

## Intrathalline distribution of two lichenicolous fungi on *Lobaria* hosts – an analysis based on quantitative Real-Time PCR

Timna Claire BERGMANN & Silke WERTH\*

**Abstract:** BERGMANN, T. C. & WERTH, S. 2017. Intrathalline distribution of two lichenicolous fungi on *Lobaria* hosts – an analysis based on quantitative Real-Time PCR. – *Herzogia* 30: 253–271.

The biology of lichenicolous fungi is still poorly known, including intrathalline hyphal distribution patterns and the density of hyphae these fungi may form within lichen thalli. Since the hyphae of most lichenicolous fungi cannot be morphologically distinguished from those of the lichen mycobiont, we used quantitative Real-Time PCR (qPCR) to detect and quantify lichenicolous fungi and lichen bionts. We investigated the lichenicolous fungi *Plectocarpon lichenum* and *Tremella lobariacearum* which inhabit species of the genus *Lobaria* using the following sample types to determine intrathalline distribution patterns: material with obvious infections, material next to infections, as well as visually uninfected plectenchyma from central and marginal thallus parts. Furthermore, some visually uninfected thalli were sampled for *T. lobariacearum*. Based on the qPCR data, we show that the two lichenicolous fungi occur predominantly in the symptomatic areas and in a certain area around symptomatic areas. Samples derived from lichen thalli without symptoms of infection showed no evidence of the lichenicolous fungi. We did not observe an alteration of the proportion of lichen bionts in visually infected material. Our data suggest that the structures formed by *T. lobariacearum* represent galls, whereas those formed by *P. lichenum* represent stromata. These results raise the question of how intrathalline growth of lichenicolous mycelia might be controlled by the mycobiont.

**Zusammenfassung:** BERGMANN, T. C. & WERTH, S. 2017. Intrathallines Vorkommen zweier lichenikoler Pilze auf Wirtsflechten der Gattung *Lobaria* – eine Analyse basierend auf quantitativer Real-Time PCR. – *Herzogia* 30: 253–271.

Die Biologie lichenikoler Pilze ist immer noch unzureichend bekannt, darunter auch ihr intrathallines Vorkommen und die Dichte ihrer in Flechten ausgebildeten Hyphen. Nachdem die Hyphen der meisten lichenikolen Pilze morphologisch nicht von denen ihrer Wirte unterschieden werden können, wurde quantitative Real-Time PCR (qPCR) angewandt, um lichenikole Pilze und Flechtenbionten nachzuweisen und zu quantifizieren. Dabei wurden die lichenikolen Pilze *Plectocarpon lichenum* und *Tremella lobariacearum* untersucht, welche Arten der Gattung *Lobaria* bewohnen. Um intrathalline Verbreitungsmuster zu untersuchen, wurden mehrere Probenkategorien unterschieden: Hyphengeflechte mit lichenikoler Infektion, Hyphengeflechte direkt neben Infektionsstrukturen, sowie asymptotische zentrale und marginale Bereiche infizierter Thalli. Darüber hinaus wurden für *T. lobariacearum* zusätzlich einige komplett asymptotische Thalli untersucht. Basierend auf qPCR Daten zeigen wir, dass die beiden lichenikolen Pilze überwiegend in den symptomatischen Bereichen und in einem kleinen Bereich daneben vorkommen. In Proben, die von asymptotischen Flechten stammten, konnte kein Nachweis für die lichenikolen Pilze erbracht werden. Eine Veränderung des Verhältnisses der Flechtensymbionten zueinander konnte beim Vergleich asymptotischer und symptomatischer Hyphengeflechte nicht festgestellt werden. Unsere Ergebnisse implizieren, dass es sich bei den von *T. lobariacearum* gebildeten Strukturen um Gallen handelt und bei denen von *P. lichenum* um Stromata. Unsere Ergebnisse werfen die Frage auf, wie das intrathalline Wachstum lichenikoler Pilzmyzelien vom Flechtenpilz reguliert wird.

**Key words:** *Plectocarpon lichenum*, *Tremella lobariacearum*, quantitative Real-Time PCR (qPCR), lichens, intrathalline hyphal density, proportion of mycobiont and photobiont, *Symbiochloris* (*Dictyochloropsis*) *reticulata*, *Lobaria pulmonaria*, *Lobaria immixta*, *Lobaria macaronesica*.