

## Phylogeny of *Tetracladium* based on 18S rDNA

LILIYA G. NIKOLCHEVA and FELIX BÄRLOCHER

Department of Biology, Mt. Allison University  
Sackville, N. B., E4L 1G7, Canada

Nikolcheva, L. and Bärlocher, F. (2002): Phylogeny of *Tetracladium* based on 18S rDNA.  
– Czech Mycol. 53: 285–295

Complete sequences of 18S rDNA of seven strains of *Tetracladium* were determined. The following species were included: *T. apiense*, *T. furcatum*, *T. maxilliforme*, *T. setigerum* (one strain each) and *T. marchalianum* (3 strains). Sequence homology among the 7 strains was  $\geq 98\%$ . The closest published match (NCBI database) to the *Tetracladium* sequences is one by *Bulgaria inquinans* (homology 95–96%). Phylogenetic analysis placed the *Tetracladium* complex in the vicinity of the Ascomycete orders Onygenales, Erysiphales and Leotiales.

**Key words:** *Tetracladium*, 18S rDNA, Leotiales, Erysiphales, Onygenales

Nikolcheva, L. a Bärlocher, F. (2002). Fylogeneze rodu *Tetracladium* založená na 18S rDNA. – Czech Mycol. 53: 285–295

Byly stanoveny kompletní sekvence 18S rDNA sedmi kmenů rodu *Tetracladium*. Následující druhy *T. apiense*, *T. furcatum*, *T. maxilliforme*, *T. setigerum* (od každého druhu jeden kmen) a *T. marchalianum* (3 kmeny). Homologie sekvencí mezi sedmi kmeny byla  $\geq 98\%$ . Nejbližší obdoba (NCBI databáze) k sekvencím rodu *Tetracladium* je sekvence druhu *Bulgaria inquinans* (homologie 95–96%). Fylogenetická analýza umístila komplex druhů rodu *Tetracladium* do blízkosti řádů vřeckatých hub a to Onygenales, Erysiphales a Leotiales.