seite 30

struktion quantitativ zu erlauben, welche die exakte Topologie des Gesamtstammbaumes enthüllt. Das kann dann häufig zu einer neuen, z.B. engeren Auffassung von systematischen Einheiten führen, die unter Umständen in der Hierarchie neu bewertet werden müssen, wie durch REEB et al. mit den *Acarosporaceae* (nunmehr *Acarosporomycetidae*) geschehen.

Es würde zu weit führen, wichtige Schlussfolgerungen beider Arbeiten hier im Detail zu kommentieren. Für den an der Diversität der Ascomyceten interessierten Floristen wird vor allen

die geringe Zahl der in die Untersuchungen einbezogenen Arten unbefriedigend sein. Aus oben genannten Gründen wird dies vorerst ein wesentlicher Mangel systematischer Revisionen auf der Basis molekularer Daten bleiben. Da die molekulare Stammbaumanalyse jedoch inzwischen den Kinderschuhen entwachsen ist, sind ihre Ergebnisse auch für das Studium evolutionär gewachsener ökologischer Zusammenhänge unverzichtbar geworden. Die beiden referierten Artikel sind daher sehr lesenswerte Beiträge zur modernen Ascomyceten-Systematik.

Dr. VEIKO KRAUß, Leipzig

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Boletus - Pilzkundliche Zeitschrift](#)

Jahr/Year: 2005

Band/Volume: [28](#)

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: [Literaturhinweis 30](#)