

# Neue Erkenntnisse zur Systematik und Taxonomie der Asco- und Basidiomycota

H. PRILLINGER und K. LOPANDIC

In dem dreigliedrigen molekularen Stammbaum aller Lebewesen (Archea, Bacteria, Eukarya) finden sich die Pilze als primär heterotrophe Organismen mit einem von einer Doppelmembran umgebenen Zellkern in mehreren Reichen innerhalb der Eukarya. Verschieden von dem klassischen Tier- und Pflanzenreich lassen sich die Eukarya heute aufgrund kompletter 18S rDNS Sequenzen oder Sequenzen konservativer Proteine (z.B. Actin) in eine größere Zahl von Reichen einteilen. Innerhalb der Kronengruppe der Eukarya finden sich zumindest sechs phylogenetisch verschiedene Reiche (Zoobionta: Tiere; Chlorobionta: Grünalgen, Moose, Farne, Samenpflanzen; Mycobionta: Chytridio-, Zygo-, Asco- und Basidiomycota; Heterokontobionta: Oomycota, Braunalgen, Kieselalgen, Goldalgen; Rhodobionta: Rotalgen; Alveolaten: Ciliaten, Dinoflagellaten).

Innerhalb der Mycobionta oder Eumycota bilden die Asco- und Basidiomycota jeweils eine monophyletische Gruppe, die Chytridio- und Zygomycota erweisen sich als phylogenetisch heterogen. Auch der auf molekulare Merkmale aufbauende phylogenetische Stammbaum der Asco- und Basidiomycota erweist sich als dreigliedrig. Innerhalb der Ascomycota konnte meine Arbeitsgruppe aufgrund des qualitativen und quantitativen Neutralzuckerspektrums gereinigter Zellwände, der Urease-Aktivität von Vertretern mit einem Hefe-Stadium und Gesamtsequenzen der 18S rDNS drei Klassen voneinander abgrenzen: die Hemiascomycetes, die Protomycetes und die Euascomycetes. Den Hemiascomycetes fehlt das Merkmal der Fruchtkörperbildung, sie sind durchgehend Urease negativ und können als Zellwandzucker Mannose und Glukose oder Glukose, Mannose und Galaktose enthalten. Die Hemiascomyceten umfassen die klassischen Ascomyceten Hefen mit Ausnahme der Gattung *Schizosaccharo-*

*myces* und wenige phytopathogene Mycelpilze wie die Baumwollparasiten *Eremothecium ashbyi* und *E. gossypii*.

Aufgrund parasitischer *Metschnikowia* Arten in Krebs-Tieren lassen sich die Hemiascomycetes zumindest bis zum Kambrium (500 Millionen Jahre) datieren. Sowohl aufgrund der Zellwandzucker (Glukose, Mannose und Galaktose oder Glukose, Mannose, Galaktose und Rhamnose), einem positiven Urease-Test und Gesamtsequenzen der 18S rDNS bilden die Protomycetes und Euascomycetes eine Schwesterngruppe.

Innerhalb der Protomycetes finden sich sowohl überwiegend einzellige Hefen (*Saitoella*, *Schizosaccharomyces*) als auch dimorphe Pilze (*Protomyces*, *Taphrina*) und Mycelpilze mit echten Fruchtkörpern (*Neolecta*).

Der Großteil der Fruchtkörper ausbildenden Ascomyceten gehört mit einigen wenigen Formen ohne echte Fruchtkörper (*Eremascus*, *Symbiotaphrina*) den Euascomycetes an. Hefen kommen in allen drei Klassen der Ascomycota und Basidiomycota vor und können als eine ursprüngliche morphologische Organisationsstufe "kokkal" interpretiert werden. Der **Dimorphismus** erweist sich damit als ein sehr wichtiges biologisches Phänomen, daß für die rasche Evolution der Asco- und Basidiomycota von grundlegender Bedeutung ist. Ebenso finden sich humanpathogene (Hemiascomycetes: *Candida albicans*, Protomycetes: *Pneumocystis carinii*, Euascomycetes: *Trichophyton rubrum*) und pflanzenpathogene Arten (Hemiascomycetes: *Eremothecium gossypii*, Protomycetes: *Taphrina deformans*, Euascomycetes: *Ophiostoma novo-ulmi*) in allen Klassen der Ascomycota.

Über die Fruchtkörperbildung (Apothecium, Kleistothecium, Perithecium, Pseudothecium) ist es nicht möglich phylogenetisch einheitliche Klassen abzu-

trennen. Trotz morphologisch ähnlicher Perithezien und passiver Ascosporenfreisetzung gehören die Gattungen *Ceratomyces* und *Ophiostoma* verschiedenen Ordnungen (Microascales, Ophiostomatales) an. Ebenso erweisen sich die bitunicaten Ascomyceten (klassische Loculoascomycetes) als phylogenetisch heterogen. Die häufig humanpathogenen Chaetothyriales stehen den Eurotiales nahe.

Die Dothideales und Pleosporales bilden eine Schwesterngruppe, welche mit den Chaetothyriales in keinem phylogenetischen Zusammenhang steht. Das Vorkommen von schwarzen Hefen ist sowohl bei den Chaetothyriales als auch Dothideales und Pleosporales bekannt. Gasteroide Fruchtkörper sind sowohl innerhalb der Ascomycota als auch Basidiomycota polyphyletisch entstanden und nicht geeignet um größere Taxa phylogenetisch zu charakterisieren.

Die Deuteromyceten (*Alternaria*, *Aspergillus*, *Candida*, *Cladosporium*, *Cryptococcus*, *Fusarium*, *Penicillium*, *Sporothrix*, *Trichosporon*, *Verticillium* usw.) lassen sich über ribosomale Gensequenzen problemlos in das System der Asco- und Basidiomycota integrieren. Eine phylogenetische Herkunft der Ascomycota von Rotalgen kann ausgeschlossen werden. Während Hefen und Hefe-Stadien bei Ascomyceten einen negativen Diazonium Blau B Test zeigen, ist dieser bei Hefen und Hefe-Stadien der Basidiomycota positiv.

Innerhalb der Basidiomycota erweisen sich das qualitative und quantitative Neutralzuckerspektrum gereinigter Zellwände und Gesamtsequenzen der 18S rDNS als vortreffliche Merkmale um die Basidiomycota in drei Klassen zu unterteilen (Urediniomycetes, Ustilaginomycetes, Hymenomycetes). Der Urease Test ist für alle Basidiomyceten Hefen positiv. Bei den Urediniomycetes dominiert Mannose als Zellwandzucker, daneben

**Autoren:** Prof.Dipl.Ing.Dr. Hansjörg PRILLINGER, Universität für Bodenkultur, IAM, Muthgasse 18, 1190 WIEN

finden sich Glukose, Galaktose und häufig Fucose, letztere als Differenzierungszucker, in seltenen Fällen auch Rhamnose.

Die Urediniomycetes umfassen die Agaricostilbales, Microbotryales (phragmobasidiale Brandpilze auf dikotylen und einigen monokotylen Pflanzen sowie *Rhodotorula*, *Rhodosporidium* und *Sporobolomyces* Arten), Uredinales (Rostpilze), Cystobasidiales und *Mixia osmundae*, einem phylogenetisch interessanten Parasiten auf Farnpflanzen (Osmundaceen). Morphologische und ultrastrukturelle Daten von *M. osmundae*, die Gegenwart von Fucose in Zellwandzucker von *Taphrina vestergrenii* (PRILLINGER et al., Z. Mykol 56: 219-250, 1990) und 5S ribosomale Gensequenzen von *Taphrina* und *Protomyces* Arten von GOTTSCHALK & BLANZ (Z. Mykol 51: 205-243, 1985) und WALKER (System. Appl. Microbiol. 6: 48-53, 1985) weisen darauf hin, daß die Urediniomycetes aus den Protomycetes hervorgegangen sind. Bei *M. osmundae* läßt sich zudem zeigen, daß die einfachsten Meiosporangien der Basidiomyceten Hefezellen sind. Aufgrund von Daten zur Koevolution von *M. osmundae* mit *Osmunda regalis* als Wirtspflanze lassen sich die Urediniomycetes zumindest bis in das Karbon (300 Millionen Jahre) datieren. Mit Glukose als Hauptzucker und Mannose und Galaktose lassen sich die Ustilaginomycetes sehr gut von den Ure-

diniomycetes abgrenzen.

Wie die Urediniomycetes zeigen auch die Ustilaginomycetes häufig einen Hefe-Hyphe Dimorphismus. Mit Ausnahme einer humanpathogenen Ordnung (Malasseziales) sind die Ustilaginomycetes fast ausschließlich pflanzenpathogen. Wirtschaftlich wichtige Schadorganismen finden sich besonders innerhalb der Ustilaginales und Tilletiales.

Über *Exoteliopsis osmundae* lassen sich die Ustilaginomycetes aufgrund von Daten zur Koevolution bis in das Karbon zurückverfolgen. Mit Glukose als Hauptzucker und Xylose als Differenzierungszucker können die Hymenomyces als dritte Klasse der Basidiomycota gut abgegrenzt werden. Neben Glukose und Xylose kommen häufig auch Galaktose und Mannose als weitere Zucker vor. Die Hymenomyces lassen sich in zwei Unterklassen trennen.

Innerhalb der Tremellomycetidae ist ein Hefe-Hyphe Dimorphismus und Mycoparasitismus sehr verbreitet. Mit der Gattung *Filobasidiella* (Anamorph: *Cryptococcus neoformans*) und *Trichosporon* finden sich auch wichtige Humanpathogene innerhalb der Tremellomycetidae. Die Basidiosporen der Hymenomycetidae keimen in der Regel mit Hyphen, saprophytische Braun- und Weißfäulepilze und symbiotische Mykorrhizapilze treten in den Vordergrund.

*Schizophyllum commune* wurde in den letzten Jahren auch als humanpathogener Pilz bekannt. Natürliche Ordnungen (Agaricales, Boletales, Cantharellales, Gomphales, Polyporales, Russulales) umfassen häufig krustenförmige, konsolenförmige, keulenförmige, koralloide, gestielt hutförmige und gastroide Vertreter mit verschiedenen Hymeniumtypen. Die ältesten Fossildaten von Vertretern der Hymenomycetidae reichen in die Kreide (150 Millionen Jahre) zurück.

Für eine zuverlässige Identifizierung und phylogenetische Charakterisierung von Mikropilzen haben sich genotypische Methoden wie die RAPD-PCR, RFLP, AFLP, Partialsequenzen der 18S, 26S oder ITS-Region sowie verschiedene Proteine (Actin,  $\beta$ -Tubulin, Elongationsfaktor, Chitinase usw.) als unumgänglich erwiesen. Für eine phylogenetische Charakterisierung neuer Hefe-Arten wird von meiner Arbeitsgruppe eine polyphasische Methode angewendet. Neben der klassischen morphologischen und physiologischen Charakterisierung werden Partialsequenzen der 18S oder 26S rDNA und falls nötig eine Gesamtsequenz der 18S rDNA hergestellt.

Das qualitative und quantitative Neutralzuckerspektrum gereinigter Hefe Zellwände und das Ubichinon System sind weitere Charakteristika, welche in meiner Arbeitsgruppe Verwendung finden.