

Fungiworld: Das Forum zur Pilzbestimmung

Pilze => Mykologisches und Allgemeines => Thema gestartet von: Gerd am 24. August 2009, 22:01:47

Titel: Hydnum elliposporum vs. H. umbilicatum

Beitrag von: Gerd am 24. August 2009, 22:01:47

Hallo zusammen,

wir verdanken es [1], dass der „Hydnum repandum“-Komplex für die europäischen Arten zwischenzeitlich rel. leicht nachvollziehbar geklärt wurde und auch der Artrang von H. repandum, H. rufescens, H. elliposporum nachvollziehbar begründet wurde.

- Was mich etwas befremdet ist, dass in [1] die in der Literatur erwähnten US-Arten mit keinem Wort erwähnt werden.

---> Und hier insbesondere H. umbilicatum.. Ich stelle deshalb die Frage zur Diskussion, ob „H. elliposporum“ konspezifisch mit „H. umbilicatum“ ist!!!

---> Und Nebenschauplätze (Gattungen „Hydnum“ vs. „Dentinum“), das scheint mir zwischenzeitlich geklärt zu sein, ignoriere ich einfach. Vergleiche http://botit.botany.wisc.edu/toms_fungi/oct2004.html (http://botit.botany.wisc.edu/toms_fungi/oct2004.html)

(1) Die von mir eingesehenen US-Autoren sind sich einig darüber, dass es sich bei „H. umbilicatum“ um eine „Kümmerform“ von „H. repandum“ handelt, bei der der Hut eingedellt und die Sporen deutlich größer als bei „H. repandum“ sind. Erstaunlich auch der bei den Abbildungen immer wieder gezeigte abrupte Hut-/Stielübergang, die nicht sehr engstehenden, kräftigen Stacheln und der verhältnismäßig lange Stiel. Das sind Merkmale die [1] als typisch für „H. elliposporum“ bzw. „H. rufescens“ angibt.

(2) Der Hutdurchmesser wird meist auch als <5cm beschrieben.

---> Auch ein Merkmal, dass eher zu „H. elliposporum“ passt.

(3) Und jetzt noch ein paar Beispiele meiner Recherche:

http://www.mykoweb.com/CAF/PDF/Hydnum_umbilicatum.pdf

http://www.mykoweb.com/CAF/species/Hydnum_umbilicatum.html

<http://www.uoguelph.ca/~gbarron/MISC2003/humbilic.htm>

<http://mushroomhobby.com/Gallery/Cantharellus/Hydnum%20umbilicatum/>

http://www.michiganmorels.com/beyond_the_morel/sweet_tooth.html

http://www.mushroomexpert.com/hydnum_repandum.html

http://morelmushroomhunting.com/hydnum_umbilicatum.htm

<http://blog.mycology.cornell.edu/?p=109>

http://americanmushrooms.com/taxa/Hydnum_umbilicatum_02.htm

<http://www.mushroom-collecting.com/mushroomhedgehog.html>

- Die Synonym-Liste der „Stoppelpilze“ ist recht lang. Ich habe dazu einen Artikel aus Mexiko gefunden, in dem weder „H. umbilicatum“ noch „H. elliposporum“ erwähnt wird:

<http://www.conabio.gob.mx/institucion/proyectos/resultados/InfH177.pdf>

Mein Fazit 1:

- Die genannten US-Autoren scheinen sich nicht wirklich einig zu sein, was man unter „H. imbilicatum“ zu verstehen hat und beschreiben teilweise „Konzepte“, die ss. [1] „H. elliposporum“, H. rufescens“ oder ein Mix daraus darstellen könnten.

-Ich bin überfordert, die „Spreu vom Weizen“ zu trennen.

---> Aber immerhin: Die Autoren sind sich bei H. umbilicatum. in folgenden Punkten +-einig:

(1) Die Sporen sind größer als bei „H. rufescens“, werden allerdings (sofern angegeben) meist als globos/subglobos (also rundlich!) bezeichnet und nur vereinzelt als „ellipsoid“.

(2) Fast alle Autoren betonen ausdrücklich eine Fruchtkörpergröße, die eher auf „H. elliposporum“ zutrifft.

(3) Ein wichtiges Makro-Merkmal (eingedellter Hut), auf den [1] als nicht „untypisch“ für „H. elliposporum“ hinweist wird meist auch erwähnt oder ist auf den Bildern gut sichtbar.

(4) Die sonstigen auf den Bildern erkennbare Makro-Merkmale zeigen m.E. (auch nach [1] klar), dass hier keine Verwechslung mit „H. repandum“ vorliegt.

- Ich bin völlig verunsichert und habe deshalb erfolgreich versucht, die Original-Beschreibung von PECK aufzutreiben:

---> <http://www.archive.org/details/reportofstatebot1901peck>

- PECK stellt diese neue Art auf Seite 953 vor. Er verweist dabei auf die Ähnlichkeit mit „H. rufescens“ und trennt die neue Art (H.umbilicatum) insbesondere aufgrund makroskopischer Merkmale (kleiner, eingedellter Hut) ab. Und auf Seite 978 bringt er Hinweise zu seinen Abbildungen.

---> Schade, dass PECK die Sporen eindeutig +-globulos (nicht ellipsoid!!!) dargestellt. Denn das passt m.E. nicht in das in [1] vorgestellte „ellisosporum“-Artenkonzept.

Abschluss-Fragen:

(a) Hat Peck ein nachprüfbares Exsikkat hinterlegt?

(b) Ist die von [1] angegebene Trennung beider Arten (H. rufescens, H. elliposporum) aufgrund der Sporenlänge sicher möglich oder muss man eher die doch sehr unterschiedliche „Sporenform“ bewerten?

(c) Ist H. umbilicatum ss. Peck konspezifisch mit einer in [1] beschriebenen europäischen Art?

(d) Kennt jemand den Pouzar Artikel

(<http://www.indexfungorum.org/Names/NamesRecord.asp?RecordID=296550>), steht leider nicht in meinem Regal, in dem ein

europäischer Autor „Detinum (aktuell Hydnum) umbilicatum“ vorstellt?

---> Wird leider in [1] auch mit keinem Wort erwähnt.

---> Insgesamt scheint mir das Epithet „umbilicatum“ ein „Tabu“-Artnamen in

der europäischen Literatur zu sein und taucht da praktisch nicht auf.

Abschlussbemerkung:

- Ich kenne leider die Email-Adressen der Autoren von [1] (BEENKEN habe ich einmal vor Jahren auf einem Pilzwochenende der „Stuttgarter Pilzfreunde“ getroffen) nicht.

---> Denn sonst würde ich die anschreiben und um eine Stellungnahme bitten.

- Ansonsten kann ich noch einen Beitrag aus meinem „Folienfundus“ (siehe Anhang) anbieten, in dem ich die Merkmale der in [1] erwähnten „Hydnum-Arten“ gegenüber stelle.

Liebe Grüße
Gerd

Literatur:

[1] H. Ostrow & L. Beenken (2004): *Hydnum ellipsosporum* spec. nov. (Basidiomycetes, Cantharellales) ein Doppelgänger von *Hydnum rufescens* Fr.; Zmykol. 70(2)

Titel: Re: *Hydnum ellipsosporum* vs. *H. umbilicatum*
Beitrag von: Peter W. am 24. August 2009, 22:47:51

Ich kann zwar zu dem Beitrag wenig sagen, aber die Mail Anschrift von Ludwig Beenken steht in der ZfM 70/2: 137 ganz unten, sofern sie noch gültig ist.

Gruß Peter

Titel: Re: *Hydnum ellipsosporum* vs. *H. umbilicatum*
Beitrag von: Eric am 25. August 2009, 10:57:01

Hallo Gerd,

auf die Schnelle habe ich auf meiner Festplatte einen Artikel gefunden, in dem *H. umbilicatum* beschrieben wird:

Hall, D. & Stuntz, D.E. (1971). Pileate *Hydnaceae* of the Puget Sound Area. I. White-Spored Genera: *Auriscalpium*, *Herichium*, *Dentinum* and *Phellodon*. *Mycologia* 63(6): 1099-1128

Ich schicke es Dir per Mail.

Viele Grüße,
Eric

Titel: Re: *Hydnum ellipsosporum* vs. *H. umbilicatum*
Beitrag von: Gerd am 26. August 2009, 02:26:26

Hallo Peter, hallo Eric,

Zitat von: Peter W.

Ich kann zwar zu dem Beitrag wenig sagen, aber die Mail Anschrift von Ludwig Beenken steht in der ZfM 70/2: 137 ganz unten, sofern sie noch gültig ist.

Danke, und auch die Mail-Anschrift von OSTROW wird dort erwähnt.

- Ich werde die Autoren anschreiben und schauen, ob es da neue Erkenntnisse gibt. Denn immerhin haben sie in [1] angekündigt:

Weitere Untersuchungen an zusätzlichen europäischen und außereuropäischen Aufsammlungen aus der Gattung Hydnum sind deshalb vorgesehen.

@Eric:

- Herzlichen Dank. Den Artikel [2] habe ich mir zwischenzeitlich genauer angeschaut.

---> Die mich interessierende Art (umbilicatum) wird m.E. exakt im Sinne von [3] interpretiert, aber noch der zwischenzeitlich "veralteten" Gattung "Dentinum" zugeordnet.

Meine vorläufige Einschätzung:

(1) Makroskopisch und auch bezüglich der Sporenlänge stimmt "H. umbilicatum" sehr gut mit "H. ellipsosporum" überein. Und in [2] wird auch erwähnt, dass die Basidien 3-,4-sporig sind.

(2) Doch da gibt es eine kleine (aber vermutlich signifikante) Unstimmigkeit:

---> [2], [3] betonen ausdrücklich, dass der Hut "tief eingebuchtet/genabelt" ist. Ein Merkmal, dass [1] als selten bezeichnet, aber in Anfragen bei HARRY (<http://www.pilzfotopage.de/Forum3/viewtopic.php?p=11569#p11569>) (leider nicht mikroskopisch überprüft) wenigstens für diesen Standort typisch zu sein scheint. Bei den auf einem Pilzwochenende (mit Harry in der Pfalz) aufgetauchten "H. repandum, H. rufescens, H. ellipsosporum" (alle mikroskopisch überprüft) ist mir dieses Merkmal nicht aufgefallen.

---> Die Sporenform von H. umbilicatum passt aber leider überhaupt nicht:

- Nach [3]: Sporen 7,6 - 10µm, subglobos und zeichnet +-runde Sporen, deren L/D-Verhältnis $\leq 1,1$ liegen dürfte.

- Nach [2]: Sporen 9.0-10.0 x 7.0-8.6µm ---> L/D geschätz ca. 1,2-1,3

- Nach [1]: L/D ca. 1,5 für "H. ellipsosporum"

- Und zum Abschluss noch eine von mir vor kurzem "kartierten" Fund von H. ellipsosporum (<http://www.das-naturforum.eu/forum/funde-2009-07-29-t-1169-2.html#pid8498>)

(3) Na ja, mir bleibt nur abschließend noch festzustellen: Ich bin weiterhin verunsichert bezüglich H. umbilicatum vs. H. ellipsosporum.

Beste Grüße
Gerd

Literatur:

[1] H. Ostrow & L. Beenken (2004): Hydnum ellipsosporum spec. nov. (Basidiomacetes, Cantharellales) ein Doppelgänger von Hydnum rufescens Fr.; Zmykol. 70(2)

[2] Hall, D. & Stuntz, D.E. (1971). Pileate Hydnaceae of the Puget Sound

Area. I. White-Spored Genera: Auriscalpium, Hericium, Dentinum and Phellodon. Mycologia 63(6): 1099-1128

[3] <http://www.archive.org/details/reportofstatebot1901peck>
(<http://www.archive.org/details/reportofstatebot1901peck>)

Titel: Re: Hydnum ellipsosporum vs. H. umbilicatum - Stammbäume selbstgestrickt
Beitrag von: Eric am 26. August 2009, 13:25:32

Hallo Gerd,

schwieriges Thema, mit dem sich auch schon andere befasst haben:

<http://www.plantslo.org/Kongres/PDF/1%20Filogenija-FINAL.pdf>
(<http://www.plantslo.org/Kongres/PDF/1%20Filogenija-FINAL.pdf>) (1)
http://www.svampar.se/bildarkiv/SMT_2007_2_Rodgul_taggsvamp.pdf
(http://www.svampar.se/bildarkiv/SMT_2007_2_Rodgul_taggsvamp.pdf) (2)

Die kleinen, rötlichen Hydnum-Arten scheinen genetisch recht variabel zu sein (nach (1)). Es zeigt sich mal wieder, dass die Pilztaxonomie ohne eine sehr gründliche morphologische Betrachtung, sprich nur auf molekularer und chemischer Ebene, ein sehr stumpfes Schwert ist.

Wer möchte kann sich ja mal den Spaß gönnen und einen eigenen Hydnum-Stammbaum erstellen und schauen, was dabei herauskommt. Oft genug beruhen die öffentlich zugänglichen Sequenzen aus irgendwelchen Publikationen auf Fehlbestimmungen. Kurz angemerkt, wie das funktioniert:

1) Als erstes braucht man ein Programm, das in der Lage ist, Stammbäume aus DNA- oder Aminosäuresequenzen herzustellen. Ich empfehle MEGA 4 (<http://www.megasoftware.net/>), das leicht zu beherrschen ist, wenn man sich mit den Theorien hinter der Phylogenie ein bißchen beschäftigt hat.

2) Die Sequenzen, auf denen publizierte Stammbäume beruhen sind online in der GenBank zu finden. Dazu benutzt man den NCBI Taxonomy-Browser (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=Taxonomy&cmd=search&term=>). Im Suchfeld oben die gewünschte Gattung eingeben und schon bekommt man nach Klick auf den Gattungsnamen alle Arten serviert, für die sequenzierte Genombereiche vorliegen (meist die üblichen verdächtigen ITS1 und 2, LSU...).

Gewünschte Art anklicken und im Kasten oben rechts auf die Zahl hinter 'Nucleotide' klicken. Nun ist eine Liste der online gestellten Sequenzen zur gewählten Art zu sehen.

3) Klickt man auf eines der Kürzel finden sich Angaben zur Sequenz wie Name, Referenzen, Publikation und am Ende die Sequenz selbst. Diese kopieren und in je einer *.txt-Datei abspeichern. Dabei muss unbedingt darauf geachtet werden, dass nur gleiche Loci gewählt werden (also alle ITS1/2 oder alle LSU, aber nicht gemischt).

4) MEGA starten. Pfad 'Alignment' / 'Alignment Explorer/CLUSTAL'. 'Create new alignment' wählen und DNA-Sequenz mit 'Yes' bestätigen.

5) Nun die abgespeicherten Sequenzen, die verglichen werden sollen über den Pfad 'Edit' / 'Insert Sequence from File' (= zuvor abgespeicherte txt-Dateien) einfügen und entsprechend benennen (z.B. Artname und Sequenzkürzel aus GeneBank, damit man es wiederfindet oder mehrere Sequenzen pro Art angeben kann). Sitzung speichern!

6) Hat man so alle zusammen den Pfad 'Alignment' / 'Align by ClustalW' beschreiten. Jetzt verarbeitet das Programm die eingegebenen Sequenzen und richtet sie aneinander aus ("aligned" sie). Sitzung speichern und (wichtig!) auch exportieren! Keine Angst, das Programm fragt automatisch beim verlassen, ob exportiert werden soll.

7) Die exportierte Datei (die *.meg-Datei) in MEGA öffnen und im Hauptfenster den Pfad 'Phylogeny' / 'Construct Phylogeny' / 'Neighbor Joining (NJ)' wählen. Im sich nun öffnenden Fenster den Reiter 'Test of Phylogeny' öffnen und 'Bootstrap' auswählen (1000 Replications ist ein guter Wert). Mit dem roten Haken bestätigen und auf 'Compute' klicken. Nun wird der Stammbaum berechnet.

Auf die Schnelle (10 min) habe ich exemplarisch fünf Stoppelpilz-Sequenzen herausgegriffen, die folgendes Bild ergeben:

(<http://forum.fungiworld.com/index.php?action=dlattach;topic=4659.0;attach=24541>)

Man sieht: eine Gruppe um *H. repandum* und seine kleinen rötlichen Verwandten und das weiter außerhalb liegende *H. albidum*. Das Ganze ist nur eine Spielerei ohne großen wissenschaftlichen Wert. Wer aber ein bißchen hinter die Phylogenie-Theorie blicken möchte, dem sein es ans Herz gelegt, mal ein wenig herumzuprobieren. Und genau für so etwas ist die GeneBank ja da. :)

Viele Grüße,
Eric

Titel: Re: Hydnum elliposporum vs. H. umbilicatum
Beitrag von: Der Juergen am 26. August 2009, 15:57:35

Hallo Eric,

klasse Links und Tipps! Das werde ich mir auch mal näher besehen.

Grüße
Juergen

Titel: Re: Hydnum elliposporum vs. H. umbilicatum
Beitrag von: Der Juergen am 29. August 2009, 00:45:10

Hallo Eric & Gerd,

hab da jetzt auch mal ein bisschen Bäumchen gebastelt (ITS1&2). "Ohne großen wissenschaftlichen Wert" würde ich jetzt SO nicht sagen, schließlich waren das ja - grob ausgedrückt - keine "Pappnasen", die ihre

Sequenzierungen gemacht haben. Die Statistik machts hier wahrscheinlich aus: Je mehr Sequenzen vorhanden, um so genauer werden die Trees, weil Fehlbestimmungen eliminiert werden.

Grüße
Juergen

Titel: Re: Hydnum ellipsosporum vs. H. umbilicatum - Stammbäume selbstgestrickt
Beitrag von: Gerd am 29. August 2009, 02:09:03

Hallo Eric,

Zitat von: Eric

schwieriges Thema, mit dem sich auch schon andere befasst haben:

<http://www.plantslo.org/Kongres/PDF/1%20Filogenija-FINAL.pdf>
(<http://www.plantslo.org/Kongres/PDF/1%20Filogenija-FINAL.pdf>) (1)
http://www.svampar.se/bildarkiv/SMT_2007_2_Rodgul_taggsvamp.pdf
(http://www.svampar.se/bildarkiv/SMT_2007_2_Rodgul_taggsvamp.pdf) (2)

Die kleinen, rötlichen Hydnum-Arten scheinen genetisch recht variabel zu sein (nach (1)).

- Erst einmal herzlichen Dank für diese Links:

Artikel (2) bringt m.E. kaum etwas NEUES. Hier wird nur bestätigt, dass in der Literatur

- (a) der H. rufescens-Komplex unterschiedlich interpretiert wird.
- (b) man derzeit wohl 3 Sippen auf Artrang (H. rufescens, H. umbilicatum, H. ellipsosporum) unterscheiden kann.
- (c) das von [1] vorgestellte Konzept vernünftig zu sein scheint und auch hier akzeptiert wird.

Artikel (1): High intraspecific diversity in ectomycorrhizal genus Hydnum finde ich dagegen sehr interessant, auch wenn hier bei einigen der untersuchten Arten (H. repandum, H. rufescens, H. umbilicatum, H. ellipsosporum, H. albidum) rel. wenige Funde beurteilt wurden und z.B. „H. repandum var. macrosporum“ (fehlt), „H. ellipsosporum“ (1 Fund), „H. umbilicatum“ (2 Funde) und mir auch unklar ist, welcher Abkürzung „H. albidum“ bzw. „H. repandum var. album“ zuzuordnen ist.

- Das Ergebnis und die Darstellung dieser „Likelihood“-Clusteranalyse verstehe ich und kann ich „allerdings nur statistisch“ bewerten.

Aber, für mich bleiben einige Fragen offen, die ich nicht bewerten kann:

- (1) Sonderbar: Erwähnt werden 33 untersuchte Fruchtkörper. Und wenn ich mir die Cluster-Analyse anschau, dann werden hier (wenn ich mich nicht verzählt habe) 41 Funde vorgestellt!???
- (2) Ich kann die verwendeten Abkürzungen teilweise nicht sicher (bezüglich Artnamen, Fundort, Funddatum, Ökologie) zuordnen.
- (3) Ich kann insbesondere bei „H. rufescens“ und „H. repandum“ nicht beurteilen, ob diese Arten ss.str. bestimmt wurden?
- (4) DNA-Sequenzen sind für mich „böhmische Dörfer“, die ich nicht beurteilen kann. Aber immerhin finde ich dazu in [2] folgenden Hinweise:
 - (a) S.194,195, und Glossar S.403, 412; Die DNA-Hybridisierung (Methode,

um z.B. die verwandtschaftliche Nähe zweier Taxa zu überprüfen) ist eigentlich eine phänetische Methode, aber dank der sehr vielen berücksichtigten Merkmale hat sie nicht die meisten üblichen Mängel der phänetischen Analyse. Einige der „Abstands-“ oder „Distanzmethoden“ der Computertaxonomie sind im Grunde genommen auch phänetische Methoden. Über ihren Wert zu anderen Ansätzen (etwa Parsimoniemethode = Sparsamkeitsmethode. Prinzip in der Taxonomie, dass der kürzeste Stammbaum auch der beste ist, also derjenige mit den wenigsten Verzweigungspunkten (Merkmalsänderungen) herrscht immer noch beträchtliche Uneinigkeit.

(b) S.183; Hier setzt sich [2] kritisch mit dem phylogenetischen (= stammesgeschichtlichen) Artkonzept vieler Kladisten auseinander, die bereits die Ausbildung einer neuen „Apomorphie“ (= ein abgeleitetes Stadium in einer evolutionären Reihe homologer Merkmale), z.B. im Extremfall eine einzige evtl. „neutrale“ Genmutation (ein Beispiel dazu wird genannt), in einer beliebigen Population als Entstehung einer neuen Art bewerten.

(c) S.191 (ich zitiere nochmals [2]): Vergleicht man die Menschen mit ihren nächsten Verwandten, den Schimpansen, so findet man, dass die Gattung Homo in bestimmten molekularen Merkmalen der Gattung Pan ähnlicher sind als manche Arten der Gattung Drosophila untereinander.

(d) Diese Beispiele aus [2] könnte ich (wenn ich das als „Nicht-Biologe“ richtig verstehe) fast beliebig erweitern, wenn „biologische“ Disziplinen „engstirnig“ auf „eine neue Welle“ setzen.

Abschlussbemerkung zu (1):

Zitat von: ERIC

Es zeigt sich mal wieder, dass die Pilztaxonomie ohne eine sehr gründliche morphologische Betrachtung, sprich nur auf molekularer und chemischer Ebene, ein sehr stumpfes Schwert ist.

- Exakt das kann ich (als Nicht-Biologe) den Ausführungen von [2] als „roten Faden“ entnehmen.
 ---> Für mich sollte man [2] bereits am Anfang des Studiums jedem Biologie-/Zoologie-/Mykologie-Studenten als „Pflichtlektüre aufzwingen“.

Ich kann mir jetzt fast ersparen, die Ergebnisse von Artikel (1) zu bewerten.

---> Aber immerhin (m.E. ein guter Ansatz): Da wird versucht, die unterschiedlichen „clades“ bei „H. repandum“ und H. rufescens“ zu erklären.
 =====

- Deine weiteren Links und Hinweise finde ich übrigens aufregend.
 --> Nur leider blicke ich da auch nach Tagen noch nicht durch und kann dein „Kochrezept“ (bin einfach zu blöd dazu) nicht nachvollziehen.

Zitat von: Eric

Wer möchte kann sich ja mal den Spaß gönnen und einen eigenen Hydnum-Stammbaum erstellen und schauen, was dabei herauskommt.
 2) Die Sequenzen, auf denen publizierte Stammbäume beruhen sind online in der GenBank zu finden. Dazu benutzt man den NCBI Taxonomy-Browser (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=Taxonomy&cmd=search&term=>). Im Suchfeld oben die gewünschte Gattung eingeben und schon bekommt man nach Klick auf den Gattungsnamen alle Arten serviert, für die sequenzierte Genombereiche vorliegen (meist die üblichen verdächtigen ITS1 und 2, LSU...).

Gewünschte Art anklicken und im Kasten oben rechts auf die Zahl hinter 'Nucleotide' klicken. Nun ist eine Liste der online gestellten Sequenzen zur gewählten Art zu sehen.

3) Klickt man auf eines der Kürzel finden sich Angaben zur Sequenz wie Name, Referenzen, Publikation und am Ende die Sequenz selbst. Diese kopieren und in je einer *.txt-Datei abspeichern. Dabei muss unbedingt darauf geachtet werden, dass nur gleiche Loci gewählt werden (also alle ITS1/2 oder alle LSU, aber nicht gemischt).

4) MEGA starten. Pfad 'Alignment' / 'Alignment Explorer/CLUSTAL'. 'Create new alignment' wählen und DNA-Sequenz mit 'Yes' bestätigen.

5) Nun die abgespeicherten Sequenzen, die verglichen werden sollen über den Pfad 'Edit' / 'Insert Sequence from File' (= zuvor abgespeicherte txt-Dateien) einfügen und entsprechend benennen (z.B. Artname und Sequenzkürzel aus GeneBank, damit man es wiederfindet oder mehrere Sequenzen pro Art angeben kann). Sitzung speichern!

6) Hat man so alle zusammen den Pfad 'Alignment' / 'Align by ClustalW' beschreiten. Jetzt verarbeitet das Programm die eingegebenen Sequenzen und richtet sie aneinander aus ("aligned" sie). Sitzung speichern und (wichtig!) auch exportieren! Keine Angst, das Programm fragt automatisch beim verlassen, ob exportiert werden soll.

7) Die exportierte Datei (die *.meg-Datei) in MEGA öffnen und im Hauptfenster den Pfad 'Phylogeny' / 'Construct Phylogeny' / 'Neighbor Joining (NJ)' wählen. Im sich nun öffnenden Fenster den Reiter 'Test of Phylogeny' öffnen und 'Bootstrap' auswählen (1000 Replications ist ein guter Wert). Mit dem roten Haken bestätigen und auf 'Compute' klicken. Nun wird der Stammbaum berechnet.

Zitat von: ERIC

Das Ganze ist nur eine Spielerei ohne großen wissenschaftlichen Wert

- Das sehe ich völlig anders:

---> Ich halte das für „sehr wissenschaftlich“ (mit den von dir und auch von mir gebrachten Einschränkungen, insbesondere „unsichere“ Bewertung der Artbestimmung nach morphologischen Merkmalen) und hoch interessant.

Liebe Grüße
Gerd

Literatur:

[1] H. Ostrow & L. Beenken (2004): *Hydnum ellipsosporum* spec. nov. (Basidiomycetes, Cantharellales) ein Doppeltgänger von *Hydnum rufescens* Fr.; Zmykol. 70(2)

[2] Ernst Mayr (2000): *Das ist Biologie. Die Wissenschaft des Lebens;* Spektrum Akademischer Verlag, ISBN 3-8274-1015-0
---> Hat ein Biologe geschrieben, der m.W. als einer der bedeutendsten Biologen des 20. Jahrhunderts bewertet wird.

Titel: Re: *Hydnum ellipsosporum* vs. *H. umbilicatum*

Beitrag von: Gerd am 29. August 2009, 02:42:18

Hallo Jürgen,

Zitat von: Der Juergen am 29. August 2009, 00:45:10

hab da jetzt auch mal ein bisschen Bäumchen gebastelt (ITS1&2). "Ohne großen wissenschaftlichen Wert" würde ich jetzt SO nicht sagen, schließlich waren das ja - grob ausgedrückt - keine "Pappnasen", die ihre Sequenzierungen gemacht haben. Die Statistik machts hier wahrscheinlich aus: Je mehr Sequenzen vorhanden, um so genauer werden die Trees, weil Fehlbestimmungen eliminiert werden.

- Ich bin jetzt zu faul, dein Beispiel nachzuvollziehen.

---> Aber, vergleiche meinen Vorbeitrag:

(1) Ich halte diese Analyse durchaus auch für "sehr wissenschaftlich".

(2) Ich stimme dir auch zu, dass "keine Pappnasen" ihre Sequenzierung gemacht haben.

(3) Und ich stimme dir auch zu, dass eine "saubere" Statistik (die Masse macht's) einige "Ungereimtheiten" ausgleicht.

---> Aber gestatte mir bitte eine Frage:

- Kann man den Daten der "Genbank" die morphologischen Bestimmungsdaten (Funddatum, Fundort, Ökologie sowie μ -Merkmale) entnehmen?

- Wenn nicht, dann beachte bitte das Datum der Sequenzierung (sofern angegeben) und berücksichtige dabei, ob aktuell ein verbessertes Artkonzept vorgestellt wurde.

Beste Grüße
Gerd

Titel: Re: Hydnum elliposporum vs. H. umbilicatum
Beitrag von: Eric am 29. August 2009, 08:04:33

Hallo Gerd, hallo Juergen,

großartig, dass das Thema bei Euch auf Interesse stößt.

Zitat

(1) Ich halte diese Analyse durchaus auch für "sehr wissenschaftlich".

Da habe ich mich wohl wieder ein bißchen missverständlich ausgedrückt. Ich will nicht DNA-Sequenzierungen und Stammbaumanalysen mit ihren statistischen Methoden als 'unwissenschaftlich' hinstellen. Im Gegenteil, sonst hätte ich den Beitrag kaum gebracht.

Mein Anliegen war nur zu betonen, dass ein solcher Baum, wie ich ihn im Beitrag gebracht habe, sprich in 10 Minuten 5 beliebige Sequenzen aus der GenBank kopiert und aligned, keinen großen wissenschaftlichen Wert (= ohne Reue publizierbar) hat. Für unsere Zwecke langt es aber allemal und zeigt (verglichen mit dem Baum in Ostrow/Beenken) schon das Wesentliche, zumal unser 'Objekt' H. umbilicatum interessanterweise als Schwestergruppe zu H. rufescens (und das mit hohem Bootstrap-Wert) erscheint und H. elliposporum eine Stufe weiter außerhalb als Schwestergruppe zu den beiden oben genannten.

Zitat von: Der Juergen

Die Statistik machts hier wahrscheinlich aus: Je mehr Sequenzen vorhanden, um so genauer werden die Trees, weil Fehlbestimmungen eliminiert werden.

Das ist ein Beispiel, warum meine Spielerei noch nicht sooo viel taugt. Pro Art wurde genau eine Sequenz verwendet. Würde man beispielsweise für H. rufescens mehrere Sequenzen verwendet, entstünde möglicherweise ein anderes Bild - man weiß es aber nicht, das macht die Sache sehr spannend.

Je sorgfältiger man aber eine solche Analyse durchführt, desto höher ist natürlich im Endeffekt ihr Wert - und auch wir Amateurmykologen haben so

die Möglichkeit, die Kladistik als mächtiges Werkzeug in unser Hobby einfließen zu lassen. Außerdem kann man so auch Stammbäume interpretieren und kritisch hinterfragen lernen, was sicherlich nicht falsch ist.

Zitat von: Gerd

- Kann man den Daten der "Genbank" die morphologischen Bestimmungsdaten (Funddatum, Fundort, Ökologie sowie μ -Merkmale) entnehmen?

Nein, dazu wird auf die entsprechenden Publikationen verwiesen. Und darin fast allgemein nicht auf Merkmale der sequenzierten Proben eingegangen (vgl. beliebiges Phylogenie-Papier). Die Funde sind allerdings in Herbarien hinterlegt, wo man sie anfordern kann.

Zitat von: Gerd

- Deine weiteren Links und Hinweise finde ich übrigens aufregend.
--> Nur leider blicke ich da auch nach Tagen noch nicht durch und kann dein „Kochrezept“ (bin einfach zu blöd dazu) nicht nachvollziehen.

@Gerd: wenn es irgendwo klemmt, können Juergen und ich Dir möglicherweise weiterhelfen.

Viele Grüße,
Eric

Titel: Re: Hydnum elliposporum vs. H. umbilicatum
Beitrag von: Der Juergen am 29. August 2009, 10:07:21

Hallo Eric,

Ups! Da hab ich Dich total falsch verstanden! Klar, mit wenigen, wahllos rausgegriffenen Sequenzen ist das nicht hieb- und stichfest.

@Gerd:

Von "Böhmischen Dörfern" besorgt man sich am besten "Stadtpläne":-) So unübersichtlich sind die nicht. Ich fang mal ein bisschen an:

Das wichtigste bei dieser Sequenzierungs-Geschichte ist die Frage, WAS man miteinander Vergleichen will. Am besten das, was kaum Veränderungen unterworfen ist, also "hochkonservativ" (im Gegensatz zu supervariabel oder rekombinant, das gibt es natürlich auch: Die absichtliche oder auch absichtlich/zufällige "Durchmischung" von Genen).

1). rRNA (ein Bauteil der Ribosomen = Protein-Fabriken der Zelle) ist solch ein hochkonservatives Gebilde und in jeder lebenden Zelle (gleich welchen Lebewesens) enthalten. Jede größere Mutation führt zur Ausmerzung, deshalb bleiben die Sequenzen der rRNA über die Zeiten stabil. Mittels der kleinen, "erlaubten" Änderungen (Mutationen) kann man sehr gut verwandtschaftliche Beziehungen untersuchen.

2). Was man auch noch für die Phylogenetik herannimmt, ist Mitochondrien-DNA (ebenfalls hochkonservativ, weil Mutationen auch ausgemerzt werden). Diese Zell-Organelle wird "ausschließlich" (es gibt da jüngst entdeckte Ausnahmen!) mütterlich weitergegeben - das Mitochondrium der Samenzelle wird beim Verschmelzungsakt "abgestreift". So kann man einen wunderbaren, matriarchalen Stammbaum der Menschlichen Rassen entwerfen.

3). Die Gensequenzen wichtiger (lebenswichtiger!) Enzyme (z.B. die

Enzyme der "Atmungskette") sind ebenfalls sehr hochkonservativ (auch in der Mitochondrien-DNA enthalten). So beruht z.B. der Sequenzvergleich, der zwischen Mensch und Schimpanse gemacht wurde auf dem Atmungsketten-Enzym "Cytochrom c".

4). ITS 1 & 2, die man auch in der GenDatenbank abrufen kann, sind Sequenzabschnitte der ribosomalen RNA (rRNA).

Grüße
Juergen

Titel: Re: Hydnum elliposporum vs. H. umbilicatum
Beitrag von: Der Juergen am 29. August 2009, 10:43:30

Hallo Gerd,

Zitat von: Gerd am 29. August 2009, 02:42:18

- Kann man den Daten der "Genbank" die morphologischen Bestimmungsdaten (Funddatum, Fundort, Ökologie sowie μ -Merkmale) entnehmen?

- Wenn nicht, dann beachte bitte das Datum der Sequenzierung (sofern angegeben) und berücksichtige dabei, ob aktuell ein verbessertes Artkonzept vorgestellt wurde.

Eric schrieb ja schon, dass in den jeweiligen Publikationen sehr wahrscheinlich mehr über das Material und deren Quellen steht. Ich glaube auch kaum, dass die meisten "Sequenzierer" das Material selbst gesammelt, geschweige denn bestimmt haben. Fehlbestimmungen, die es immer geben wird, so lange ein denkender und Fehler machender Mensch die Finger im Spiel hat, sind da wahrscheinlich sogar dem jeweiligen "Exsikkat-Mykologen" anzulasten *g* Die Genetiker machen nur ihren Job, über die Auffassung einer Art müssen sich die Mykologen einigen. Am besten wäre die Kombination Mykologe (Feldmykologe)/Genetiker ... wenn die Sequenzier nicht so teuer wären:-) Ich warte ja immer noch - vielleicht kommt der ja noch vor Erscheinen der BaWü-Funga Band 5 heraus *bg* - auf den Mycorder*: Ein Handy-großes Multi-Sequenz-Analyse-Gerät, dass man wie einen Scanner über den Hut des Pilzes zieht und auf dem Display erscheint der Name und die taxonomische Einordnung.

Grüße
Juergen

*= Trademarked

Titel: Re: Hydnum elliposporum vs. H. umbilicatum
Beitrag von: Gerd am 29. August 2009, 18:52:30

Hallo Eric, hallo Jürgen,

danke für diese Zusatzinfos mit denen meine Ursprungsfragestellung "elliposporum" vs. "umbilicatum" vorerst befriedigt wurde.

- Überraschend für mich die nahe Verwandtschaft "umbilicatum" mit "rufescens"

@Eric: Ich werde in den nächsten Wochen kaum dazu kommen, mich mit dem Thema auseinander zu setzen und melde mich danach, wenn ich Hilfe benötige.

Grüße
Gerd

Powered by SMF 1.1.5 | SMF © 2006, Simple Machines LLC