

Mustererkennung von Aminosäure-Profilen – Chemotaxonomische Klassifizierung von Pilzen

H. LAATSCH*, L. MATTHIES

Institut für Organische Chemie der Georg-August-Universität Göttingen,
D-3400 Göttingen, Tammannstraße 2

M. SCHWIBBE

Deutsches Primatenzentrum GmbH,
D-3400 Göttingen, Kellnerweg 4

Eingegangen am 20.7.1992

H. Laatsch*, L. Matthies & M. Schwibbe (1992) – Pattern Recognition of Amino Acid Profiles – Chemotaxonomical Classification of Mushroom Species. – Z. Mykol. 59(1): 99–112.

Key Words: Chemotaxonomy, amino acids, stepwise discriminant analysis, mushroom, statistic, pattern recognition

Summary: In the course of a screening project, free amino acid contents in aqueous extracts of mushrooms from more than 60 species were measured with an amino acid autoanalyzer. Stepwise discriminant analysis was applied to the data from 23 selected acids. On the basis of this statistical analysis, reclassification of the mushroom species to the taxonomic system (order, family) was performed. Most of the mushroom samples were successfully assigned to the correct order (90 %) and family (67–89 %). The discrimination between the families was excellent (e. g. *Boletaceae/Coprinaceae* $F = 14.26$). Only the *Agaricaceae* could not be fully discriminated (*Agaricaceae/Boletaceae*: $F = 1.62$; *Agaricaceae/Cortinariaceae*: $F = 1.53$). This is also documented by the positions of the mushroom species in the canonical plot. The possible use of amino acid patterns in combination with statistical methods for chemotaxonomic purposes is discussed.

Zusammenfassung: Der Gehalt an freien Aminosäuren in wäßrigen Pilzextrakten aus mehr als 60 Spezies wurde durch automatische Aminosäureanalyse bestimmt. Durch schrittweise Diskriminanzanalyse der Daten von 23 ausgewählten Säuren wurde eine Reklassifizierung der Pilze in das taxonomische System vorgenommen, die auf der Ebene der Ordnungen zu 90 %, bei den Familien zu 67–89 % zu einer korrekten Zuordnung führte. Die Diskriminanz zwischen den Familien war ausgezeichnet (z. B. *Boletaceae/Coprinaceae* $F = 14.26$); lediglich die *Agaricaceae* waren nicht vollständig unterscheidbar (*Agaricaceae/Boletaceae*: $F = 1.62$; *Agaricaceae/Cortinariaceae*: $F = 1.53$, wie auch die Lage der Pilzspezies im kanonischen Plot zeigt. Die Auswertung von Aminosäuremustern durch statistische Methoden für eine Chemotaxonomie der Pilze wird diskutiert.

Die Taxonomie ist die Wissenschaft der Abgrenzung, Beschreibung und Benennung aller Organismengruppen, die aufgrund von diskriminativen Merkmalen als eigenständige Ein-

* Sonderdruckanforderungen an Prof. Dr. H. LAATSCH

heiten (Taxa) aufgefaßt werden können (HEGNAUER 1986). Für die Klassifikation werden neben anatomischen Merkmalen mittlerweile auch biochemische und zunehmend chemische Aspekte genutzt (STEGLICH et al. 1971, HØILAND 1980, STEGEMANN 1984, RAPIOR et al. 1988). Die Erwartung, daß genetisch nahestehende Individuen eine ähnliche chemische Zusammensetzung aufweisen sollten, ist logisch konsequent, denn die Gesamtheit der chemischen Inhaltsstoffe eines Lebewesens ist letztlich Ausdruck der genetischen Information.

Bereits 1961 ist von CATALFOMO & TYLER (1961) mit Mitteln der Dünnschichtchromatographie versucht worden, Pilze aufgrund ihres Aminosäuremusters zu identifizieren. Die Unterscheidbarkeit von *Amanita*-Arten (*A. muscaria*, *A. pantherina*, *A. citrina*) aufgrund des Fehlens oder Vorhandenseins der Aminosäuren Prolin, Phenylalanin und γ -Aminobuttersäure erwies sich jedoch später als nicht universell anwendbar (KRZECZ-KOWSKA et al. 1965) und wurde offenbar nicht weiter verfolgt.

Bei einem Screening-Projekt an Pilzen in einem anderen Arbeitszusammenhang haben wir die qualitative und quantitative Aminosäurezusammensetzung von Macromyceten untersucht. Durch Verwendung eines Aminosäuren-Autoanalysators wurden aus den wäßrigen Extrakten der Pilze Ionenchromatogramme erstellt, die über den Gehalt und die Identität von 23 untersuchten Aminosäuren in 110 Basidiomyceten aus 66 Arten Auskunft geben. Wir möchten auf Basis dieser Werte einen neuen chemotaxonomischen Ansatz vorstellen, den wir durch Diskriminanz-Analyse abgeleitet haben.

Zur Wahl der mathematischen Methoden

Bereits nach dem visuellen Eindruck sind die Aminosäuremuster nahe verwandter Pilze einander ähnlicher, als die entfernter Verwandter. Die Ziele der von uns durchgeführten mathematischen Bearbeitung von qualitativen *und* quantitativen Unterschieden in der Aminosäure-Zusammensetzung der Pilze waren daher der Vergleich und die Bewertung der Trenneigenschaften der einzelnen Aminosäuren.

Dazu kommen prinzipiell zwei Verfahren in Betracht, die Cluster-Analyse und die Diskriminanz-Analyse. Die Cluster-Analyse versucht, Elemente aufgrund ihrer Ähnlichkeit in bestimmten Variablen zu gruppieren. Die Diskriminanz-Analyse dagegen berechnet Wahrscheinlichkeiten, mit der einzelne Elemente zu bereits vorgegebenen Gruppen gehören. Bei der Cluster-Analyse können kaum statistische Aussagen darüber gemacht werden, welche Variablen zur Trennung der Gruppen besonders beitragen. In der Diskriminanz-Analyse wird dagegen über F-Statistiken die Bedeutung der einzelnen Variablen als Gruppierungsgröße bestimmbar. Darüberhinaus können Klassifizierungswahrscheinlichkeiten berechnet werden, die angeben, mit welcher Güte eine vorgegebene taxonomische Struktur (MOSER 1983) aufgrund des Variablenkonzerts erreicht werden kann. Die Diskriminanz-Analyse ist daher für die gegebene Fragestellung die Methode der Wahl. Wir befinden uns damit in Übereinstimmung mit der Vorgehensweise von AISHIMA & NAKAI (1987), die Mustererkennungen von Gaschromatogrammen bei vergleichbaren Fragestellungen durchgeführt haben. Aminosäurechromatogramme wurden bereits auch in einigen anderen Fällen bei der Mustererkennung eingesetzt (OOGHE et al. 1988, ETIEVANT et al. 1988), wobei jedoch keine chemotaxonomischen Überlegungen zugrunde lagen.

Material und Methoden

Die Pilze wurden von Mitgliedern der Deutschen Mykologischen Gesellschaft gesammelt

und bestimmt. Ein Teil stammt von der 18. Mykologischen Dreiländertagung, Daun 27.9.–3.10.1987. Für die Aminosäure-Analyse wurde in der Regel ein Gemisch aus Pilzen der verschiedenen Altersstadien aufgearbeitet, das frisch eingesetzt oder bis zur Bearbeitung bei -15° Grad C gelagert wurde. Vereinzelt wurden auch getrocknete Pilze analysiert, die vor dem Zerkleinern in Wasser gequollen wurden.

Probennahme und automatische Aminosäureanalyse

2–3 g Homogenisat aus Frischpilzen wurden zunächst zentrifugiert (15 min, 3200 U/min). Vom Überstand wurden sodann jeweils 0,05 ml bei 15 Torr/40°C (1 h) zur Trockene eingedampft. Der Rückstand wurde in 0,2 ml Natriumcitrat-Puffer (Auftragspuffer für Durrum-Analysator; 0,2 M, pH 2,2, 0,2 % Phenol und 2 % Thiodiglycol enthaltend; Pierce Chemical Comp. Illinois, USA) aufgenommen, einige Sekunden mit Ultraschall behandelt und nochmals zentrifugiert. 0,02 ml des Überstandes wurden schließlich am Analysator (Typ D 500 Fa. Durrum, Palo Alto, USA) chromatographiert. Bei zu hoher Konzentration wurde gegebenenfalls ein geringeres Volumen chromatographiert oder nach Bedarf die Ausgangslösung weiter mit Puffer verdünnt (1:3).

Diskriminanz-Analyse

Die schrittweise Diskriminanz-Analyse wurde mit dem Statistik-Programm BMDP7M (1984) durchgeführt. Für die Gruppierungsvariablen (Ordnung, Familie) wurde je eine schrittweise Diskriminanz-Analyse mit dem Abbruchkriterium $F > 2.0$ durchgeführt. x, y-Koordinaten der untersuchten Pilze im kanonischen Raum (Abb. 3) s. Tab. 1.

Ergebnisse und Diskussion

Die Datenmatrix bestand aus 110 Pilzen (= Fälle) mit jeweils 23 Aminosäuren verschiedener Konzentrationen (Integrale der Aminosäure-Peaks = Variablen).

Da unterschiedliche Signalintensitäten der Aminosäuren auch aus schwankenden Wassergehalten der analysierten Pilze resultieren können, war eine Normierung erforderlich. Hierfür standen prinzipiell zwei Verfahren zur Auswahl. 1) Die Normierung jedes Peaks auf einen internen Standardpeak, wobei die Zahl der Variablen allerdings um 1 vermindert wird. 2) Die Normierung jedes Peaks auf die Gesamtfläche aller Peaks. Wie auch die Arbeiten von Aishima & Nakai (1987) ausweisen, zeigt sich bei dieser Methode eine höhere Trennfähigkeit nachfolgender Verfahren. Deshalb wurde die Matrix zeilenweise auf die Summe der Integrale (= 1) bezogen. Damit liegen relative Angaben (zwischen 0 und 1) über den quantitativen Anteil jeder Aminosäure am Gesamtspektrum vor.

Gruppierungsverfahren

Für die Diskriminanz-Analyse wurden zwei zusätzliche Variablen eingeführt, nach denen die einzelnen Pilze zu gruppieren waren. Die erste Einteilung unterscheidet auf der Ebene der Ordnungen (**A: Boletales**, **B: Agaricales**), die zweite Gruppierungsvariable hat sieben Ausprägungen auf der Ebene von Familien (**A: Agaricaceae**, **B Amanitaceae**, **C: Tricholomataceae**, **D: Coprinaceae**, **E: Cortinariaceae**, **F: Paxillaceae**, **G: Boletaceae**).

Gruppierungen nach Ordnungen

Nach 11 Iterationsschritten, d. h. der Einbeziehung von nur 11 der 23 Aminosäuren wurde das Abbruchkriterium erreicht. Mittels dieser Diskriminanz-Funktion lassen sich 90 % der analysierten Pilze der korrekten Ordnung (*Boletales* oder *Agaricales*) zuweisen; 5 bzw. 6 Pilze wurden falsch klassifiziert (s. Tab. 2a).

Bei der Jackknife-Klassifikation für die Berechnung der Diskriminanzgüte wird jeweils ein Element (Pilz) herausgehalten und dann überprüft, ob es in die richtige Gruppe (Ordnung bzw. Familie) eingeordnet wird. Unter dieser kritischen Zusatzbedingung reduziert sich die Klassifizierungswahrscheinlichkeit geringfügig auf 83,6 %, dabei werden jetzt jeweils 9 Pilze in die falsche Gruppe eingeordnet (s. Tab. 2b). *A priori* wäre in diesem Fall eine Klassifizierungsrate von nur 50 % richtiger Zuordnungen zu erwarten gewesen. Die gefundenen Werte belegen daher die Güte der errechneten Diskriminanz-Funktion für die vorgegebene Gruppierung. Die Trennfähigkeit der Funktion ist hochsignifikant ($F = 13.03$, $DF = 11, 98$, $P < 0.001$).

In Tabelle 3 dargestellt sind die Mittelwerte der Aminosäuren für die beiden Ordnungen zusammen mit der F-Statistik, die einen Aufschluß über die Diskriminationsfähigkeit der einzelnen Säuren gibt.

Den höchsten Beitrag zur Trennung der Ordnungen liefern demnach die Aminosäuren Isoleucin (ILE), Phenylalanin (PHE) und γ -Aminobuttersäure (GABA). Es folgen zunächst Serin (SER), Ornithin (ORN), eine Ninhydrin-positive Substanz mit der Retentionszeit des Coprins (COP), Leucin (Leu), Cystein (Cys) und schließlich Asparaginsäure (ASP), Methionin (MET) und Threonin (THR).

Graphisch verdeutlicht ist die Lage der Pilze auf der ersten kanonischen Variablen in Abbildung 2. Wie ersichtlich und aus der Zuordnungstabelle (Tab. 2a) auch zu erwarten, gibt es zwischen den beiden Gruppen nur einen minimalen Überschneidungsbereich. Die Trennung der Pilze auf der Ebene von Ordnungen mittels der genannten Aminosäuren kann damit als statistisch gesichert gelten.

Gruppierung nach Familien

Auf die Reklassifizierung der Pilze in die Familien wurde das gleiche statistische Verfahren angewandt. Unter Einbeziehung von 12 diskriminativen Aminosäuren läßt sich eine Klassifikationsrate von durchschnittlich 72,7 % erreichen (Tab. 4a). Wenn nach der „hold one out strategy“ eine Jackknife-Klassifikation durchgeführt wird (Tab. 4b), reduziert sich die Klassifizierungsrate nur unwesentlich (66,4 %). Durch Zufall wäre eine Klassifikationsrate von 14,3 % zu erwarten.

In der Tabelle 5 sind die Mittelwerte für die 7 Familien aufgeführt, geordnet nach der Höhe des Beitrages der Aminosäuren zu Diskriminanz-Funktion. Wieder ist es die Aminosäure Isoleucin (ILE), die den höchsten Beitrag zur Gruppenunterscheidung liefert, gefolgt von Asparaginsäure (ASP). Fast alle Familien können signifikant voneinander durch die Diskriminanz-Funktion getrennt werden (F -Werte > 2.5 , $DF = 12, 92$, $P < 0.05$). Eine Ausnahme bildet die Trennung der *Agaricaceae* von den *Boletaceae* ($F = 1.62$) und den *Cortinariaceae* ($F = 1.53$). Die beste Gruppen-Trennung erfolgt zwischen den Familien der *Boletaceae* und *Coprinaceae* ($F = 14.26$, $DF = 12.92$, $P < 0.001$).

Die Lage der einzelnen Pilze und die Mittelwerte der Familien (A–F) im kanonischen Raum sind in der Abbildung 3 dargestellt. Auch aus dieser Abbildung wird die ausgezeichnete Familien-Trennung zwischen C (*Boletaceae*) und E (*Coprinaceae*) deutlich. Die geringe Diskriminierbarkeit der Familie A (*Agaricaceae*) von den anderen Gruppen zeigt sich in der verstreuten Lage der Elemente im kanonischen Raum. Sie ist auch in den zum Vergleich durch Clusteranalyse erhaltenen Verwandtschaftsbeziehungen (als Dendrogramm in Abb. 4) erkennbar: Während die Klassifizierung die Ebene der Ordnungen auch hier weitgehend korrekt wiedergibt, reichen die relativen Aminosäurekonzentrationen zu einer

Unterscheidung auf der Ebene der Familien nur noch bedingt aus; Schwankungen in der Zusammensetzung können dazu führen, daß selbst Proben derselben Spezies unterschiedlich zugeordnet werden.

Profilvergleich

In der Abbildung 5 sind die Profile über die trennenden Aminosäuren für *Boletales* und *Agaricales* dargestellt. Zwischen den beiden Verläufen besteht eine hohe Korrelation. Allein die *Höhe* der Ausprägung der Aminosäuren in den verschiedenen Arten differenziert zwischen den Ordnungen, der Verlauf ist jedoch sehr ähnlich. Große Unterschiede in der Konzentration bestehen hinsichtlich GABA, LEU und THR; beiden Ordnungen gemeinsam sind hohe Mittelwerte im Seringehalt.

In der Abbildung 6 werden die Profile für die 7 verschiedenen Familien dargestellt. Dabei ergibt sich ein überraschender Befund: Im ersten Teil der Auftragung (von ILE bis THR) lassen sich deutlich unterschiedliche Verläufe zwischen den Familien aufzeigen. Hier unterscheidet sich z. B. der Verlauf bei den *Tricholomataceae* eindeutig vom Verlauf bei den *Paxillaceae*. Dagegen besitzt im zweiten Teil (von GLU bis PHE) bei gleichbleibendem Trend allein die Höhe der Konzentration die entscheidende diskriminative Funktion.

Vergleicht man die eingelaufenen Variablen aus den beiden Diskriminanz-Funktion (auf der Ebene von Ordnungen bzw. Familien) miteinander, so stellt man fest, daß die Aminosäuren LYS, GLU, PRO, Arg, TYR und GLY *ausschließlich* in der Familien-Trennung auftreten. Deshalb erscheinen sie besonders für die Differenzierungsfähigkeit auf dieser Ebene bedeutsam.

Zusammenfassung und Ausblick

Durch geeignete mathematische Methoden, wie z. B. Diskriminanzanalyse können aus Aminosäuremustern chemotaxonomische Informationen gewonnen werden. Bei höheren Pilzen beträgt die Zuordnungssicherheit auf der Ebene der Gattungen 90 %. Auf der Klassifizierungsebene der Familien nimmt die Zuordnungsgenauigkeit erwartungsgemäß etwas ab (73 %): Wegen der größeren Ähnlichkeit der Pilze ist folgerichtig auch die Trennung unschärfer. Die gefundenen korrekten Zuordnungen auf beiden untersuchten Ebenen (Ordnung, Familie) liegen weit über der jeweiligen *a priori* Wahrscheinlichkeit. Die Klassifizierungsraten können sicherlich noch gesteigert werden, wenn einerseits die Beschaffenheit des Pilzmaterials hinsichtlich Alter und Lagerung standardisiert, sowie andererseits die Validität der Kennwerte durch Medianbildung aus einer größeren Anzahl Stichproben weiter erhöht wird.

Damit ist ein neues chemotaxonomisches Kriterium gefunden, das möglicherweise für die Systematik der Basidiomyceten von Interesse ist und daher weiter untersucht werden sollte.

Die vorgelegten oder neu zu erstellende Profile auf der Ebene der Familien können zukünftig Entscheidungshilfen bei der Überprüfung strittiger taxonomischer Einordnungen sein.

Eine einfache erste Auswertung der Aminosäureanalyse eines Pilzes auf der Ebene der Familien kann z. B. so erfolgen: Von dem Chromatogramm werden die Integrale der 23 Aminosäuresignale (Abb. 1) zunächst normiert (Gesamtintegral = 1). Die Mittelwerte der trennenden Aminosäuren werden sodann wie in Abbildung 6 aufgetragen, woraus sich im Idealfall anhand eines weitgehend ähnlichen Kurvenverlaufs die Zuordnung zu einer der Familien ergibt. Alternativ hierzu kann durch erneute Diskriminanzanalyse diese Informa-

tion auch mathematisch gewonnen werden. Da möglicherweise Familien, die in Abbildung 6 noch nicht berücksichtigt sind, nur durch andere Aminosäuren voneinander getrennt werden, ist in diesem Fall eine erneute Diskriminanzanalyse unumgänglich (für die wir die Datensätze aus der vorliegenden Untersuchung gerne zur Verfügung stellen). Dabei kann nicht nur ein neues Profil im Sinne von Abbildung 6 erstellt, sondern auch die (mathematische) Familien-Zuordnung eines Individuums direkt aus den Ergebnissen der Analyse abgelesen werden. Ob der Profilvergleich von Aminosäuren in höheren Pilzen zur Unterscheidung auch bei den anderen Ordnungen (*Polyporales*, *Russulales* etc.) dienen kann, bedarf ebenfalls weiterer Untersuchungen, die wir hiermit ausdrücklich anregen wollen.

Frau M. Praetor (Max-Planck-Institut für Experimentelle Medizin, Göttingen) danken wir für die Aufnahme der Aminosäuren-Chromatogramme und der Deutschen Gesellschaft für Mykologie (insbes. Frau F. Hettich, Freising) für zahlreiche Pilzproben. Diese Untersuchung wurde durch ein Doktorandenstipendium des Landes Niedersachsen (Nr. 213/7112-5 an L. M.), sowie durch den Fonds der Chemischen Industrie und die Deutsche Forschungsgemeinschaft gefördert.

Literatur

- AISHIMA, T. & S. NAKAI (1987) – Pattern Recognition of GC Profiles Classification of Cheese Variety. *J. Food Sci.* **52**, 939–942.
- BMDP Statistical Software, UCLA, Revised Version May 1984.
- CATALFOMO, P. & V. E. TYLER (1961) – Investigation of the Free Amino Acids and Amanita Toxins in Amanita Species. *J. Pharm. Science* **50**, 689–692.
- ETIEVANT, P., P. SCHLICH, J.-C. BOUVIER, P. SYMONS & A. BERTRAND (1988) – Varietal and Geographic Classification of French Red Wines in Terms of Elements, Amino Acids and Aromatic Alcohols. *J. Sci. Food Agric* **45**, 25–41.
- HEGNAUER, R. (1986) – Phytochemistry and Plant Taxonomy – An Essay on the Chemotaxonomy of Higher Plants. *Phytochemistry* **25**, 1519–1535.
- HØILAND, K. (1980) – Cortinarius Subgenus Leprocybe in Norway. *Norw. J. Bot.* **27**, 101–126.
- KRZECZKOWSKA, I., S. BURZYNSKI & Z. CZERNIAK (1965) – Investigation on the Possibility of the Determination of Mushroom Species on the Basis on the Composition of their Amino Acids. *Annales Universitatis Mariae Curie-Sklodowska (Lublin, Polen) Sectio, D*, **20**, 221–229.
- MOSER, M. (1983) – Die Röhrlinge und Blätterpilze 2. Teil, 5. überarb. Aufl., G. Fischer Verlag, Stuttgart und New York.
- OOGHE, W., H. KASTELIJN & A. DE WAELE (1981) – Determination of the Source of Red Wine Using Amino Acid Spectra. *Ann. Fals. Exp. Chim.* **798**, 381–408.
- RAPIOR, S., C. ANDARY & G. PRIVAT (1988) – Chemotaxonomic Study of Orellanine in Species of Cortinarius and Dermocybe. *Mycologia* **80**, 741–747.
- STEGEMANN, H. (1984) – Biochemical Tests for Cultivar Identification (S. R. Draper, R. J. Cooke, Eds.) S. 20–31, International Seed Testing Association, Zürich 1984.
- STEGELICH, W., I. PILS & A. BRESINSKY (1971) – Pilzpigmente 7: Nachweis und chemotaxonomische Bedeutung von Pulvinsäuren in Rhizopogon (Gasteromycetes). *Z. Naturforsch.* **26 b**, 376–377.

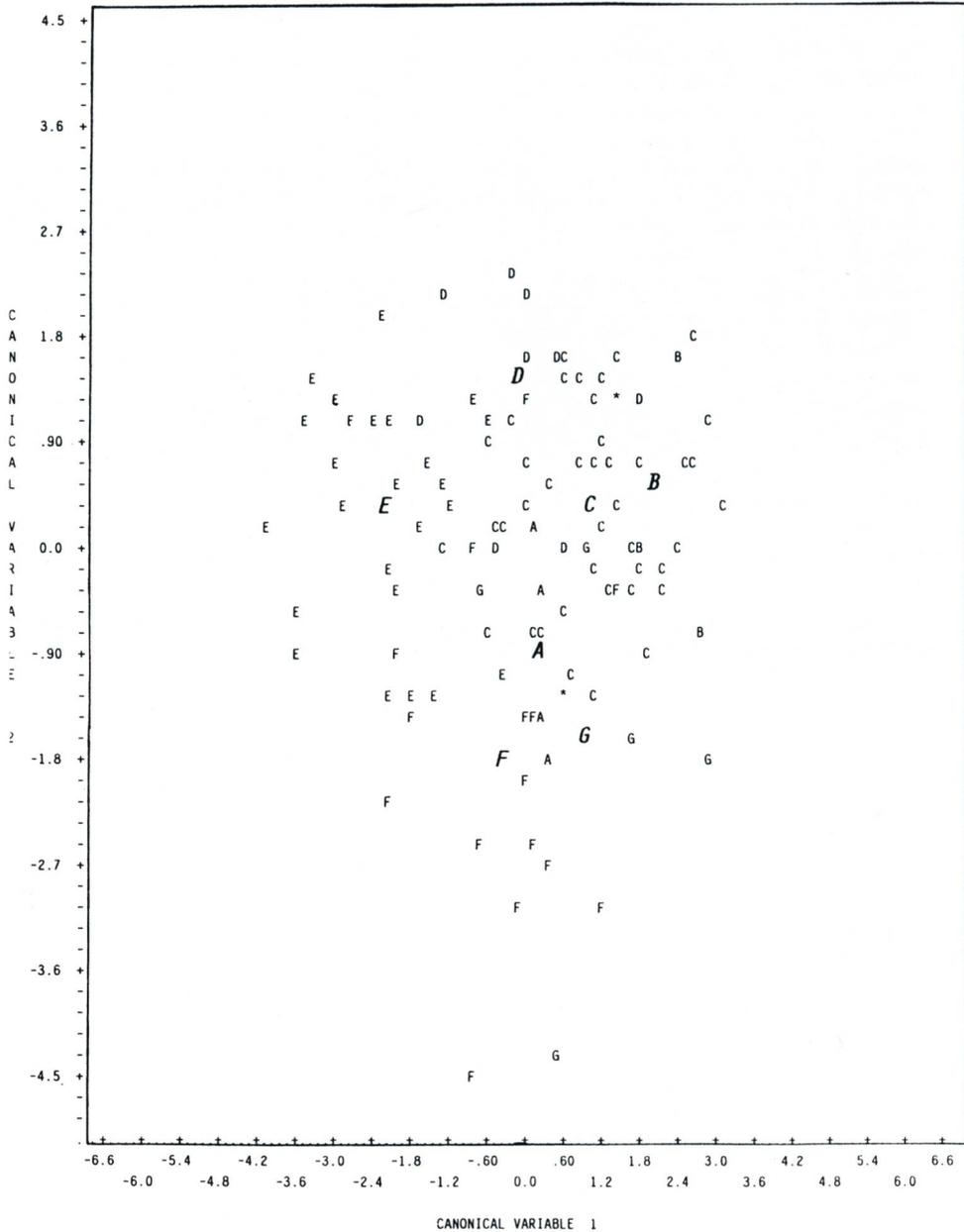


Abb. 3: Lage der untersuchten Pilze im kanonischen Raum. Fettdruck = Schwerpunkt der Verteilung pro Familie
 * = Überlappung von Pilzen. Zuordnung: Die Buchstaben entsprechen den Familien wie in Tab. 4 und 5, Koordinaten s. Tab. 1. Ausreißer: ¹ = *Cortinarius speciosissimus*, ² = *Paxillus involutus*

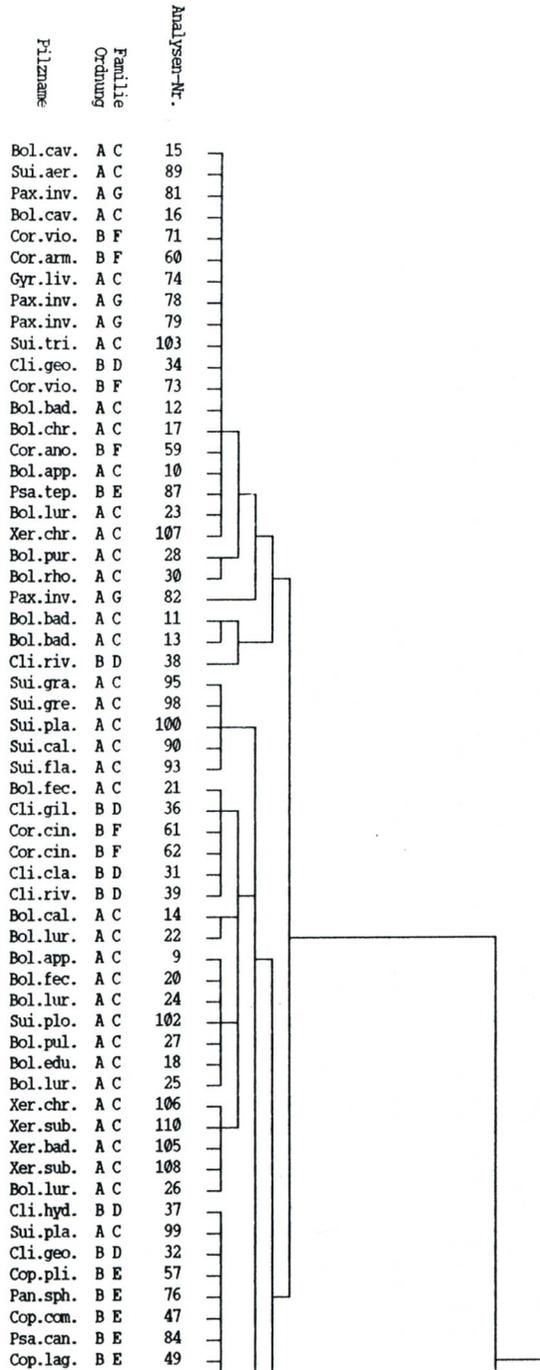
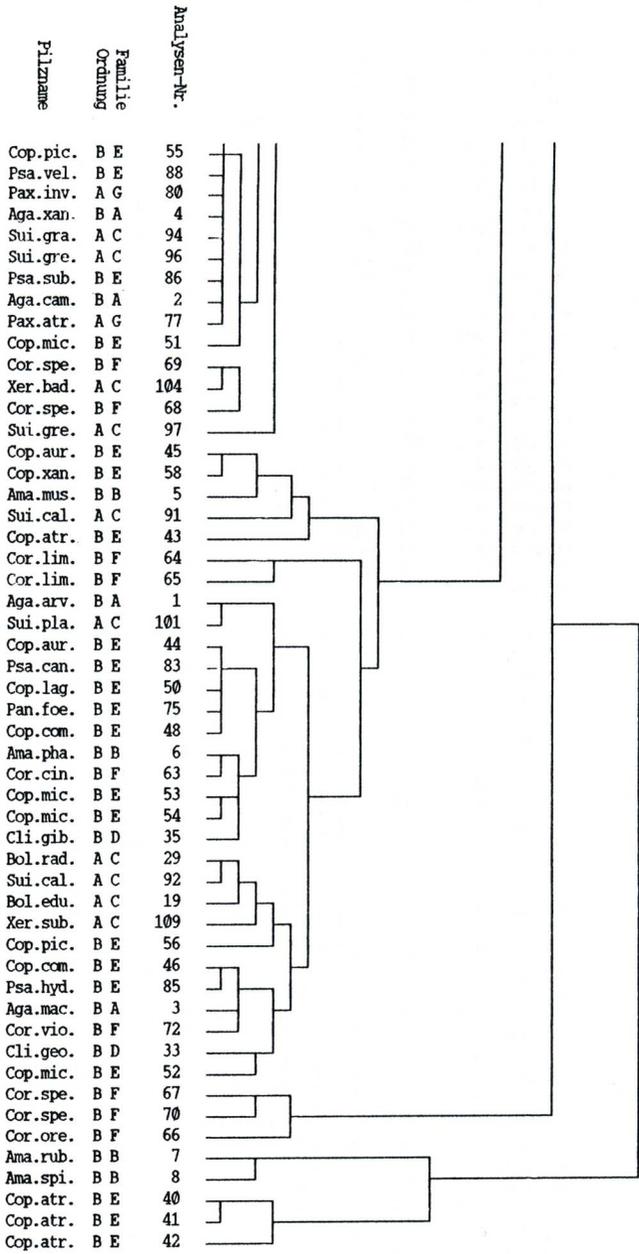


Abb. 4: Ergebnis der Clusteranalyse über alle Aminosäuren, dargestellt als Dendrogramm.



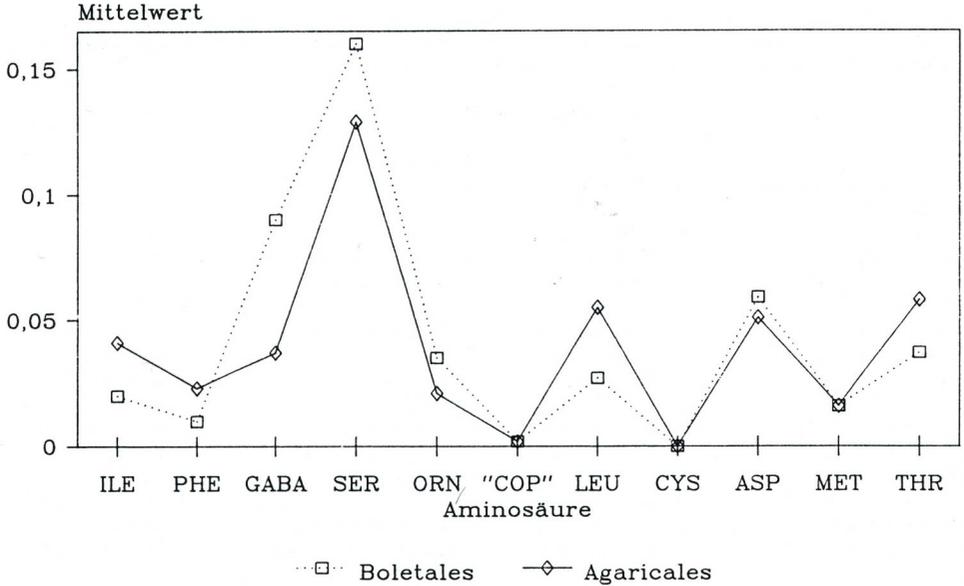


Abb. 5: Profile über die Mittelwerte der trennenden Aminosäuren in den Ordnungen *Boletales* (durchgezogene Linie) und *Agaricales* (gestrichelt), geordnet nach Diskriminationsfähigkeit.

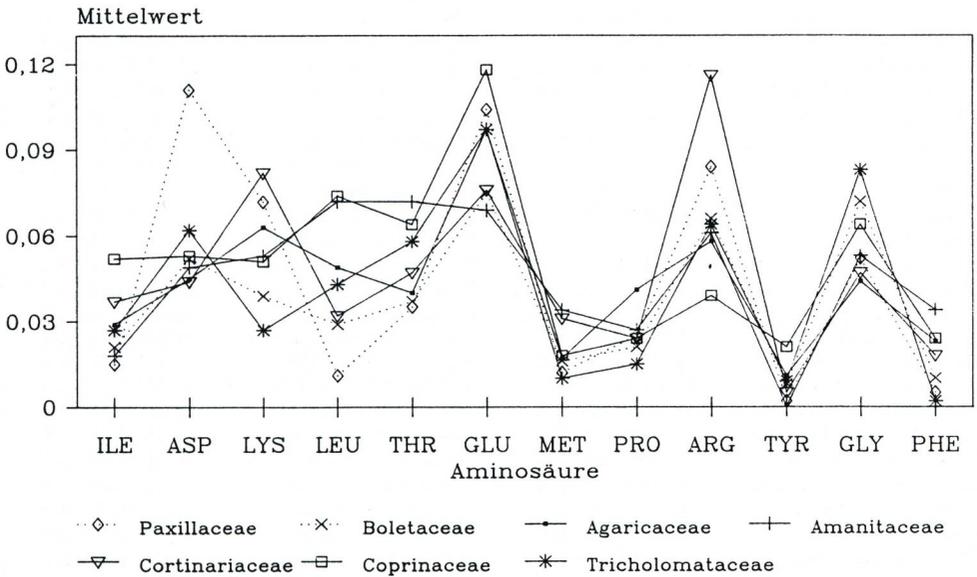


Abb. 6: Profile über die Mittelwerte der trennenden Aminosäuren in den 7 untersuchten Familien, geordnet nach Diskriminationsfähigkeit. Ordn. *Agaricales* (Fam. *Agaricaceae*, *Amanitaceae*, *Tricholomataceae*, *Coprinaceae*, und *Cortinariaceae*): dünne Linien; Ordn. *Boletales* (Fam. *Boletaceae* und *Paxillaceae*): fett.

Tab. 1: x,y-Koordinaten, Ordnung (1. Buchstabe; A: *Boletales*, B: *Agaricales*) und Familie (2. Buchstabe; A: *Agaricaceae*, B: *Amanitaceae*, C: *Boletaceae*, D: *Tricholomataceae*, E: *Coprinaceae*, F: *Cortinariaceae*, G: *Paxillaceae*) der untersuchten Pilze im kanonischen Raum (Abb. 3).

NAME	x/y-Koord.	Ordn.	Fam.	NAME	x/y-Koord.	Ordn.	Fam.
<i>Boletus appendiculatus</i>	+0.80/+0.63	B	C	<i>Amanita muscaria</i>	+2.39/+1.53	A	B
<i>Boletus appendiculatus</i>	+0.21/-0.68	B	C	<i>Amanita phalloides</i>	+2.79/-0.73	A	B
<i>Boletus badius</i>	+1.08/-1.26	B	C	<i>Amanita rubescens</i>	+1.40/+1.32	A	B
<i>Boletus badius</i>	-0.50/+0.21	B	C	<i>Amanita spissa</i>	+1.80/-0.06	A	B
<i>Boletus badius</i>	+0.57/-0.46	B	C	<i>Clitocybe clavipes</i>	-1.29/+2.10	A	D
<i>Boletus callicritus</i>	+1.10/-0.18	B	C	<i>Clitocybe geotropa</i>	+0.43/+1.57	A	D
<i>Boletus cavipes</i>	+0.57/-1.22	B	C	<i>Clitocybe geotropa</i>	+0.05/+2.13	A	D
<i>Boletus cavipes</i>	+1.71/-0.39	B	C	<i>Clitocybe geotropa</i>	0.00/+1.69	A	D
<i>Boletus chrysenteron</i>	+1.73/+0.38	B	C	<i>Clitocybe gibba</i>	-1.68/+1.16	A	D
<i>Boletus edulis</i>	+1.03/+1.20	B	C	<i>Clitocybe gilva</i>	-0.26/+2.41	A	D
<i>Boletus edulis</i>	+1.77/+0.70	B	C	<i>Clitocybe hydrata</i>	+0.59/-0.06	A	D
<i>Boletus fechtnerii</i>	+1.39/+1.64	B	C	<i>Clitocybe rivulosa</i>	+1.76/+1.24	A	D
<i>Boletus fechtnerii</i>	+1.10/+0.79	B	C	<i>Clitocybe rivulosa</i>	-0.47/+0.03	A	D
<i>Boletus luridus</i>	+0.16/-0.66	B	C	<i>Coprinus atramentarius</i>	-3.38/+1.35	A	E
<i>Boletus luridus</i>	+0.63/+1.67	B	C	<i>Coprinus atramentarius</i>	-4.04/+0.19	A	E
<i>Boletus luridus</i>	+1.42/+0.28	B	C	<i>Coprinus atramentarius</i>	-3.00/+1.24	A	E
<i>Boletus luridus</i>	+3.16/+0.38	B	C	<i>Coprinus atramentarius</i>	-3.59/-0.86	A	E
<i>Boletus luridus</i>	+2.90/+1.08	B	C	<i>Coprinus auricomus</i>	-2.16/+1.06	A	E
<i>Boletus pulverulentus</i>	+2.39/-0.08	B	C	<i>Coprinus auricomus</i>	-2.24/+1.92	A	E
<i>Boletus purpureus</i>	+1.21/+1.38	B	C	<i>Coprinus comatus</i>	-2.19/-0.20	A	E
<i>Boletus rhodans</i>	+2.20/-0.17	B	C	<i>Coprinus comatus</i>	-2.80/+1.09	A	E
<i>Boletus rhodoxanthus</i>	+2.64/+1.89	B	C	<i>Coprinus comatus</i>	-2.08/-0.34	A	E
<i>Gyrodon lividus</i>	+1.93/-0.85	B	C	<i>Coprinus lagopus</i>	-1.56/+0.64	A	E
<i>Suillus aeruginascens</i>	-0.22/+1.10	B	C	<i>Coprinus lagopus</i>	-1.26/+0.56	A	E
<i>Suillus callicritus</i>	+0.87/+1.47	B	C	<i>Coprinus micaceus</i>	-3.44/+1.09	A	E
<i>Suillus callicritus</i>	-1.28/+0.07	B	C	<i>Coprinus micaceus</i>	-0.30/-1.01	A	E
<i>Suillus callicritus</i>	+0.40/+0.49	B	C	<i>Coprinus micaceus</i>	-1.18/+0.29	A	E
<i>Suillus flavus</i>	+1.76/-0.13	B	C	<i>Coprinus micaceus</i>	-0.87/+1.31	A	E
<i>Suillus granulatus</i>	-0.38/+0.11	B	C	<i>Coprinus picaceus</i>	-1.84/-1.25	A	E
<i>Suillus granulatus</i>	+0.06/+0.37	B	C	<i>Coprinus picaceus</i>	-2.10/-1.33	A	E
<i>Suillus grevillei</i>	-0.61/+0.84	B	C	<i>Coprinus plicatilis</i>	-1.67/+0.10	A	E
<i>Suillus grevillei</i>	+0.74/-1.13	B	C	<i>Coprinus xanthotrix</i>	-2.45/+1.02	A	E
<i>Suillus grevillei</i>	-0.03/+0.65	B	C	<i>Paneolus foenisecii</i>	-3.65/-0.57	A	E
<i>Suillus placidus</i>	+1.33/+0.79	B	C	<i>Paneolus sphinctrinus</i>	-1.38/+0.49	A	E
<i>Suillus placidus</i>	+1.16/+0.98	B	C	<i>Psathyrella candolleana</i>	-2.10/+1.14	A	E
<i>Suillus placidus</i>	+0.59/+1.38	B	C	<i>Psathyrella candolleana</i>	-2.01/+0.60	A	E
<i>Suillus plorans</i>	+1.39/+1.29	B	C	<i>Psathyrella hydrophila</i>	-2.94/+0.65	A	E
<i>Suillus tridentinus</i>	-0.55/-0.80	B	C	<i>Psathyrella subatrata</i>	-2.91/+0.42	A	E
<i>Xerocomus badius</i>	+2.22/-0.30	B	C	<i>Psathyrella tephrophylla</i>	-0.64/+1.11	A	E
<i>Xerocomus badius</i>	+1.25/+0.17	B	C	<i>Psathyrella velutina</i>	-1.41/-1.21	A	E
<i>Xerocomus chrysenteron</i>	+1.86/+0.79	B	C	<i>Cortinarius anomalus</i>	-0.04/+1.21	A	F
<i>Xerocomus chrysenteron</i>	+2.61/+0.81	B	C	<i>Cortinarius armillatus</i>	+0.08/-2.58	A	F
<i>Xerocomus subtomentosus</i>	+2.56/+0.79	B	C	<i>Cortinarius cinnamomeus</i>	-2.03/-0.86	A	F
<i>Xerocomus subtomentosus</i>	+2.10/+0.50	B	C	<i>Cortinarius cinnamomeus</i>	-1.84/-1.40	A	F
<i>Xerocomus subtomentosus</i>	+1.30/-0.36	B	C	<i>Cortinarius cinnamomeus</i>	-2.13/-2.20	A	F
<i>Paxillus atrotomentosus</i>	+0.96/-0.08	B	G	<i>Cortinarius limoneus</i>	-0.01/-1.38	A	F
<i>Paxillus involutus</i>	+2.86/-1.72	B	G	<i>Cortinarius limoneus</i>	-0.66/-2.59	A	F
<i>Paxillus involutus</i>	+2.60/-1.22	B	G	<i>Cortinarius orellanus</i>	-0.03/-1.89	A	F
<i>Paxillus involutus</i>	-0.67/-0.34	B	G	<i>Cortinarius speciosissimus</i>	-0.89/-4.42	A	F
<i>Paxillus involutus</i>	+1.68/-1.54	B	G	<i>Cortinarius speciosissimus</i>	+0.31/-2.77	A	F
<i>Paxillus involutus</i>	+0.48/-4.35	B	G	<i>Cortinarius speciosissimus</i>	+0.11/-1.48	A	F
<i>Agaricus arvensis</i>	+0.08/+0.12	A	A	<i>Cortinarius speciosissimus</i>	-0.11/-3.11	A	F
<i>Agaricus campestris</i>	+0.31/-1.75	A	A	<i>Cortinarius violaceus</i>	+1.21/-2.99	A	F
<i>Agaricus macrosporus</i>	+0.25/-0.27	A	A	<i>Cortinarius violaceus</i>	-0.85/ 0.00	A	F
<i>Agaricus xanthodermus</i>	+0.26/-1.39	A	A	<i>Cortinarius violaceus</i>	+1.42/-0.38	A	F

Ordnung	% korrekt	A	B	Ordnung	% korrekt	A	B
A	88.2	45	6	A	88.4	42	9
B	91.5	5	54	B	84.7	9	50
Mittelwert	90.0			Mittelwert	83.6		

Tab. 2a: Klassifizierungswahrscheinlichkeiten für die korrekte Zuordnung von 110 Pilzproben aus 66 Species in die Ordnungen *Boletales* (A) und *Agaricales* (B). 2b. Ergebnisse nach Jackknife-Klassifikation („hold one out“).

AMINOSÄURE	A (Boletales)	B (Agaricales)	F-Statistik	Freiheitsgrade	
I L E	0.02045	0.04050	38.409	1.00	108.00
P H E	0.00986	0.02279	32.029	2.00	107.00
G A B A	0.09025	0.03665	25.135	3.00	106.00
S E R	0.16356	0.12912	22.675	4.00	105.00
O R N	0.03485	0.02084	20.386	5.00	104.00
C O P	0.00203	0.00181	18.699	6.00	103.00
L E U	0.02692	0.05542	17.031	7.00	102.00
C Y S	0.00022	0	15.650	8.00	101.00
A S P	0.05885	0.05112	14.716	9.00	100.00
M E T	0.01590	0.01640	13.875	10.00	99.00
T H R	0.03672	0.05793	13.032	11.00	98.00
Arten: N =	51	59			

Tab. 3. Mittelwerte der trennenden Aminosäuren in den Ordnungen *Boletales* (A) und *Agaricales* (B), geordnet nach Diskriminationsfähigkeit (F-Statistik).

Familie	% korrekt	A	B	C	D	E	F	G
A	75.0	3	0	1	0	0	0	0
B	75.0	0	3	1	0	0	0	0
C	66.7	4	0	30	3	2	4	2
D	66.7	0	0	2	6	1	0	0
E	88.9	1	0	0	0	24	2	0
F	66.7	1	0	0	3	1	10	0
G	66.7	0	0	2	0	0	0	4
Mittelwert	72.7							

Familie	% korrekt	A	B	C	D	E	F	G
A	75.0	3	0	1	0	0	0	0
B	75.0	0	3	1	0	0	0	0
C	62.2	4	0	28	4	2	4	3
D	55.6	0	0	2	5	1	1	0
E	88.9	1	0	0	0	24	1	1
F	53.3	2	0	0	3	1	8	1
G	33.3	0	0	2	0	1	1	2
Mittelwert	66.4							

Tab. 4a. Klassifizierungswahrscheinlichkeiten für die korrekte Zuordnung von 110 untersuchten Pilzproben in 7 Familien (A: *Agaricaceae*, B: *Amanitaceae*, D: *Tricholomataceae*, E: *Coprinaceae*, F: *Cortinariaceae* = Ordn. *Agaricales*) und G: *Paxillaceae*, C: *Boletaceae* = Ordn. *Boletales*). 4b Ergebnisse nach Jackknife-Klassifikation.

AMINO- SÄURE	A		B		D		E		F		C		G		F-Statistik	Freiheitsgrade
	Agaricaceae	Amanitaceae	Tricholomataceae	Coprinaceae	Cortinariaceae	Boletaceae	Paxillaceae									
ILE	0.02930	0.01815	0.02651	0.05195	0.03723	0.02112	0.01542	14.408	6.00	103.00						
ASP	0.04465	0.04938	0.06203	0.05291	0.04356	0.05188	0.11113	11.005	12.00	204.00						
LYS	0.06280	0.04350	0.02682	0.05061	0.08241	0.03891	0.07240	9.458	18.00	286.16						
LEU	0.04910	0.05277	0.04322	0.07403	0.03162	0.02909	0.01068	8.376	24.00	350.07						
THR	0.03997	0.07165	0.05842	0.06424	0.04742	0.03691	0.03525	7.628	30.00	398.00						
GLU	0.09685	0.06920	0.09652	0.11827	0.07563	0.07503	0.10412	7.154	36.00	433.11						
MET	0.01605	0.03440	0.00971	0.01813	0.01259	0.01641	0.01213	6.551	42.00	258.42						
PRO	0.04138	0.02708	0.01456	0.02423	0.02435	0.02092	0.02453	6.117	48.00	476.42						
ARG	0.05798	0.06130	0.06439	0.03851	0.11642	0.06605	0.08443	5.754	54.00	489.00						
TYR	0.01060	0	0.00922	0.02060	0.00487	0.00804	0.00197	5.487	60.00	497.55						
GLY	0.04420	0.05345	0.08301	0.06398	0.04711	0.07249	0.05250	5.398	66.00	503.08						
PHE	0.02273	0.03353	0.02194	0.02440	0.01757	0.01050	0.00502	5.212	72.00	506.34						
Arten: N =	4	4	9	27	15	45	6									

Tab. 5: Mittelwerte der trennenden Aminosäuren in den Familien, geordnet nach Diskriminationsfähigkeit (F-Statistik). Agaricales = A, B, D, E, F. Boletales = C, G.



Deutsche Gesellschaft für Mykologie e.V.
German Mycological Society

Dieses Werk stammt aus einer Publikation der **DGfM**.

www.dgfm-ev.de

Über [Zobodat](#) werden Artikel aus den Heften der pilzkundlichen Fachgesellschaft kostenfrei als PDF-Dateien zugänglich gemacht:

- **Zeitschrift für Mykologie**
Mykologische Fachartikel (2× jährlich)
- **Zeitschrift für Pilzkunde**
(Name der Hefreihe bis 1977)
- **DGfM-Mitteilungen**
Neues aus dem Vereinsleben (2× jährlich)
- **Beihefte der Zeitschrift für Mykologie**
Artikel zu Themenschwerpunkten (unregelmäßig)

Dieses Werk steht unter der [Creative Commons Namensnennung - Keine Bearbeitungen 4.0 International Lizenz](#) (CC BY-ND 4.0).



- **Teilen:** Sie dürfen das Werk bzw. den Inhalt vervielfältigen, verbreiten und öffentlich zugänglich machen, sogar kommerziell.
- **Namensnennung:** Sie müssen die Namen der Autor/innen bzw. Rechteinhaber/innen in der von ihnen festgelegten Weise nennen.
- **Keine Bearbeitungen:** Das Werk bzw. dieser Inhalt darf nicht bearbeitet, abgewandelt oder in anderer Weise verändert werden.

Es gelten die [vollständigen Lizenzbedingungen](#), wovon eine [offizielle deutsche Übersetzung](#) existiert. Freigebiger lizenzierte Teile eines Werks (z.B. CC BY-SA) bleiben hiervon unberührt.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Zeitschrift für Mykologie - Journal of the German Mycological Society](#)

Jahr/Year: 1993

Band/Volume: [59_1993](#)

Autor(en)/Author(s): Laatsch Hartmut, Schwibbe Michael H.

Artikel/Article: [Mustererkennung von Aminosäure-Profilen - Chemotaxonomische Klassifizierung von Pilzen 99-112](#)