

MATTEO LAZZARI, MATTEO BEVILACQUA, LUCIANO MICHELIN,
LIVIO LORENZON, ANDREA BATTISTUZZI

TRICHOLOMA CROCEOFLAVESCENS, UNA NUOVA SPECIE DELLA SEZIONE RIGIDA

Riassunto

Viene descritto *Tricholoma croceoflavescens*, una nuova specie appartenente alla sezione *Rigida*. Vengono illustrate le caratteristiche morfologiche macro- e microscopiche delle raccolte effettuate in due boschi mediterranei italiani e viene discussa la comparazione con i taxa affini anche con il supporto dell'analisi filogenetica.

Abstract

Tricholoma croceoflavescens, a new species belonging to section *Rigida*, is described. The macro- and microscopic morphological characteristics of the specimens collected in two Italian Mediterranean forests are illustrated and the comparison with related taxa is discussed, further supported by phylogenetic analysis.

Keywords *Tricholomataceae*, *Tricholoma* sez. *Rigida*, *T. saponaceum*, *T. sudum*, *T. forteflavescens*, Italy, Emilia-Romagna, Lazio.

Introduzione

Nella sezione *Rigida* (= *Contextocutis* = *Saponacea*) del genere *Tricholoma* (Fr.) Staude trovano collocazione le specie affini a *Tricholoma saponaceum* (Fr.) P. Kumm., queste sono caratterizzate da una cuticola liscia, asciutta o vagamente untuosa, dalla base del gambo spesso rosata e dalla presenza abbondante di giunti a fibbia in corrispondenza dei setti tra le ife. La stabilità dei caratteri morfologici condivisi tra le specie della sezione ha trovato conferma nello studio filogenetico multi-locus di DING *et al.* (2023) che inquadra la sezione, all'interno del sottogenere *Tricholoma*, come gruppo prossimo a quello corrispondente alla sezione *Tricholoma*.

Diverse specie appartenenti alla sez. *Rigida*, in particolare *T. saponaceum*, sono comunque caratterizzate da una forte variabilità intraspecifica che ha comportato negli anni la descrizione di numerose varietà e forme, specialmente per quanto riguarda i taxa europei [e.g. *Tricholoma saponaceum* var. *ardosiacum* Bres. e *Tricholoma saponaceum* var. *squamosum* (Cooke) Rea]. Solo in tempi recenti, grazie all'applicazione delle tecniche di biologia molecolare è stato possibile fare maggiore chiarezza sull'effettiva biodiversità di questo gruppo.

In Europa, oltre a *T. saponaceum*, vengono attualmente ritenute distinte altre tre entità: *Tricholoma rapipes* (Krombh.) Heilm.-Claus. & Mort. Chr., *Tricholoma boudieri* Barla e *Tricholoma sudum* (Fr.) Qué. (CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN 2013, HEILMANN-CLAUSEN *et al.* 2017). Recentemente sono, inoltre, stati descritti *Tricholoma olivaceum* Reschke, Popa, Zhu L. Yang & G. Kost e *Tricholoma forteflavescens* Reschke, Popa, Zhu L. Yang & G. Kost nel continente asiatico (RESCHKE *et al.* 2018) e *Tricholoma pallens* Lebeuf, Y. Lamoureux, André Paul & J. Landry in Nord America (LEBEUF *et al.* 2023). In Nuova Zelanda è presente *Tricholoma viridiolivaceum* G. Stev. (STEVENSON 1964), una specie associata a *Nothofagus* che si caratterizza per l'odore di pesce negli esemplari maturi e che certamente necessita di ulteriori approfondimenti sia tassonomici che filogenetici, avendo trovato poco spazio nella moderna letteratura.

Il lavoro di analisi multi-locus condotto da DING *et al.* (2023) ha posto ben in evidenza come il genere *Tricholoma* possa offrire ulteriori future novità tassonomiche, tesi già ipotizzata da CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN (2013) con particolare riferimento alle zone mediterranee,

fino a quel momento non particolarmente indagate. Proprio dando seguito a tale sollecitazione, è stato recentemente descritto nell'areale mediterraneo italiano *T. ligusticum* M. Carbone, Boccardo & Calleda (CARBONE *et al.* 2020).

Materiali e metodi

Studio macro- e micromorfologico

Le descrizioni macroscopiche si basano sull'osservazione degli esemplari freschi delle nostre raccolte. Le macrofotografie sono state realizzate sul campo mediante l'impiego di fotocamere a ottiche intercambiabili. L'analisi dei caratteri microscopici è stata effettuata con microscopio ottico a campo chiaro con oculari 10× e obiettivi planari acromatici 40× a secco e 100× a immersione. I preparati sono stati osservati in acqua e in rosso Congo acquoso 1% utilizzando materiale essiccato, preventivamente reidratato in acqua. La reazione amiloide della parete delle spore è stata verificata osservando il preparato dopo 1-2 minuti dall'aggiunta del reattivo di Melzer (Basso 2005). La cianofilia è stata testata con blu cotone in acido lattico riscaldato. Le misure delle basidiospore e il valore Q (rapporto tra lunghezza e larghezza) vengono riportati come intervallo del valore medio $\pm$ deviazione standard, indicando tra parentesi i valori minimi e massimi. I valori sono stati ottenuti dalla misurazione di 50 spore per ognuna delle quattro raccolte oggetto di questo studio tramite software Piximètre 6.1 (HENRIOT *et al.* 2025) con procedura manuale, escludendo l'appendice ilifera. Gli acronimi adottati per gli erbari fanno riferimento a THIERS (2026), a eccezione di quelli utilizzati per indicare gli erbari personali degli autori (BEV: Matteo Bevilacqua, LL: Livio Lorenzon).

Estrazione del DNA e analisi filogenetica

Il DNA totale è stato estratto da campioni essiccati e sequenziato dal laboratorio ALVALAB (www.alvalab.es) di Oviedo (Spagna) utilizzando dei protocolli modificati basati su MURRAY & THOMPSON (1980), MULLIS & FALOONA (1987), WHITE *et al.* (1990), GARDES & BRUNS (1993), VILGALYS & HESTER (1990) e CUBETA *et al.* (1991). Il dataset è stato selezionato in base alla più recente letteratura (DING *et al.* 2023, HEILMANN-CLAUSEN *et al.* 2017, RESCHKE *et al.* 2018) e comprende, escluse le sequenze ottenute per questo studio, 8 taxa (**Tab. 1**) di cui 1 selezionato come outgroup (*Tricholoma portentosum* LT000035). Le sequenze, comprese quelle non univocamente interpretate, sono state scaricate dai database pubblici GenBank (SAYERS *et al.* 2025) e UNITE (NILSSON *et al.* 2019). Per completare l'ingroup e ottenere un quadro più rappresentativo, sono state selezionate, utilizzando l'algoritmo BLAST (ALTSCHUL *et al.* 1990), le sequenze con il maggior grado di similarità rispetto a quelle da noi ottenute sui reperti impiegati per questo lavoro. Il dataset è stato allineato usando le impostazioni standard dell'algoritmo MUSCLE (EDGAR 2004a, 2004b) integrato nel software MEGA 12 (KUMAR *et al.* 2024) lasciando invariati i parametri di default ed è stato successivamente editato, dopo averlo analizzato manualmente per verificare eventuali errori di allineamento. L'allineamento finale (37 sequenze) è stato ottimizzato tramite software Mesquite (MADDISON & MADDISON 2025) per un numero complessivo di 670 siti sui geni ITS1, 5.8S, ITS2. Tale allineamento è stato elaborato secondo i metodi della massima verosimiglianza (ML, Maximum Likelihood) e dell'inferenza bayesiana a posteriori (BI, Bayesian Inference). Per l'analisi ML è stato utilizzato RAXML GUI 2.0 (EDLER *et al.* 2021) con algoritmo di ricerca "ML + rapid bootstrap", 1000 repliche di bootstrap (FELSENSTEIN 1985) e modello GTR+ Γ . L'analisi BI è stata condotta tramite MrBayes 3.2.7 (RONQUIST *et al.* 2012) con modello evolutivo GTR+ Γ +I, due analisi separate di quattro catene Markov Chain Monte Carlo (MCMC) per 2.000.000 di generazioni, con un campionamento ogni 1000 (fino al raggiungimento dei parametri di convergenza) e l'eliminazione del 25% degli alberi campionati. I due metodi di analisi hanno prodotto risultati sovrapponibili: è stato quindi deciso di rappresentare unicamente l'albero basato su ML. Sono stati considerati significativi, e riportati nella

Tabella 1. Elenco delle sequenze ITS utilizzate per l'analisi filogenetica. Le sequenze in grassetto sono state depositate in GenBank direttamente dagli autori.

Taxon	Original identification	Notes	Voucher	Acc. number	Country	Reference
<i>Tricholoma boudieri</i>	<i>Tricholoma boudieri</i>	Epitype	C-F-90092	LT000136	Slovenia	HEILMANN-CLAUSEN <i>et al.</i> 2017
<i>Tricholoma boudieri</i>	<i>Tricholoma boudieri</i>	–	HKAS97070	MW724437	Cina	DING <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma boudieri</i>	<i>Tricholoma boudieri</i>	–	HKAS97163	MW724373	Cina	DING <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma boudieri</i>	<i>Tricholoma boudieri</i>	–	C-F-59305	LT000014	Danimarca	HEILMANN-CLAUSEN <i>et al.</i> 2017
<i>Tricholoma croceoflavescens</i>	<i>Tricholoma croceoflavescens</i>	Holotype	MCVE 31988	PZ062843	Italia	this study
<i>Tricholoma croceoflavescens</i>	<i>Tricholoma croceoflavescens</i>	–	LL 1984	PZ062841	Italia	this study
<i>Tricholoma croceoflavescens</i>	<i>Tricholoma croceoflavescens</i>	–	BEV 01990	PZ062840	Italia	this study
<i>Tricholoma croceoflavescens</i>	<i>Tricholoma croceoflavescens</i>	–	BEV 02062	PZ062842	Italia	this study
<i>Tricholoma forteflavescens</i>	<i>Tricholoma forteflavescens</i>	–	MB-301985	MF034246	Cina	RESCHKE <i>et al.</i> 2018
<i>Tricholoma forteflavescens</i>	<i>Tricholoma forteflavescens</i>	Holotype	HKAS93511	MF034207	Cina	RESCHKE <i>et al.</i> 2018
<i>Tricholoma olivaceum</i>	<i>Tricholoma olivaceum</i>	–	HKAS68600	MW724351	Cina	DING <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma olivaceum</i>	<i>Tricholoma olivaceum</i>	Holotype	HKAS93513	MF034209	Cina	RESCHKE <i>et al.</i> 2018
<i>Tricholoma pallens</i>	<i>Tricholoma pallens</i>	Isotype	HRL3381	ON256907	Canada	LEBEUF <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma pallens</i>	<i>Tricholoma pallens</i>	–	HRL2642	ON206668	Canada	LANDRY <i>et al.</i> 2022
<i>Tricholoma pallens</i>	<i>Tricholoma pallens</i>	–	IN07	OM972428	USA	RUSSELL 2022
<i>Tricholoma portentosum</i>	<i>Tricholoma portentosum</i>	Neotype	C-F-59053	LT000035	Danimarca	HEILMANN-CLAUSEN <i>et al.</i> 2017
<i>Tricholoma rapipes</i>	<i>Tricholoma rapipes</i>	–	C-F-96241	LT000037	Danimarca	HEILMANN-CLAUSEN <i>et al.</i> 2017
<i>Tricholoma rapipes</i>	<i>Tricholoma rapipes</i>	Epitype	C-F-59258	LT000085	Francia	HEILMANN-CLAUSEN <i>et al.</i> 2017

Taxon	Original identification	Notes	Voucher	Acc. number	Country	Reference
<i>Tricholoma saponaceum</i>	<i>Tricholoma saponaceum</i> var. <i>squamosum</i>	–	MB-002941	MF034221	Germania	RESCHKE <i>et al.</i> 2018
<i>Tricholoma saponaceum</i>	<i>Tricholoma saponaceum</i>	–	C-F-96192	LT000133	Slovacchia	HEILMANN-CLAUSEN <i>et al.</i> 2017
<i>Tricholoma saponaceum</i>	<i>Tricholoma saponaceum</i>	–	C-F-35147	LT000039	Danimarca	HEILMANN-CLAUSEN <i>et al.</i> 2017
<i>Tricholoma saponaceum</i>	<i>Tricholoma saponaceum</i>	–	C-F-96276	LT000087	Francia	HEILMANN-CLAUSEN <i>et al.</i> 2017
<i>Tricholoma saponaceum</i>	<i>Tricholoma saponaceum</i>	–	BJTC FM2772	PQ499523	Cina	MAO <i>et al.</i> 2025
<i>Tricholoma</i> sp.	<i>Tricholoma</i> sp. 9	–	HKAS99360	MW724386	Cina	DING <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma</i> sp.	<i>Tricholoma</i> sp. 10	–	HKAS70214	MW724345	Cina	DING <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma</i> sp.	<i>Tricholoma</i> sp. 17	–	HKAS92443	MW724376	Cina	DING <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma</i> sp.	<i>Tricholoma</i> sp. 11	–	HKAS105344	MW724413	Cina	DING <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma</i> sp.	<i>Tricholoma</i> sp. 12	–	HKAS49388	MW724371	Cina	DING <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma</i> sp.	<i>Tricholoma</i> sp. 15	–	HKAS56154	MW724477	Cina	DING <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma</i> sp.	<i>Tricholoma</i> sp. 16	–	HKAS106583	MW724397	Cina	DING <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma</i> sp.	<i>Tricholoma</i> sp. 16	–	HKAS106610	MW724401	Cina	DING <i>et al.</i> 2023
<i>Tricholoma</i> sp.	<i>Tricholoma saponaceum</i>	–	MV-1992	PQ653431	Svezia	–
<i>Tricholoma sudum</i>	<i>Tricholoma sudum</i>	–	C-F-96221	LT000050	Danimarca	HEILMANN-CLAUSEN <i>et al.</i> 2017
<i>Tricholoma sudum</i>	<i>Tricholoma sudum</i>	Neotype	C-F-90094	LT000051	Danimarca	HEILMANN-CLAUSEN <i>et al.</i> 2017
‘ <i>Tricholoma saponaceum</i> var. <i>squamosum</i> ’	<i>Tricholoma saponaceum</i> var. <i>squamosum</i>	–	MB-305282	MF034256	Cina	RESCHKE <i>et al.</i> 2018
‘ <i>Tricholoma saponaceum</i> ’	<i>Tricholoma saponaceum</i>	–	DBG18233	MF034195	USA	RESCHKE <i>et al.</i> 2018
‘ <i>Tricholoma saponaceum</i> ’	<i>Tricholoma saponaceum</i>		DBG23751	MF034202	USA	RESCHKE <i>et al.</i> 2018

rappresentazione grafica dell'albero (Fig. 1) i valori maggiori o uguali a 75% per ML e 0,95 per BI. Le sequenze relative al marcatore ITS delle raccolte studiate sono state depositate sul database GenBank e i relativi numeri di accesso sono riportati nella tabella allegata (Tab. 1).

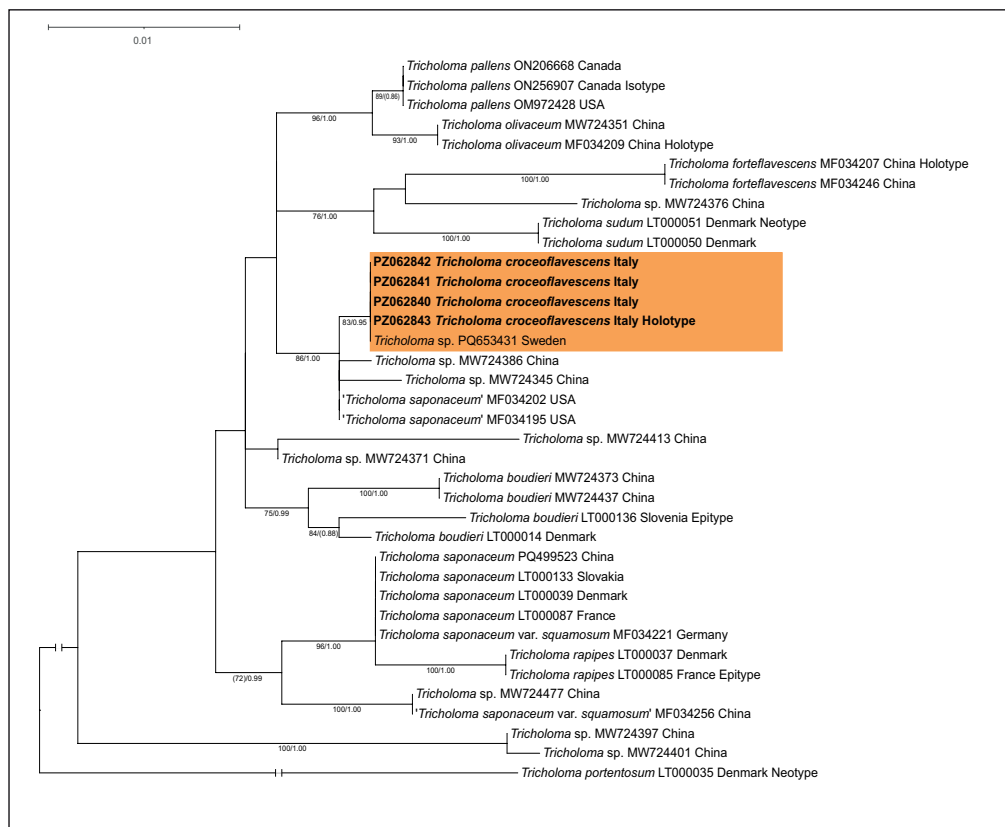


Figura 1. Albero filogenetico della sezione *Rigida* elaborato secondo i metodi ML e BI relativo alla regione ITS. Le sequenze in grassetto sono quelle ottenute dagli autori per il presente lavoro.

Tricholoma croceoflavescens M. Lazzari, Bevilacqua, L. Michelin, Lorenzon & Battistuzzi sp. nov.

Index Fungorum: IF 905117

Diagnosi originale

Tricholoma croceoflavescens is characterized by its slender habitus, a grey-brownish cap with an evidently paler margin, slow but noticeable yellow-orange staining when bruised, a farinaceous and slightly sweet smell, broadly ellipsoid to ellipsoid basidiospores (averaging $5,8 \times 4,5 \mu\text{m}$), and abundant clamp connections in all tissues. It grows in Mediterranean woods of *Quercus* and *Pinus*. *T. sudum* occurs with a stouter habitus, a weaker pinkish bruising, slightly longer basidiospores, and grows in association with *Pinus* in non-Mediterranean habitats. *T. saponaceum* occurs with a definitely stout habitus, absence of bruising when damaged, excluding the base, frequently olive-yellow shaded gills, more inconstantly colored pileus often with greenish or yellowish shade and smell lacking in farinaceous fragrance compound. *T. forteflavescens* has a clavate, fibrillose, grey stem, stains citrine to chrome yellow, and has distinctly oblong to subcylindrical basidiospores. Holotype: Italy,

Emilia-Romagna, Goro (FE), 19/11/2025, on soil in Mediterranean coastal forest of *Quercus ilex*, *Pinus pinaster* and *P. pinea*, leg. Matteo Lazzari & Luciano Michelin. Stored in Herbarium MCVE 31988. Etymology: the epithet *croceoflavescens* (from Latin: *crōcēus*, *a*, *um* = colored like saffron, *flāvescēre* = becoming yellow) refers to the distinctive yellow-orange staining.

Caratteri macroscopici (Figg. 2-3-4-5)

Cappello 3-7 (9) cm, di consistenza carnosa, inizialmente emisferico, ben presto convesso e poi spianato con largo umbone centrale appena in rilievo; margine liscio, elegantemente crenulato in particolar modo negli esemplari maturi, debolmente involuto, talvolta caratterizzato dalla presenza di uno o più lobi; cuticola opaca, vagamente untuosa a tempo umido con tendenza a formare screpolature o squamosità nella zona discale, inizialmente appressate, man mano più evidenti con la maturità; colorazione bruno-grigiastra (con occasionale presenza di sfumature olivastre), particolarmente intensa al centro del cappello dove assume toni più scuri, margine nettamente decolorato su tonalità crema-biancastre; saltuaria presenza di guttule scure disposte in modo concentrico nella zona di transizione tra il bordo decolorato e il disco centrale.

Lamelle bianche, mediamente spaziate, talvolta ondulate, con filo irregolare, connesse al gambo per mezzo di un dentino; intervallate da numerose lamellule; dove manipolate assumono dapprima una colorazione rosata fino a raggiungere, dopo parecchi minuti, una tonalità giallo-aranciata decisamente satura.

Gambo 7-11 (15) × 1-1,5 cm, pieno, cilindrico, talvolta leggermente svasato all'apice, con base frequentemente fittonante anche per diversi centimetri; particolarmente slanciato, di colore biancastro, interamente percorso da fibrille longitudinali color crema e talvolta decorato da minute squamette brunastre; base di colore rosa-rossastro; sull'intera superficie presenta un viraggio analogo a quello dell'imenoforo.

Carne di consistenza fibrosa, odore farinoso misto a sentori dolciastrici evocanti *Tricholoma saponaceum*; sapore non distintivo, vagamente sgradevole.

Caratteri microscopici (Tav. 1)

Spore (4,7) 5,3-6,3 (7,2) × (3,6) 4,1-4,8 (5,9) μm, in media 5,8 × 4,5 μm, Q = 1,2-1,4 (1,6), in media 1,3, ialine (bianche in massa), lisce, da largamente ellissoidali a ellissoidali, spesso provviste di guttula di grandezza variabile, con apicolo abbastanza pronunciato, non amiloidi e acianofile.

Basidi 23-29 (32) × (5) 5,5-6,5 μm, tetrasporici (occasionalmente bisporici), clavati e poco slanciati.

Basidioli (17) 21-27 × 5-6 μm, clavati, a volte pedicellati, leggermente più piccoli dei basidi.

Cistidi imeniali cheilocistidi e pleurocistidi assenti.

Pileipellis formata da una cutis di ife più o meno parallele o solo vagamente intrecciate, larghe fino a 9 (11) μm, leggermente ristrette nelle giunzioni, consorziate ad altre più esterne provviste di un pigmento extracellulare incrostante brunastro che forma un disegno zebraato, larghe 2-7 μm.

Giunti a fibbia ben presenti negli elementi della cuticola, abbondanti nella trama lamellare e nei raccordi con basidi e basidioli.

Habitat le raccolte studiate sono state reperite in boschi litoranei mediterranei a dominanza di *Quercus ilex* con presenza di *Pinus pinaster* e *P. pinea*. Suolo calcareo e sottobosco caratterizzato dalla presenza di *Ruscus aculeatus* L., *Smilax aspera* L. e, talvolta, *Pistacia lentiscus* L..

Materiale studiato Italia: Emilia-Romagna, Goro (FE), bosco litoraneo di *Quercus ilex*, *Pinus pinaster* e *P. pinea*, 19/11/2025, leg. M. Lazzari & L. Michelin (Holotypus: MCVE 31988); *ibidem*, 21/11/2025, leg. A. Battistuzzi, M. Bevilacqua, M. Lazzari e L. Lorenzon (LL 1984);



Figura 2. *Tricholoma croceoflavescens*. MCVE 31988 holotypus. Goro (FE), 19.11.2025.

Foto di Matteo Lazzari



Figura 3. *Tricholoma croceoflavescens*. MCVE 31988 holotypus. Viraggio delle superfici.

Foto di Matteo Lazzari



Figura 4. *Tricholoma croceoflavescens*. BEV 02062. Ostia (RM), 22.12.2025.

Foto di Matteo Bevilacqua



Figura 5. *Tricholoma croceoflavescens*. BEV 01990. Goro (FE), 21.11.2025.

Foto di Matteo Bevilacqua

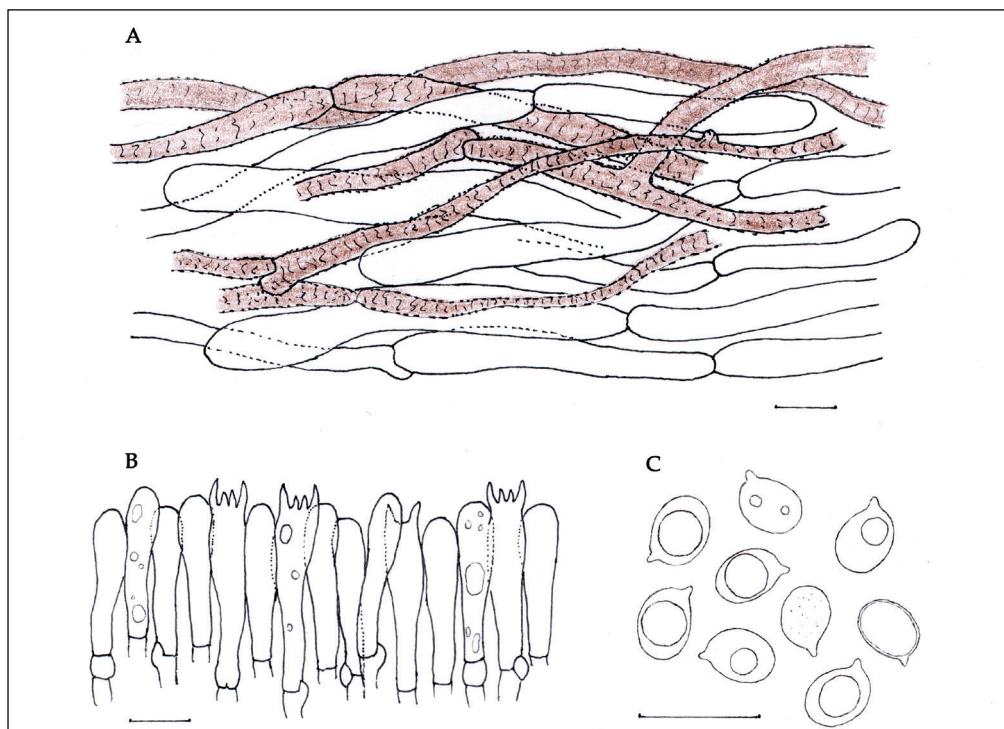


Tavola 1. *Tricholoma croceoflavescens*. Tavola di microscopia. A: pileipellis. B: palizzata imeniale. C: spore.

Tavola di Luciano Michelin

ibidem, 21/11/2025, *leg.* A. Battistuzzi, M. Bevilacqua, M. Lazzari e L. Lorenzon (BEV 01990, LL 1985); Lazio, Ostia (Roma), bosco litoraneo di *Quercus ilex*, 22/12/2025, *leg.* M. Bevilacqua (BEV 02062).

Discussione

L'analisi filogenetica da noi effettuata, basata sul marcatore ITS, prende in esame le specie europee, nord-americane e asiatiche della sez. *Rigida*. Nella nostra analisi conclusiva non abbiamo incluso *T. viridiolivaceum* considerando che le relative sequenze vengono utilizzate e interpretate in modo eterogeneo dalla recente letteratura di riferimento (DING *et al.* 2023, HEILMANN-CLAUSEN *et al.* 2017, LANDRY *et al.* 2022). A ogni modo, le sequenze di *T. viridiolivaceum* ricadono nel clade *T. olivaceum* / *T. pallens* che ha un'autonomia ben supportata (PP = 1,00) e, di conseguenza, non influenzano l'indipendenza di *T. croceoflavescens*.

Il lavoro di tipificazione svolto da CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN (2013) consente di fare ordine, almeno per la maggioranza dei taxa europei, tra le diverse sequenze etichettate con il nome di *Tricholoma saponaceum*. In particolare, è evidente come *Tricholoma sudum* (Fr.) Quél., *T. rapipes* (Krombh.) Heilm.-Claus. & Mort. Chr. e *T. boudieri* Barla costituiscano cladi ben supportati che delimitano in modo convincente i confini tassonomici delle rispettive specie.

Merita un approfondimento il discorso relativo a *T. saponaceum* per il quale, a oggi, non è ancora stata proposta una tipificazione. Concordiamo con l'interpretazione di HEILMANN-CLAUSEN *et al.* (2017) nel considerare il gruppo proposto di raccolte provenienti dalla Francia e dai Paesi scandinavi coerente con il concetto originale di *Agaricus saponaceus* Fr. (FRIES 1818) e con il conseguente inquadramento tradizionale europeo.

Le molte sequenze presenti su GenBank e UNITE corrispondenti al nome di '*Tricholoma saponaceum*' e che non ricadono nel clade appena menzionato pensiamo che siano da ricondurre o alle altre specie della sez. *Rigida* o, spesso, a specie ancora da descrivere, alcune di queste (di provenienza extraeuropea) già individuate da DING *et al.* (2023).

Sebbene la regione ITS sembri fornire, per ora, informazioni sufficienti per una corretta delimitazione delle specie all'interno del genere *Tricholoma*, pare evidente che non risolva sempre in modo esaustivo i reciproci rapporti filogenetici intraspecifici (DING *et al.* 2023).

Le raccolte di *Tricholoma croceoflavescens* da noi studiate in questo lavoro risultano nettamente correlate alla sezione *Rigida* e filogeneticamente prossime a *T. sudum*, *T. olivaceum* Reschke, Popa, Zhu L. Yang & G. Kost, *T. pallens* Lebeuf, Y. Lamoureux, André Paul & J. Landry e *T. forteflavescens* Reschke, Popa, Zhu L. Yang & G. Kost, pur mantenendosi ben distinte da tutte queste specie già descritte.

La sequenza PQ653431 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/PQ653431.1>) risulta fortemente correlata a quelle delle nostre raccolte. In merito al campione di riferimento (MV-1992), in assenza di una pubblicazione che documenti il ritrovamento, conosciamo solamente la provenienza (Västmanland, Svezia) e la determinazione originale (*T. saponaceum*) e ci risulta, di conseguenza, impossibile entrare nel merito di un approfondito confronto tassonomico. Dall'analisi della sola sequenza depositata sembra comunque che la raccolta sia conspecifica alle nostre e che quindi la specie possa avere una distribuzione più ampia di quella da noi documentata.

Altre sequenze extra-europee, la cui attribuzione tassonomica è tutt'altro che definita, si sono rivelate, dall'analisi effettuata, prossime alle nostre. Le, seppur lievi, variazioni genetiche che presentano (sia tra loro sia rispetto ai campioni dello studio) mettono in luce la mancanza di alcuni "tasselli" sistematici che impediscono di ricostruire con precisione i rapporti reciproci tra tali entità e *T. croceoflavescens* penalizzando i valori di supporto del clade di quest'ultimo (83/0,95). Per quanto l'eliminazione di queste sequenze rafforzi la distanza delle raccolte studiate dal punto di vista numerico (95/1,00), riteniamo che renda meno esaustiva la rappresentazione di quanto oggi a noi noto. Siamo convinti che la futura definizione di nuovi taxa contribuirà a chiarire meglio la filogenesi del gruppo.

Dal punto di vista morfologico le raccolte da noi studiate di *T. croceoflavescens* presentano caratteristiche stabili e uniche all'interno del genere *Tricholoma* che consentono di identificarlo con relativa facilità.

I caratteri distintivi della specie sono il portamento slanciato, le dimensioni ridotte, l'orlo decolorato della cuticola, il margine crenulato a maturità e il viraggio dell'imenoforo e della superficie del gambo che culmina, dopo diversi minuti, in un bel color giallo-arancio.

T. sudum può presentare un debole viraggio su toni rosati (CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN 2013): questo carattere però ricorda le nostre raccolte solamente nei primissimi minuti dopo la manipolazione e cioè prima che si manifesti la caratteristica tinta giallo-aranciata. L'evidente cambio di colore delle superfici di *T. boudieri*, legato anche alla vetustà degli esemplari oltre che alla loro contusione, si attesta comunque su tonalità rosso-brunastre ben diverse da quelle vivaci riscontrate in *T. croceoflavescens*.

La particolare intensità del viraggio trova, invece, affinità rilevanti nella descrizione di *T. forteflavescens*. Questa specie, per ora segnalata solamente in Asia in boschi di *Quercus aquifolioides* Rehder & E.H.Wilson sp. e *Pinus yunnanensis* Franch. e che non conosciamo per esperienza diretta, presenta spesso anch'essa un gambo radicante ma generalmente clavato e interamente percorso da fibrille grigiastre. Il netto e vivido ingiallimento di tutte le superfici che la caratterizza si attesta però su tonalità giallo limone o giallo cromo (RESCHKE *et al.* 2018), ben diverse da quelle riscontrate sulle nostre raccolte.

L'habitat di ritrovamento di tutte le raccolte studiate è prettamente mediterraneo, caratterizzato dalle essenze tipiche dei boschi litoranei italiani (*Quercus ilex*, *Pinus pinaster* e *P. pinea*), ci sembra

utile segnalare però che nella stazione di Ostia (Roma, Italia) (BEV 02062), sebbene presenti a relativa distanza, non abbiamo rilevato essenze arboree ascrivibili al genere *Pinus* in prossimità della zona di raccolta di *T. croceoflavescens*.

L'eventuale presenza di *T. croceoflavescens* nel Nord Europa discussa in precedenza estenderebbe l'habitat di elezione della specie al di fuori dell'area mediterranea: bisogna comunque tenere conto della diffusione, nella Svezia meridionale, sia di essenze appartenenti al genere *Quercus*, specialmente *Q. robur* L., (EATON *et al.* 2016), sia di essenze appartenenti al genere *Pinus*, in particolare *P. sylvestris* L. (HOUSTON DURRANT *et al.* 2016).

T. sudum è il taxon europeo filogeneticamente più vicino alle nostre raccolte ma pare essere una specie circoscritta agli ambienti di conifera, in particolare *Pinus*, con suolo acido e comunque non attinenti alla zona mediterranea (NOORDELOOS & CHRISTENSEN 1999, CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN 2013, RIVA 1988). Allo stesso modo, anche *T. rapipes* sembrerebbe privilegiare i boschi mesofili di conifere (CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN 2013) sebbene tale associazione potrebbe non essere esclusiva (HEILMANN-CLAUSEN *et al.* 2017). Al contrario, *T. saponaceum* e *T. boudieri* manifestano una predilezione per gli ambienti di latifolia (CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN 2013, HEILMANN-CLAUSEN *et al.* 2017) e di conseguenza possono, anche secondo nostra esperienza, essere rinvenuti nelle zone boschive a dominanza *Quercus* da dove provengono le nostre raccolte di *T. croceoflavescens*.

Tra le specie europee della sez. *Rigida*, *T. croceoflavescens* è il solo a presentare un portamento particolarmente slanciato, con gambo radicante a volte persino fittonante nel terreno; nei basidiomi delle raccolte da noi studiate la lunghezza del gambo supera sovente il doppio del diametro del cappello. Gli esemplari esaminati non si sono mai presentati cespitosi, caratteristica che, al contrario, abbiamo spesso riscontrato nelle raccolte sia di *T. saponaceum* che di *T. rapipes*.

Le colorazioni pileiche nel materiale preso in esame sono molto stabili e sovrapponibili a quelle di *T. sudum*, in pochissimi esemplari abbiamo riscontrato una debole nuance verde olivastria, ben lontana comunque sia dalle colorazioni verdastre con cui si può presentare il variabile *T. saponaceum*, sia dalle tonalità che spaziano tra il giallastro e l'olivastro di *T. rapipes* (CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN 2013).

L'imenoforo di *T. saponaceum* assume spesso tonalità crema-giallastre o olivastre mentre in *T. croceoflavescens* le lamelle sembrano essere regolarmente bianche dove non manipolate.

Infine, l'odore in *T. croceoflavescens* è complesso e presenta sia le note aromatiche farinacee, riconducibili a *T. sudum*, sia quelle dolciastre, che ricordano il sapone naturale tipiche di *T. saponaceum*; queste ultime appaiono più evidenti sezionando i basidiomi.

Dal punto di vista micromorfologico, il genere *Tricholoma* non presenta una spiccata variabilità. CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN (2013) hanno però evidenziato come le dimensioni e la forma delle basidiospore possano essere dirimenti in alcune circostanze.

T. croceoflavescens si contraddistingue, all'interno della sezione di appartenenza, per le spore largamente ellissoidali (il rapporto medio tra lunghezza e larghezza si attesta sul valore di 1,3 ed è stabilmente compreso nell'intervallo 1,2-1,4 nelle misurazioni da noi effettuate). Le altre specie europee e americane presentano spore ellissoidali con valori Q maggiori che, a esclusione di *T. saponaceum*, raggiungono anche 1,9-2,0 (CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN 2013, LEBEUF *et al.* 2023).

T. forteflavescens, specie simile a quella qui descritta sotto diversi aspetti, si differenzia agevolmente dal punto di vista microscopico per le spore da oblunghe a subcilindriche, molto più strette (RESCHKE *et al.* 2018).

Consultando l'iconografia proposta da RIVA (2003) per *T. sudum* riscontriamo alcuni dei caratteri peculiari delle raccolte da noi studiate come il portamento slanciato caratterizzato da un gambo sempre più lungo del diametro del cappello e spesso radicante, le colorazioni pileiche su toni grigi sensibilmente stinte al margine e una superficie del gambo che ha assunto

in alcune sue parti una tonalità nettamente aranciata. Così come CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN (2013), anche in considerazione dell'habitat mediterraneo (*Quercus ilex* e *Arbutus unedo*), riteniamo di escludere che la raccolta sia riconducibile a *T. sudum* e ipotizziamo possibile un'attinenza con la specie presentata in questo lavoro.

Indirizzi degli autori

MATTEO LAZZARI

Via Augusto Romagnoli 14 - 40137 Bologna (Italia).

E-mail: mlazzari.cs@gmail.com

MATTEO BEVILACQUA

Via del Trifoglio 25 - 00172 Roma (Italia).

E-mail: matteobevil02@gmail.com

LUCIANO MICHELIN

Via Ca' Bembo 37C - 30030 Maerne di Martellago - VE (Italia).

E-mail: lucianomichelin63@gmail.com

LIVIO LORENZON

Via Gravoni 79/B - 31030 Arcade - TV (Italia).

E-mail: spugnola68@gmail.com

ANDREA BATTISTUZZI

Via degli Alpini 22 - 31046 Oderzo - TV (Italia).

E-mail: abattistuzzi71@gmail.com

Ringraziamenti

Gli autori vogliono ringraziare gli amici Alfredo Vizzini, per i preziosi consigli ricevuti durante le fasi preliminari di questo lavoro, ed Enrico Bizio, per essersi adoperato per il conferimento dell'holotypus presso l'erbario del Museo di Storia Naturale di Venezia.

Bibliografia

- ALTSCHUL S.F., GISH W., MILLER W., MYERS E.W. & LIPMAN D.J. – 1990: Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology* 3 (5): 403-410. ([https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2))
- BASSO M.T. – 2005: *Manuale di microscopia dei funghi*. Libreria Mykoflora, Alassio: 302 pp.
- CARBONE M., BOCCARDO F. & CALLEDDA F. – 2020: *Tricholoma ligusticum*, una specie nuova dei querceti liguri. Neotipificazione e studio genetico di *Tricholoma quercetorum*. *Rivista di Micologia* 63 (3): 197-214.
- CHRISTENSEN M. & HEILMANN-CLAUSEN J. – 2013: *The genus Tricholoma. Fungi of Northern Europe*. 4. Svampetryk, Denmark: 228 pp.
- CUBETA M.A., ECHANDI E., ABERNETHY T. & VILGALYS R. – 1991: Characterization of anastomosis groups of binucleate *Rhizoctonia* species using restriction analysis of an amplified ribosomal RNA gene. *Phytopathology* 81 (11): 1395-1400.
- DING X.X., XU X., CUI Y.Y., KOST G., WANG P.M. & YANG Z.L. – 2023: A fifty-locus phylogenetic analysis provides deep insights into the phylogeny of *Tricholoma* (*Tricholomataceae*, *Agaricales*). *Persoonia* 50: 1-26. (<https://doi.org/10.3767/persoonia.2023.50.01>)
- EATON E., CAUDULLO G., OLIVEIRA S. & DE RIGO D. – 2016: *Quercus robur* and *Quercus petraea* in Europe: distribution, habitat, usage and threats. In: SAN-MIGUEL-AYANZ J., DE RIGO D., CAUDULLO G., HOUSTON DURRANT T. & MAURI A. (Eds.) *European Atlas of Forest Tree Species*. Publ. Off. EU, Luxembourg: 160-163.
- EDGAR R.C. – 2004a: MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research* 32 (5): 1792-1797: (<https://doi.org/10.1093/nar/gkh340>)
- EDGAR R.C. – 2004b: MUSCLE: a multiple sequence alignment method with reduced time and space complexity. *BMC Bioinformatics* 5: 113. (<https://doi.org/10.1186/1471>)

- EDLER D., KLEIN J., ANTONELLI A. & SILVESTRO D. – 2021: raxmlGUI 2.0: a graphical interface and toolkit for phylogenetic analyses using RAxML. *Methods in Ecology and Evolution* 12 (2): 373-377. (<https://doi.org/10.1111/2041-210X.13512>)
- FELSENSTEIN J. – 1985: Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39 (4): 783-791. (<https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1985.tb00420.x>)
- FRIES E.M. – 1818: *Observationes mycologicae*. 2. Copenhagen [Havnia]: 376 pp.
- GARDES M. & BRUNS T.D. – 1993: ITS primers with enhanced specificity for *Basidiomycetes* - application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology* 2 (2): 113-118. (<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1993.tb00005.x>)
- HEILMANN-CLAUSEN J., CHRISTENSEN M., FRØSLEV T.G. & KJØLLER R. – 2017: Taxonomy of *Tricholoma* in northern Europe based on ITS sequence data and morphological characters. *Persoonia* 38: 38-57. (<http://dx.doi.org/10.3767/003158517X693174>)
- HENRIOT P.A., CHEYPE J.-L. & ARD S. – 2025: Piximètre: la mesure de dimensions sur images. Version 6.1. [Software] (<http://www.piximetre.fr/>)
- HOUSTON DURRANT T., DE RIGO D. & CAUDULLO, G. – 2016: *Pinus sylvestris* in Europe: distribution, habitat, usage and threats. In: SAN-MIGUEL-AYANZ J., DE RIGO D., CAUDULLO G., HOUSTON DURRANT T. & MAURI A. (Eds.) *European Atlas of Forest Tree Species*. Publ. Off. EU, Luxembourg: 132-133.
- KUMAR S., STECHER G., SULESKI M., SANDERFORD M., SHARMA S. & TAMURA K. – 2024: MEGA12: Molecular Evolutionary Genetic Analysis version 12 for adaptive and green computing. *Molecular Biology and Evolution* 41 (12): msae263. (<https://doi.org/10.1093/molbev/msae263>)
- LANDRY J., LAMOUREUX Y. & LEBEUF R. – 2022: *Répertoire des Tricholomes du Québec*. Mycoquébec, Canada: 152 pp.
- LEBEUF R., LANDRY J., AMMIRATI J.F., ARONSEN A., CANTILLO T., CASTILLO R., CORAZON-GUIVIN M.A., DA SILVA G.A., DIRKS A.C., HEALY R.A., HOLZAPFEL Q.M., JAGERS M., KHALID A.N., LAMOUREUX Y., MADRID H., NASEER A., NUYTINCK J., OEHL F., PAUL A., SANTOS V.M., TAY LOR G., VALLEJOS-TAPULLIMA A., GORCZAK M., HAELEWATERS D. & KRISAI-GREILHUBER I. – 2023: Fungal Systematics and Evolution: FUSE 9. – *Sydowia* 75: 313-377. (<https://doi.org/10.12905/0380.sydowia75-2023-313>)
- MADDISON W.P. & MADDISON D.R. – 2025: Mesquite: a modular system for evolutionary analysis. Version 4.02. [Software] (<https://www.mesquiteproject.org>)
- MAO N., YANG J.-J., ZHANG Y.-X., LI T. & FAN L. – 2025: Species diversity of *Tricholoma* (Agaricales, *Tricholomataceae*) from Shanxi Province of northern China with the description of four new species. *MycKeys* 112: 59-80. (<https://doi.org/10.3897/mycokeys.112.132652>)
- MULLIS K. & FALOONA F.A. – 1987: Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Methods in Enzymology* 155: 335-350. ([https://doi.org/10.1016/0076-6879\(87\)55023-6](https://doi.org/10.1016/0076-6879(87)55023-6))
- MURRAY M.G. & THOMPSON W.F. – 1980: Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research* 8 (19): 4321-4325.
- NILSSON R.H., LARSSON K.-H., TAYLOR A.F.S., BENGTSSON-PALME J., JEPPESEN T.S., SCHIGEL D., KENNEDY P., PICARD K., GLÖCKNER F.O., TEDERSOO L., SAAR I., KÖLJALG U. & ABARENKOV K. – 2019: The UNITE database for molecular identification of fungi: handling dark taxa and parallel taxonomic classifications. *Nucleic Acids Research* 47 (D1): D259-D264 (<https://doi.org/10.1093/nar/gky1022>)
- NOORDELOOS M.E. & CHRISTENSEN M. – 1999: Genus *Tricholoma*. In Bas C., KUYPER T.W., NOORDELOOS M.E. & VELLINGA E.C. (Eds.) *Flora Agaricina Neerlandica*. 4. A.A. Balkema, Rotterdam: 107-148.
- RESCHKE K., POPA F., YANG Z.L. & KOST G. – 2018: Diversity and taxonomy of *Tricholoma* species from Yunnan, China, and notes on species from Europe and North America. *Mycologia* 110 (6): 1-29. (<https://doi.org/10.1080/00275514.2018.1512295>)
- RIVA A. – 1988: *Tricholoma* (Fr.) Staude. *Fungi Europaei*. 3, Libreria Giovanni Biella, Saronno: 618 pp.
- RIVA A. – 2003: *Tricholoma* (Fr.) Staude. *Supplemento*. *Fungi Europaei*. 3A, Edizioni Candusso, Alassio: 204 pp.
- RONQUIST F., TESLENKO M., VAN DER MARK P., AYRES D.L., DARLING A., HÖHNA S., LARGET B., LIU L., SUCHARD M.A. & HUELSENBECK J.P. – 2012: MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic Inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology* 61 (3): 539-542. (<https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029>)
- RUSSELL S.D. – 2022: Online forays for macrofungi: expediting the rate of documenting biodiversity. [Preprint] (<https://doi.org/10.1101/2022.05.24.493314>)

- SAYERS E.W., CAVANAUGH M., FRISSE L., PRUITT K.D., SCHNEIDER V.A., UNDERWOOD B.A., YANKIE L. & KARSCH-MIZRACHI I. – 2025: GenBank 2025 update. *Nucleic Acids Research* 53 (D1): D56-D61. (<https://doi.org/10.1093/nar/gkae1114>)
- STEVENSON G. – 1964: The *Agaricales* of New Zealand V. *Kew Bulletin* 19 (1): 1-59. (<https://doi.org/10.2307/4108283>)
- THIERS B.M. – 2026: Index Herbariorum. [accesso: 14 febbraio 2026]. (<https://sweetgum.nybg.org/science/ih/>)
- VILGALYS R. & HESTER M. – 1990: Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of Bacteriology* 172: 4238-4246. (<https://doi.org/10.1128/jb.172.8.4238-4246.1990>)
- WHITE T.J., BRUNS T.D., LEE S. & TAYLOR J.W. – 1990: Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS M.A., GELFAND D.H., SNINSKY J., WHITE T.J. (Eds.) *PCR protocols: a guide to methods and applications*. Academic Press: 315-322. (<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1>)