

Perekonna vahelik taksonoomia ja levik Eestis

Viimastel aastatel on kirjeldatud palju uusi vaheliku liike, kuid perekonna tasemel taksonoomiline käsitus puudub. Samal ajal on hüppeliselt kasvanud keskkonnaproovidest järjestatud DNA-triipkoodide arv. Eristamiseks vaheliku liike ja iseloomustamiseks nende levikut ning ökoloogiat on vaja koos käsitleda nii viljakehadest kui ka keskkonnaproovidest pärinevaid andmeid. Selleks analüüsiti rahvusvahelistes andmebaasides avalikult kättesaadavaid ribosomaalse DNA ITS regioonide järjestusi ja nendega seotud andmeid. Selgitamiseks vahelike liikide levikut Eestis, koguti aastatel 2020 - 2022 197 viljakeha, mille leiuandmed ja morfoloogilised tunnused andmebaasistati koos järjestatud DNA triipkoodidega. Viimaste fülogeneetilisel analüüsil koos andmebaasidest pärit rDNA ITS järjestustega eristus kaheksa suuremat klaadi, mis vastavad kirjeldatud liikidele ning viis rühma, mis ei sisaldanud ühtegi liigini määratud proovi. Nii kirjeldatud kui kirjeldamata liikidele viitamiseks kasutati UNITE liigihüpoteesidele omistatud DOI koodi. Fülogeneesipuul eristusid leppadega ning teiste puuliikidega ektomükoriisat moodustavate vahelike liikide rühmad, mille hulgas piiritlevad liike peamiselt nende kasvukohad ja peremeespuud. Eestist kogutud vahelike viljakehade hulgas tuvastati seitse liiki. Varasemalt arvatavale laia levikuga leppadega seotud liik *P. rubicundulus* osutus märksa haruldasemaks kui selle kaks sõsarliiki ning tavavahelikuna tuntud liigi kõrval leidub Eestis veel kolm morfoloogiliselt sarnast, kuid ökoloogialt eristuvat liiki. Töös on esitatud liikide kirjeldused, mida täiendati autori märkmete ja fotodega. Samuti esitati kõikide töös käsitletud liikide levikukaardid Eestis ja maailmas.

Taxonomy of the genus *Paxillus* and distribution of species in Estonia

In recent years, many new species of *Paxillus* have been described whereas a taxonomic analysis at the genus level is lacking. At the same time, the number of DNA barcodes sequenced from environmental samples has increased drastically. To differentiate *Paxillus* species and characterize their distribution and ecology, it is necessary to consider data from both the fruiting bodies and environmental samples. For this purpose, publicly available sequences of ribosomal DNA ITS regions and associated data were analyzed from international databases. To determine the distribution of *Paxillus* species in Estonia, 197 fruitbodies were collected between 2020 and 2022. Their collection data and morphological characteristics along with the sequenced DNA barcodes were uploaded to the UNITE database via PlutoF workbench. Phylogenetic analysis of these barcodes, together with rDNA ITS sequences from international nucleotide archives, revealed eight major clades corresponding to described species and five groups that did not contain any samples identified at the species level. UNITE DOI codes were used for referring to both, the described and undescribed species. The phylogenetic tree distinguished two groups of species - those forming ectomycorrhizae with alders and those growing with other tree species. In both groups species are primarily delineated by habitat and host tree identity. Among the *Paxillus* fruitbodies collected from Estonia, seven species were identified. The previously thought-to-be widely distributed alder-associated species *P. rubicundulus* turned out to be much more rare than its two sister species. In addition to the common and well-known *P. involutus*, there are three more morphologically similar but ecologically distinct species in Estonia. This work presents species descriptions, complemented by the author's notes and photographs. Additionally, distribution maps for all species discussed in the study were presented for Estonia and worldwide.

Keywords: *Paxillus*, mycology, phylogeny, taxonomy, distribution CERCS research field: B230
Microbiology, bacteriology, virology, mycology