Zeitschrift: Mycologia Helvetica
Herausgeber: Swiss Mycological Society
Band: 8 (1996)
Heft: 2

Artikel: Polyphasische Taxonomie : Probleme und Methoden
Autor: Petrini, Orlando / Petrini, Liliane E.
DOI: https://doi.org/10.5169/seals-1036435

Nutzungsbedingungen
Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation
L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use
The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 17.02.2026

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

Polyphasische Taxonomie: Probleme und Methoden

Orlando Petrini und Liliane E. Petrini

Tèra d'Sott 5, CH-6949 Comano, Schweiz

Bis vor wenigen Jahren stellte man in der Mykologie Taxonomie mit Morphologie gleich. Die Pilztaxonomen beschränkten sich fast ausschliesslich auf morphologische Merkmale. Nur in seltenen Fällen benutzten sie einfache physiologische Tests, um Pilze zusätzlich zu charakterisieren. Die vermehrte Züchtung von Pilzen in Reinkultur ermöglichte den Mykologen jedoch, physiologische und biochemische Merkmale zur Abklärung intra- und interspezifischer Beziehungen in ihre Arbeit einzubeziehen. Anfänglich wurde die Produktion von Pigmenten und anderen Sekundärmetaboliten (Whalley & Greenhalgh, 1971; Whalley & Whalley, 1977; Whalley & Edwards, 1995) als taxonomisches Merkmal angewandt. Später kamen sowohl biochemische als auch molekularbiologische Methoden zur Anwendung (Bruns et al., 1991; Kohn, 1992; Samuels & Seifert, 1995) vor allem mit dem Ziel, die phylogenetischen Beziehungen zwischen und innerhalb von Pilzgruppen zu berechnen (Lutzoni & Vilgalys, 1995; Theler, 1995; Berbee & Taylor, 1995; McLaughlin et al., 1995; Eriksson, 1995). Diese Möglichkeiten wurden durch die rasanten Fortschritte in der DNA-Analyse sowie durch die Verfügbarkeit von Computerprogrammen für die Simulation phylogenetischer Entwicklungslinien eröffnet.

Die Pilztaxonomen wagten bis anhin kaum, die Ergebnisse verschiedener Methoden einer Gesamtanalyse zu unterwerfen. So entstanden getrennte taxonomische Bearbeitungen, für die entweder ausschliesslich morphologische oder nur biochemische und molekularbiologische Methoden benutzt wurden. Es wurden wohl Quervergleiche zwischen Ergebnissen aus morphologischen und biochemischen Arbeiten angestellt, nur selten enthielt jedoch eine taxonomische Bearbeitung eine kombinierte Analyse der Ergebnisse von mit verschiedenen Methoden durchgeführten Untersuchungen.

O. Petrini et al. (1989) und Sieber-Canavesi et al. (1991) unterwarfen sowohl morphologische als auch physiologische und biochemische Merkmale einer eingehenden, numerischen Analyse zur Abklärung taxonomischer Beziehungen innerhalb zweier koniferenbewohnender Ascomycetengattungen. Eine ähnliche Arbeit führten Sieber et al. (1991) mit einigen *Melanconium*-Arten auf *Alnus* durch. Vor kurzer Zeit haben Untereiner et al. (1995) eine ähnliche, noch detailliertere Bearbeitung der Herpotrichiellaceae veröffentlicht. Solche Bearbeitungen sind Beispiele einer neuen Philosophie in der Taxonomie, welche alle möglichen morphologischen, biochemischen, molekularbiologischen und

ökologischen Merkmale zur Charakterisierung eines Taxons anwendet und dann versucht, alle Daten in die gleiche Analyse einzubeziehen. Sie wird als polyphasische Taxonomie bezeichnet, auch wenn sie vielleicht zutreffender «integrierte Taxonomie» genannt werden dürfte. In dieser Übersicht versuchen wir, Vor- und Nachteile, Methoden und Probleme der polyphasischen Taxonomie kurz zu diskutieren.

Vor- und Nachteile der polyphasischen Taxonomie

Dank der integrierten, gleichzeitigen Anwendung mehrerer Methoden bietet die polyphasische Taxonomie ein umfassendes Bild eines bestimmten Taxons. Durch die Untersuchung einer grossen Anzahl Merkmale wird die Endanalyse viel robuster und die daraus resultierende taxonomische Bearbeitung weniger subjektiv.

Diese intuitiv grossen Vorteile gewinnt man allerdings nur durch enge Team-Arbeit zwischen klassischen Taxonomen, Biochemikern, Molekularbiologen und Biometrikern. Die Untersuchung ist notgedrungen zeitaufwendig, weil die Bearbeitung einer grossen Stichprobenzahl zur Abklärung der intra- und interspezifischen Variabilität nötig ist. Schliesslich ist die Wahl der geeigneten Auswertungsmethoden, insbesondere der numerischen Analysen, nicht immer einfach.

Methoden und Probleme

Einer integrierten Taxonomie stehen alle klassischen und modernen Methoden zur Verfügung (Abb. 1). Mikroskopie, Fluoreszenzmikroskopie und Abbautests (z.B. O. Petrini et al., 1989; Sieber-Canavesi et al., 1991) sollten die ersten Werkzeuge sein, welche zur Charakterisierung der Taxa angewandt werden sollten. Ökologische Untersuchungen sind ebenfalls zu berücksichtigen, weil sie wichtige Informationen zur Lebensweise der Organismen anbieten (z.B. L. Petrini et al., 1987). In einer zweiten Phase können Isoenzym-Analyse (z.B. Leuchtmann et al., 1992; Brunner & Petrini, 1992) und die Untersuchung der Produktion von Sekundärmetaboliten (Frisvad & Foltenborg, 1989; Svendsen & Frisvad, 1994) ebenfalls massgebend helfen, Gruppierungen sowohl innerhalb als auch unter Taxa zu zeigen. Schliesslich kommen molekularbiologische Methoden wie RAPDs (Williams et al., 1990; Hämmerli et al., 1992), RFLP (Bruns et al., 1991) und Sequenzierung (Samuels & Seifert, 1995; Seifert et al., 1995) zur Anwendung, um Gruppierungen zu bestätigen, beziehungsweise aufzuzeigen. Alle Untersuchungsergebnisse können dann gesamthaft evaluiert werden.

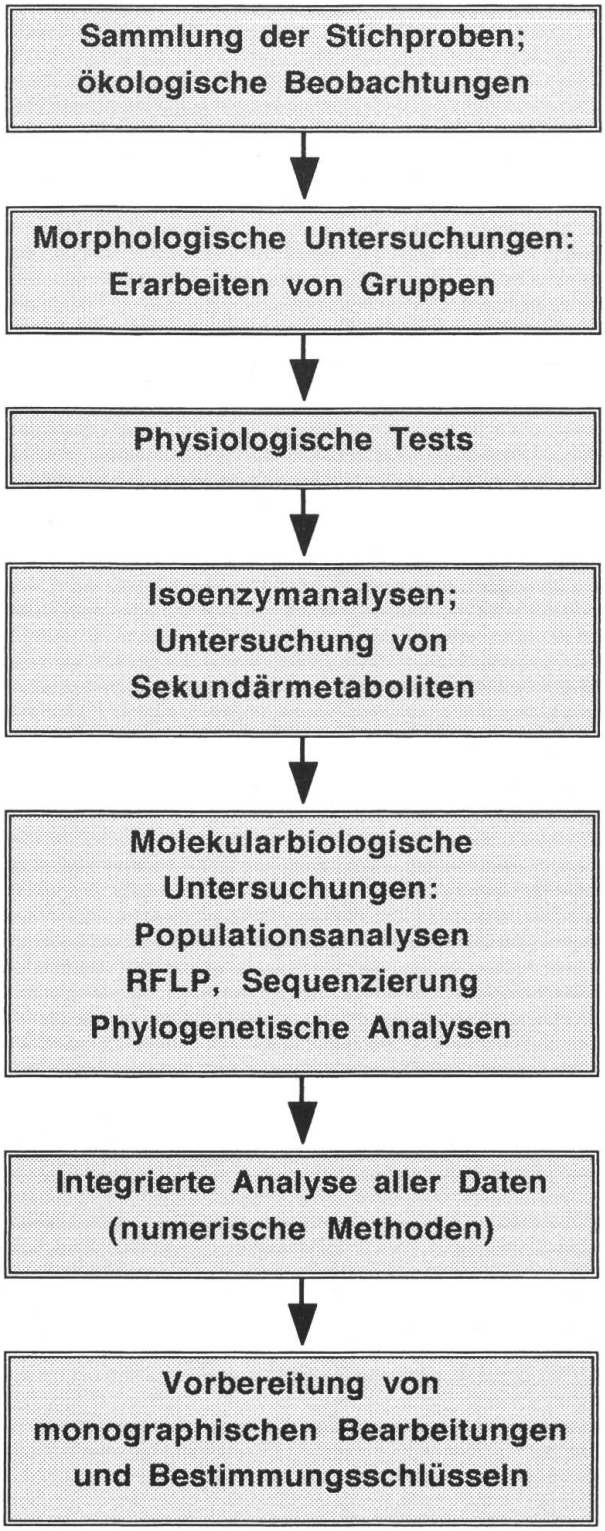

Abb. 1. Schematischer Ablauf einer integrierten taxonomischen Arbeit.

Die Anwendung aller Methoden generiert allerdings eine grosse Datenmenge, welche kaum ohne numerische Ansätze bewältigt werden kann. Sneath (1989; 1995) hat die Vor- und Nachteile der in der Taxonomie zur Anwendung gelangenden, numerischen Methoden eingehend diskutiert.

Grundsätzlich stehen alle numerischen Methoden zur Verfügung, welche von Sneath & Sokal (1973) eingehend beschrieben und diskutiert worden sind. Clusteranalyse (klassische Clustering-Algorithmen sowie neuere Ansätze wie Block Clustering und Fuzzy Clustering), Hauptkomponenten- oder Faktoren-Analyse, non-metric MultiDimensional Scaling (MDS) sind in vielen Lehrbüchern beschrieben (Sneath & Sokal, 1973; Ludwig & Reynolds, 1988; Pankhurst, 1991). Es existieren gute, anwenderfreundliche Software-Pakete, welche entweder auf DOS-kompatiblen oder MacIntosh Computers laufen [z.B. Systat 5.2 (Systat, 1992); NTSYS–pc (Rohlf, 1990)] und die nötigen Algorithmen anbieten, sodass die meisten Analysen direkt durch den Taxonomen durchgeführt werden können. Selbstverständlich findet man alle nötigen Routines auch in Mainframe-Statistikprogrammen (SAS, SPSS) und in ihren PC-Versionen.

Die meisten Taxonomen stützen sich häufig auf konfirmatorische Statistik und vernachlässigen die wesentlich einfacheren, jedoch recht robusten Methoden der deskriptiven Analysen (Exploratory Data Analysis: Tukey, 1977; Cleveland, 1985), welche jetzt standardmässig von den meisten professionellen Statistik-Softwarepaketen angeboten werden und erlauben, sehr einfach und rasch Gruppierungen aufzuzeigen. Beispiele dafür sind Boxplots (Abb. 2) und Vertrauensellypsen (Abb. 3).

Multiple Korrespondenzanalyse (Greenacre, 1984; 1986; 1993) ist eine in der Ökologie sehr verbreitete Methode, welche bis jetzt in der Taxonomie kaum Anwendung gefunden hat. Sie ist verteilungsunabhängig und bietet somit mehrere Vorteile gegenüber herkömmlichen Analysen. Multiple Korrespondenzanalyse gehört zu den deskriptiven Methoden, obwohl es auch möglich ist, sie für konfirmatorische Analysen zu brauchen. Sieber, Petrini & Greenacre (Manuskript in Vorbereitung) haben zeigen können, dass sich diese Methode für die Analyse von taxonomischen Datensätzen besonders eignet. Insbesondere ist sie sehr robust für Matrizen, in welchen viele leere Zellen (durch fehlende Daten bedingt) vorkommen. Multiple Korrespondenzanalyse ist relativ empfindlich gegen Ausreisser: deshalb sollten die Datensätze sorgfältig auf das Vorhandensein solcher Fälle untersucht werden, bevor die Analyse durchgeführt wird.

Programme zur Analyse der Phylogenie werden immer beliebter. Sie sind wohl zur Verarbeitung molekularbiologischer Daten sehr geeignet, ihre Anwendung für morphologische Daten ist aber nach wie vor umstritten. In solchen Fällen erlaubt sie lediglich eine phänetische Interpretation (L. Petrini,

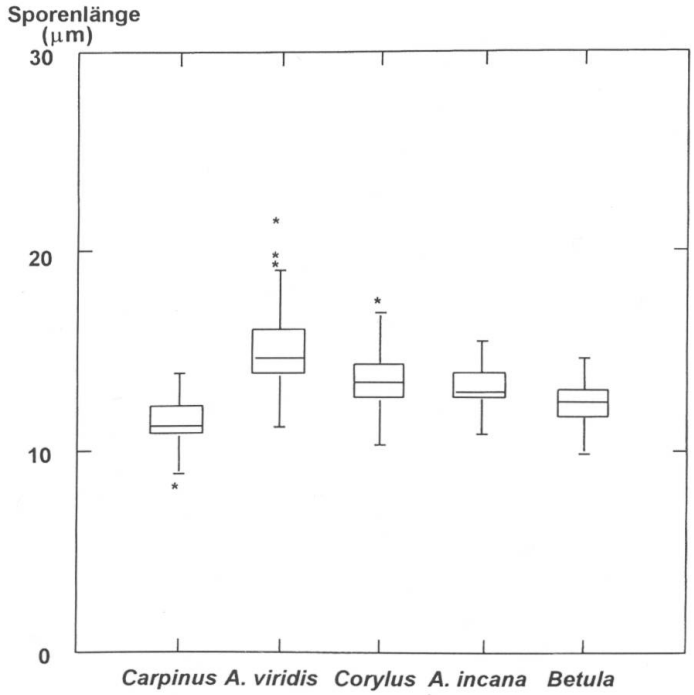

Abb. 3. Boxplots der Sporenlänge von 32 Kollektionen von Hypoxylon fuscum, *auf fünf verschiedenen Wirtpflanzen wachsend (nach Petrini et al., 1987; leicht abgeändert).*

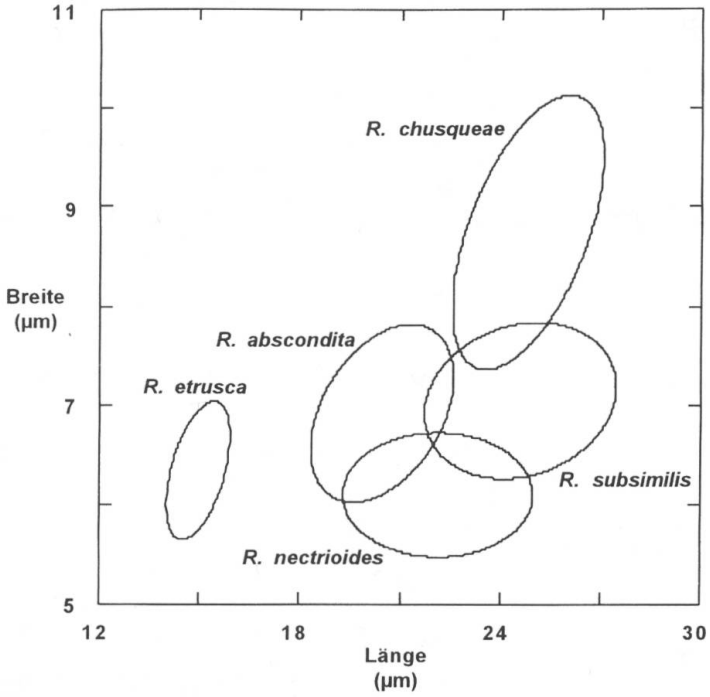

Abb. 2. Darstellung der Vertrauensellypsen der Sporengrösse für 5 Rosellinia-*Arten (nach L. Petrini, 1992; leicht abgeändert).*

1992). Bei gemischten (morphologischen/molekularbiologischen) Datensätzen steckt ihre Anwendung immer noch in den Kinderschuhen (Lutzoni et al., 1995) und kann (noch) nicht empfohlen werden.

Polyphasische Taxonomie ist keine neue Erfindung. Sie benutzt bekannte Methoden und stützt sich auf bewährte Techniken. Im Gegensatz zum klassischen Lösungsansatz versucht sie, ein vollständiges, integriertes Bild einer taxonomischen Gruppe abzugeben. Dadurch werden alle Disziplinen berücksichtigt und vereinigt; neue Methoden werden rasch aufgenommen, auf ihre Nützlichkeit geprüft und angewandt. Der grosse Vorteil der polyphasischen Taxonomie besteht aus ihrer Offenheit: durch Vorurteile entstandene Barrieren zwischen Vertretern der einzelnen Disziplinen werden abgebaut, und alle Forscher nähern sich dem gemeinsamen Ziel: die Suche nach der besten Taxonomie.

Literaturverzeichnis

Berbee M. L. & J. W. Taylor (1995). From 18S ribosomal sequence data to evolution of morphology among the fungi. Can. J. Bot. 73 (Suppl. 1): S677–S683.

Brunner F. & O. Petrini (1992). Taxonomy of some *Xylaria* species and xylariaceous endophytes by isozyme electrophoresis. Mycol. Res. 96: 723–733.

Bruns T. D., T. J. White & J. W. Taylor (1991). Fungal molecular systematics. Annu. Rev. Ecol. Syst. 22: 525–564.

Cleveland, W. S. (1985). The elements of graphing data. Wadsworth Advanced Books, Monterey, CA, USA.

Eriksson O. (1995). DNA and ascomycete systematics. Can. J. Bot. 73 (Suppl. 1): S784–S789.

Frisvad, J. C. & O. Filtenborg (1989). Terverticillate Penicillia: chemotaxonomy and mycotoxin production. Mycologia 81: 837–861.

Greenacre, M. J. (1984). Theory and applications of correspondence analysis. Academic Press, London, U.K.

Greenacre, M. J. (1986). SimCA: a program to perform simple correspondence analysis. Amer. Statistician 40: 230–231.

Greenacre, M. J. (1993). Correspondence analysis in practice. Academic Press, London, U.K.

Hämmerli, U. A., U. E. Brändle, O. Petrini & J. M. McDermott (1992). Differentiation of *Discula umbrinella* (teleomorph: *Apiognomonia errabunda*) from beech, chestnut, and oak using randomly amplified polymorphic DNA markers. Mol. Plant-Microbe Interact. 5: 479–483.

Kohn, L. M. (1992): Developing new characters for fungal systematics: an experimental approach for determining the rank of resolution. Mycologia 84: 139–153.

Leuchtmann A., O. Petrini, L. E. Petrini & G. C. Carroll (1992). Isozyme polymorphism in six endophytic *Phyllosticta* species. Mycol. Res. 96: 287–294.

Ludwig, J. A. & J. F. Reynolds (1988). Statistical ecology. J. Wiley and Sons, New York, USA.

Lutzoni, F. & R. Vilgalys (1995). Integration of morphological and molecular data sets in estimating fungal phylogenies. Can. J. Bot. 73 (Suppl. 1): S649–S659.

McLaughlin D. J., M. E. Berres & L. J. Szabo (1995). Molecules and morphology in basidiomycete phylogeny. Can. J. Bot. 73 (Suppl. 1): S684–S692.

Pankhurst, R. J. (1991). Practical taxonomic computing. Cambridge University Press, Cambridge, U.K.

Petrini, L. E. (1992). *Rosellinia* species of the temperate zones. Sydowia 44: 169–281.

Petrini L. E., O. Petrini & T. N. Sieber (1987). Host specificity of *Hypoxylon fuscum*: A statistical approach to the problem. Sydowia 40: 227–234.

Petrini O., L. E. Petrini, G. Laflamme & G. B. Ouellette (1989). Taxonomic position of *Gremmeniella abietina* and related species: a reappraisal. Can. J. Bot. 76: 2805–2814.

Rohlf, F. J. (1990). NTSYS-pc – Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Exeter Software, Setauket, NY, USA.

Samuels G. J. & K. A. Seifert (1995). The impact of molecular characters on systematics of filamentous ascomycetes. Annu. Rev. Phytopathol. 33: 37–67.

Seifert, K. A., B. D. Wingfield & M. J. Wingfield (1995). A critique of DNA sequence analysis in the taxonomy of filamentous Ascomycetes and ascomycetous anamorphs. Can. J. Bot. 73 (Suppl. 1): S760–S767.

Sieber T. N., F. Sieber–Canavesi, O. Petrini, A. K. M. Ekramoddoullah & C. E. Dorworth (1991). Characterization of Canadian and European *Melanconium* from some *Alnus* species by morphological, cultural, and biochemical studies. Can. J. Bot. 69: 2170–2176.

Sieber-Canavesi F., O. Petrini, T. N. Sieber (1991). Endophytic *Leptostroma* species on *Picea abies*, *Abies alba*, and *Abies balsamea*: a cultural, biochemical, and numerical study. Mycologia 83: 89–96.

Sneath, P. H. A. (1989). Analysis and interpretation of sequence data for bacterial systematics: the view of a numerical taxonomist. Syst. Appl. Microbiol. 12: 15–31.

Sneath, P. H. A. (1995). Thirty years of numerical taxonomy. Syst. Biol. 44: 281–298.

Sneath, P. H. A. & R. R. Sokal (1973). Numerical taxonomy. Freeman, San Francisco.

Svendsen, A. & J. C. Frisvad (1994). A chemotaxonomic study of the terverticillate penicillia based on high performance liquid chromatography of secondary metabolites. Mycol. Res. 98: 1317–1328.

Systat (1992). Statistics, Version 5.2 Edition. Systat, Inc., Evanston, IL, USA.

Theler A. (1995). Morphological data, molecular data, and total evidence in phylogenetic analysis. Can. J. Bot. 73 (Suppl. 1): S667–683.

Tukey, J. W. (1977). Exploratory data analysis. Addison–Wesley, Reading, MA, USA.

Untereiner, W. A., N. A. Straus & D. Malloch (1995). A molecular-morphotaxonomic approach to the systematics of the Herpotrichiellaceae and allied black yeasts. Mycol. Res. 99: 897–913.

Whalley A. J. S. & R. L. Edwards (1995). Secondary metabolites and systematic arrangement within the Xylariaceae. Can. J. Bot. 73 (Suppl. 1): S–802–810.

Whalley A. J. S. & G. N. Greenhalgh (1971). Chemical races of *Hypoxylon rubiginosum*. Trans. Br. mycol. Soc. 57: 161–162.

Whalley A. J. S. & M. A. Whalley. (1977). Stromal pigments and taxonomy of *Hypoxylon*. Mycopathologia 61: 99–103.

Williams, J. G. K., A. R. Kubelik, K. J. Livak, J. A. Rafalski & T. V. Tingey (1990). DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Res. 18: 6531–6535.