

Beiträge zur Gattung *Cortinarius* in Bayern, Teil 4: Untergattung *Telamonia*, Sektion *Valgi*, *C. valgus*

MATTHIAS DONDL¹

Online publiziert am 29.12.2025

DONDL M (2025) – Contributions to the genus *Cortinarius* in Bavaria. part 4: subgenus *Telamonia*, Sektion *Valgi*, *C. valgus* Mycol. Bav. 25: 31-52.

Keywords: Basidiomycota, Agaricales, Cortinariaceae, *Cortinarius*, Subgenus *Telamonia*, Section *Valgi*., Bavaria, Germany

Summary: *Cortinarius valgus*, a common species of the subgenus *Telamonia*, section *Valgi*, is presented on the basis of 6 collections. The constant morphological characters that allow reliable recognition of the species are characterised, and the range of its morphological variation is examined. Possible confusion with similar species is addressed. The identification of all analysed collections was supported by molecular analysis (ITS). Taxonomy and distribution in Bavaria and Europe are discussed.

Zusammenfassung: *Cortinarius valgus*, eine häufige Art aus der Untergattung *Telamonia*, Sektion *Valgi*, wird anhand von 6 Kollektionen vorgestellt. Dabei werden die konstanten morphologischen Merkmale, anhand derer die Art erkennbar ist, herausgearbeitet und ihre morphologische Variationsbreite untersucht. Verwechslungsmöglichkeiten mit ähnlichen Arten werden thematisiert. Bei allen untersuchten Kollektionen wurde die Bestimmung durch molekulare Analyse (ITS) untermauert. Taxonomie und Verbreitung in Bayern und Europa werden diskutiert.

Einleitung

Telamonia ist die artenreichste Untergattung der Gattung *Cortinarius* (LIIMATAINEN et al. 2020). Mit *Telamonia* meine ich hier die Untergattung *Telamonia* s. str. im Sinne von SOOP et al. (2019). Viele andere „telamonioiden“ Sektionen wie z.B. die *Anomali* Konrad & Maubl., *Fulvescentes* Melot, *Illumini* Liimat., *Niskanen & Kytöv.* oder die *Obtusi* Melot gehören demnach nicht zu *Telamonia* s. str. Aufgrund ihrer enormen Diversität und einer Vielzahl sich stark ähnelnder Arten galten die „Telamonien“ bis vor einigen Jahren – abgesehen von wenigen markanten Arten – als schwer oder gar nicht bestimmbar. Auch meine eigenen Bestimmungsversuche versandeten in der Tat nicht selten im Nirgendwo.

Schlagartig gelichtet hat sich dieser taxonomische Nebel im Jahr 2020, als der finnische Mykologe Kare Liimatainen und seine Mitstreiter/-innen einen bahnbrechenden Artikel publizierten mit dem Titel „Mission impossible completed: unlocking the nomenclature of the largest and most complicated subgenus of *Cortinarius*, *Telamonia*“ (LIIMATAINEN et al. 2020). Im Rahmen dieser Arbeit sequenzierten sie 482 Typus-Kollektionen und designierten 20 Neo- bzw. Epitypen. Seither kann ein Großteil der *Telamonia*-Arten durch Sequenzierung der ITS-Region und anschließenden Abgleich mit Typusequenzen bestimmt werden – selbstverständlich immer in Verbindung mit einer morphologischen Plausibilitätsprüfung. In

der Praxis werden die Sequenzanalysen in spezialisierten Laboren wie z.B. bei der Firma ALVALAB in Spanien durchgeführt.

Indem man nun mehrere Kollektionen, die sich durch die Sequenzanalyse als konspezifisch erwiesen haben und einem Typus zugeordnet wurden, nebeneinanderlegt und sie morphologisch analysiert, lassen sich die typischen Merkmale und die intraspezifische Variabilität der jeweiligen Spezies herausarbeiten. So gewinnen Arten, von denen man bislang eine bestenfalls vage Vorstellung hatte, allmählich immer klarere Konturen. Ein Beispiel dafür ist *Cortinarius valgus* Fr., der im Folgenden ausführlich vorgestellt wird.

Obwohl die Artbestimmung durch Sequenzierung der ITS-Region bei der Gattung *Cortinarius* im Wesentlichen gut funktioniert (LIIMATAINEN et al. 2020), gibt es gerade bei der Untergattung *Telamonia* auch schwierige Fälle, in denen sich die ITS-Sequenzen nahe verwandter Arten nur durch relativ wenige Basenpaare unterscheiden und eine morphologische oder ökologische Trennung nicht immer wirklich überzeugend gelingt. Ein anschauliches Beispiel für dieses Dilemma ist der Artenkomplex um *C. decipiens* (Pers.) Fr. (vgl. hierzu KUYPER et al. 2024: 506-510). Der ewige Diskurs um das Aufspalten versus Zusammenlegen von Taxa geht also weiter.

C. valgus ist bislang die einzige Art in der Sektion

Valgi Niskanen, Kytöv. & Liimat. (INDEX FUNGORUM 2020). Die Erscheinungsformen der Art werden in der vorliegenden Arbeit auf Grundlage von einer Kollektion aus Tirol/Österreich und fünf Kollektionen aus Bayern dokumentiert, wobei Letztere die ersten Nachweise für Bayern im Rahmen der Deutschland-Kartierung der Deutschen Gesellschaft für Mykologie sind (DGfM 2025). Ergänzt wird die Dokumentation durch Fotos von sequenzierten Kollektionen aus Niedersachsen und Hessen.

Material und Methoden

Die makroskopischen Beschreibungen beruhen auf Frischmaterial. Die Makrofotos wurden mit einer Olympus E3, ab 2020 mit einer Olympus E-M1 Mark III Digitalkamera aufgenommen. Mikromerkmale wurden anhand von Trockenmaterial und am Sporenabwurf ermittelt. Der Sporenabwurf wurde jeweils zwischen zwei Objektträgern konserviert. Zum Aufquellen wurde KOH (3%) verwendet. Mikrofotos wurden mit einer Moticam 3 und, sofern nicht anders angegeben, in KOH (3%) angefertigt. Die mikroskopischen Messungen wurden mit dem Programm Motic Images Plus 2.0 bzw. 3.0 vorgenommen. Als Mikroskop stand ein Zeiss Axio LabA1 zur Verfügung.

Die ausführliche morphologische Beschreibung im Ergebnisteil bezieht sich ausschließlich auf die hier vorgestellten 6 Kollektionen. Die Kurzcharakteristik hingegen bezieht sich auf das Gesamtbild der Art, das sich aus den bislang veröffentlichten Beschreibungen ergibt.

Der Sporenparameter [(1) n = 20] bedeutet: Es wurde 1 Kollektion untersucht und dabei 20 Sporen vermessen. Die zu vermessenden Sporen wurden nach dem Zufallsprinzip ausgewählt. Deformierte und in der Größe extrem abweichende Sporen wurden nicht berücksichtigt. Zusätzlich zum Intervall aus Maximal- und Minimalwert wird jeweils auch der arithmetische Mittelwert für die Länge (Lm), die Breite (Bm) und den Länge-Breite-Quotienten (Qm) der Sporen angegeben.

Die Angabe der Koordinaten und Höhe über NN in den Funddaten erfolgte näherungsweise mithilfe des Koordinatenermittlers auf www.orchids.de (HAYNOLD 2025).

Die Sequenzanalysen (ITS) wurden zum Teil bei der Firma ALVALAB in Spanien (<http://www.alvalab.es>) in Auftrag gegeben und zum Teil im Auftrag der DNA-Gruppe der Journées Européennes du Cortinaire (J.E.C.) im Labor des Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrums (Frankfurt a. M.) von Ali Tahir und Marco Thines durchgeführt.

Das Alignment der ITS-Sequenzen für den phylogenetischen Baum (Abb. 29) wurden mit MAFFT Version 7 (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>, KATO et al. 2019) mit dem E-INS-i Algorithmus durchgeführt. Die phylogenetische Analyse wurde mit der Software RAxML GUI v.2.0 (EDLER et al. 2020) durchgeführt, wobei GTRGAMMA-Parameter und 1000 Bootstrap-Wiederholungen (FELSENSTEIN 1985) eingestellt wurden. Das Phylogramm wurde mit der Software MEGA 11 editiert (TAMURA et al. 2021).

Tabelle 1: Verwendete Sequenzen. Akzessionsnummern mit den Initialen UDB beziehen sich auf UNITE, alle anderen auf GenBank (NCBI).

Art	Beleg/Voucher	Status	Akzessions-Nr.
<i>Cortinarius anomalus</i>	CFP1154	Neotyp	KX302224
<i>Cortinarius betuletorum</i>	IB19850133		AY040712
<i>Cortinarius depexus</i> var. <i>luminosus</i>	PC:98101804	Holotyp	MT935006
<i>Cortinarius fuliginosus</i>	K:109660	Holotyp	MT935068
<i>Cortinarius lebretonii</i>	MD-2019-Cortinarius-06 / TUF140889		UDB07676449
<i>Cortinarius olivaceostipitatus</i>	PC:98102507	Holotyp	MT935262
<i>Cortinarius orbiculozonarius</i>	R. Henry 70617	Holotyp	MT935263
<i>Cortinarius panellus</i>	F129865	Holotyp	MT935276
<i>Cortinarius pholideus</i>	CFP602	Neotyp	MT935303
<i>Cortinarius pholideoides</i>	PC:5388	Holotyp	MT935302

<i>Cortinarius raphanoides</i>	M. Moser 1974-0434	Neotyp	MT935374
<i>Cortinarius raphanoides</i>	CFP956		MT935375
<i>Cortinarius raphanoides</i>	TUF105268		UDB018300
<i>Cortinarius sciophylloides</i>	Bidaud 99-10-254	Holotyp	KX964576
<i>Cortinarius sciophylloides</i>	Bidaud 91-10-291		KX964577
<i>Cortinarius sciophylloides</i>	Moenne-Loccoz 5446		KX964578
<i>Cortinarius subpenicillatus</i>	XC2005-18	Holotyp	MT935514
<i>Cortinarius subpholideus</i>	R. Henry 70649	Holotyp	MT935515
<i>Cortinarius valgus</i>	M. Moser 1970-0190	Neotyp	MT935583
<i>Cortinarius valgus</i>	CFP652		MT935558
<i>Cortinarius valgus</i>	MD-2012-Cortinarius-08		
<i>Cortinarius valgus</i>	MD-2022-Cortinarius-34		
<i>Cortinarius valgus</i>	MD-2023-Cortinarius-17		PP695582
<i>Cortinarius valgus</i>	SSt23-105 / TUF133459		UDB07675793
<i>Cortinarius valgus</i>	PT-560_MES-3523		OR387278
<i>Cortinarius valgus</i>	HFRG_EJ240929_2 FRDBI_39900222		PV051455
<i>Cortinarius valgus</i>	Niskanen 07-258		MT935223

Ergebnisse

Cortinarius valgus Fries, Epicrisis: 290 (1838)

Abbildungen 1-28

= *Cortinarius depexus* var. *luminosus* Carteret

= *Cortinarius fuliginosus* P.D. Orton

= *Cortinarius orbiculozonarius* Rob. Henry

= *Cortinarius olivaceostipitatus* Carteret

= *Cortinarius sciophylloides* Bidaud

Hut 2,6–8 cm breit, gewölbt, oft mit breitem Buckel, trocken und glatt, bisw. schwach eingewachsen faserig, Grundfarbe sehr variabel, ockerbraun, haselnussbraun, kastanienbraun bis fast schokoladenbraun, jung meist silbrigglimmerig überreift, dann mit Grauton und seidig glänzend, nicht durchscheinend gestreift, schwach bis deutlich hygrophan, kartonbraun bis sandgelb verbläsend und häufig konzentrisch gezont. **Stiel** maximal 5–11 cm lang und 0,6–1,0 cm dick, zylindrisch, an der Basis gleichdick, schwach verjüngt oder schwach spindelkeulig erweitert, schmutzig beige, oft etwas streifig, an der Spitze grau, blaugrau oder blassblau. **Stielvelum** sehr dünn bis mäßig dick, als flächiger bis faseriger Überzug, selten als deutliche Gürtel ausgeprägt, gelblich (creme- bis ockergelb), manchmal auch völlig unauffällig. **Lamellen** ausgebuchtet bis breit angewachsen, mäßig gedrängt bis gedrängt, 36–44 erreichen den Stiel, generell ziemlich hell, jung grau bis kartonbraun, oft vor allem zum

Hutrand hin mit Blauton, selten mit Olivton, reif oft etwas dunkler ockerbraun bis rehbraun oder rostbraun, Schneide meist schwach weißlich abgesetzt und glatt bis feinst flockig. **Fleisch** im Hutkern cremefarben oder wässrig braun marmoriert, im Stielkern weiß, in der Stielspitze grau bis blaugrau marmoriert, in der Stielrinde vor allem in der unteren Hälfte braun. **Geschmack** nicht untersucht. **Geruch** unbedeutend oder schwach raphanoid.

Sporen [(6) n = 170] 6,3–9,6 × 4,6–6,0 µm, Lm = 7,8 µm, Bm = 5,3 µm; Qm = 1,47 (mittlerer Quotient der einzelnen Kollektionen: 1,41–1,50); ellipsoid, in Aufsicht ovoid, mittelgrob warzig, mäßig stark dextrinoid, ockerbraun bis hell orangebraun in Melzers Reagens. **Basidien** 4-sporig, mit Schnallen, 22–40 × 7–9,5 µm. **Lamellenschneide** variabel, substeril oder fertil. **Marginalzellen** meist keulig und kaum von Basidiolen unterscheidbar, selten stärker differenziert. **Lamellentrama**: einzelne Zellen nur schwach pigmentiert, glatt bis sehr fein inkrustiert, in dickerer Lage blass gelb pigmentiert. **Hutdeckschicht** vom Duplex-Typ; Epicutis-Hyphen 3–10 µm breit, meist kräftig quergestreift inkrustiert, intensiv gelb bis goldgelb pigmentiert; Hypoderm meist normal entwickelt, Zellen 10–20 µm breit mit blassgelbem bis lebhaft hellgelbem Dickwandpigment.

Untersuchte Kollektionen

Österreich, Tirol, Zillertal, Uderns, Kupfnerberg-Seebachkopf; Nadelmischwald (Fichte, Tanne); in der Nadelstreu bei großer Zitterpappel, Fichte und Tanne; gesellig (> 10 Fk); ca. 950 m ü. NN; 01.09.2012; leg. M. Dondl, det. J.E.C. DNA-Gruppe; Beleg MD-2012-Cortinarius-08, Abb. 14–16 (vgl. auch DONDL 2012: Nr. 8);

D, BY, Landkreis München, Baierbrunn, Forstenrieder Park; alter Buchenwald über risszeitlicher Moräne; am Stammgrund einer alten Buche in der Laubstreu; gesellig (6 Fk); 665 m ü. NN; MTB 7934/441; Koordinaten: 11° 28' 3,95" E, 48° 1' 13,01" N; 16.09.2021; leg. M. Dondl, det. J.E.C. DNA-Gruppe; Beleg MD-2021-Cortinarius-01, Abb. 11–13 (vgl. auch DONDL 2021: Nr. 1);

D, BY, Landkreis Miesbach, Gemeinde Waakirchen, Marienstein, Tegernseer Berge; Bergmischwald (Tanne, Buche, Fichte, Bergahorn, Esche) überwiegend auf quartärem Schutt; bei Fichte und Tanne; gesellig bis kleinbüschelig (oft zu zweien, ca. 6 Fk); 870 m ü. NN; MTB 8236/311; Koordinaten: 11° 40' 2,27" E, 47° 44' 39,66" N; 18.09.2021; leg. M. Dondl, det. J.E.C. DNA-Gruppe; Beleg MD-2021-Cortinarius-02, Abb. 8–10 (vgl. auch DONDL 2021: Nr. 2);

D, BY, Landkreis Miesbach, Gemeinde Weyarn, Kleinhöhenkirchen, Pfaffensteig; Mischwald (Buche, Tanne, Fichte) über wärmzeitlicher Moräne; bei Buchen und Tanne in der Laubstreu; gesellig (ca. 8 Fk); 655 m ü. NN; MTB 8036/444; Koordinaten: 11° 48' 41,03" E, 47° 54' 13,11" N; 16.10.2021; leg. M. Dondl, det. J.E.C. DNA-Gruppe; Beleg MD-2021-Cortinarius-12, Abb. 5–7 (vgl. auch DONDL 2021: Nr. 12);

D, BY, Landkreis Bad-Tölz-Wolfratshausen, Gemeinde Bad Tölz, Kirchsee, Kogl; Mischwald (Fichte, Tanne, Buche) über wärmzeitlicher Moräne auf etwas abgesauertem Boden mit viel Heidelbeere und Bärlapp; bei Fichte und Tanne; gesellig (ca. 10 Fk); 735 m ü. NN; MTB 8135/431; Koordinaten: 11° 36' 5,86" E; 47° 49' 1,32" N; 08.10.2022; leg. M. Dondl & G. Saar, det. M. Dondl; Beleg MD-2022-Cortinarius-34, Abb. 4 (vgl. auch DONDL 2022: Nr. 34);

D, BY, Landkreis München, Forstenrieder Park; Sukzessionswald (Eiche, Linde, Hainbuche, Buche, Birke mit eingestreuten alten Kiefern) über wärmzeitlichen Schmelzwasserschottern; bei Eichen, junger Linde, Kiefer und Birke; gesellig bis kleinbüschelig (ca. 6 Fk); 620 m ü. NN; MTB 7934/411; Koordinaten: 11° 25' 51,4" E, 48° 2' 46,32" N; 28.09.2023; leg. M. Dondl, det. M. Dondl; Beleg MD-2023-Cortinarius-17, GenBank Nr. PP695582, Abb. 1–3 (vgl. auch DONDL 2023: Nr. 17);

Weitere abgebildete, durch Sequenzanalyse abgesicherte Kollektionen

D, Niedersachsen, Bad Bevensen; Buchenwald; 29.10.2023; leg. G. Schmidt-Stohn; Beleg SSt23-105 / TUF133459, Abb. 17;

D, Hessen, Lohrhaupten, Spessart; Mischwald: Eiche, Birke, Fichte, Espe auf saurem Untergund; 05.10.2004; leg. T. Münzmay & G. Saar; Beleg H 49.04, Abb. 18–19;

Kurzcharakteristik

C. valgus ist eine mittelgroße *Telamonia*-Art. Typische Merkmale sind ein glatter, ungestreifter und hygrophaner, braun bis ockergelb gefärbter Hut, relativ helle Lamellen, flüchtige Blautöne in den Lamellen und an der Stielspitze sowie ein dünnes, oft unauffälliges gelbliches Stielvelum. Mikroskopisch zeichnen ihn vorwiegend gelbe, quergestreift inkrustierende Huthautpigmente und mittelgroße, mäßig stark dextrinoide Sporen aus. Er wächst sowohl bei Laub- als auch bei Nadelbäumen und scheint eher saure Böden zu bevorzugen.



Abb. 1: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2023-Cortinarius-17

Foto: M. DONDL



Abb. 2: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2023-Cortinarius-17

Foto: M. DONDL



Abb. 3: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2023-Cortinarius-17

Foto: M. DONDL



Abb. 4: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2022-Cortinarius-34

Foto: M. DONDL



Abb. 5: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-12

Foto: M. DONDL



Abb. 6: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-12

Foto: M. DONDL



Abb. 7: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-12

Foto: M. DONDL



Abb. 8: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-02

Foto: M. DONDL



Abb. 9: *Cortinarius valgus*, KKoll. MD-2021-Cortinarius-02

Foto: M. DONDL



Abb. 10: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-02

Foto: M. DONDL



Abb. 11: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-01

Foto: M. DONDL



Abb. 12: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-01

Foto: M. DONDL



Abb. 13: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-01

Foto: M. DONDL



Abb. 14: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2012-Cortinarius-08

Foto: M. DONDL



Abb. 15: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2012-Cortinarius-08

Foto: M. DONDL



Abb. 16: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2012-Cortinarius-08

Foto: M. DONDL



Abb. 17: *Cortinarius valgus*, Koll. SSt23-105 / TUF133459

Foto: G. SCHMIDT-STOHN



Abb. 18: *Cortinarius valgus*, Koll. H 49.04

Foto: G. SAAR



Abb. 19: *Cortinarius valgus*, Koll. H 49.04

Foto: T. MÜNZMAY

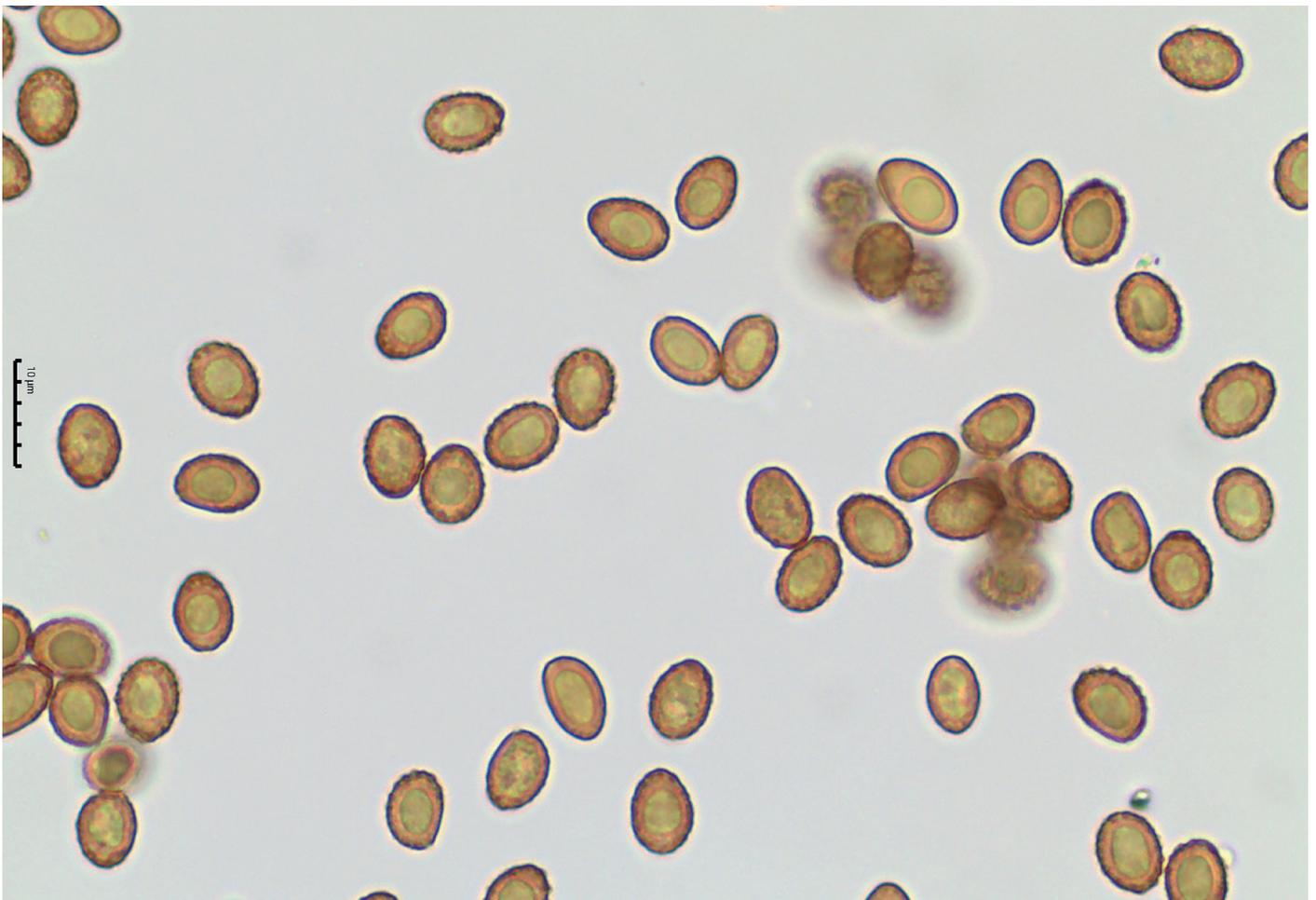


Abb. 20: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-01: Sporen (Abwurf)

Foto: M. DONDL

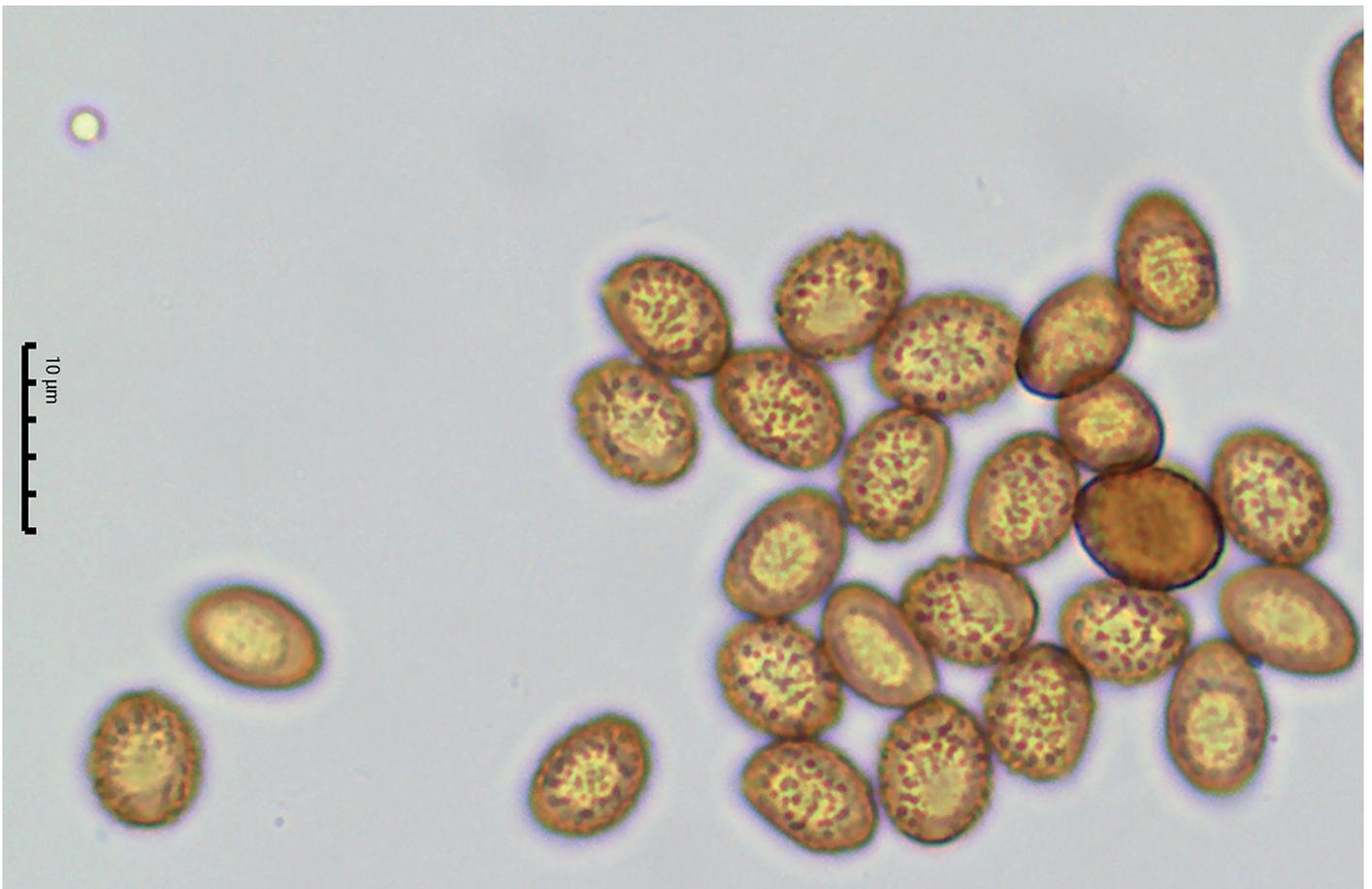


Abb. 21: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-01: Sporen (Abwurf)

Foto: M. DONDL

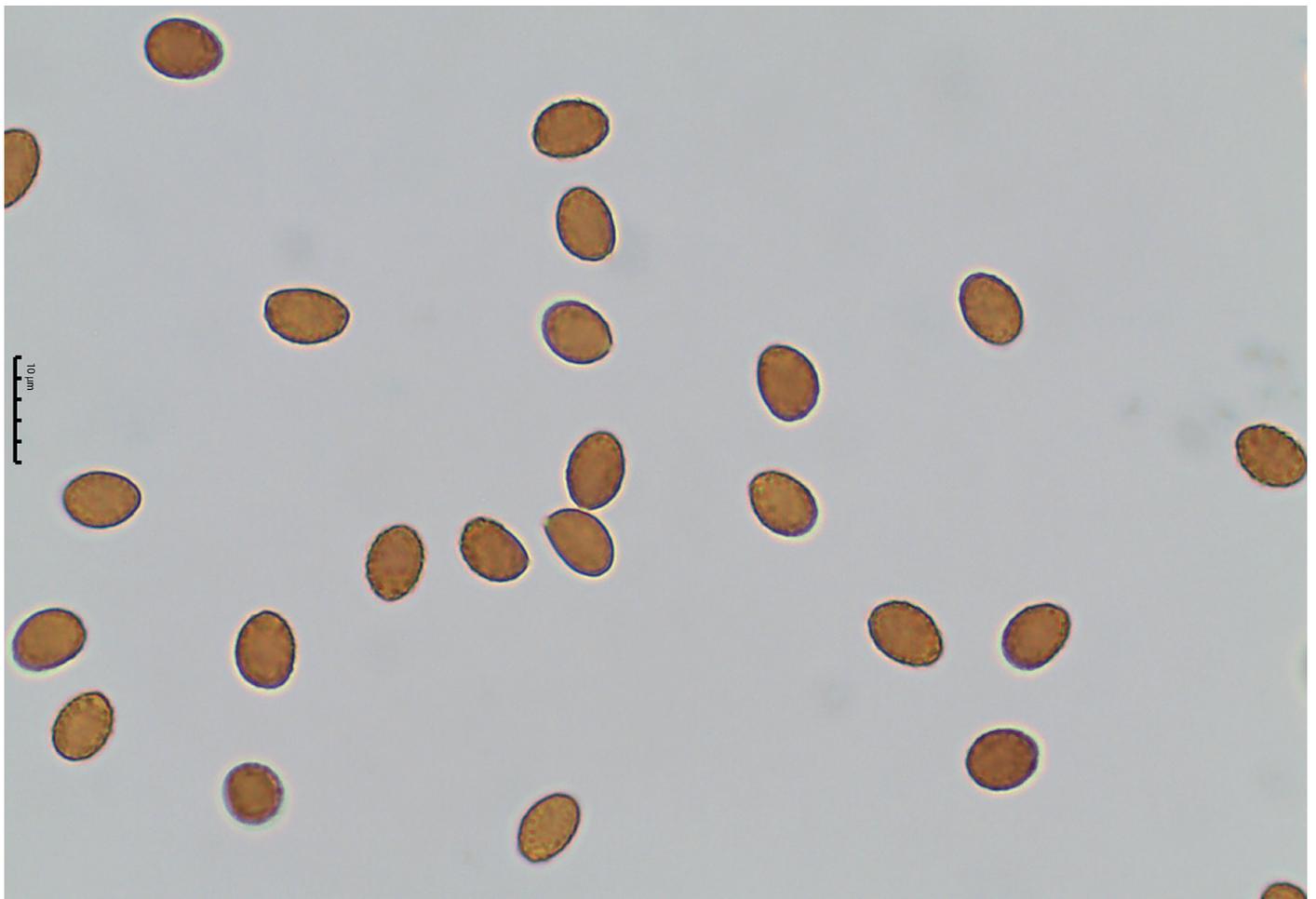


Abb. 22: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-01: Sporen (Abwurf in Melzers)

Foto: M. DONDL

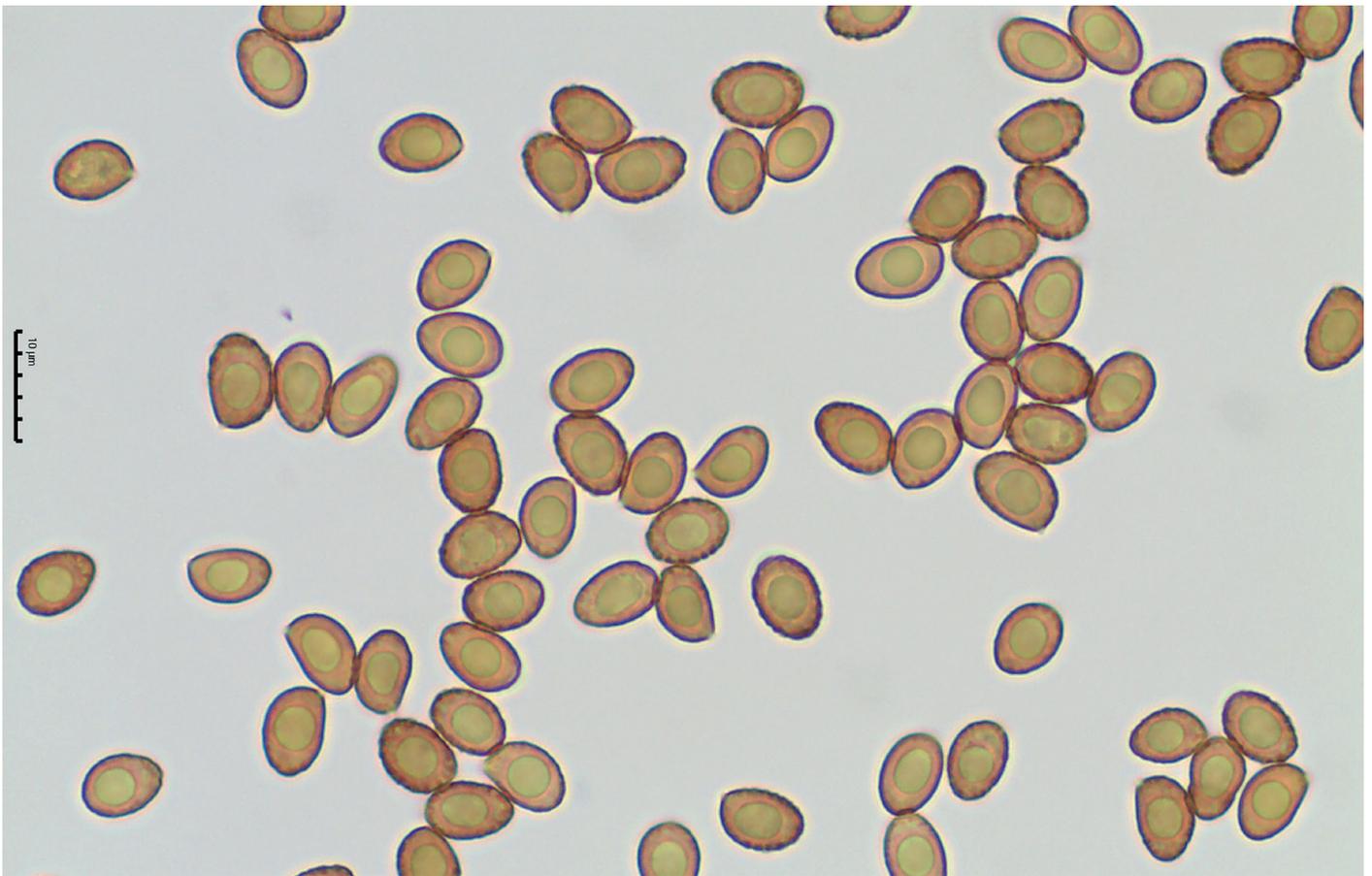


Abb. 23: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-01: Sporen (Abwurf)

Foto: M. DONDL

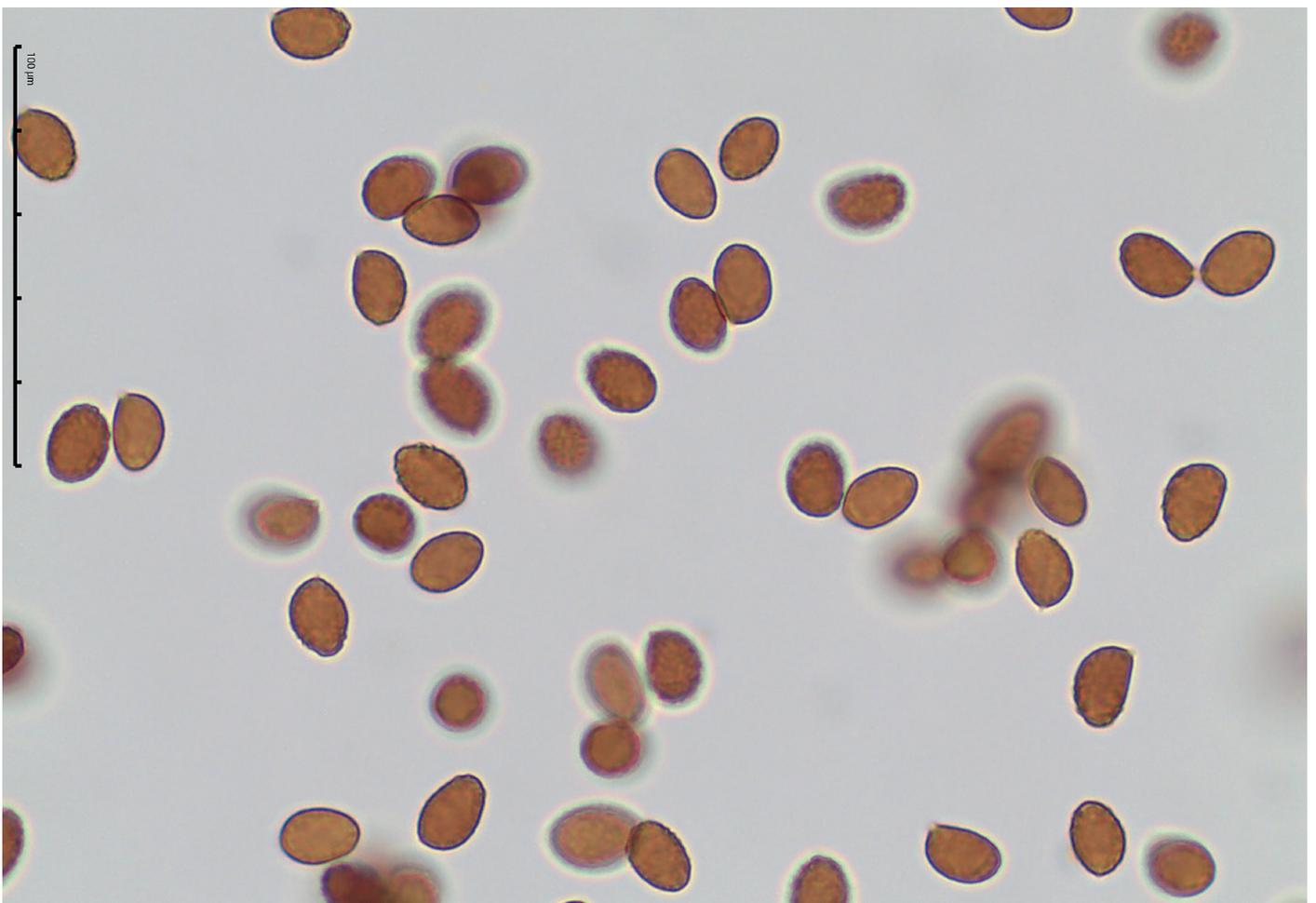


Abb. 24: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-01: Sporen (Abwurf in Melzers)

Foto: M. DONDL

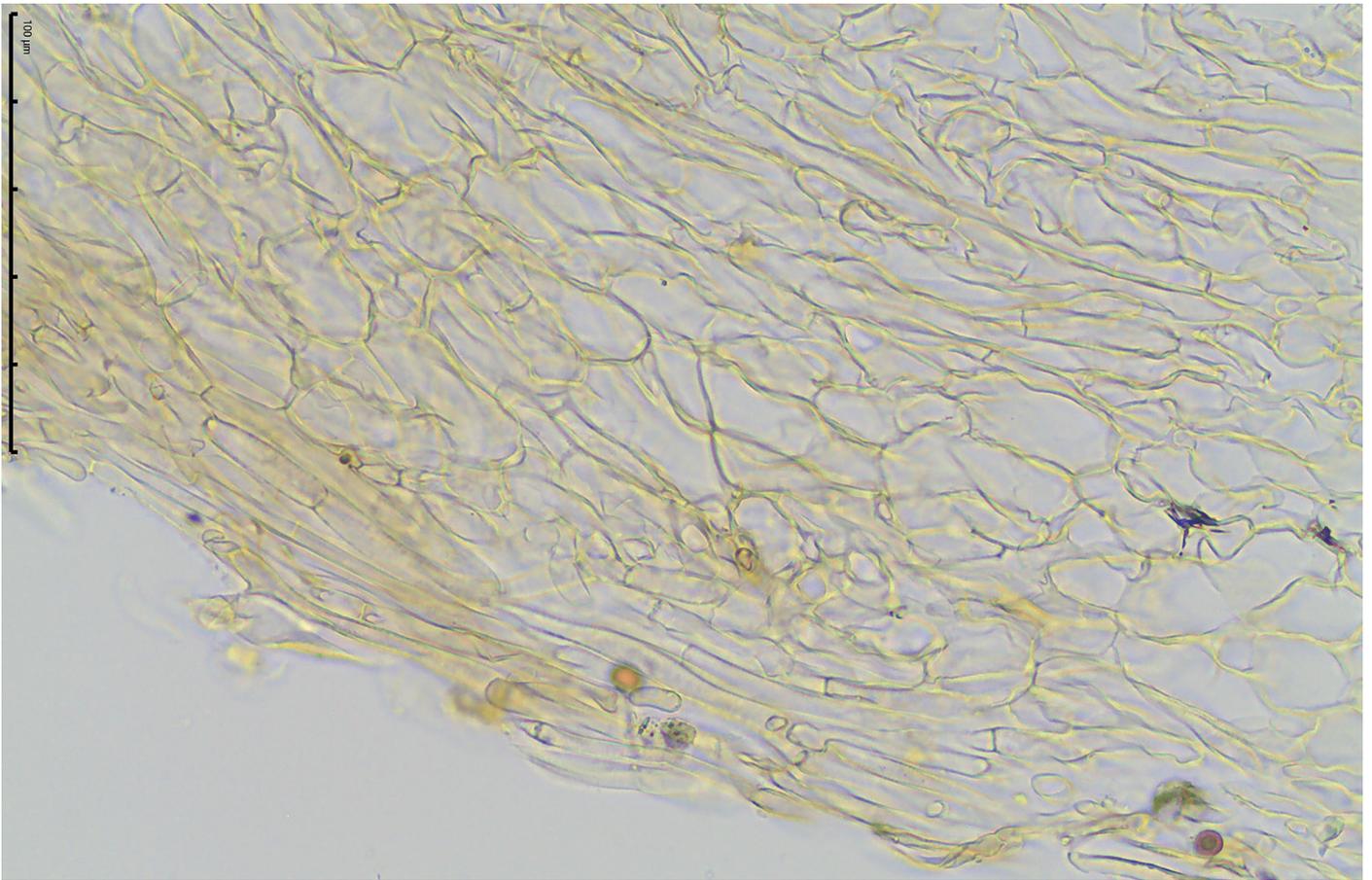


Abb. 25: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-01: Hutdeckschicht (auf dem Kopf stehend) Foto: M. DONDL

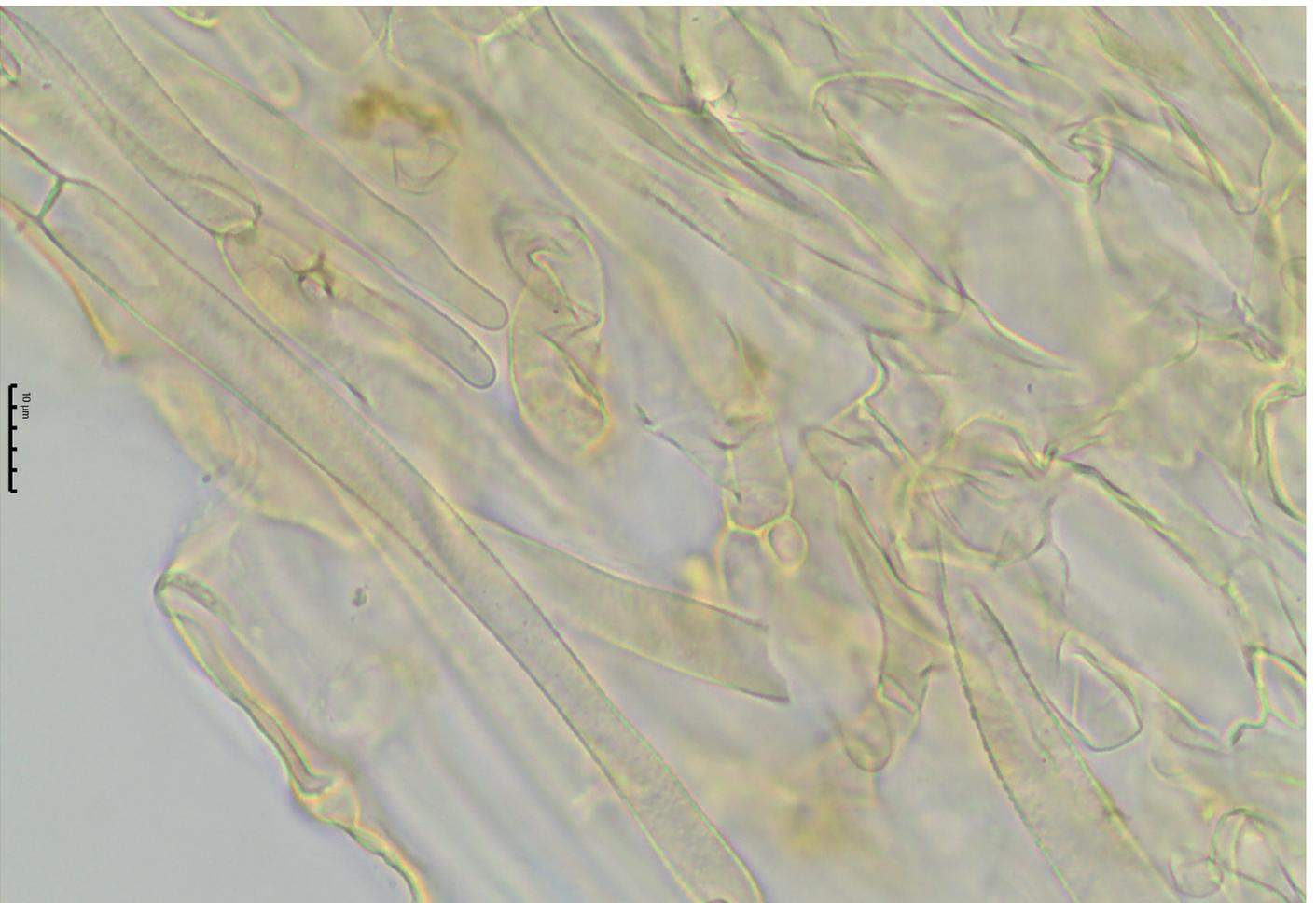


Abb. 26: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2021-Cortinarius-01: Hutdeckschicht (auf dem Kopf stehend) Foto: M. DONDL

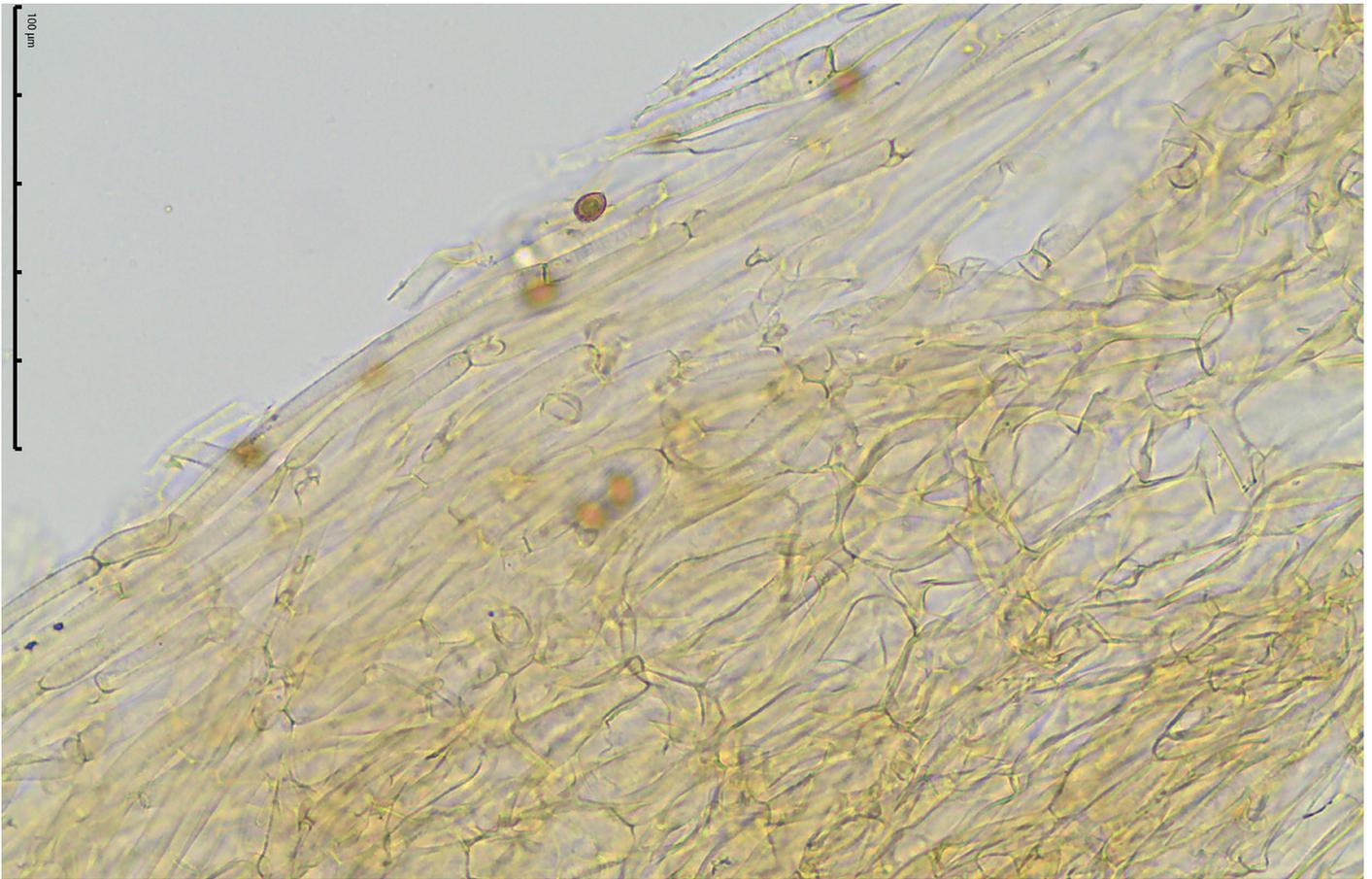


Abb. 27: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2022-Cortinarius-34: Hutdeckschicht

Foto: M. DONDL

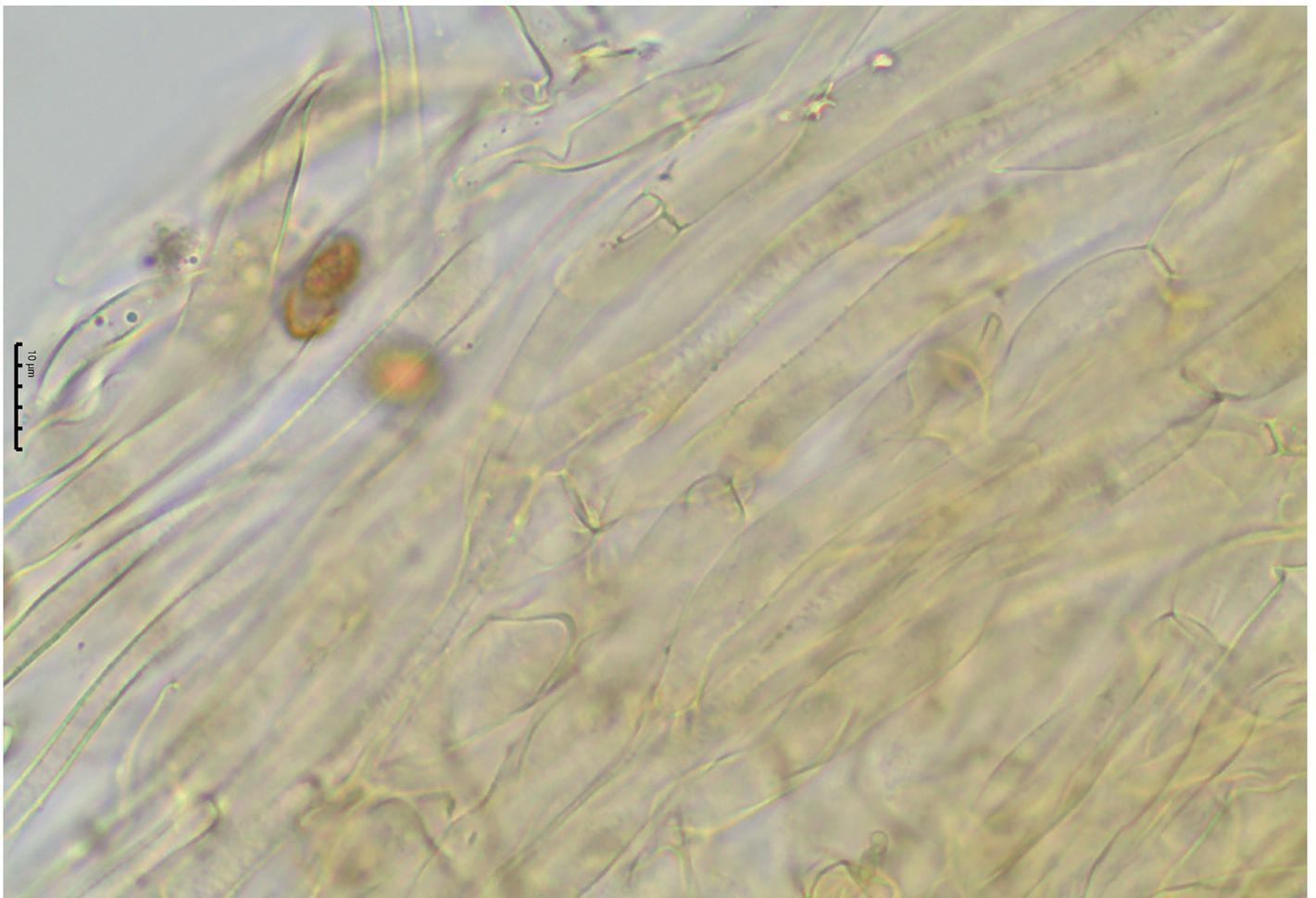


Abb. 28: *Cortinarius valgus*, Koll. MD-2022-Cortinarius-34: Hutdeckschicht

Foto: M. DONDL

Diskussion

Morphologie

Die im Ergebnisteil aufgelisteten Synonyme von *C. valgus* gehen auf die Arbeit von LIIMATAINEN et al. (2020) zurück. Das weiter unten präsentierte Phylogramm (Abb. 29) bestätigt, dass diese Synonymisierungen mit großer Wahrscheinlichkeit korrekt sind. Schon die Vielzahl von Synonymen von *C. valgus* belegt, dass es nicht einfach ist, in den verschiedenen Erscheinungsformen dieses Schleierlings immer ein und dieselbe Art zu erkennen. Die makroskopische Variabilität, die auf den Fotos der untersuchten Kollektionen zum Ausdruck kommt, spiegelt sich beinahe eins zu eins in den Abbildungen in der Literatur wider. Die relativ düster braunen Hutfarben der Kollektion MD-2012-Cortinarius-08 (Abb. 14) aus dem Zillertal finden sich auch bei der Aufsammlung CFP652 auf Tafel B05 in *Cortinarius Flora Fotografica* (BRANDRUD et al. 1990-2012). Die viel helleren ockerbräunlichen und etwas gezonten Hüte der Kollektion MD-2023-Cortinarius-17 (Abb. 1–2) entsprechen ziemlich genau dem Aquarell der Kollektion PML 5446 auf Planche 965 im *Atlas de Cortinaires* (BIDAUD et al. 2015, als *C. sciophylloides*). Die schlankstielige Kollektion MD-2022-Cortinarius-34 (Abb. 4) mit glimmerigseidigen braunen Hüten stimmt gut mit der Aufsammlung AB-91-10-291 (als *C. sciophylloides*) auf derselben Planche 965 im *Atlas de Cortinaires* überein. Alle erwähnten Kollektionen wurden sequenziert und sind im Phylogramm (Abb. 29) enthalten.

Ursache für die unterschiedlichen Hutfarben von *C. valgus* ist sehr wahrscheinlich die mehr oder weniger stark ausgeprägte Hygrophanität der Hüte. Bei Kollektion MD-2021-Cortinarius-12 lässt sich der durch die Abtrocknung bedingte Farbverlauf von düster braun bis hin zu ockergelb und die damit meist einhergehende konzentrische Zonung gut beobachten (Abb. 5). Die Blautöne in den Lamellen und an der Stielspitze sind wie bei vielen *Telamonia*-Arten flüchtig und fehlen bei manchen Kollektionen völlig.

Recht variabel zeigt sich *C. valgus* auch bei seinen an die Morphologie angelehnten deutschen Namen: In den Großpilzen Baden-Württembergs heißt er Kahler Raukopf (GMINDER 2010), in der DGFM-Kartierung Schiefer Raukopf (DGFM 2025) und in der österreichischen Pilzdatenbank Säbelbeiniger Raukopf (ÖMG 2025).

Mikroskopisch ist *C. valgus* relativ homogen. In der Literatur werden die Sporen meist etwas breiter angegeben als im Mittel bei den hier untersuchten Kollektionen (MOSER & KELLER-DILITZ 1983, BRANDRUD et al. 1990-2012, KUYPER et al. 2024, KIBBY & TORTELLI

2022). Sterile Zellen an der Schneide sind, wenn vorhanden, meist kaum von Basidiolen unterscheidbar.

Ein auffallendes mikroskopisches Merkmal von *C. valgus* sind lebhaft gelbe Pigmente sowohl in der Epikutis als auch im Hypoderm der Hutdeckschicht, die bei allen in dieser Arbeit untersuchten Kollektionen am Exsikkatmaterial beobachtet wurden; die Epikutis-Hyphen sind darüber hinaus relativ kräftig quergestreift inkrustiert (Abb. 25–28).

Verbreitung und Ökologie

In den online abrufbaren Verbreitungskarten der Deutschen Gesellschaft für Mykologie sind für *C. valgus* insgesamt 57 Datensätze ausgewiesen (DGfM 2025). Einen Verbreitungsschwerpunkt scheint es in Mecklenburg-Vorpommern und Schleswig-Holstein zu geben, wobei diese Meldungen an wenige Kartierer geknüpft sind, die den Pilz augenscheinlich gut kennen. In allen anderen Bundesländern liegen nur zerstreute oder gar keine Fundmeldungen vor.

In der mykologischen Datenbank der Österreichischen Mykologischen Gesellschaft sind vier als gesichert eingestufte Fundmeldungen hinterlegt (ÖMG 2025).

Neben den hier untersuchten sind weitere, durch ITS-Sequenz abgesicherte Fruchtkörper-Funde von *C. valgus* aus Bad Bevensen/Niedersachsen, Lohrhaup-ten/Hessen, Schweden (u.a. der Neotypus), Großbritannien, Frankreich, Spanien und Kanada (vgl. Abb. 29) sowie aus den Niederlanden und Belgien (KUYPER et al. 2024) bekannt. Sequenzen aus Boden- und Mykorrhiza-Proben deuten auf eine noch deutlich weitere Verbreitung (USA, ganz Skandinavien, Baltikum, Georgien, Russland) hin (NCBI, UNITE). MOSER & KELLER-DILITZ (1983) berichten von Funden aus dem Bayerischen Wald, Tirol und Polen.

Die Funddaten der hier untersuchten Kollektionen, die Informationen in MOSER & KELLER-DILITZ (1983), BRANDRUD et al. (1990-2012) und KUYPER et al. (2024) sowie die Berichte von Geert Schmidt-Stohn (pers. Mittl.) lassen darauf schließen, dass *C. valgus* bei diversen Laubbäumen (Birke, Buche, Eiche), aber auch im reinen Nadelwald (Fichte, Tanne) vorkommt und eher saure, nährstoffarme Böden bevorzugt.

Taxonomie und Artabgrenzung

Das aktuelle Artkonzept von *C. valgus* stützt sich auf die Kollektion Moser 70/190, die Meinhard Moser in Schweden im Gebiet Femsjö gesammelt und als Neotypus der Art designiert hat (MOSER & KELLER-DILITZ 1983). Seinerzeit führte Moser *C. valgus* noch in der Untergattung *Leprocybe* (Rauköpfe), Sektion

Brunneotincti M.M. Moser (MOSER 1970). BRANDRUD et al. (1990-2012) führten die Sektion *Brunneotincti* in der Untergattung *Cortinarius*. LIIMATAINEN et al. (2020) haben die Kollektion Moser 70/190 im Rahmen ihrer in der Einleitung erwähnten Arbeit sequenziert und *C. valgus* in der eigenen Sektion *Valgi* der Untergattung *Telamonia* untergebracht.

Eine stringente Unterteilung der Gattung *Cortinarius* in Untergattungen, Sektionen und Untersektionen ist derzeit gemäß KUYPER et al. (2024) unmöglich. Die genannten Autoren haben deshalb auf die Verwendung solcher hierarchischer Schubladen verzichtet und sich auf die Zusammenfassung statistisch gut unterstützter monophyletischer Gruppen beschränkt, die als Kladen (engl. Clades) bezeichnet werden. In ihrem Werk gehört *C. valgus* in die Klade *lvalgus*.

Die *C. valgus* morphologisch ähnlichste Art ist *C. raphanoides* (Pers.) Fr. aus der nah verwandten Sektion *Brunneotincti* (vgl. Abb. 29). Da mir keine eigenen Kollektionen dieser Art vorliegen, kann ich zur Unterscheidung nur auf die Literatur verweisen. KUYPER et al. (2024) trennen die beiden Arten hauptsächlich anhand der Sporenmaße (*C. raphanoides*: < 7,5 µm lang; *C. valgus*: > 7,5 µm lang). Nach BRANDRUD et al. (1990-2012) unterscheidet sich *C. valgus* von *C. raphanoides* durch „schwächeren Olivton, das oft deutliche Violett in der Stielspitze und den Lamellen, den kahlen, oft dunkel gezonten Hut und etwas längere Sporen“. Im Zweifelsfall kann unter Umständen auch der Baumpartner relevant für die Bestimmung sein, da *C. raphanoides* laut Literatur nur bei Birke wächst (BRANDRUD et al. 1990-2012, KNUDSEN & VESTERHOLT 2012, KUYPER et al. 2024, KIBBY & TORTELLI 2022), während *C. valgus* auch bei anderen Laubbäumen und bei Nadelbäumen vorkommt. Weitere Abbildungen von sequenzierten Kollektionen beider Arten können im Abbildungsverzeichnis von G. Saar nachgeschlagen werden (SAAR 2022).

Der ebenfalls zur Sektion *Brunneotincti* gehörende *C. panellus* Soop. ist aus sandigen Kiefernwäldern Nordeuropas beschrieben und hat kleinere Sporen (SOOP 2009).

Aufgrund des gelblichen Velums und der oft seidigen Huthautbeschaffenheit in Verbindung mit Violettönen in Stielspitze und Lamellen kann es durchaus sein, dass man Kollektionen von *C. valgus* im ersten Moment in der Sektion *Anomali* verortet. Bei der Kollektion MD-2022-Cortinarius-34, die ein relativ stark ausgeprägtes Velum und bei jungen Fruchtkörpern deutliche Blautöne aufweist (Abb. 4), ist mir dies passiert. Die Sporen von Vertretern der *Anomali* haben jedoch in der Regel einen niedrigeren Q-Wert als jene von *C. valgus* und sind indextrinoid oder nur sehr schwach dextrinoid (eigene Beobachtung).

Molekulare Phylogenie

Die von der Firma ALVALAB und von der DNA-Gruppe der J.E.C. generierten ITS-Sequenzen zu den untersuchten Kollektionen stimmen zu über 99% mit dem Neotyp von *C. valgus* überein.

Das Phylogramm in Abb. 29 dient hier hauptsächlich dem Zweck, die Übereinstimmung der aufgelisteten Synonyme von *C. valgus* zu dokumentieren und einen Überblick über die Verbreitung zu geben. Die nächstverwandten und im Phylogramm enthaltenen Sektionen sind die *Pholidei* Melot und die *Brunneotincti* (vgl. auch LIIMATAINEN et al. 2020). Die Klade der *Brunneotincti* mit *C. raphanoides* im Phylogramm (Abb. 29) enthält nur einen Teil der beschriebenen Arten dieser Sektion.

Danksagungen

Mein besonderer Dank gilt Günter Saar und Dr. Thomas Sendor für die kritische Durchsicht und Verbesserung des Manuskripts. Ich bedanke mich herzlich bei Geert Schmidt-Stohn für das Foto und die ITS-Sequenz einer Kollektion aus Niedersachsen und Informationen zur Verbreitung von *C. valgus*. Mein herzlicher Dank gilt auch Dr. Bernhard Oertel für die geduldige Einweisung in diverse Aspekte der DNA-Analyse. Bei Pablo Alvarado (Spanien) und bei der DNA-Gruppe der J.E.C. bedanke ich mich für die Sequenzierungsarbeiten.

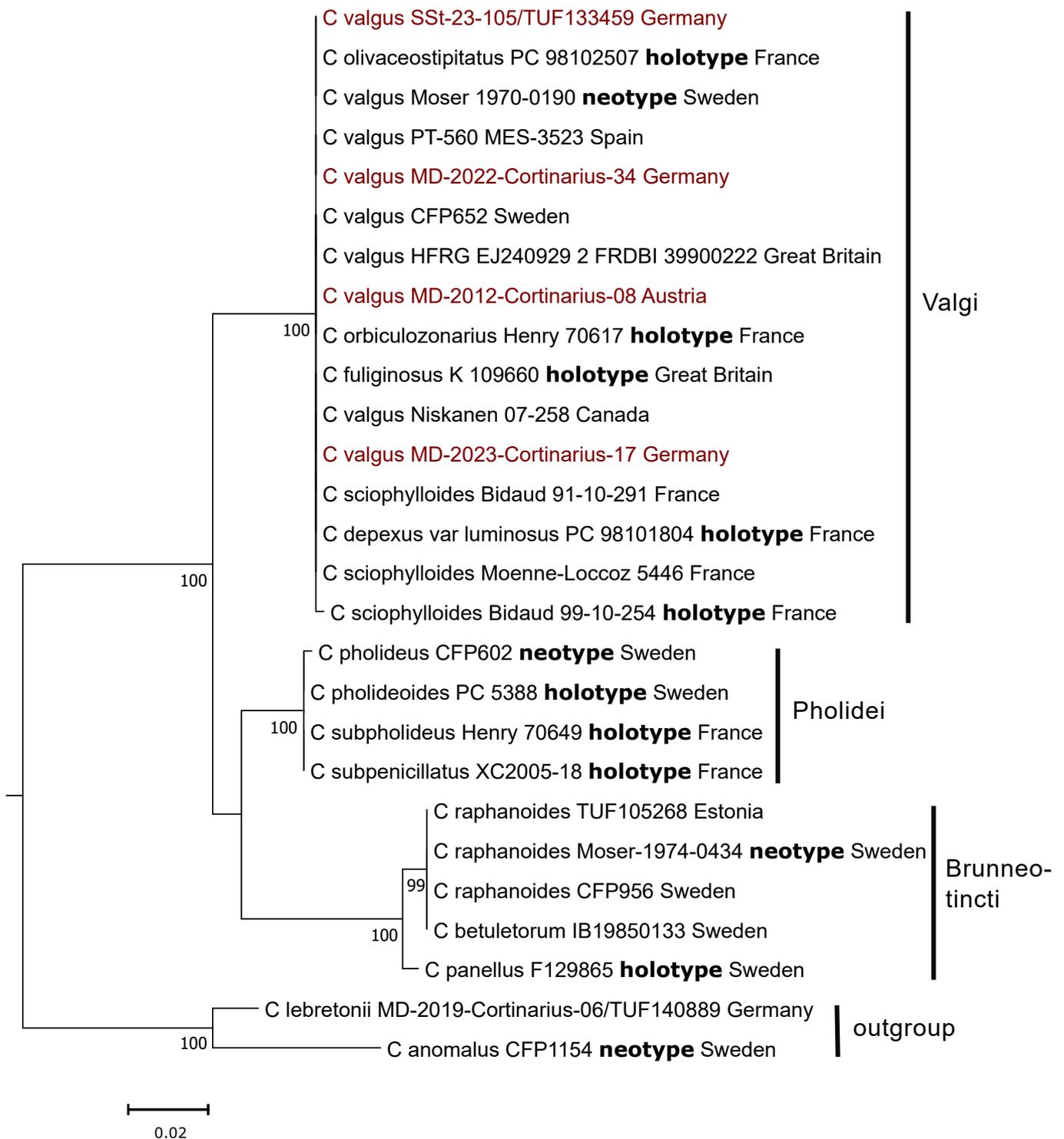


Abb. 29: Phylogenetischer Baum aus ITS-Sequenzen von Kollektionen aus den Sektionen *Valgi*, *Pholidei* und *Brunneo-tincti*, basierend auf Maximum-Likelihood-Analyse. An den Knotenpunkten sind die Bootstrap-Werte über 50% angegeben. Die in dieser Arbeit abgebildeten Kollektionen sind mit roter Schrift hervorgehoben. Eine Liste der im Phylogramm enthaltenen Sequenzen ist Tabelle 1 zu entnehmen.

Literatur

- BIDAUD A, BELLANGER J-M, CARTERET X, REMAUX P, MOËNNE-LOCCOZ P (2015) – Atlas des Cortinaires, Pars XXIII. Editions Fédération Mycologique Dauphiné-Savoie.
- BRANDRUD TE, LINDSTRÖM H, MARKLUND H, MELOT J, MUSKOS S (1990-2012) – *Cortinarius*, Flora Photographica, 5 fasc. Editions Matfors, Sweden.
- DGF M (2025) – *Cortinarius valgus* Fr. 1838. <https://www.pilze-deutschland.de/organismen/cortinarius-valgus-fr-1838-1> (zuletzt aufgerufen am 30.05.2025).
- DONDL M (2012): *Cortinarius*. <https://www.interhias.de/schwammerlseiten/bestimmungen/2012/cortinarius/cortinarius.html> (zuletzt aufgerufen am 20.04.2025).
- DONDL M (2021): *Cortinarius*. <https://www.interhias.de/schwammerlseiten/bestimmungen/2021/cortinarius/cortinarius.html> (zuletzt aufgerufen am 20.04.2025).
- DONDL M (2022): *Cortinarius*. <https://www.interhias.de/schwammerlseiten/bestimmungen/2022/cortinarius-2/cortinarius-2.html> (zuletzt aufgerufen am 20.04.2025).
- DONDL M (2023): *Cortinarius*. <https://www.interhias.de/schwammerlseiten/bestimmungen/2023/cortinarius/cortinarius.html> (zuletzt aufgerufen am 20.04.2025).
- EDLER D, KLEIN J, ANTONELLI A, SILVESTRO D (2020) – raxmlGUI 2.0: A graphical interface and toolkit for phylogenetic analyses using RAxML. *Methods Ecol Evol.* **12**: 373–377.
- FELSENSTEIN J (1985) – Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* **39(4)**: 783-791.
- FRIES EM (1836-1838) – *Epicrisis systematis mycologici seu synopsis Hymenomycetum*. Uppsala, Sweden.
- GMINDER A (2010) – Die Großpilze Baden-Württembergs. Band 5: Ständerpilze: Blätterpilze III. Ulmer, Stuttgart. S. 8-310.
- HAYNOLD B (2025) – Koordinaten-Ermittler (nicht nur für Orchideen). Arbeitskreis Heimische Orchideen Baden-Württemberg. <https://www.orchids.de/haynold/koordinatenermittler2/> (zuletzt aufgerufen am 20.04.2025).
- INDEX FUNGORUM (2020) – Index Fungorum no. 439: 10. <https://indexfungorum.org/Publications/Index%20Fungorum%20no.439.pdf> (zuletzt aufgerufen am 30.03.2025).
- KATO H K, ROZEWICKI J, YAMADA A KD (2019) – MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in Bioinformatics* **20**: 1160-1166.
- KIBBY G, TORTELLI M (2022) – The genus *Cortinarius* in Britain. 1st Edition. Great Britain.
- KNUDSEN H, VESTERHOLT J (eds) (2012) – *Funga Nordica*, second edition. Nordsvamp, Copenhagen, 2 vols.
- KUYPER TW, DE HAHN A, DAM N, VAN DE KERCKHOVE O, SOMHORST I, GELDERBLOM J, VERSTRAETEN P, VOLDERS J, NUYTINCK J (2024) – *Cortinarius*. Flora Agaricina Neerlandica Vol. 8 (KUYPER TW, NUYTINCK J et al. eds.). Lidia Carla Candusso, Italy.
- LIIMATAINEN K, NISKANEN T, DIMA B, AMMIRATI J, KIRK P, KYTÖVUORI I (2020) – Mission impossible completed: unlocking the nomenclature of the largest and most complicated subgenus of *Cortinarius*, *Telamonia*. *Fungal Diversity* **104**. DOI: 10.1007/s13225-020-00459-1.
- MOSER M (1970) – *Cortinarius* Fr. Untergattung *Leprocycbe*, subgen. nov. Die Rauhköpfe. *Zeitschrift f. Pilzk.* **36**: 37-57.
- MOSER M, KELLER-DILITZ H (1983) – *Cortinarius raphanoides* Pers.: Fr. and related species. *Cryptocamie, Mycologie*. Tome 4: 41-50.
- NCBI – National Center for Biotechnology Information. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/> (zuletzt aufgerufen am 01.04.2025).
- ÖMG (2025) – Mykologische Datenbank. Bearbeitet von KRISAI-GREILHUBER I, FRIEBES G (Fortsetzung von DÄMON W, HAUSKNECHT A, KRISAI-GREILHUBER I: Datenbank der Pilze Österreichs). Mykologische Datenbank (<https://pilzdaten-austria.eu>). Zuletzt aufgerufen am 14.04.2024.
- SAAR G (2022) – Abbildungsverzeichnis der Taxa *Cortinarius* 2022. <http://www.jec-cortinarius.org/Abbildungsverzeichnis/T30.php> (zuletzt aufgerufen am 20.04.2025).
- SOOP K, DIMA B, COOPER JA, PARK D, OERTEL B (2019) – A phylogenetic approach to a global supraspecific taxonomy of *Cortinarius* (Agaricales) with an emphasis on the southern mycota. *Persoonia* **42**: 261-290.
- SOOP K (2009) – Quelques *Telamonia* intéressants du nord de l'Europe. *J.E.C.* **12**: 5–9.
- TAMURA K, STECHER G, AND KUMAR S (2021) – Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution* **38(7)**: 3022–3027.
- UNITE – rDNA ITS based identification of Eukaryotes and their communication via DOIs. <https://unite.ut.ee/index.php> (zuletzt aufgerufen 01.04.2025).