

Beitrag zur Kenntnis von *Entoloma griseopruinatum*

KAI RESCHKE¹, CATHRIN MANZ², MATTHIAS THEISS³

RESCHKE K, MANZ C, THEISS M (2019) – Contribution to the knowledge of *Entoloma griseopruinatum*. Mycol. Bav. 19: 11-23.

Keywords: Agaricales, Entolomataceae, Bavaria, *Rhodopolia*, phylogeny, distribution, ecology, nomenclature.

Summary: *Entoloma griseopruinatum* is a presumably rare species with a poorly known intraspecific morphological variability. Herein, descriptions of two specimens of this species found in Bavaria, Germany, are given. Morphological differences between these specimens and the type specimen and the delimitation of *E. griseopruinatum* from similar species is discussed. Further, known distribution and ecology of *E. griseopruinatum* are discussed. A molecular phylogeny is presented and the subdivisional placement of *E. griseopruinatum* is reviewed.

Zusammenfassung: *Entoloma griseopruinatum* ist eine vermutlich seltene Art mit einer bisher wenig bekannten intraspezifischen, morphologischen Variabilität. Hier werden zwei Kollektionen dieser Art aus Bayern beschrieben. Die morphologischen Unterschiede dieser Belege zur Typusaufsammlung und die Abgrenzung von ähnlichen Arten wird diskutiert, ebenso die bekannte Verbreitung und die Ökologie von *E. griseopruinatum*. Es wird eine molekulare Phylogenie präsentiert und die infragenerische Einordnung von *E. griseopruinatum* besprochen.

Einleitung

Bis heute ist die Verbreitung der meisten (bereits beschriebenen) Pilzarten nur sehr fragmentarisch bekannt. Zwar haben die digitale Datenverarbeitung und das Internet, z.B. mit online-Plattformen wie GBIF (<https://www.gbif.org/>) oder Pilze-Deutschlands (<http://www.pilze-deutschland.de/>), die Möglichkeiten des Informationsaustausches über Verbreitungsdaten revolutioniert, dennoch fehlt es weiterhin an Mykologen und deren Finanzierung, um die Vielfalt der Pilze angemessen zu erfassen. Der größte Teil der Verbreitungsdaten stammt von Amateurmykologen. Diese können ein weites Spektrum von Spezies abdecken, problematisch sind jedoch Arten aus Gattungen, die auch in Europa noch ungenügend bearbeitet sind. Zu diesen Gattungen zählt unzweifelhaft die Gattung *Entoloma*. Regelmäßig werden neue Arten der Gattung beschrieben und andere, vorhandene Artnamen in die Synonymie gestellt (z.B. KOKKONEN 2015; LÜDERITZ et al. 2016; NOORDELOOS et al. 2017; MOROZOVA et al. 2017; BRANDRUD et al. 2018; AINSWORTH et al. 2018). Viele Arten der Gattung sind selten oder nur von wenigen Standorten nachgewiesen, bis hin zur Typuslokalität allein. Folglich ist die intraspezifische Variabilität dieser Arten kaum bekannt und

Anschrift der Autoren: ¹Universität Frankfurt, Abteilung Mykologie, Max-von-Laue Straße 13, 60438 Frankfurt am Main, Reschke@em.uni-frankfurt.de; ²Universität Marburg, Abteilung für spezielle Botanik und Mykologie, Karl-von-Frisch-Straße 8, 35032 Marburg; ³Grünewaldstraße 15, 35216 Biedenkopf

viele Bestimmungsversuche laufen zwangsläufig ins Leere. ITS-Barcoding kann eine Bestimmung wesentlich erleichtern oder absichern, jedoch sind gerade in der Gattung *Entoloma* nur von einem kleinen Teil der Arten Sequenzen in den Datenbanken hinterlegt und Fehlbestimmungen sehr häufig. Diese Situation hat sich für die Untergattung *Entoloma* mit den Publikationen von MORGADO et al. (2013) und KOKKONEN (2015), die viele Typen sequenziert hat, wesentlich gebessert.

In diesem Beitrag wird die Kenntnis von *E. griseopruinatum* basierend auf zwei kürzlich in Bayern gesammelten Belegen mittels Beschreibungen und Vergleichen mit den bereits verfügbaren Informationen zu dieser Art verbessert.

Materialien und Methoden

Aufsammlungen

Im Herbst 2016 wurden von Cathrin Manz (CM) und Matthias Theiss (MT) unabhängig voneinander Fruchtkörper einer *Entoloma*-Art gesammelt. Die Fruchtkörper wurden auf einem Dörrgerät bei etwa 35 °C getrocknet und später zur weiteren Bearbeitung an Kai Reschke (KR) übergeben.

Morphologie

Die Fruchtkörper wurden lichtmikroskopisch untersucht. Die Messungen der Basidiosporen sowie der Elemente des Hymeniums und der Huthaut wurden an Handschnitten in Leitungswasser oder 5-10 % KOH durchgeführt. Dazu wurde ein 100x/1.4 Apochromat-Objektiv verwendet. Die Sporengrößen und Q-Werte sind vom 5. Perzentil-Mittelwert-95. Perzentil angegeben.

DNA Extraktion und PCR

Lamellenstücke der getrockneten Fruchtkörper von 10-20 mg wurden in einer MM301 Mixer Mill (Retsch GmbH, Haan, Germany) gemahlen. Aus dem resultierenden Pulver wurde mittels peqGOLD fungal DNA mini kit (VWR, Darmstadt, Deutschland) DNA extrahiert. Die nuc rDNA ITS1-5.8S-ITS2 (ITS)-Sequenzen wurden per PCR in einem peqSTAR 2x Gradient Thermal Cycler (PEQLAB, Erlangen, Germany) unter Benutzung der VWR Taq DNA Polymerase (VWR, Darmstadt, Deutschland) amplifiziert. Dazu wurden die Primer ITS1 (WHITE et al. 1990) und ITS4B (GARDES & BRUNS 1993) mit dem folgenden PCR-Ablauf verwendet: Denaturierung bei 95 °C für 4 min, gefolgt von 35 Zyklen von Denaturierung bei 95 °C für 45 s, Annealing bei 53 °C für 30 s und Elongation bei 72 °C für 60 s, sowie einem finalen Elongationsschritt von 72 °C für 5 min.

Der Erfolg der PCR wurde per Gelelektrophorese in einem 1 % (w/v) Agarosegel in TBE bei 130-170 V und 90 mA überprüft. Erfolgreich amplifizierte Produkte wurden von Microsynth Seqlab (Göttingen, Germany) aufgereinigt und sequenziert. Die Sequenzdaten wurden mit Geneious (Biomatters Ltd., Auckland, Neuseeland) editiert.

Phylogenetische Analysen

Zu den Sequenzen der beiden Aufsammlungen wurden per BLAST-search in GenBank Sequenzen von mutmaßlich nah verwandten Taxa ermittelt und heruntergeladen. Zusätzlich wurde je eine Sequenz, die *Entoloma majaloides* P.D. Orton und *Entoloma boreale* Kokkonen zugeordnet ist, als outgroup heruntergeladen. Die Sequenzen wurden mit dem E-INS-i Algorithmus in Mafft (KATO & STANDLEY 2013) aligniert und die Enden in MEGA7 (KUMAR et al. 2016) gekürzt. Unsichere Stellen im Alignment wurden mit GBlocks online version 0.91b (CASTRESANA 2000; TALAVERA & CASTRESANA 2007) entfernt, wobei alle Optionen für eine weniger stringente Auswahl aktiviert wurden.

Die Minimum Evolution Analyse (ME) wurde mit MEGA7 durchgeführt. Dazu wurde das Tamura-3-parameter Modell (TAMURA 1992) mit den folgenden Einstellungen verwendet: transitions and transversions to include as substitutions, gamma-distributed rates among sites, homogeneous patterns among lineages, partial deletion of gaps/missing data with a site coverage cutoff of 20 %, ME search level 2 und eine bootstrap Analyse (FELSENSTEIN 1985) mit 1000 Wiederholungen. Die Maximum Likelihood Analyse (ML) wurde mit RAxML-HPC2 on XSEDE (8.2.4) (STAMATAKIS 2014) auf der online-Plattform Cipres Science Gateway (MILLER et al. 2010) durchgeführt. Es wurde das GTRCAT Modell benutzt und eine Bootstrap Analyse (FELSENSTEIN 1985) mit 1000 Wiederholungen. Der Stammbaum wurde mit TreeGraph 2 (STÖVER & MÜLLER 2010) dargestellt und bearbeitet. Clades wurden dann als unterstützt betrachtet, wenn die Bootstrap-Werte mindestens 0,7 bzw. 70 % betragen.

Ergebnisse

Die Analyse der ITS beider Kollektionen ergab eine 100%ige Übereinstimmung mit der Sequenz des Isotyps von *Entoloma griseopruinatum* Noordel. & Cheype. Anhand der morphologischen Merkmale, wie Form und Größe der Basidiosporen, Struktur der Huthaut, Schnallen, Habitus und Bereifung des Huts, wurde das molekulare Ergebnis bestätigt.

Beschreibung der beiden Kollektionen

***Entoloma griseopruinatum* Noordel. & Cheype (2004) in Fungi Europaei 5A: 876** Abb. 1-6

Kollektion aus dem Ostallgäu (Abb. 1)

Fruchtkörper tricholomatoid. **Hut** 7,2 cm Durchmesser, unregelmäßig konvex-abgeflacht-niedergedrückt, Hutrand etwas eingerollt, Hygrophanität nicht beurteilt, am Rand kurz und fein auf der Oberfläche gerieft, in der Mitte hornbraun, zum Rand hin heller bräunlich-grau bis hellgrau, teilweise mit aus der Mitte unregelmäßig ausstrahlenden hornbraunen Flecken, in der Hutmitte leicht weiß-gräulich bereift.



Abb. 1 – Fruchtkörper von *E. griseopruinatum* (MB-009584)

Foto M. THEISS

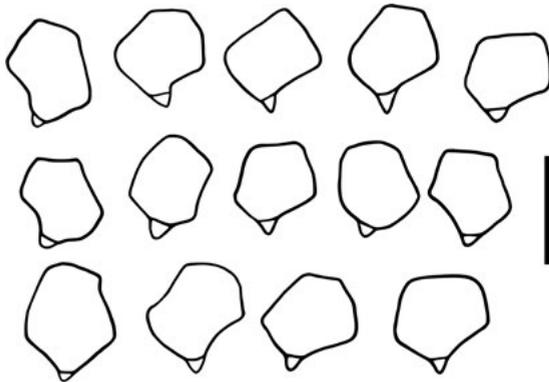


Abb. 2 – Basidiosporen von *E. griseopruinatum* (MB-009584), im Hellfeld betrachtet. Maßstab: 10 µm.

Zeichnung K. RESCHKE

Lamellen mäßig dicht stehend, graulich mit Rosaton. **Stiel** 9 x 1,5 cm, zur Basis leicht keulig verdickt, bräunlich-grau, grob längsfaserig, zur Spitze hin faserig-schuppig, Basis rein weiß. Basalmyzel wollig. **Geruch** unspezifisch.

Basidiosporen (Abb. 2) 8-8,8-9,5 x 6,5-7,4-8,5 µm, Q = 1.04-1.19-1.3 (n = 26), subisodiametrisch bis breit heterodiametrisch, meist 5, selten 4 oder 6 Ecken in Seitenansicht, gelblich pink pigmentiert, dickwandig und inamyloid. **Basidien** 31-47 x 10-12 µm, clavate, hyalin, 4-sporig, Sterigmata bis 5 µm lang. **Zystiden** nicht vorhanden. Lamellentrama regulär, bestehend aus zylindrischen bis fusiformen Elementen, die meisten 35-160 x 12-18 µm, einige deutlich schmaler, die schmalsten 4 µm breit. **Pileipellis** eine Kutis aus schmalen zylindrischen Zellen von 2-5 µm Breite mit

intrazellulärem Pigment. Elemente der Stieloberfläche zylindrisch und 3-8 µm breit. **Schnallen** in allen Teilen der Fruchtkörper vorhanden.

Der Fruchtkörper wuchs in der Nähe von Buchen und Tannen, Fichten waren etwas weiter weg.

Deutschland, Bayern, Landkreis Ostallgäu, Gemeinde Füssen, nahe Alatsee (Parkplatz), TK 8429/241, N47°33'49,91" E10°38'24,01", 895 m ü. NN, montaner Mischwald mit *Fagus sylvatica* L, *Abies alba* Mill., *Picea abies* L. und *Pinus sylvestris* L. auf sandig-lehmigem Boden über Kalkgestein, 30.VII.2016, M. Theiss (MT1019769), im Herbarium Marburgense (MB-009584).

ITS: GenBank Acc-No: MH745421

Kollektion aus der Rhön (Abb. 3)

Fruchtkörper tricholomatoid. **Hut** 3-6 cm Durchmesser, jung konvex, dann abflachend, Hutrand auch adult noch etwas eingerollt und ungerieft, nicht hygrophan, dunkel graubraun, einheitlich gefärbt, in der Hutmitte leicht weiß-graulich bereift. **Lamellen** mäßig dicht stehend, mit 1-2 Lamellulae zwischen 2 Lamellen, ausgebuchtet angewachsen, beige-rosalich, zum Teil etwas wellig, Schneiden unregelmäßig scharf, gleichfarben. **Stiel** 5-8 x 1-3 cm, zur Basis leicht keulig verdickt, graulich, grob längsfaserig, an der Spitze feinschuppig, Basis rein weiß, Basalmyzel wollig. **Fleisch** dick, fest, weißlich. **Geruch** ranzig-mehlig.



Abb. 3 – Fruchtkörper von *E. griseopruinatum* (MB-009585)

Foto E. SEIPELT

Basidiosporen (Abb. 4) 9-9,7-10,5 x 8-8,1-9 µm, Q = 1,11-1,19-1,31 (n = 20, Messungen von CM), 8,5-9,3-10,5 x 7-7,7-8,5 µm, Q = 1,12-1,21-1,33 (n = 23, Messungen von KR), subisodiametrisch bis breit heterodiametrisch, meist 5, selten 4 oder 6 Ecken in Seitenansicht, gelblich pink pigmentiert, dickwandig und inamyloid. **Basidien** 31,5-45,5 x 9-11,5 µm, clavate, hyalin, 4-sporig, Sterigmata bis 5 µm lang. **Zystiden** nicht vorhanden. **Pileipellis** eine Kutis aus schmalen zylindrischen Zellen von 3,5-8 µm Breite mit intrazellulärem Pigment. Elemente der Stieloberfläche zylindrisch und 2,5-6,5 µm breit. **Schnallen** in allen Teilen der Fruchtkörper vorhanden.

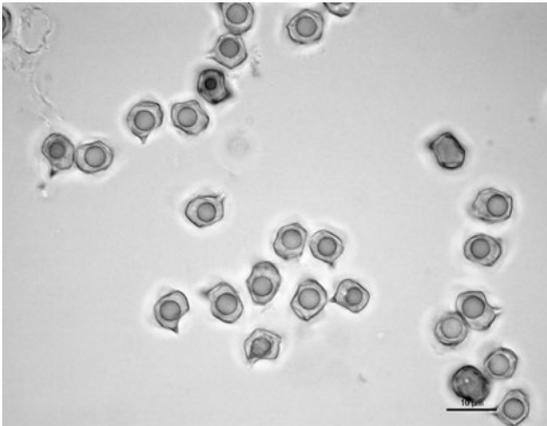


Abb. 4 – Mikrofoto der Basidiosporen von *E. griseopruinatum* (MB-009585), aufgenommen im Hellfeld

Foto C. MANZ

Deutschland, Bayern, Gemeinde Ostheim vor der Rhön, nördlich der Elsbachtaler Mühlwiesen, N 50°27'37,79" E 10°6'13,59", TK 5526/234, 560 m ü. NN, basischer Laubmischwald, in der näheren Umgebung vorwiegend *Fagus sylvatica*, 13.VIII.2016, C. Manz (aCM01), im Herbarium Marburgense (MB-009585).

ITS: GenBank Acc-No: MH745420

Unterschiede zur Originalbeschreibung

Die Fruchtkörper der beiden Kollektionen aus Bayern unterschieden sich in einigen Merkmalen von denen der Originalbeschreibung von *E. griseopruinatum*. Bei der Kollektion aus dem Ostallgäu war die Hutmitte deutlich dunkler als der Rand und dieser fein und kurz gerieft. Bei der Kollektion aus der Rhön war der Hut dunkel graubraun ohne Rotbrauntöne wie beim Holotyp und nur in der Mitte bereift. Bei beiden Kollektionen waren die Lamellen heller, graulich bzw. beige anstatt grau beim Holotyp und die Stiele zur Basis hin leicht clavate anstatt spindelförmig und zur Basis hin verjüngend und wurzelnd. Ebenso war bei keinem der Fruchtkörper beider Kollektionen eine gelbe Verfärbung an der Basis zu erkennen. Fruchtkörper von *E. griseopruinatum* können demnach einen graubraunen, bronzebraunen bis rotbraunen, gleichfarbenen oder in der Mitte dunkleren Hut mit einem nicht durchscheinenden, aber manchmal kurz und fein gerieften Rand haben. Die Lamellen können beige, graulich bis grau sein. Der Stiel ist graubraun und deutlich längsfaserig, er kann zur Basis hin clavate sein oder aber wurzelnd. Die Stielbasis kann Gelbtöne aufweisen.

Phylogenie (Abb. 5)

Die ITS-Sequenzen der in Bayern gefundenen Aufsammlungen von *E. griseopruinatum* bilden zusammen mit der Sequenz des Isotyps und der als *E. lividoalbum* (Kühner & Romagn.) Kubicka annotierten Sequenz ein gut abgesichertes terminales Clade. Die benachbarte Art im Stammbaum ist *E. eminens* Kokkonen, wobei dies von der Maximum Likelihood Analyse nicht abgesichert wird. *Entoloma griseopruinatum* gehört zur engeren Verwandtschaftsgruppe von *E. sinuatum* (Bull. ex Pers.: Fr.) P. Kumm., die Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb dieser Gruppe gehen aus dem Stammbaum jedoch nicht hervor.

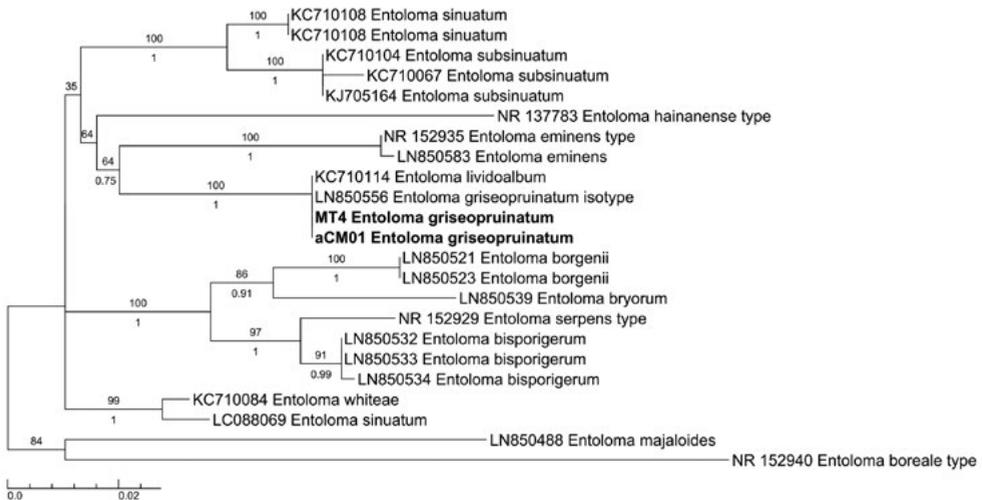


Abb. 5 – ML Phylogramm des Clade /Sinuatum s. BRANDRUD et al. (2018) basierend auf ITS-Sequenzen mit *E. majaloides* und *E. boreale* als outgroup. Sequenzen der beiden Kollektionen aus Bayern in fetter Schrift. Oben ML Bootstrap-Wert in %, unten ME Bootstrap-Wert in absoluten Zahlen. Maßstab: kalkulierte Unterschiede/Nukleotid.

Diskussion

Abgrenzung zu ähnlichen Arten

Beide Kollektionen konnten mit dem Schlüssel von NOORDELOOS (2004) nicht bestimmt werden. C. Manz kam bei ihrem Bestimmungsversuch am ehesten zu *E. lividoalbum* oder *E. griseoluridum* (Kühner) M.M. Moser. M. Theiss versah den Fund mit dem Hinweis cf. *prunuloides*.

Entoloma lividoalbum ist durch einen glatten, gelb-braunen, hygrophanen Hut, einen eher weißen Stiel, schmale Huthautelemente und intrazelluläres Pigment in der Huthaut charakterisiert. Fruchtkörper von *E. griseopruinatum* haben dagegen einen nicht hygrophanen Hut mit einer feinen faserigen Bereifung, auf dem eher graue bis rotbraune Farbtöne dominieren, sowie einen pigmentierten Stiel.

Entoloma griseoluridum ist *E. lividoalbum* ähnlich, die Fruchtkörper unterscheiden sich jedoch durch eher dunkler braune, deutlich geriefte Hüte und grauliche Stiele

(KÜHNER & ROMAGNESI 1954; NOORDELOOS 2004). Fruchtkörper von *E. griseopruinatum* sollten aufgrund der nicht hygrophanen, ungerieften und bereiften Hüte und der dunkleren Stiele abzugrenzen sein. LUDWIG (2007) vermutete in seiner Beschreibung von *E. griseoluridum*, dass *E. griseopruinatum* ein Synonym dieser Art sein könnte. Sein Konzept von *E. griseoluridum* weicht jedoch vor allem durch die nicht hygrophanen und ungerieften Hüte deutlich vom ursprünglichen Konzept ab: „*Chapeau ... toujours distinctement striolé par transparence (sur ± 6-10 mm de long) ... il est franchement hygrophane...*“ (KÜHNER & ROMAGNESI 1954). Wir hatten daher eine Konspezifität dieser beiden Arten nicht angenommen. Jedoch wurde uns von Machiel Noordeloos mitgeteilt, dass Ergebnisse aus laufenden Studien auf eine Konspezifität der beiden Arten hindeuten. Damit wäre Ludwigs Annahme richtig und *E. griseopruinatum* ein Synonym von *E. griseoluridum*. Bisher wurden keine molekularen Daten von *E. griseoluridum* veröffentlicht.

Entoloma prunuloides (Fr.) Quél. bildet wie *E. griseopruinatum* tricholomatoide Fruchtkörper, die einen bereiften Hut mit graubrauner Färbung haben können (NOORDELOOS 2004), die beiden Arten können anhand der deutlich kleineren Sporen von *E. prunuloides* (6,5-8 x 6,5-8 µm) gut unterschieden werden.

Verbreitung (Abb. 6)

Entoloma griseopruinatum wurde aus Frankreich, Haute-Savoie beschrieben (NOORDELOOS 2004). Seither wurde von zwei Kollektionen der Art aus dem Norden Spaniens, nahe bei Girona, in Laubwäldern auf saurem Boden berichtet (VILA & CABALLERO 2007). Außerdem gab es einen Fund in Deutschland, Schleswig-Holstein, bei Neustadt in Holstein, TK 1830/4 (<http://schleswig-holstein.pilze-deutschland.de/organismen/entoloma-griseopruinatum-noordel-cheype-2004>, 08.08.2018). Die als *E. lividoalbum* bestimmte Aufsammlung (MEN 200328) von *E. griseopruinatum*, die durch die ITS-Sequenz mit der Acc.-Nr. KC710118 in GenBank repräsentiert ist, stammt aus Belgien (MORGADO et al. 2013). Bei einer Kollektion aus Italien nahe Venedig auf der Isola di Albarella (http://www.gruppomicologicocastellano.it/raccolta_funghi/entoloma_griseopruinatum/entoloma_griseopruinatum_raccolta.html, 08.08.2018) handelt es sich vermutlich nicht um *E. griseopruinatum*, da die mikrofotografisch dargestellten Sporen nicht deutlich eckig sind. Wegen der abweichenden Sporenform, nicht deutlich eckig und in den Zeichnungen mit hauptsächlich 7, seltener 6 Ecken, erscheint auch der Nachweis von *E. griseopruinatum* aus Griechenland (NOORDELOOS & POLEMIS 2008) zweifelhaft. *Entoloma griseopruinatum* ist also, abgesichert durch molekulare Daten, zumindest in Mitteleuropa, von Bayern nach Belgien bis nach Ostfrankreich verbreitet. Es kann beim derzeitigen Forschungsstand in der Gattung *Entoloma* nicht ausgeschlossen werden, dass es sich bei den Funden aus Spanien um eine ähnliche, womöglich bisher unbeschriebene Art handelt.

Bei den beiden Funden aus Bayern handelt es sich unseres Wissens um den Zweit- und Drittnachweis für Deutschland bzw. den Erst- und Zweitnachweis für Bayern. *Entoloma griseoluridum* ist für Bayern bereits durch einen Fund bei Rimsting am

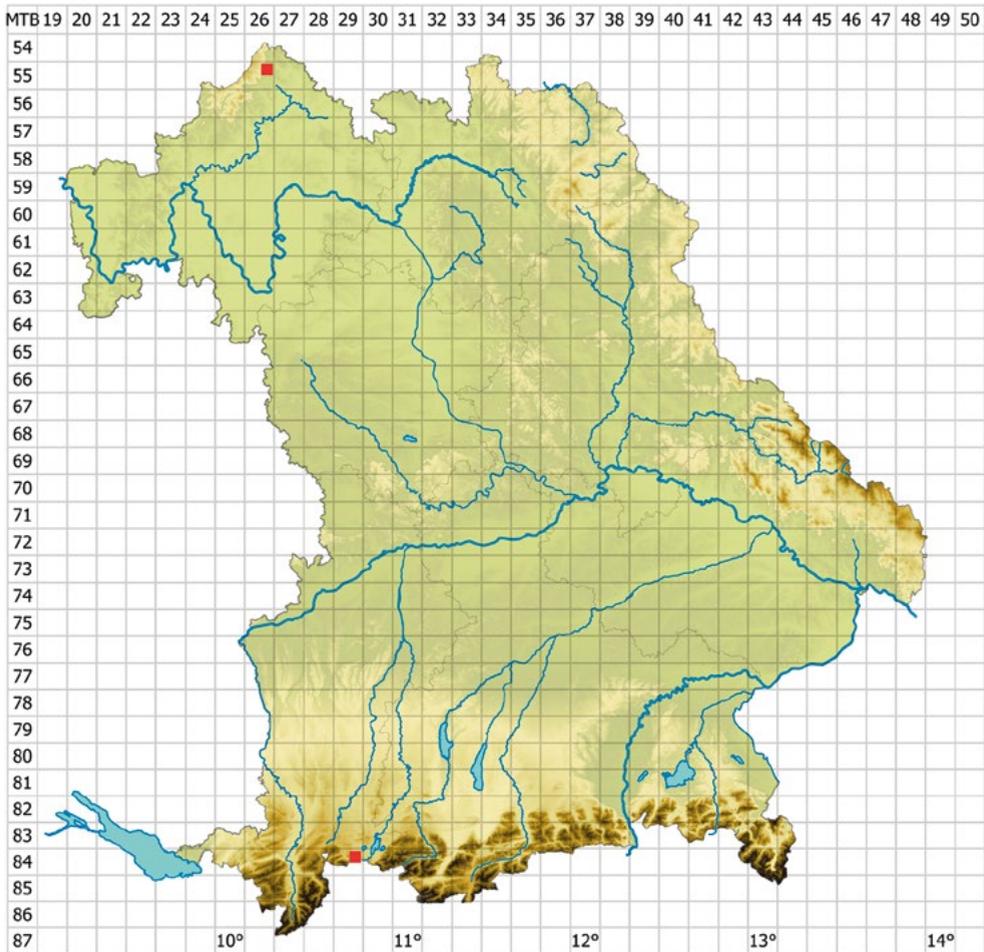


Abb. 6 – Fundorte von *E. griseopruinatum* in Bayern

Karte A. HUSSONG

Chiemsee bekannt (<http://bayern.pilze-deutschland.de/organismen/entoloma-griseoluridum-k%C3%BChner-mm-moser-1978-1>, 19.02.2019). Bei einer Synonymisierung von *E. griseopruinatum* mit *E. griseoluridum* wäre diese Art dann von drei Standorten in Bayern bekannt.

Ökologie

Die Arten der Untergattung *Entoloma* sind vermutlich Ektomykorrhizabildner (ANTIBUS et al. 1981; LOREE et al. 1989; GRAF & BRUNNER 1996; AGERER 1997), exklusive der Arten der *E. clypeatum* (L.) P. Kumm-Verwandschaft, die eine parasitische Form von Mykorrhiza mit verholzten Rosaceae ausbilden (AGERER & WALLER 1993; KOBAYASHI & HATANO 2001). Bemerkenswert ist, dass in zwei größeren Studien aus Nordeuropa, Finnland und Norwegen, die Arten der Untergattung *Entoloma* fast ausschließlich bei Laubbäumen, bzw. in Koniferenwäldern bei einzeln eingestreuten Laubbäumen, gefunden wurden (KOKKONEN 2015; BRANDRUD et al. 2018). Die Typusaufsammlung

von *E. griseopruinatum* wuchs in einem montanen Buchenwald auf Kalkgestein (<http://myco-cheype.chez-alice.fr/classification/Agaricomycetes/Agaricomycetes1.htm>, 10.08.2018) in 1400 m ü. NN. Unsere beiden Aufsammlungen wuchsen ebenfalls in Wäldern auf Kalk, Buchen waren in beiden Fällen anwesend. Der Nachweis aus Schleswig-Holstein stammt aus einem alten Waldstandort bei *Carpinus betulus* L., *Quercus robur* L. und sehr altem *Crataegus* sp. auf Mergel (M. LÜDERITZ, pers. Mitteilung). Die beiden Kollektionen aus Spanien wurden aus einem Laubwald aus *Corylus avellana* L., *Betula pendula* Roth und *Sorbus aria* (L.) Crantz in 1150 m ü. NN auf saurem Boden und einem Laubwald aus *Betula pendula*, *Fraxinus excelsior* L., *Salix caprea* L. und *Sorbus aria* in 1300 m ü. NN auf saurem Boden berichtet (VILA & CABALLERO 2007). Wenn es sich bei diesen beiden Kollektionen tatsächlich um *E. griseopruinatum* handelt, wäre dies eine bodenvage Art. Eine spezifische Bindung an eine bestimmte Art oder Gattung als Mykorrhizapartner lässt sich anhand der vorliegenden Daten nicht feststellen.

Infragenerische Einordnung

Entoloma griseopruinatum wurde von NOORDELOOS (2004) in der Untergattung *Entoloma*, Section *Rhodopolia*, Stirps *Lividoalbum* geführt. In der molekularen Phylogenie von KOKKONEN (2015) waren die am nächsten stehenden Arten *E. eminens*, *E. carolinianum* Hesler und *E. nigrobrunneum* Hesler, das gemeinsame Clade wurde jedoch nicht ausreichend durch die Bootstrap-Analyse unterstützt. In der molekularen Phylogenie von BRANDRUD et al. (2018) wurde keine Sequenz von *E. griseopruinatum* mit einbezogen. *Entoloma eminens* befindet sich dort zusammen mit *E. sinuatum* und Arten um *E. bisporigerum* (P.D. Orton) Noordel. in einem gut unterstützten Clade mit der Bezeichnung /*Sinuatum*. Unsere molekulare Phylogenie ist im Wesentlichen identisch mit den beiden vorgenannten, mit einem etwas anderen Artenspektrum und abweichenden Unterstützungswerten. *Entoloma griseopruinatum* gehört also in den Verwandtschaftskreis von *E. sinuatum*, in dem es eine eher isolierte Position mit derzeit keiner nah verwandten Art mit verfügbarer ITS-Sequenz hat. *Entoloma eminens* könnte die nächst verwandte Art mit verfügbarer ITS-Sequenz sein.

Nomenklatorische Bemerkung zur Untergattung *Entoloma*

Die Section *Rhodopolia* (Fr.) Noordel. wurde von KOKKONEN (2015) in den Rang der Untergattung erhoben und emendiert. Sie enthielt dann auch die meisten Arten der ehemaligen Sectionen *Polita* Noordel. und *Pseudonolanea* Largent. Frühere Stirps innerhalb der ehemaligen Sektionen wurden in der ITS-basierten molekularen Phylogenie von KOKKONEN (2015) nicht unterstützt. Kokkonen betrachtete wie NOORDELOOS (1992, 2004) *Entoloma prunuloides* als Typus der Untergattung *Entoloma*. Dies widerspricht jedoch dem Art. 22 „Autonyms of subdivisions of genera“ des International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (TURLAND et al. 2018), insbesondere Art. 22.1 und 22.4. Nach Art. 22.1 muss der Name einer Subdivision einer Gattung gleich dem Namen der Gattung sein, wenn die Subdivision den Typus der Gattung enthält. Nach Art. 22.4 darf der Name einer Subdivision einer Gattung

nur dann gleich dem Namen der Gattung sein, wenn beide denselben Typus haben (TURLAND et al. 2018). Die in Art. 22 geregelten Autonyme bedürfen keiner formellen Beschreibung, ihnen folgt kein Autorenzitat. Da *Entoloma* subg. *Rhodopolia* (Fr.) Noordel. ex Kokkonen den Typus der Gattung *Entoloma*, *Entoloma sinuatum*, enthält (Co-DAVID et al. 2009), ist die Untergattung *Rhodopolia* s. Kokkonen ein invalides Synonym von *Entoloma* subg. *Entoloma*. Dies wurde von BRANDRUD et al. (2018) und NOORDELOOS et al. (2018) bereits umgesetzt.

Danksagungen

Wir möchten uns ganz besonders bei Josef Christan (München) bedanken, der uns ermutigt und unterstützt hat, diesen Artikel zu verfassen. Wir danken außerdem Emil Seipelt (Marburg), der das Foto der Kollektion aus der Rhön zur Verfügung gestellt hat, Matthias Lüderitz (Eutin) für Informationen zum Fund in Schleswig-Holstein und Alfred Hussong (Niederaichbach) für die Erstellung der Karte. Karl-Heinz Rexer (Marburg) wird für die schnelle Zurverfügungstellung der Herbarnummern gedankt und Meike Piepenbring (Frankfurt) für wertvolle Verbesserungsvorschläge. Machiel Noordeloos (Gouda) danken wir für Informationen über die Typifizierung der Gattung *Entoloma* und Informationen über derzeit unveröffentlichte Ergebnisse in der Untergattung *Entoloma*.

Literatur

- AGERER R (1997) – *Entoloma sinuatum* (Bull.: Fr.) Kummer + *Salix* spec. Descriptions of Ectomycorrhizae **2**: 13-18.
- AGERER R, WALLER K (1993) – Mycorrhizae of *Entoloma saepium*: parasitism or symbiosis? Mycorrhiza **3**: 145-154.
- AINSWORTH AM, DOUGLAS B, SUZ LM (2018) – Big Blue Pinkgills formerly known as *Entoloma bloxamii* in Britain: *E. bloxamii* s. str., *E. madidum*, *E. ochreoprunuloides* forma *hyacinthinum* and *E. tromadidum* sp. nov. Field Mycology **19**: 5-14. doi: 10.1016/j.fldmyc.2018.01.004.
- ANTIBUS RK, CROXDALE JG, MILLER OK, LINKINS AE (1981) – Ectomycorrhizal fungi of *Salix rotundifolia* III. Resynthesized mycorrhizal complexes and their surface phosphatase activities. Canadian Journal of Botany **59**: 2458-2465. doi: 10.1139/b81-297.
- BRANDRUD TE, BENDIKSEN E, JORDAL JB, et al (2018) – *Entoloma* species of the rhodopolioid clade (subgenus *Entoloma*; Tricholomatinae, Basidiomycota) in Norway. Agarica **38**: 21-46.
- CASTRESANA J (2000) – Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. Molecular Biology and Evolution **17**: 540-552.
- Co-DAVID D, LANGEVELD D, NOORDELOOS ME (2009) – Molecular phylogeny and spore evolution of Entolomataceae. Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi **23**: 147-176. doi: 10.3767/003158509X480944.
- FELSENSTEIN J (1985) – Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. Evolution **39**: 783-791. doi: 10.2307/2408678.

- GARDES M, BRUNS TD (1993) – ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes-application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology* **2**: 113-118.
- GRAF F, BRUNNER I (1996) – Natural and synthesized ectomycorrhizas of the alpine dwarf willow *Salix herbacea*. *Mycorrhiza* **6**: 227-235.
- KATOH K, STANDLEY DM (2013) – MAFFT Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in Performance and Usability. *Molecular Biology and Evolution* **30**: 772-780. doi: 10.1093/molbev/mst010.
- KOBAYASHI H, HATANO K (2001) – A morphological study of the mycorrhiza of *Entoloma clypeatum* f. *hybridum* on *Rosa multiflora*. *Mycoscience* **42**: 83-90.
- KOKKONEN K (2015) – A survey of boreal *Entoloma* with emphasis on the subgenus *Rhodopolia*. *Mycological Progress* **14**: 116. doi: 10.1007/s11557-015-1135-y.
- KÜHNER R, ROMAGNESI H (1954) – Espèces nouvelles ou critiques de *Rhodophyllus*. *Revue de Mycologie* **19**: 3-46.
- KUMAR S, STECHER G, TAMURA K (2016) – MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution* **33**: 1870-1874. doi: 10.1093/molbev/msw054.
- LOREE MAJ, LUMME I, NIEMI M, TORMALA T (1989) – Inoculation of willows (*Salix* spp.) with ectomycorrhizal fungi on mined boreal peatland. *Plant and soil* **116**: 229-238.
- LÜDERITZ M, KAMKE M, SPECHT P, et al. (2016) – Ergebnisse des 4. und 5. Dünenpilzworkshops. *Zeitschrift für Mykologie* **82**: 355-448.
- LUDWIG E (2007) – Pilzkompendium. Bd. 2., Beschreibungen, Die grösseren Gattungen der Agaricales mit farbigem Sporenpulver (ausgenommen Cortinariaceae). Fungicon-Verlag, Berlin.
- MILLER M, PFEIFFER W, SCHWARTZ T (2010) – Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. In: Gateway Computing Environments Workshop (GCE), 2010. pp 1-8.
- MORGADO LN, NOORDELOOS ME, LAMOUREUX Y, GEML J (2013) – Multi-gene phylogenetic analyses reveal species limits, phylogeographic patterns, and evolutionary histories of key morphological traits in *Entoloma* (Agaricales, Basidiomycota). *Persoonia* **31**: 159-178. doi: 10.3767/003158513X673521.
- MOROZOVA OV, NOORDELOOS ME, POPOV ES, ALEXANDROVA AV (2017) – Three new species within the genus *Entoloma* (Basidiomycota, Agaricales) with clamped basidia and a *serrulatum*-type lamellae edge, and their phylogenetic position. *Mycological Progress* 1–12. doi: 10.1007/s11557-017-1364-3.
- NOORDELOOS ME (1992) – *Entoloma* s.l., Fungi Europaei 5. Libreria editrice Giovanna Biella, Saronno, Italy.
- NOORDELOOS ME (2004) – *Entoloma* s.l., Fungi Europaei, 5A. Edizioni Candusso, Alassio, Italy.
- NOORDELOOS ME, DIMA B, WEHOLT Ø, et al (2017) *Entoloma chamaemori* (Entolomataceae, Basidiomycota) – a new boreal species, with isolated phylogenetic position. *Phytotaxa* **298**: 289-295.
- NOORDELOOS ME, POLEMIS E (2008) – Studies in the genus *Entoloma* (Basidiomycota, Agaricales) from the Kiklades (C. Aegean, Greece). *Mycotaxon* **105**: 301-312.

- NOORDELOOS ME, WEHOLT Ø, BENDIKSEN E, et al (2018) – *Entoloma aurorae-borealis* sp. nov. and three rare *Entoloma* species in the Sinuatum clade (subg. *Entoloma*) from northern Europe. *Sydowia* **70**: 199-210.
- STAMATAKIS A (2014) – RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* **30**: 1312-1313. doi: 10.1093/bioinformatics/btu033.
- STÖVER BC, MÜLLER KF (2010) – TreeGraph 2: Combining and visualizing evidence from different phylogenetic analyses. *BMC Bioinformatics* **11**: 7. doi: 10.1186/1471-2105-11-7.
- TALAVERA G, CASTRESANA J (2007) – Improvement of phylogenies after removing divergent and ambiguously aligned blocks from protein sequence alignments. *Systematic Biology* **56**: 564-577. doi: 10.1080/10635150701472164.
- TAMURA K (1992) – Estimation of the number of nucleotide substitutions when there are strong transition-transversion and G+ C-content biases. *Molecular biology and evolution* **9**: 678-687.
- TURLAND NJ, WIERSEMA JH, BARRIE FR, et al (2018) – International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Shenzhen Code) adopted by the Nineteenth International Botanical Congress Shenzhen, China, July 2017. *Regnum Vegetabile*.
- VILA J, CABALLERO F (2007) – *Entoloma* nuevos o interesantes de la Península Ibérica. Edizioni Candusso, Alassio, Italy.
- WHITE TJ, BRUNS T, LEE S, TAYLOR JW (1990) – Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS MA, GELFAND DH, SNINSKY JJ, WHITE TJ (eds) – PCR protocols: a guide to methods and applications. pp 315-322.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Mycologia Bavarica](#)

Jahr/Year: 2019

Band/Volume: [19](#)

Autor(en)/Author(s): Reschke Kai, Manz Cathrin, Theiss Matthias

Artikel/Article: [Beitrag zur Kenntnis von Entoloma griseopruinatum 11-23](#)