

## Substrate specificity corresponds to distinct phylogenetic lineages: the case of *Chaenotheca brunneola*

Ave SUIJA\*, Annika SUU & Piret LÕHMUS

**Abstract:** SUIJA, A., SUU, A. & LÕHMUS, P. 2016. Substrate specificity corresponds to distinct phylogenetic lineages: the case of *Chaenotheca brunneola*. – *Herzogia* 29: 355–363.

We compared eight *Chaenotheca* specimens recently found to grow on fruit bodies of *Trichaptum abietinum* and *T. fuscoviolaceum* in Estonia with externally similar wood-dwelling *Chaenotheca brunneola* as well with another *Trichaptum*-inhabiting species, *C. balsamconensis*. We analysed their rDNA ITS sequences by means of phylogenetic analyses and five morpho-anatomical and pigmentation characters by cluster analysis. The obtained ten rDNA ITS sequences, including those from *Chaenotheca balsamconensis*, formed a supported clade distinct from *C. brunneola* as well as from the rest of 18 analysed *Chaenotheca* species. The *Trichaptum* clade included two lineages, of which one corresponded to *Chaenotheca balsamconensis*. According to cluster analysis, seven out of eight *Chaenotheca* specimens from *Trichaptum* formed a separate cluster. The morphological character that most differentiated wood-inhabiting from *Trichaptum*-inhabiting specimens was the length of the stalks being somewhat shorter in the latter. Therefore, the *Chaenotheca* species externally similar to *C. brunneola* but growing on *Trichaptum* basidiomata form separate evolutionary lineage representing a case of convergent evolution and cryptic speciation.

**Zusammenfassung:** SUIJA, A., SUU, A. & LÕHMUS, P. 2016. Substratspezifizität entspricht eigenständigen phylogenetischen Abstammungslinien: der Fall von *Chaenotheca brunneola*. – *Herzogia* 29: 355–363.

Nach dem kürzlichen Fund des Aufwachsens von Flechten der Gattung *Chaenotheca* auf Fruchtkörpern von *Trichaptum abietinum* und *T. fuscoviolaceum* in Estland, werden in der aktuellen Studie acht Exemplare dieser pilzbewohnenden Flechten mit anderen holzbewohnenden (*Chaenotheca brunneola*) und *Trichaptum*-bewohnenden (*C. balsamconensis*) *Chaenotheca*-Arten verglichen. Der Vergleich wurde mittels phylogenetischer Analysen der ITS-rDNA-Sequenzen und Clusteranalyse basierend auf fünf morpho-anatomischen und Pigmentierungs-Eigenschaften der Flechten durchgeführt. Die insgesamt zehn amplifizierten ITS-Sequenzen, inklusive denjenigen von *C. balsamconensis*, bildeten eine phylogenetische Gruppe, die sich deutlich von *C. brunneola* und den anderen 18 analysierten *Chaenotheca*-Arten unterschied. Innerhalb dieser phylogenetischen Gruppe bildeten die Sequenzen der *Trichaptum*-bewohnenden *Chaenotheca*-Belege zwei separate phylogenetische Linien, von denen eine *C. balsamconensis* entsprach. Der Clusteranalyse zufolge bilden sieben von acht Belegen von *Trichaptum* einen Cluster. Das beste Unterscheidungsmerkmal zwischen den holzbewohnenden und *Trichaptum*-bewohnenden Belegen war die Stiellänge, die bei den Letzteren kürzer war. Demzufolge bilden die *Trichaptum*-bewohnenden *Chaenotheca*-Arten, trotz äußerlicher Ähnlichkeit zu *C. brunneola*, eine separate Evolutionslinie und stellen ein Beispiel für konvergente Evolution und kryptische Artbildung dar.

**Key words:** Lichenised ascomycetes, fungicolous, polypore, pin lichen, *Sclerophora*, *Trichaptum*.