

Zwei neue Arten der Gattung *Coprinopsis*

HANS BENDER, ANDREAS MELZER

BENDER H, MELZER A (2020) Two new species of the genus *Coprinopsis*. Zeitschrift für Mykologie 87/1:31-46.

Abstract: Based on molecular and morphological studies, two species of the genus *Coprinopsis* P. Karst. from Germany are proposed as new to science. The descriptions of *C. paracinerea* and *C. siepei* are illustrated by photos of the basidiocarps and micro features.

Keywords: Agaricales, Psathyrellaceae, *Coprinopsis*, *C. paracinerea*, *C. siepei*

Zusammenfassung: Auf der Grundlage molekularer und morphologischer Untersuchungen werden zwei Arten der Gattung *Coprinopsis* P. Karst. aus Deutschland als neu für die Wissenschaft vorgeschlagen. Die Beschreibungen von *C. paracinerea* und *C. siepei* sind durch Fotos der Fruchtkörper und Mikromerkmale illustriert.

Schlüsselwörter: Agaricales, Psathyrellaceae, *Coprinopsis*, *C. paracinerea*, *C. siepei*

Einleitung

In den Jahren 2003 bis 2017 wurden in der Umgebung von Mönchengladbach verschiedene Kollektionen von Vertretern der Gattung *Coprinopsis* aufgefunden, bei denen die Zuordnung zu konkreten Arten nicht gelang.

So erschienen auf Haufen von Holzspänen zahlreiche, meist büschelige Fruchtkörper einer *Coprinopsis*-Art, die zunächst sehr an *C. cinerea* (Schaeff.) Redhead, Vilgalys & Moncalvo erinnerten. Weil diese Art jedoch für fimicole Vorkommen bekannt ist, war dies sehr zweifelhaft, und tatsächlich gelang es, mehrere morphologische Trennmerkmale zu finden. Nach einer molekularbiologischen Untersuchung wurde auch konstatiert, dass sie einer Gruppe nächstersteht, deren bekanntester Vertreter *Coprinopsis radiata* (Bolton) Redhead, Vilgalys & Moncalvo ist (Abb. 1).

Im Weiteren wurden an zu Düngezwecken ausgebrachtem Pferdestall-Strohmist Pilze gefunden, welche auf den ersten Blick sehr an kleine Exemplare von *Coprinopsis stangliana* (Enderle, Bender & Gröger) Redhead, Vilgalys & Moncalvo denken ließen. Obwohl diese Art bereits aufgrund der Bevorzugung von Trockenrasen ausgeschlossen werden konnte, wurde eine engere Verwandtschaft gemutmaßt. Die Sequenzierung zeigte jedoch, dass diese nicht besteht (Abb. 6).

Der anfängliche Verdacht, dass es sich bei den Funden um noch unbekannte Spezies handeln könnte, wurde nach kritischer Prüfung der Ergebnisse unter Berücksichtigung von Morphologie und Phylogenie schließlich verifiziert. Nachfolgend sollen zwei für die Wissenschaft neue Arten vorgestellt werden.

Anschriften der Autoren: Hans Bender, Webschulstraße 50, 41065 Mönchengladbach, E-Mail: info@bender-coprinus.de (korrespondierender Autor); Andreas Melzer, Kyhnaer Hauptstraße 5, 04509 Wiedemar, E-Mail: pilzmel@vielepilze.de

Material und Methoden

Morphologie

Die Pilze wurden am Standort fotografiert und nachfolgend so rasch und gründlich, wie bei schnell vergehenden Tintlingen möglich, dokumentiert. Mikroskopische Untersuchungen wurden an Frischmaterial vorgenommen; Zystiden, Velum und andere Strukturen hierfür mit Kongorot angefärbt. Sporenmessungen erfolgten in Wasser, wobei nur reife Sporen herangezogen wurden.

Belege befinden sich im Herbarium des LWL-Museums für Naturkunde Münster (MSTR) oder im Fungarium Hans Bender (HB).

Die angegebenen Farbcodes beziehen sich auf KÜPPERS (2007).

Sequenzierung und Analyse

DNA-Extraktion aus getrockneten Fruchtkörpern, Amplifikation und Sequenzierung wurden durch Alvalab (Oviedo, Spanien) ausgeführt. Die phylogenetische Auswertung nahm Dieter Wächter (Thiersheim, Deutschland) vor.

Mit dem ITS4 Primer (WHITE et al. 1990) wurde die Amplifikation der ITS-Region durchgeführt, das initiale Base Calling geschah mit FinchTV (Geospiza, Inc.). Die Nukleotid-Sequenz wurde manuell auf Fehler überprüft und das Base Calling an unsicheren Stellen (Trails, niedrige confidence Scores, Stutters und Polymorphe) anhand vorliegender Alignments mittels Divergenz-Matrix überprüft und ggf. korrigiert. Im vorliegenden Fall war nur ein Beschnitt der Trails nötig.

Es wurden folgende molekularphylogenetische Marker für die phylogenetische Analysen verwendet: ITS1 (Internal Transcribed Spacer 1), 5.8S (5.8S rRNA Gen), ITS2 (Internal Transcribed Spacer 2), LSU (Large Subunit 28S rRNA Gen), β -tub (Exons des β -tubulin Gens), *ef-1 α* (Exons of the *ef-1 α* Gens). Die Nukleotid-Sequenzen für die Berechnung des Phylogramms wurden aus NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) und Unite (KÖLJALG 2013) entnommen (siehe Tabelle 1), wobei die originalen Bezeichnungen beibehalten wurden. Die Sequenz-Sets der jeweils nächst liegenden Basalgruppen der Ingroup wurden als Outgroup verwendet.

Die ITS-Region ist wegen der schnell evolvierenden, Indel-reichen Bereiche nur mittels eines iterativen Multigen-Guide-Trees wahrheitsgetreu alignisierbar. Das Erstalignment der ITS-Region wurden dafür mit Mafft (mafft.cbrc.jp) unter Verwendung des FFT-NS-2-Verfahrens durchgeführt. Das Erstalignment des LSU-Gens erfolgte mit E-INS-i-Verfahren. Die Indel-Matrizen für die ITS- und LSU-Region wurden jeweils mit SeqState (MÜLLER 2005) unter Verwendung des SIC = „Simple Indel coding“ (SIMMONS & OCHOTERENA 2000) kodiert. Nach jedem Alignment-Schritt wurde eine ML-Analyse mit RaxML (STAMATAKIS 2014) durchgeführt, hierbei nach dem Modell GTRCAT, Refinement unter GTR+G für DNA, GTR2+G mit acquisition bias correction nach LEWIS (2011) für Indel-Partitionen. Der daraus resultierende best Tree wurde als Guide-Tree für das Refinement der ITS1- bzw. ITS2-MSA verwendet. Die iterativen Alignments erfolgten mit Prank (LÖYTYNOJA 2014, LÖYTYNOJA &

GOLDMAN 2005, 2008a, 2008b). Trackingwerte wurden aufgezeichnet, statistisch ausgewertet und damit das Ende der Iterationsschleife des Alignments bestimmt. Die Partitionierung aller Alignments und der Indel-Matrizen sowie die Modellauswahl für die DNA-Alignments geschah mit Partitionfinder (LANFEAR et al. 2012, 2016). Für die finale Partitionierung wurde dafür der Guide-Tree des letzten Iterationsschrittes verwendet. Als Informationskriterium wurden das Bayesian Information Criterion (SCHWARZ 1978) verwendet nach Vergleich mit dem Akaike Informationskriterium (AKAIKE 1974, BREWER et al. 2016, BROWN & LEMMON 2007, HURVICH & TSAI 1989, SUGIURA 1978) und Auswertung hinsichtlich Über- bzw. Unterpertitionierung.

Die finale Maximum Likelihood Analyse erfolgte mit RAXML 8.2.10. Für alle DNA-Partitionen wurde die GTR-Substitutionsmatrix unter dem CAT-Modell (STAMATAKIS 2014) verwendet. Die finale Optimierung erfolgte unter Gammaverteilung. Für die Binärpartitionen wurde das „Two State Time-reversible Model“ mit acquisition Bias Correction verwendet. Es wurden 1000 ML-Bootstrap Inferences berechnet. Davon wurden 1000 Bäume gesampled und der best Tree daraus mit den ML Bootstrap Support Values versehen und auf den ML-Bootstrap-Wert 50 % kollabiert. Das Phylogramm wurde mit Treegraph (STÖVER & MÜLLER 2010) editiert. Die Outgroups und die benachbarten Sektionen bzw. Kladen sind zur besseren Ansicht kollabiert worden.

Tabelle 1: Liste der in dieser Publikation verwendeten, Datenbanken entnommener Sequenzen

Art	Beleg	Access.nr.	
		ITS1	LSU
<i>Coprinopsis candidolanata</i> (Doveri & Uljé) Keirle, Hemmes & Desjardin	SZMC-NL-1036	JN943120.1	JQ045881.1
<i>Coprinopsis candidolanata</i>	CAND1	JX118682.1	JX118805.1
<i>Coprinopsis candidolanata</i>	SZMC-NL-2338	JN943137.1	JQ045873.1
<i>Coprinopsis candidolanata</i>	SZMC-NL-2594	JX118681.1	JX118806.1
<i>Coprinopsis candidolanata</i>	794	JF907837.1	
<i>Coprinopsis cinerea</i> o	SZMC-NL-1266	HQ847033.1	
<i>Coprinopsis cinerea</i>	B	KY783721.1	
<i>Coprinopsis cinerea</i>	A	KY783720.1	
<i>Coprinopsis cinerea</i>	SZMC-NL-2141	FN396149.1	FN396190.1
<i>Coprinopsis fluviialis</i> Lanconelli & Uljé) Redhead, Vilgalys & Moncalvo	SZMC-NL-0840	HQ847011.1	HQ847097.1
<i>Coprinopsis fusispora</i> L. Nagy, Vágvölgyi & Papp	SZMC-NL-1421	JX118743.1	JX118802.1
<i>Coprinopsis fusispora</i>	SZMC-NL-3863	JX118742.1	JX118801.1

Art	Beleg	Access.nr.	
		ITS1	LSU
<i>Coprinopsis fusispora</i>	SZMC-NL-1577	JX118741.1	JQ045869.1
<i>Coprinopsis fusispora</i>	SZMC-NL-1227	JX118740.1	JX118803.1
<i>Coprinopsis insignis</i> (Lasch) La Chiusa & Boffelli	LE-BIN 1635	MG722731.1	
<i>Coprinopsis insignis</i>	H21528	KU973838.1	
<i>Coprinopsis insignis</i>	SZMC-NL-4244	FN396124.1	FN396173.1
<i>Coprinopsis insignis</i>	TU118725	UDB019628	
<i>Coprinopsis insignis</i>	SZMC-NL-1510	JX118738.1	JX118789.1
<i>Coprinopsis insignis</i>	SZMC-NL-1510	JX118738.1	JX118789.1
<i>Coprinopsis neolagopus</i> (Hongo & Sagara) Redhead, Vilgalys & Moncalvo	NBRC100013	AB097564.1	
<i>Coprinopsis nevellei</i> Guy Garcia & Vellinga	GG08090401	HM126488.1	
<i>Coprinopsis ochraceolanata</i> (Bas) Redhead, Vilgalys & Moncalvo	SZMC-NL-0192	JX118697.1	JX118756.1
<i>Coprinopsis ochraceolanata</i>	L173	HQ847051.1	HQ847131.1
<i>Coprinopsis radiata</i>	Daams 7336	JX118671.1	JX118744.1
<i>Coprinopsis radiata</i>	SZMC-NL-1269	JN943123.1	JQ045879.1
<i>Coprinopsis radiata</i>	OT2-192	KT804085.1	
<i>Coprinopsis radiata</i>	SZMC-NL-1548	JX118669.1	JX118751.1
<i>Coprinopsis radiata</i>	SZMC-NL-1244	JN943119.1	JQ045882.1
<i>Coprinopsis radiata</i>	SZMC-NL-1428	JN943126.1	JQ045878.1
<i>Coprinopsis radiata</i>	SZMC-NL-1645	JX118670.1	JX118754.1
<i>Coprinopsis radiata</i>	TU109699	UDB031076	UDB031076
<i>Coprinopsis rugosomacrospora</i> Gierczyk, Pietras, Piatek, Gryc, Czerniawski & Rodriguez-Flakus	KRAM F-58717	KX276859.1	
<i>Coprinopsis scobicola</i> (P.D. Orton) Redhead, Vilgalys & Moncalvo	Cb2	EU168113.1	
<i>Coprinopsis scobicola</i>	Cb1	EU168112.1	
<i>Coprinopsis</i> sp.	MUC1	JX403721.1	

Art	Beleg	Access.nr.	
		ITS1	LSU
<i>Coprinopsis</i> sp.	JK84	JX624300.1	
<i>Coprinopsis</i> sp.	SZMC-NL-1713	JX118696.1	JX118812.1
<i>Coprinopsis</i> sp.	DEH 2061	JX118693.1	
<i>Coprinopsis</i> sp.	SZMC-NL-1768	JX118695.1	JX118795.1
<i>Coprinopsis</i> sp.	SZMC-NL-1714	JX118694.1	JX118796.1
<i>Coprinopsis</i> sp.	SZMC-NL-3193	JX118692.1	JX118757.1
<i>Coprinopsis</i> sp.	BAB-5123	KU739541.1	
<i>Coprinopsis</i> sp.	BAB-5237	KT186181.1	
<i>Coprinopsis</i> sp.	SZMC-NL-1054	JX118739.1	JX118813.1
<i>Coprinopsis</i> sp.	OT1-121.1	KT804059.1	
<i>Coprinopsis</i> sp.	LO-145-07	JX118689.1	JX118823.1
<i>Coprinopsis strossmayeri</i> (Schulzer) Redhead, Vilgalys & Moncalvo	UOC-MINNP-M14	KP776993.1	
<i>Coprinopsis tectispora</i> (Bogart ex Bogart) Redhead, Vilgalys & Moncalvo	FVDB 6016	JX118665.1	JX118747.1
<i>Coprinopsis villosa</i> L. Nagy, Dejudin, Vágvölgyi & Papp	SZMC-NL-1758	JN943128.1	JQ045877.1
<i>Coprinopsis xenobia</i> (P.D. Orton) Redhead, Vilgalys & Moncalvo	BR 302	KF178382.1	
Uncultured <i>Agaricaceae</i>	IHK2a10	EF635638.1	
Uncultured fungus	LX038419-068- 001-G03	GU053804.1	
Uncultured fungus	LX038363-068- 001-G03	GU053799.1	
Uncultured fungus	IIP5-28	EU516705.1	
Uncultured fungus	MF971222	MF971222.1	

Darüber hinaus wurden verwendet für *Coprinopsis insignis* (Beleg SZMC-NL-4244): β -Tub FN396348.1 und ef-1 α FN396226.1, für *Coprinopsis cinerea* (Beleg SZMC-NL-2141): β -Tub FN396291.1, für *Coprinopsis fluviialis* (Beleg SZMC-NL-0840): β -Tub HQ847177.1.

Ergebnisse und Diskussion

Coprinopsis paracinerea Bender, Wächter & A. Melzer spec. nov.

Reg.-Nr. Mycobank: MB 836070

GenBank: MK069601

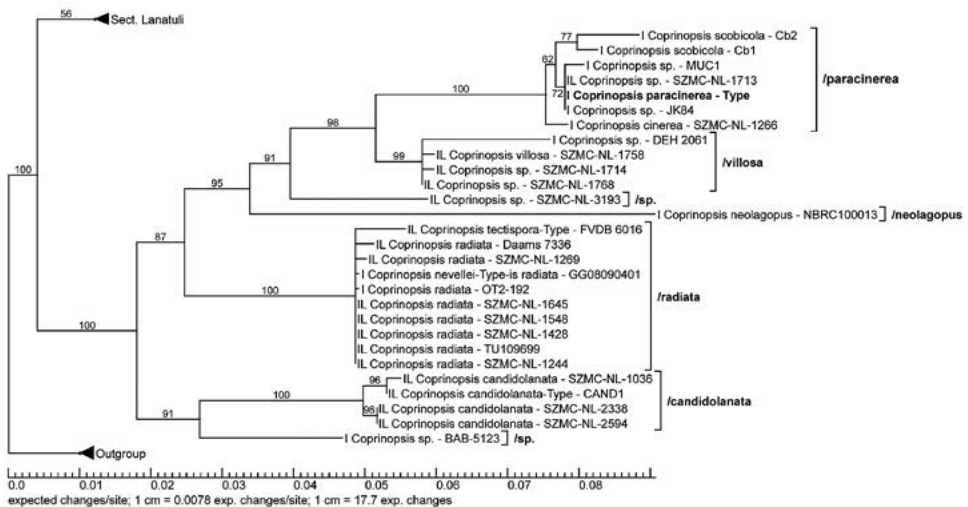


Abb. 1: Auf 50 % kollabiertes Maximum Likelihood Konsensus-Phylogramm. Die Werte auf den Ästen sind ML-Bootstrap-Werte. Abkürzungen: I: ITS-Region, L: LSU-Region

Diagnosis: Similar to *Coprinopsis cinerea* (Schaeff.) Redhead, Vilgalys & Moncalvo but differs by 2-spored basidia, larger spores (12-14.5 × 8-9.5 μm), and different structure of the veil. The latter is dimorphic, the wider cells have golden-yellow walls, the thinner cells are diverticulate. Not on dung.

Habitat: On larger piles of wood chips (e.g. *Populus* L.)

Holotype: Germany, Nordrhein-Westfalen, Mönchengladbach, MTB 4704/44, 31.07.2003, leg. H. Bender (MSTR AG 00120); isotyp priv. herb. HB, HB310703-001.

Etymology: *para-* (lat.) false and *cinerea* (lat.) grey, of the similarity to *Coprinopsis cinerea*.

Hut: Zuerst etwas zylindrisch bis walzenförmig, 15-30 × 8-12 mm, dann kegelförmig, 20-40 mm breit, aschgrau (ca. S₃₀Y₀₀M₀₀), Zentrum auch bräunlich (ca. Y₆₀M₆₀C₃₀), fast bis zur Mitte gerieft-gefurcht, bedeckt mit weißlichem flockigen Velum, im Alter mit nach oben umgebogenen Rändern zerfließend. **Stiel:** 60-100 × 3-5 mm, hohl, weiß, zur Spitze hin kontinuierlich verjüngend, mit locker anliegenden oder abstehend sparrigen Flocken, Basis kaum verdickt, nicht wurzelnd. **Lamellen:** Frei, schmal, in Primordialstadium weißlich, später grau mit weißlicher Schneide, dann schwarz. **Geruch:** Schwach pilzartig. **Geschmack:** Nicht getestet. **Sporenpulver:** Schwarz.



Abb. 2: *Coprinopsis paracinerea* (Holotypus), Habitus.

Foto: H. BENDER



Abb. 3: *Coprinopsis paracinerea*, Habitus.

Foto: H. BENDER

Sporen: 12-14,5 x 8-9,5 µm, frontal breit ovoid bis ellipsoid, lateral ähnlich oder auch etwas amygdaliform, in Wasser dunkel rotbraun, Keimporus zentral. **Basidien:** 2-sporig. **Cheilozystiden:** 15-30 µm, sphaeropedunculat, schnell kollabierend. **Pleurozystiden:** 70-100 x 28-38 µm, ellipsoid, saccat oder utriform. **Pileipellis:** Rundliche bis ovale Zellen. **Huttrama:** Ellipsoide bis zylindrische Zellen. **Velum:** Dimorph, bestehend aus Ketten zylindrischer bis subzylindrischer Zellen, teilweise mit einer dünnen Schleimschicht bedeckt, mit fadenförmigem Ansatz, schmal-zylindrisch, ca. 3 µm dick, dann kontinuierlich verbreiternd, im Mittel ca. 25 bis 40 µm dick, zum Ende hin Zellen stark eingeschnürt, Endzellen z. B. ca. 100 x 60 µm, Zellwände etwa bis 1,5 µm verdickt und in Wasser goldgelb. Diese kettigen Zellstrukturen werden umschlungen von sehr schmalen, maximal 2-6 µm breiten, stark verzweigten knorrigen Zellen mit deutlichen Schnallen. Diese Velumstruktur ist sehr leicht zu übersehen, rasch kollabierend und an getrocknetem Material kaum mehr wiederzufinden. **Stielbekleidung:** Zylindrische septierte Hyphen, nicht oder nur z. T. schwach gefärbt. **Schnallen:** Vorhanden, häufig,

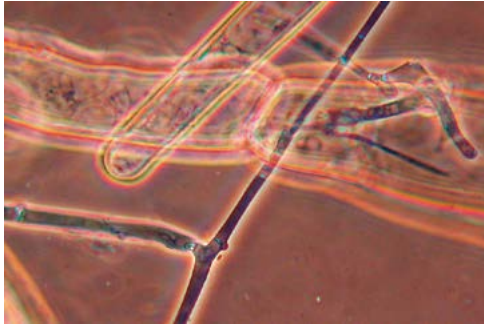


Abb. 4: *Coprinopsis paracinerea*, Velumelemente.
Foto: H. BENDER

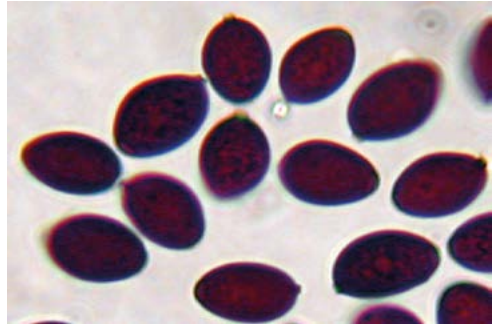


Abb. 5: *Coprinopsis paracinerea*, Sporen.
Foto: H. BENDER

Habitat: Gesellig bis oft büschelig auf größeren Haufen von Laubholzhäcksel (*Populus* usw.).

Untersuchte Kollektionen: Deutschland, Nordrhein-Westfalen, Mönchengladbach, an der Niers bei Schloß Myllendonk, MTB 4704/44, 31.07.2003, leg./det. H. Bender (MSTR AG 00120) und 20.08.2003, leg./det. H. Bender (HB20030827A), Mönchengladbach, Bresgespark, MTB 4804/22, 22.08.2003, leg./det. H. Bender (MSTR AG 00320).

Anmerkungen

Dieser Pilz ist habituell *Coprinopsis cinerea* zwar überaus ähnlich, wächst aber nicht auf Dung und Strohmist und besitzt keine Pseudorrhiza. Die Mikromerkmale hingegen sind sehr verschieden, so haben die Basidien nur zwei Sterigmen, die Sporen sind deutlich größer, und das Velum ist anders aufgebaut. Wie verwechselbar *C. paracinerea*, - bei oberflächlicher Betrachtung -, mit *C. cinerea* und der verwandten Art *C. annulopora* (Enderle) P. Specht & H. Schub.) dennoch ist, unterstreichen die Belege SZMC-NL-1713 und SZMC-NL-1266, die ursprünglich als solche falsch

bestimmt, dann aber lediglich als *Coprinopsis* spec. 1 bezeichnet wurden (NAGY et al. 2013). Die Aussage "Because no morphological differences were found to support the phylogenetic results ..." ist allerdings stark übertrieben. Das Ensemble der Merkmale lässt eine klare Unterscheidung zu.

Weiterhin befinden sich in der Klade */paracinerea* auch die Belege Cb1 und Cb2, beide unter dem Namen *Coprinopsis scobicola* (NAUMANN et al. 2007). Da immerhin eine Divergenz von ca. 1,5-2 % zu *C. paracinerea* besteht, könnte es sich um eine separates Taxon handeln, aber mangels weiterer Angaben kann diese Frage nicht beantwortet werden. Es ist jedenfalls definitiv nicht *C. scobicola*, weil die Sequenz des Typus dieser Art (Beleg Orton 964) nicht zur selben Klade gehört (NAGY et al. 2013). Das Material stammt aus England.

Bemerkenswert ist die Herkunft zweier weiterer, unbenannter Belege; JK84 stammt aus China (MEI et al. 2014), MUC1 aus Indien (BAISWAR et al. 2014).

Die phylogenetisch benachbarten Arten sind kaum mit *C. paracinerea* verwechselbar. *Coprinopsis villosa*, *Coprinopsis candidolanata* und *Coprinopsis radiata*, sind Dungbewohner, die asiatische Art *Coprinopsis neolagopus* besiedelt stickstoffreiche Standorte (siehe z. B. SUZUKI et al. 2003). *Coprinopsis nevellei* und *Coprinopsis tectispora* sind zwar nicht strikt fimicol (Gewächshaus, feuchte Kammer), erscheinen aber aus phylogenetischer Sicht sehr vakant.

Als potentielle Verwechslungsart kommt eigentlich nur *C. scobicola* (= *Coprinus scobicola* P.D. Orton) in Betracht, sofern keine molekularbiologischen Daten zur Verfügung stehen. Die morphologischen Gemeinsamkeiten sind beträchtlich, was die Fehlbestimmung der bereits erwähnten Belege Cb1 und Cb2 erklärlich macht. Insbesondere Basidien mit zwei Sterigmen, vergleichbar große Sporen, Zystiden mit ähnlichen Maßen und Formen, sowie der Standort könnten leicht Anlass zu Irrtümern bei der Bestimmung geben. Bezüglich der Merkmale von *C. scobicola* vergleiche ORTON (1972), ULJÉ & NOORDELOOS (1999, 2000) und GIERCZYK et al. (2014); die Darstellung bei AMANDEEP et al. (2014) hingegen betrifft vermutlich eine andere, auf Schafdung wachsende Art. Als ein zwar vergängliches, aber zweifelsfreies Kriterium zur Unterscheidung von *C. paracinerea* kann das Velum dienen, welches bei *C. scobicola* im Gegensatz zu *C. paracinerea* nicht dimorph ist. Im Übrigen ist eine solche Velumstruktur auch gut bekannt von den nahe verwandten Arten *C. candidolanata* (ULJÉ et al. 2000) und *C. villosa* (NAGY et al. 2013). Für *C. radiata* vermerken dies RUIZ & CERDÁN (2016) ebenfalls und betonen ausdrücklich „de difícil observación“.

Coprinopsis siepei Bender, Wächter & A. Melzer spec. nov.

Reg.-Nr. Mycobank: MB 836071

GenBank: MT906480

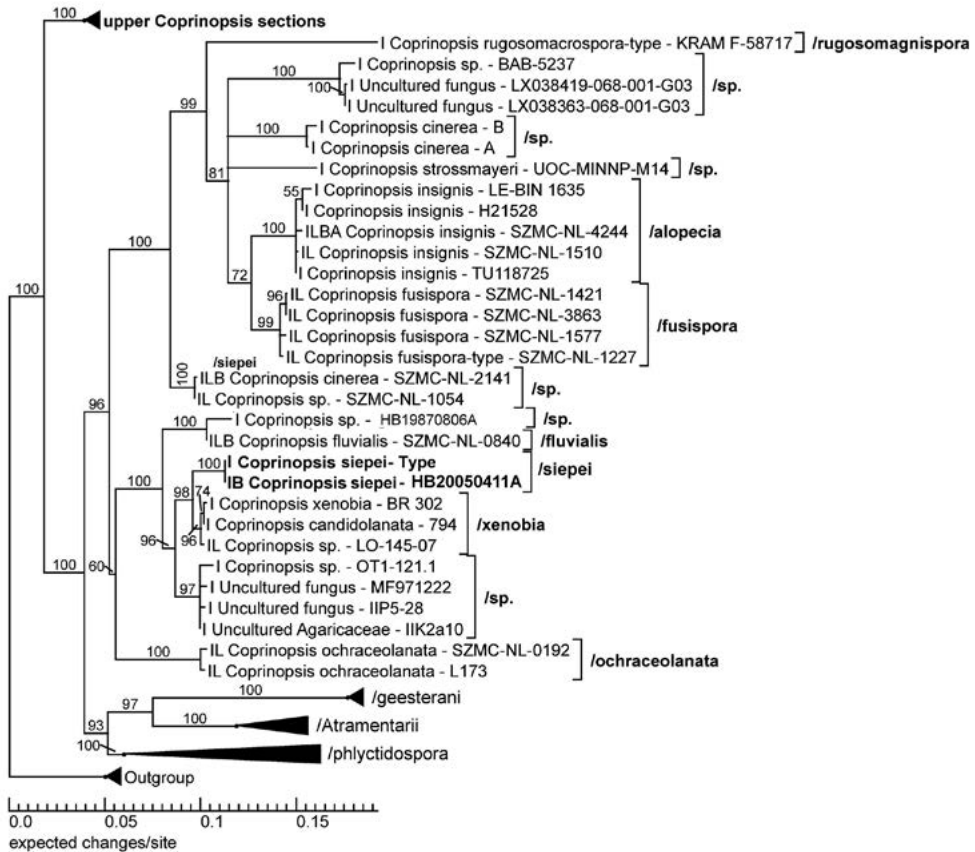


Bild 6: Auf 50 % kollabiertes Maximum Likelihood Konsensus-Phylogramm. Die Werte auf den Ästen sind ML-Bootstrap-Werte. Abkürzungen: I: ITS-Region, L: LSU-Region, B: β -Tubulin-Region, A: ef-1 α -Region

Diagnosis: Similar *Coprinopsis stangliana* (Enderle, Bender & Gröger) Redhead, Vilgalys & Moncalvo, but (usually caespitose) on manure; the spores are larger (up to 16 x 9 μ m), the cheilocystidia are predominantly sphaeropedunculate, pleurocystidia are absent, the hyphae of the veil are subcylindrical.

Holotype: Germany, Nordrhein-Westfalen, Mönchengladbach, MTB 4804/11, 11.04.2005, leg. H. Bender (MSTR AG 00220); isotyp priv. herb. HB, HB110405-001.

Habitat: Mixed forest, on horse-straw manure.

Etymology: Named in honor of Klaus Siepe (Velen, Germany), for his eminent contributions as field mycologist to the knowledge on fungi.

Hut: Jung zylindrisch, 37 x 20 mm, sehr fein gerieft, bleigrau (ca. S₆₀Y₀₀M₀₀), Mitte dunkler (ca. S₇₀Y₀₀M₀₀), schwach glänzend, Velum weiß, locker wattig-schuppig. **Lamellen:** Grauschwarz, Schneiden weiß, ca. 4 mm breit, **Stiel:** Weiß, 60-90 x 4-8 mm, Basis bis 13 mm breit. **Geruch:** Rübenartig. **Geschmack:** Nicht getestet. **Sporenpulver:** Nicht notiert.



Abb. 7: *Coprinopsis siepei* (Holotypus), Habitus.

Foto: H. BENDER



Abb. 8: *Coprinopsis siepei*, Habitus.

Foto: H. BENDER

Sporen: 13-15 (16) x 8-9 μm , frontal subzylindrisch bis elliptisch, Keimporus zentral. **Basidien:** 4-sporig. **Cheilozystiden:** Meist clavat, 40-80 μm breit, seltener sphaeropedunculat, 50-90 μm breit. **Pleurozystiden:** Keine. **Pileipellis:** Eingeschnürte kurzzyklindrische Hyphen. **Huttrama:** Verzweigt, mit aufgeblasenen oval-zylindrischen Endhyphen. **Velumhyphen:** Zylindrisch, schmal, 6-14 μm breit, septiert, z.T. eingeschnürt, mit kleinen Schnallen an den Septen, Endhyphen meist gleich dick, stumpf abgerundet. **Stielbekleidung:** Ähnlich dem Hutvelum, stärker verzweigt, z.T. mit kleinen Auswüchsen, bis 14 μm breit, mit vakuolärem Pigment. **Schnallen:** Vorhanden.



Abb. 9: *Coprinopsis siepei*, Velumelemente.

Foto: H. BENDER

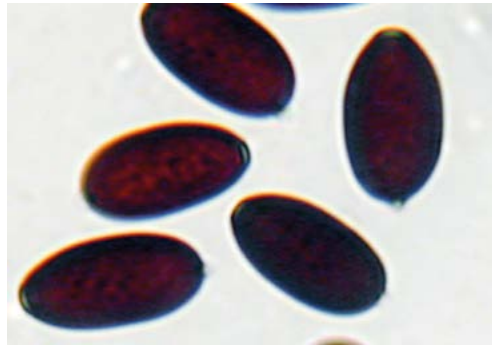


Abb. 10: *Coprinopsis siepei*, Sporen.

Foto: H. BENDER

Habitat: Mischwald, auf Pferde-Strohmist.

Untersuchte Kollektionen: Deutschland, Nordrhein-Westfalen, Mönchengladbach, Hardt, MTB 4804/11, 11. 04.2005, leg./det. H. Bender (MSTR AG 00220), 18.04.2005 (HB20050411A).

Anmerkungen

Ergänzend wurde hier die beta-tubulin-Region einbezogen, weil eine Sequenz aus dem haploiden Kerngenom sinnvoll war, um die Position im Phylogramm zu sichern. Die Klade von *xenobia* mit *C. xenobia* als phylogenetischer Nachbarart beinhaltet drei Belege. LO-145-07 blieb ohne Namen (NAGY et al. 2013). 794 wurde als *Coprinopsis candidolanata* bestimmt (OSMUNDSON et al. 2013), was aber sicher falsch ist, weil sich der Typus dieser Art an einem anderen Ort des Phylogramms befindet (siehe unter *C. paracinerea*). BR 302 stellt zwar nicht den Typus von *C. xenobia* dar, jedoch kann von einer korrekten Bestimmung ausgegangen werden (RUIZ et al. 2013). Trotz engerer Verwandtschaft überraschend beträchtlich sind die habituellen und anatomischen Unterschiede zwischen *C. siepei* und *C. xenobia*. Bei letzterem handelt es sich um einen winzigen bis kleinen Pilz mit einem Hutdurchmesser bis 20 mm, welcher Pleurozystiden besitzt und dessen Velum aus Ketten diverticulater und subgloboser Zellen gebildet wird. Insofern besteht in diesem Fall auf morphologischer Ebene keine Verwechslungsmöglichkeit.

In der mit /sp. bezeichneten Subklade befinden sich die Sequenzen undeterminierter Belege. Wie aus den Anmerkungen in der NCBI GenBank hervorgeht, standen nicht morphologische Details oder genaue Bestimmungen im Focus. Vermutlich handelt es sich um eine unbeschriebene Art.

Eine weiteren Subklade beinhaltet den Beleg SZM-NL-0840 als *Coprinopsis fluviialis*. Dies ist ein kleinerer Pilz schlammiger Böden, mit Pleurozystiden und kürzeren Sporen (LANCONELLI 2006, ULJÉ & NOORDELOOS 1997). Der Beleg HB19870806A stellt vermutlich dieselbe Art dar, stammt aber von Pappelästchen zwischen *Urtica dioica* L. Das Material lag seinerzeit C. B. Uljé vor, wobei entweder *Coprinopsis filamentiferoides* Bogart oder *C. goudensis* (Uljé) Redhead, Vilgalys & Moncalvo vermutet wurde. Da keine Vergleichssequenzen verfügbar sind, kann dies auch gegenwärtig nicht geklärt werden; zu den Charakteristika von *C. filamentiferoides* siehe BOGART (1975), zu *C. goudensis* vergleiche GIERCYK et al. (2014) und ULJÉ & BAS (1993). Ebensowenig ist unsicher, ob die Bestimmung von *C. fluviialis* korrekt ist. Letztlich ist dies aber für *C. siepei* ohne Belang, denn die Kombination von Standort, Habitus und Mikromerkmalen, hier insbesondere das Fehlen von Pleurozystiden und die nicht diverticulaten Velumzellen, sind abgrenzende Kriterien.

Sonstige potentielle Verwechslungsarten sind nur schwer vorstellbar.

Stellungnahme

Die Autoren versichern, dass keine speziellen Genehmigungen für die Durchführung der Arbeit nötig waren. Die Arbeit wurde aus eigenen Mitteln finanziert.

Danksagung

Wir danken Pablo Alvarado für die Sequenzierungen und Dieter Wächter für die Auswertung der molekularbiologischen Daten.

Literatur

- AKAIKE H (1974) A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control* **19**:716-723.
- AMANDEEP K, ATRI NS, MUNRUCHI K (2014) Taxonomic study on coprophilous species of *Coprinopsis* (*Psathyrellaceae*, *Agaricales*) from Punjab, India. *Mycosphere* **5**(1):1-25.
- BAISWAR P, CHANDRA S, NGACHAN SV (2014) Characterization of fungal parasites and competitor moulds of mushrooms using scanning electron microscopy and molecular tools in Northeast India. *Environment and Ecology* **32**(4B):1714-1716.
- BOGART Fvd (1975) The Genus *Coprinus* in Washington and Adjacent Western States. University of Washington, Seattle, 366 S.
- BREWER MJ, BUTLER A, COOKSLEY SL (2016) The relative performance of AIC, AICC and BIC in the presence of unobserved heterogeneity. *Methods in Ecological Evolution* **7**(6):679-692. doi: 10.1111/2041-210X.12541

- BROWN JM, LEMMON AR (2007) The importance of data partitioning and the utility of Bayes factors in Bayesian phylogenetics. *Systematic Biology* **56**:643-655.
- GIERCZYK B, KUJAWA A, SZCZEPKOWSKI A (2014): New to Poland species of the broadly defined genus *Coprinus* (Basidiomycota, Agaricomycotina). *Acta Mycologica* **49**(2):159-188. DOI: 10.5586/am.2014.020
- HURVICH C, TSAI C (1989) Regression and time series model selection in small samples. *Biometrika* **76**:297-307.
- KÖLJALG U, NILSSON RH, ABARENKOV K, TEDERSOO L, TAYLOR AFS, BAHRAM M, BATES ST, BRUNS TD, BENGTSSON-PALME J, CALLAGHAN TM, DOUGLAS B, DRENKHAN T, EBERHARDT U, DUEÑAS M, GREBENC T, GRIFFITH GW, HARTMANN M, KIRK PM, KOHOUT P, LARSSON E, LINDAHL BD, LÜCKING R, MARTÍN MP, MATHENY PB, NGUYEN NH, NISKANEN T, OJA J, PEAY KG, PEINTNER U, PETERSON M, PÖLDMAA K, SAAG L, SAAR I, SCHÜSSLER A, SCOTT JA, SENÉS C, SMITH ME, SUIJA A, TAYLOR DL, TELLERIA MT, WEISS M, LARSSON K-H (2013) Towards a unified paradigm for sequence-based identification of Fungi. *Molecular Ecology* **22**(21):5272-5277. doi: 10.1111/mec.12481
- KÜPPERS H (2007) DuMont Farbenatlas (10. Auflage). DuMont Köln, 165 S.
- LANCONELLI L (2006): Nuovi dati per la conoscenza di *Coprinopsis fluviialis*, un coprino noto solo dall'Italia (RA, FE, Bassa Pianura Padana). *Bollettino del Gruppo Micologico Giacomo Bresadola* (n.s.) **49**(1-3):59-65.
- LANFEAR R, CALCOTT B, HO SY, GUINDON S (2012) PartitionFinder: combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution* **29**(6):1695-1701. doi: 10.1093/molbev/mss020
- LANFEAR R, FRANDBEN PB, WRIGHT AM, SENFELD T, CALCOTT B (2016) PartitionFinder 2: new methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution* **34**(3):772-773. doi: 10.1093/molbev/msw260
- LEWIS PO (2001) A Likelihood Approach to Estimating Phylogeny from Discrete Morphological Character Data. *Systematic Biology* **50**(6):913-925.
- LÖYTYNOJA A (2014) Phylogeny-aware alignment with PRANK. *Methods in Molecular Biology* **1079**:155-70. doi: 10.1007/978-1-62703-646-7_10
- LÖYTYNOJA A, GOLDMAN N (2005) An algorithm for progressive multiple alignment of sequences with insertions. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA* **102**:10557-10562. doi: 10.1073/pnas.0409137102
- LÖYTYNOJA A, GOLDMAN N (2008a) A model of evolution and structure for multiple sequence alignment. *Philosophical Transactions of the Royal Society B, Biological Sciences* **363**:3913-3919. doi: 10.1098/rstb.2008.0170
- LÖYTYNOJA A, GOLDMAN N (2008b) Phylogeny-aware gap placement prevents errors in sequence alignment and evolutionary analysis. *Science* **320**:1632-1635. doi: 10.1126/science.1158395
- MEI L, ZHANG M, ZHANG D-Z, WANG Y-Z, GUO J, ZHANG H-B (2014) Geographical and Temporal Changes of Foliar Fungal Endophytes Associated with the Invasive Plant *Ageratina adenophora*. *Microbial Ecology* **67**: 402-409.
- MÜLLER, K (2005) SeqState - primer design and sequence statistics for phylogenetic DNA data sets. *Applied Bioinformatics* **4**:65-69.

- NAGY LG, DESJARDIN DE, VÁGVÖLGYI C, KEMP R, PAPP T (2013) Phylogenetic analyses of *Coprinopsis* sections *Lanatuli* and *Atramentarii* identify multiple species within morphologically defined taxa. *Mycologia* **105**(1):112-124. doi: 10.3852/12-136
- NAUMANN A, NAVARRO-GONZALEZ M, SANCHEZ-HERNANDEZ O, HOEGGER PJ, KUESU (2007) Correct identification of wood-inhabiting fungi by ITS analysis. *Current Trends in Biotechnology and Pharmacy* **1**(1):41-61.
- ORTON PD (1972) Notes on British Agarics: IV. Notes from the Royal Botanical Garden Edinburgh **32**(1):135-150.
- OSMUNDSON TW, ROBERT VA, SCHOCH CL, BAKER LJ, SMITH A, ROBICH G, MIZZAN L, Garbelotto MM (2013) Filling Gaps in Biodiversity Knowledge for Macrofungi: Contributions and Assessment of an Herbarium Collection DNA Barcode Sequencing Project. *PLoS ONE* **8**(4): e62419. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0062419>
- RUIZ A, CERDÁN D (2016) El complejo “radiata” del género *Coprinopsis*, en las zonas ganaderas de Vinuesa (Soria). *Boletín Micológico de FAMCAL* **11**:23-39.
- RUIZ A, IGLESIAS P, RODRIGUEZ B, MUÑOZ G (2013) *Coprinopsis xenobia*, descripción y primeras localizaciones en España. Comparación filogenética con *Coprinopsis luteocephala*. *Boletín Micológico de FAMCAL* **8**:63-70.
- SCHWARZ G (1978) Estimating the dimension of a model. *The Annals of Statistics* **6**:461-464.
- SIMMONS MP, OCHOTERENA H (2000) Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses. *Systematic Biology* **49**:369-381.
- STAMATAKIS A (2014) RAxML Version 8: A tool for Phylogenetic Analysis and Post-Analysis of Large Phylogenies. *Bioinformatics*, open access link: <http://bioinformatics.oxford-journals.org/content/early/2014/01/21/bioinformatics.btu033.abstract?keytype=ref&ijkey=VTEqgUJYCDcf0kP>. 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
- SUGIURA N (1978) Further analysis of the data by akaike's information criterion and the finite corrections. *Communications in Statistics Theory and Methods* **7**:13-26.
- SUZUKI A, FUKIHARU T, TANAKA C, OHONO T, BUCHANAN PK (2003) Saprobic and ectomycorrhizal ammonia fungi in the Southern Hemisphere. *New Zealand Journal of Botany* **41**(3):391-406. doi: 10.1080/0028825X.2003.9512858
- ULJÉ CB, BAS C (1993) Some new species of *Coprinus* from the Netherlands. *Persoonia* **15**(3):357-368.
- Ulje CB, Doveri F, Noordeloos ME (2000) Additions to *Coprinus* subsection *Lanatuli*. *Persoonia* **17**(3):465-471.
- ULJÉ CB, NOORDELOOS ME (1997) Studies in *Coprinus* IV - *Coprinus* section *Coprinus*. Subdivision and revision of subsection *Alachuani*. *Persoonia* **16**(3): 265-333.
- ULJÉ CB, NOORDELOOS ME (1999) Studies in *Coprinus* V - *Coprinus* section *Coprinus*. Revision of subsection *Lanatuli* Sing. *Persoonia* **17**(2):165-199.
- ULJÉ CB, NOORDELOOS ME (2000) Type studies in *Coprinus* subsection *Lanatuli*. *Persoonia* **17**(3):339-375.

WHITE TJ, BRUNS T, LEE L, TAYLOR JW (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS MA, GELFAND DH, SININSKI JJ, WHITE TJ (eds): PCR protocols, a guide to methods and applications. Academic Press, New York:315-322.

Hans Bender

Beschäftigt sich seit mehr als 40 Jahren mit Bestimmung und Kartierung von Pilzen unterschiedlicher Pilzgruppen, mit dem Schwerpunkt von Vorkommen in seiner Heimatstadt Mönchengladbach



Andreas Melzer

ist Amateur-Mykologe und befasst sich nahezu ausschließlich mit Pilzen der Familie *Psathyrellaceae*.

