

TOMASO LEZZI, ANTONIO GENNARI, MARIO IANNOTTI
DESCRIZIONE DEL PRIMO RITROVAMENTO IN ITALIA
DI *XEROCOMUS CHRYSONEMUS*

Riassunto

La prima raccolta in Italia di *Xerocomus chrysonemus* viene descritta e illustrata con foto e disegni. Viene inoltre presentato un albero filogenetico del genere *Xerocomus* s. str. che include la sequenza del campione studiato. La versione in Inglese dell'articolo è disponibile sul sito AMER www.ameronlus.it.

Abstract

The first finding in Italy of *Xerocomus chrysonemus* is described and illustrated with photos and line drawings. A phylogenetic tree of the genus *Xerocomus* s. str. including an ITS sequence of the studied sample is also presented. The English version of the article is available on the AMER website www.ameronlus.it.

Keywords Basidiomycota, Boletales, Boletaceae, *Xerocomus*, *chrysonemus*, Molecular phylogeny, Umbria, Italy.

Introduzione

Ogni anno la CEMM (Confederazione Europea di Micologia Mediterranea) organizza un incontro micologico con l'obiettivo di approfondire la conoscenza delle cenosi fungine negli ambienti mediterranei di Italia, Francia, Portogallo e Spagna. Nel 2012 l'AME (Associazione Micologica di Gubbio) in collaborazione con le associazioni micologiche umbre locali ha ospitato in Italia le XX Giornate Micologiche della CEMM in aree di studio di particolare valore ambientale. Le giornate di studio si sono svolte a Gubbio (PG) dal 13 al 19 ottobre 2012. La ricerca sul campo è stata svolta principalmente in siti del vasto territorio circostante Gubbio, comprendente alcune aree del comune di Gualdo Tadino (PG) e un'area circoscritta della vicina regione Marche, in particolare il comune di Cagli (PU), nei pressi di Pianello. Le zone di ricerca sono caratterizzate da boschi fitti e diffusi e sono state selezionate in base alla diversa vegetazione dominante al fine di focalizzare l'attenzione sulle comunità fungine associate.

A partire dalle colline della fascia pedemontana, fino al limite superiore della faggeta, il territorio è in gran parte ricoperto da boschi periodicamente ceduati, con formazioni forestali costituite da Carpino nero (*Ostrya carpinifolia* Scop.), Orniello (*Fraxinus ornus* L.), Acero montano (*Acer pseudoplatanus* L.), e in misura minore, sui pendii più soleggiati, dalla Roverella (*Quercus pubescens* Willd.). Nelle valli sono presenti boschi dominati dal cerro (*Quercus cerris* L.). Le pianure submontane e montane dell'Appennino sono costituite prevalentemente da faggete (*Fagus sylvatica* L.), che a queste altitudini trovano condizioni pedoclimatiche favorevoli. Queste faggete si estendono su un dislivello compreso tra 600 e 1.000 m s.l.m., fino al limite della vegetazione arborea. Nell'area sono presenti anche praterie e pascoli che si possono suddividere in due categorie: quelle pedemontane e quelle montane, sopra il limite del bosco. Le prime sono essenzialmente il risultato della deforestazione di vaste aree per creare pascoli e terreni coltivabili, mentre le ultime rappresentano l'aspetto più tipico del paesaggio montano appenninico. Questi luoghi sono dominati dalle Graminacee, in particolare dalla Sesleria appenninica (*Sesleria tenuifolia* Schrad.) e ospitano anche rare specie floristiche. La ricerca nelle suddette aree si è rivelata fruttuosa in quanto durante le escursioni sono state censite 216 specie di funghi, tra cui alcuni molto interessanti dal punto di vista tassonomico ed ecologico.

Il ritrovamento documentato si riferisce a *Xerocomus chrysonemus* A.E. Hills & A.F.S. Taylor 2006, specie raccolta nel comune di Cagli (PU), presso Pianello, il 15 ottobre 2012, a 500 m s.l.m., in bosco misto di *Quercus cerris* e *Quercus pubescens*, con presenza di *Fagus sylvatica*, *Ostrya carpinifolia*, *Carpinus betulus*, *Prunus spinosa* L., *Crataegus monogyna* Jacq., *Rubus ulmifolius* Schott. e *Clematis vitalba* L.

Antonio Gennari, Direttore Scientifico e revisore ufficiale dell'evento, ha prontamente distinto alcuni caratteri della specie già sul campo, come il micelio giallo, che lo ha portato a studiare la raccolta con Tomaso Lezzi e Mario Iannotti, gli altri due autori del presente lavoro. A seguito degli studi preliminari, sono apparsi evidenti alcuni caratteri distintivi: il contesto giallo brillante alla base del gambo, l'assenza di qualsiasi viraggio dei tessuti, la presenza di un micelio basale da giallo a giallo brillante, l'associazione con le querce, oltre a particolari microscopici caratteristici come la dimensione delle spore e il loro rapporto Q.

Poiché la specie è di istituzione relativamente recente (TAYLOR ET AL. 2006) ed è finora nota solo per sporadici ritrovamenti nel Regno Unito (TAYLOR ET AL. 2006; TAYLOR ET AL. 2007; HILLS 2008; KIBBY 2011; AINSWORTH ET AL. 2013), Spagna (TAYLOR ET AL. 2007; MUÑOZ, 2008), Francia (DECONCHAT 2010; CHALANGE 2013), Ungheria (SILLER ET AL. 2013), Svezia (TAYLOR & EBERHARDT 2006; KNUDSEN & TAYLOR 2008 come " *X. chrysonema*") e Repubblica Ceca (JANDA ET AL. 2013, 2014; MIKŠÍK 2017), e non era stata ancora segnalata dall'Italia, abbiamo ritenuto opportuno verificarne l'identità anche effettuando un'analisi molecolare ITS, che ha confermato la correttezza della determinazione precedentemente ipotizzata sulla base dei caratteri macroscopici e microscopici.

Materiali e metodi

Morfologia

Lo studio è stato condotto su materiale fresco ed essiccato. Le immagini in habitat sono state scattate con fotocamere Nikon D80 e D300S, con obiettivi Nikkor Micro 60 mm. Per lo studio microscopico sono stati usati un Nikon Eclipse E400 con Moticam 580 e un Optika B-500Ti con fotocamera Optikam Pro 5, dotati di obiettivi plan-acromatici 10 ×, 20 ×, 40 ×, 60 × e 100 × a immersione d'olio. La descrizione macroscopica è stata fatta su materiale fresco, mentre i caratteri micromorfologici sono stati osservati da *exsiccatum*. H₂O, KOH e ammoniaca al 6% sono stati utilizzati per reidratare il materiale d'erbario, mentre il rosso Congo è stato utilizzato per colorare le cellule. Le dimensioni sporiali sono state rilevate con il programma Piximètre (HENRIOT & CHEYPE 2020) attraverso 80 misurazioni. Le dimensioni delle spore sono riportate come segue: (d0) d1-d9 (d10), dove i valori tra parentesi sono i valori eccezionali misurati, rispettivamente il decile d0 e il decile d10; mentre i decili d1 e d9 sono i limiti dell'intervallo che corrisponde all'80% delle misurazioni effettuate, esclusi i valori dal decile d0 al d1 e dal decile d9 al d10. Q è il rapporto tra lunghezza e larghezza, N è il numero di misurazioni effettuate, Media rappresenta i valori medi di lunghezza × larghezza e Qm è il rapporto medio tra lunghezza e larghezza.

Estrazione DNA, amplificazione e sequenziamento

L'estrazione, l'amplificazione e il sequenziamento del DNA sono stati eseguiti dal laboratorio di biologia molecolare Alvalab di Oviedo (Spagna). Il DNA totale è stato estratto da campioni essiccati utilizzando un protocollo modificato basato su MURRAY & THOMPSON (1980). Le reazioni PCR (MULLIS & FALOONA 1987) hanno incluso 35 cicli con una temperatura di annealing di 54 °C. L'amplificazione della regione ITS dell'rDNA è stata eseguita tramite i primer ITS1F e ITS4 (WHITE ET AL. 1990; GARDES & BRUNS 1993). I prodotti della PCR sono stati visualizzati su gel di agarosio all'1% e le amplificazioni PCR positive sono state sequenziate.

Analisi filogenetica

Il dataset è stato costruito utilizzando 23 sequenze scaricate da GenBank, oltre alla sequenza generata per il presente lavoro (TL121015-01). Come outgroup è stato scelto *Hemileccinum impolitum* (Fr.) Šutara. Le sequenze sono state selezionate sulla base dei risultati presenti in TAYLOR ET AL. (2007a), GELARDI ET AL. (2013) e GELARDI ET AL. (2014).

Le sequenze sono state visualizzate con il software MEGA X (KUMAR ET AL. 2018), allineate utilizzando l'algoritmo "Muscle" implementato nel programma, lasciando inalterati i parametri di base, ed editate per rimuovere gli estremi delle sequenze e per verificare eventuali errori di lettura dei cromatogrammi. È stato utilizzato il software RAxML GUI 8.2.12 (STAMATAKIS 2014) per costruire un albero filogenetico basato sulla massima verosimiglianza con l'algoritmo di ricerca standard e 1.000 repliche di bootstrap (FELSENSTEIN 1985) utilizzando il modello GTR+GAMMA. Il software MrBayes 3.2.7 (RONQUIST ET AL., 2012) è stato utilizzato per l'analisi filogenetica basata sull'Inferenza Bayesiana con il modello evolutivo GTR+G, con due analisi separate di quattro catene per 10.000.000 di generazioni ed un campionamento ogni 1.000 generazioni, fino al raggiungimento dei parametri di convergenza, scartando il 25% degli alberi campionati come burn-in. Il filogramma risultante (**Figura 7**) mostra i valori di MLB (Maximum Likelihood Bootstrap) con una soglia ≥ 75 in grassetto e i valori di BPP (Bayesian Posterior Probability) con una soglia $\geq 0,75$ in tondo.

TASSONOMIA

Xerocomus chrysonemus A.E. Hills & A.F.S. Taylor *Myc. Res.* 110 (3): 283, 2006 (Basionimo)

Etimologia

L'epiteto *Xerocomus* deriva dal Greco ξηρός (*xerós*) = asciutto, e κόμη (*kómh*) = capelli, per la superficie asciutta del pileo. L'epiteto *chrysonemus* deriva dal Greco χρυσός (*krysós*) = oro, e νῆμα (*nema*) = filamento, per il colore giallo del micelio.

Diagnosi originale

Xerocomus chrysonemus A.E. Hills & A.F.S. Taylor *sp. nov.*

Pileus 25–70 mm, flavus sinapis vel olivaceo-flavus, mutabilis. *Poris* e aureo-luteo mox leviter viridiflavus, postremo viridi-flavis, haud cyanescentibus. *Contextus* albidus vel pallido-citrinus, stipes basi aureus, immutabilis ubi scissus vel contusus. *Mycelium* profunde aureum vel flavum sinapis, color exsiccatorum similis. *Basidiosporae* (9-) 11.5 (-14.5) (4.5-) 5 (-7.0) μm , laeves, ellipsoideae vel latosubfusoidae, crassotunicatae.

Typus: UK: Hampshire: New Forest, Pig Bush, 13 Aug. 2003, S. Kelly (K(M) 123243 – holotypus).

Caratteri macroscopici (Figure 1-4)

Pileo 50-70 mm, convesso, poco carnoso, camoscio, bruno-rossastro soprattutto verso il bordo.

Pori ampi, angolosi, giallo oro, immutabili (**Figure 2, 4**).

Gambo bruno-rossastro, con reticolo a maglie allungate, di colore giallo brillante alla base, per la presenza di micelio giallo (**Figure 3**).

Contesto immutabile al taglio, giallo soprattutto alla base del gambo dove mostra un colore da giallo senape a giallo brillante (**Figure 1**).

Odore acido-fruttato, molto simile a quello di *Xerocomus subtomentosus*.

Caratteri microscopici (Figure 5-6)

Spore (8,4) 9,7-11,3 (11,5) \times (3,9) 4,1-5,0 (5,1) μm ; Q = (1,9) 2,1-2,5 (2,6); N = 80; Media = 10,3 \times 4,5 μm ; Qm = 2,3. (**Figure 5; 6B**).

Basidi clavati, prevalentemente tetrasporici, con sterigmi abbastanza allungati (**Figure 6C**).

Cheilocistidi fusiformi, a volte rostrati.

Pleurocistidi simili ai cheilocistidi.

Pileipellis formata da un tricotoderma di ife cilindriche, subparallele, con terminali arrotondati e privi di incrostazioni (**Figure 6A**).

GAF non osservati.

Habitat crescita su terreno, in bosco misto con prevalenza di *Quercus cerris* e *Quercus pubescens*, con presenza di esemplari sporadici di *Fagus sylvatica*, *Ostrya carpinifolia*, *Carpinus betulus*, *Prunus spinosa*, *Crataegus monogyna*, *Rubus ulmifolius* e *Clematis vitalba*.

Cenosi altre specie fungine presenti nello stesso habitat: *Amanita franchetii* (Boud.) Fayod, *Russula sororia* (Fr.) Romell e *Hygrophorus penarioides* Jacobsson & E. Larss.

Materiale studiato Italia. Umbria, comune di Cagli (PU), presso Pianello, 15 ott 2012, TL121015-01, conservato nell'erbario privato degli autori.

Note

Il genere *Xerocomus* Quél. ha subito negli ultimi anni un notevole sconvolgimento basato sull'indagine morfologica e sugli studi molecolari effettuati da BINDER & HIBBERT (2006); EBERHARDT & TAYLOR (2005); BAKKER & NOORDELOOS (2005) e ŠUTARA (2008). In particolare, diversi nuovi generi sono stati segregati da *Xerocomus* come delimitato tradizionalmente (vale a dire *Hemileccinum*, *Hortiboletus*, *Imleria*, *Pseudoboletus*, *Rheubarbariboletus*, *Xerocomus* s.str. e *Xerocomellus* s.str.), oppure alcune specie sono state trasferite a generi preesistenti (*Phylloporus* e *Aureoboletus*), vedi TAYLOR ET AL. (2006); ŠUTARA (2008); BINDER & HIBBERT (2006); KLOFAC (2010).

Phylloporus comprende l'unica specie europea *P. pelletieri* (Lév.) Quél., che è caratterizzata da un imenoforo ricco di anastomosi che è generalmente considerato una morfologia intermedia tra un imenoforo a lamelle e un imenoforo a pori. *P. pelletieri* mostra anche una reazione blu della superficie del pileo con l'ammoniaca e un mediostrato della trama imenoforale non chiaramente differenziato. Le ife degli strati laterali sono solo leggermente divergenti, piuttosto fitte e non gelatinizzate (LADURNER & SIMONINI 2003).



Fig. 1. *Xerocomus chrysonemus* (TL121015-01).

Foto di Tomaso Lezzi



Fig. 2. *X. chrysonemus* (TL121015-01). Pori e reticolo a maglie allungate sul gambo.
Foto di Tomaso Lezzi



Fig. 3. *X. chrysonemus* (TL121015-01). La base gialla del gambo.
Foto di Tomaso Lezzi

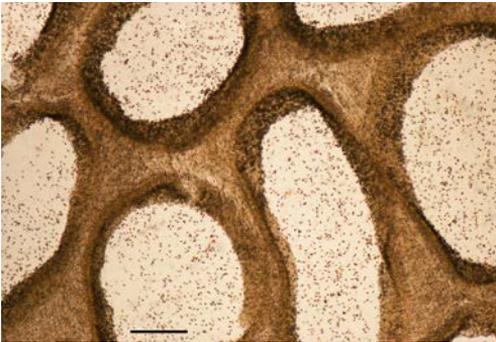


Fig. 4. *X. chrysonemus* (TL121015-01). Sezione pori in L4, a 40×.
Barra 500 µm. Foto di Tomaso Lezzi e Mario Iannotti

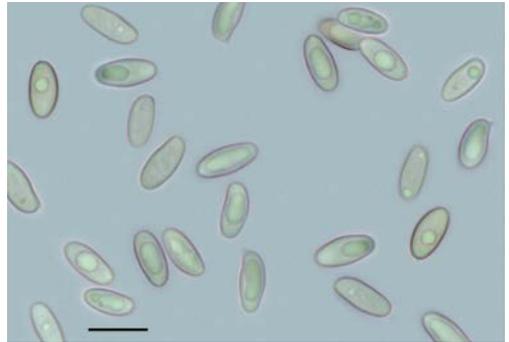


Fig. 5. *X. chrysonemus* (TL121015-01). Spore in L4, a 1000×.
Barra 10 µm. Foto di Tomaso Lezzi e Mario Iannotti

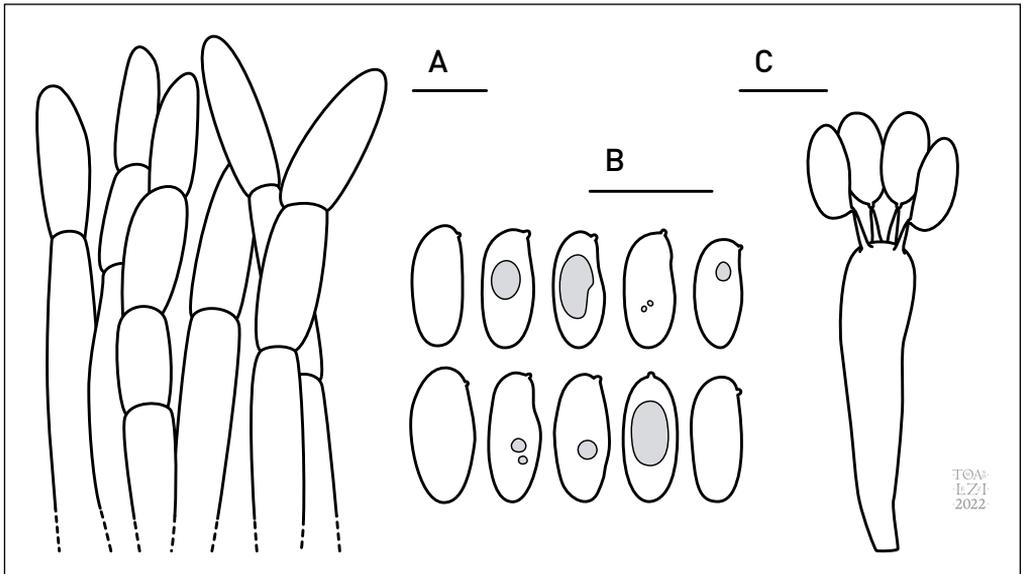


Fig. 6. *X. chrysonemus* (TL121015-01). A. Pileipellis; B. Spore; C. Basidio. Barre 10 µm.

Disegno di Tomaso Lezzi

Pseudoboletus include l'unica specie europea *P. parasiticus* (Bull.) Šutara; caratterizzata da crescita parassitica su *Scleroderma citrinum* Pers. : Pers.

Imleria include l'unica specie europea *I. badia* (Fr.) Vizzini; caratterizzata da cappello viscido con tempo umido.

Aureoboletus è rappresentato in Europa da due specie endemiche: *A. gentilis* (Quél.) Pouzar e *A. moravicus* (Vaček) Klofac oltre all'esotico *A. projectellus* (Murrill) Halling (non segnalato in Italia fino ad oggi). Le specie trovate in Italia sono caratterizzate dalle ife terminali della pileipellis prive di incrostazioni.

Hemileccinum include due specie europee: *H. depilatum* (Redeuilh) Šutara e *H. impolitum* (Fr.) Šutara. Questo genere è caratterizzato dall'odore di iodio alla base del gambo e dalle spore con superficie liscia.

Xerocomellus comprende nove specie europee: *X. chrysenderon* (Bull.) Šutara, *X. cisalpinus* (Simonini, H. Ladurner & Peintner) Klofac, *X. poederi* G. Moreno, Heykoop, Esteve-Rav., P. Alvarado & Traba, *X. porosporus* (Imler ex Watling) Šutara, *X. pruinatus* (Fr. & Hök) Šutara, *X. redeuilhii* A.F.S. Taylor, U. Eberh., Simonini, Gelardi & Vizzini, *X. ripariellus* (Redeuilh) Šutara, *X. sarnarii* Simonini, Vizzini & U. Eberh. e *X. fennicus* (Harmaja) Šutara, specie ancora mai trovata in Italia. Questo genere è caratterizzato da superficie del pileo che non si colora di verde-azzurro con ammoniaca, presenza di un tomento miceliare bianco che avvolge la base del gambo, ife terminali della pileipellis con incrostazioni e spore con superficie leggermente striata longitudinalmente o liscia, a volte tronche all'apice.

Rheubarbariboletus è rappresentato da due specie europee: *R. armeniacus* (Quél.) Vizzini, Simonini & Gelardi e *R. persicolor* (H. Engel, Klofac, H. Grünert & R. Grünert) Vizzini, Simonini & Gelardi. Questo genere è caratterizzato da superficie del pileo e dal contesto alla base del gambo che diventano blu, con FeSO₄ da verde scuro a nerastro, ife terminali della pileipellis con placche congofile e spore ellissoidali-fusiformi a parete liscia con Qm > 2,5.

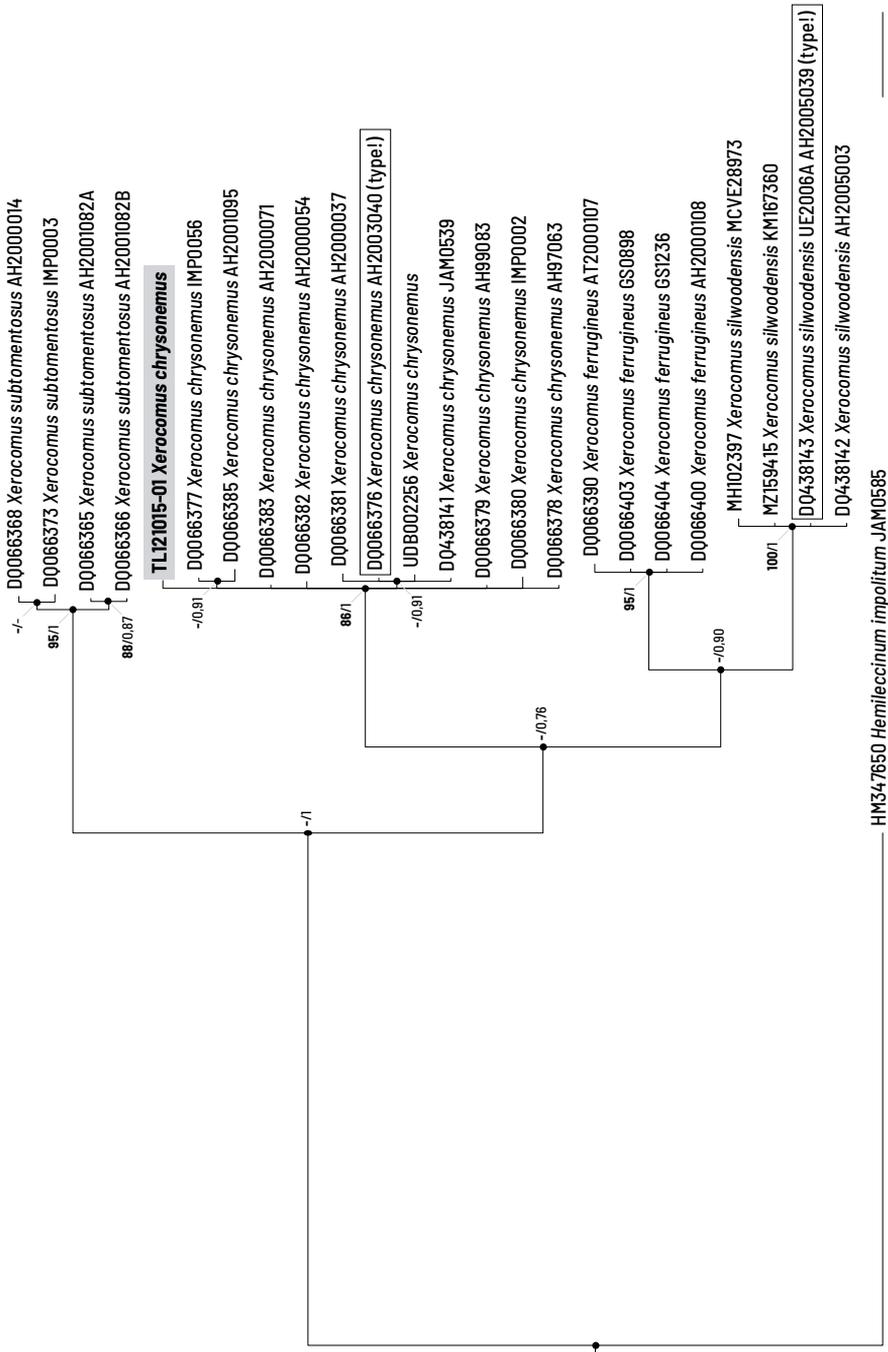
Hortiboletus comprende tre specie europee: *H. bubalinus* (Oolbekk. & Duin) L. Albert & Dima, *H. engelii* (Hlaváček) Biketova & Wasser e *H. rubellus* (Krombh.) Simonini, Vizzini & Gelardi. Questo genere è caratterizzato da una superficie pileica che non si colora di verde-azzurro con ammoniaca, presenza di minuscoli puntini arancioni alla base del gambo, ife terminali della pileipellis incrostate, spore ellissoidali-fusiformi a parete liscia, con Qm < 2,5.

Infine il genere *Xerocomus* s. str. comprende quattro specie europee: *X. chrysonemus* A.E. Hills & A.F.S. Taylor, *Xerocomus ferrugineus* (Schaeff.) Alessio, *X. subtomentosus* (L.) Quél. e *X. silwoodensis* A.E. Hills, U. Eberh. & A.F.S. Taylor. Il genere è caratterizzato da pileipellis a tricoderma, con cellule terminali prive di incrostazioni, spore bacillate al SEM e trama dell'imenoforo divergente bilaterale di "tipo *Phylloporus*" (REDEUILH, 1994; TAYLOR ET AL., 2001; TAYLOR ET AL., 2002, LADURNER & SIMONINI, 2003; GELARDI, 2011; SIMONINI ET AL., 2016).

Vengono riassunti in **Tabella 1** i principali caratteri differenziali delle quattro specie appartenenti al genere *Xerocomus* s. str.

Tab. 1. Caratteri comparativi delle quattro specie appartenenti al genere *Xerocomus* s. str.

SPECIE	COLORE CONTESTO	VIRAGGIO CONTESTO	MICELIO BASALE
<i>X. chrysonemus</i>	Giallo.	Immutabile, occasionalmente azzurro.	Giallo/Giallo oro.
<i>X. subtomentosus</i>	Giallastro, ma rosato nel terzo inferiore dello stipite.	Azzurro sui tubuli.	Bianco/Giallo chiaro.
<i>X. ferrugineus</i>	Bianco/Biancastro.	Da immutabile a lentamente e leggermente arrossante ovunque.	Giallo.
<i>X. silwoodensis</i>	Bianco/biancastro nel gambo, crema pallido nel pileo.	Giallo vivo nel pileo, da immutabile a leggermente arrossante nel gambo.	Da bianco a giallo chiaro.



0.05

Fig. 7. Filogramma ottenuto da sequenze ITS. *Hemileicium impolitum* è stato usato come outgroup. I valori **MLB** (Maximum Likelihood Bootstrap) ≥ 75 sono mostrati in grassetto, e i valori di BPP (Bayesian Posterior Probability) $\geq 0,75$ in tondo. La sequenza generata per il presente lavoro (TL121015-01) è evidenziata in grigio.

Nelle quattro specie appartenenti a *Xerocomus* s. str. il valore Q delle spore può essere utile per riconoscere *X. chrysonemus*, che ha spore più corte e larghe rispetto a quelle degli altri tre taxa. Ciò comporta un Q inferiore = 2,1-2,3 (TAYLOR ET AL. 2006).

I due filogrammi ottenuti utilizzando sia il metodo di Maximum Likelihood, che quello della Bayesian Posterior Probability, hanno prodotto topologie simili, pertanto nella **Figura 7** è mostrato solo quello basato sull'Inferenza Bayesiana. I valori di **MLB** (Maximum Likelihood Bootstrap) sono in grassetto, mentre i valori di BPP (Bayesian Posterior Probability) sono in tondo. I risultati ottenuti mostrano che la sequenza TL121015-01 è annidata in un clade insieme ad altre sequenze determinate come *Xerocomus chrysonemus*. Questo genere comprende attualmente solo altre tre specie europee: *X. subtomentosus*, *X. ferrugineus* e *X. silwoodensis* (TAYLOR ET AL. 2007; GELARDI 2011).

Per quanto ne sappiamo, questa è la prima segnalazione documentata e confermata dal punto di vista molecolare di *Xerocomus chrysonemus* in Italia. Riteniamo che questa specie sia più frequente di quanto si pensi generalmente, ma molto probabilmente è stata ignorata o determinata erroneamente in passato. Ci auguriamo che questo contributo si riveli utile per una corretta determinazione di future segnalazioni di *X. chrysonemus*.

Ringraziamenti

Si ringraziano Matteo Gelardi e Laura Nicoletti per i suggerimenti forniti.

Indirizzi degli autori

TOMASO LEZZI

Loc. Predio Forno Vecchio, 12 – I 01021 Torre Alfina (VT)

E-mail: tomaso@spyrograph.it

ANTONIO GENNARI

Via Bonamici, 10 – I 52100 Arezzo (AR)

E-mail: gennariant@gmail.com

MARIO IANNOTTI

Via Giovanni Verga, 4 – I 06024 Gubbio (PG)

E-mail: mario.ian64@gmail.com

References

- AINSWORTH A.M., SMITH J.H., BODDY L., DENTINGER B.T.M., JORDAN M., PARFITT D., ROGERS H.J. & SKEATES S.J. – 2013: Red List of Fungi for Great Britain: Boletaceae. A pilot conservation assessment based on national database records, fruit body morphology and DNA barcoding. *Species Status* 14, JNCC, Peterborough.
- BAKKER H.C. DEN & NOORDELOOS M.E. – 2005: A revision of European species of *Leccinum* Gray and notes on extralimital species. *Persoonia* 18: 511-587.
- BINDER M. & HIBBERT D.S. – 2006: Molecular systematic and biological diversification of Boletales. *Mycologia* 98 (6): 971-981.
- CHALANGE R. – 2011: Quelques espèces de Basidiomycètes peu communes récoltées en Île-de-France, *Bulletin de la Société Mycologique de France* 127 (3-4): 225-293.
- DECONCHAT C. – 2010: *Xerocomus chrysonemus* A.E. Hills & A.F.S. Taylor, *Association Mycologique de l'Indre* 17: 37-42.
- EBERHARDT U. & TAYLOR A.F.S. – 2005: Molecular systematics of boletoid fungi. In: Muñoz J.A., *Boletus s. l. Fungi Europaei* 2: 35-43.
- FELSENSTEIN J. – 1985: Confidence Limits on Phylogenies: An Approach Using the Bootstrap. *Evolution* 39(4): 783-791.
- GARDES M. & BRUNS T.D. – 1993: ITS primers with enhanced specificity for Basidiomycetes - application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology* 2: 113-118.
- GELARDI M. – 2011: A noteworthy British collection of *Xerocomus silwoodensis* and a comparative overview on the european species of *X. subtomentosus* complex. *Boll. AMER* 84, Anno XXVII, 2011 (3): 28-38.
- GELARDI M., SIMONINI G., ERCOLE E., VIZZINI A. – 2014: *Alessioporos* and *Pulchroboletus* (Boletaceae, Boletineae), two novel genera for *Xerocomus ichnusanus* and *X. rosealbidus* from the European Mediterranean basin: molecular and morphological evidence. *Mycologia* 106 (6): 1168-1187.

- GELARDI M., VIZZINI A., ERCOLE E., VOYRON S., SUN J.Z. & LIU, X.Z. – 2013: *Boletus sinopolverulentus*, a new species from Shaanxi Province (central China), and notes on *Boletus* and *Xerocomus*. *Sydowia* 65(1): 45-57.
- HENRIOT A. & CHEYPE J.-L. – 2020: *Piximètre V 5.10 R 1541. La mesure de dimensions sur images pour la statistique*.
- HILLS A.E. – 2008: The genus *Xerocomus*. A personal view, with a key to the British species. *Field Mycology* 9 (3): 77-96.
- JANDA V., KRÍŽ M. & REJSEK J. – 2013: First records of *Xerocomus chrysonemus* (Boletaceae) in the Czech Republic. *Czech Mycology* 65 (2): 157-169.
- JANDA V., KRÍŽ M. & REJSEK J. – 2014: Supplementary notes on *Xerocomus chrysonemus* (Boletaceae): bluing context and distribution in the Czech Republic. *Czech Mycology* 66 (2): 147-155.
- KIBBY G.G. – 2011: *British boletes with keys to species*, privately published by the author, London.
- KNUDSEN H. & TAYLOR A.F.S. – 2018: *Xerocomus* QuéL., In: KNUDSEN H. & VESTERHOLT J. (EDS): *Funga Nordica – Agaricoid, boletoid and cyphelloid genera*: 228-234.
- KLOFAC W. – 2010: The genus *Aureoboletus*, a world-wide survey. A contribution to a monographic treatment. *Österr. Z. Pilzk.* 19: 133-174.
- KUMAR S., STECHER G., LI M., KNYAZ C. & TAMURA K. – 2018: MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Mol. Biol. Evol.* 1;35(6): 1547-1549. doi: 10.1093/molbev/msy096
- LADURNER H. & SIMONINI G. – 2003: *Xerocomus* s. l. Fungi Europaei, Vol 8, Mykoflora.
- MIKŠÍK M. – 2017: *Hřibovité Houby Evropy*, Vydalo nakladatelství Svojtka & Co.
- MULLIS K. & FALOONA F.A. – 1987: Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Methods in Enzymology* 155: 335-350.
- MUÑOZ J.A., CADIÑANOS AGUIRRE J.A. & FIDALGO E. – 2008: Contribución al catálogo corológico del género *Xerocomus* en la Península Iberica. *Boletín Sociedad Micológica de Madrid* 32: 249-277.
- MURRAY M.G. & THOMPSON W.F. – 1980: Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research* 8(19): 4321-4325.
- NOORDELOOS M.E., DEN BAKKER H.C. & VAN DER LINDE S. – 2018: Order Boletales, In: NOORDELOOS M.E., KUYPER T.W., SOMHORST I. & VELLINGA S. (EDS): *Flora Agaricina Neerlandica* 7.
- REDEUILH G. – 1994: *La reazione ammoniacale nei Boleti del gruppo subtomentosus*. Atti delle 2° giornate C.E.M.M., Oliena: 35-44.
- 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.
- SILLER I., KUTSZEGI G., TAKÁCS K., VARGA T., MERÉNYI Z., TURCSÁNYI G., ÓDOR P. & DIMA B. – 2013: Sixty-one macrofungi species new to Hungary in Őrség National Park. *Mycosphere* 4 (5): 871-924. Doi: 10.5943/mycosphere/4/5/3.
- SIMONINI G., GELARDI M. & VIZZINI A. – 2016: *Xerocomellus redeuilhii* sp. nov. *RdM* 59 (2): 123-127.
- STAMATAKIS A. – 2014: RAxML Version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30(9): 1312-1313.
- ŠUTARA J. – 2008: *Xerocomus* s. l. in the light of the present state of knowledge. *Czech Mycol.* 60 (1): 29-62.
- TAYLOR A.F.S. & EBERHARDT U. – 2006: Släktet *Xerocomus* i sverige – The genus *Xerocomus* in Sweden. *Svensk Mykologisk Tidskrift* 27 (3): 35-48.
- TAYLOR A.F.S., HILLS A.E. & SIMONINI G. – 2002: A fresh look at European Xerocomoid fungi. *Field Mycol.* 3 (3): 89-102.
- TAYLOR A.F.S., HILLS A.E., SIMONINI G., BOTH E.E. & EBERHARDT U. – 2006: Detection of species within the *Xerocomus subtomentosus* complex in Europe using rDNA-ITS sequences. *Mycol. Res.* 110: 276-287.
- TAYLOR A.F.S., HILLS A.E., SIMONINI G., MUÑOZ J.A. & EBERHARDT U. – 2007: *Xerocomus silwoodensis* sp. nov., a new species within the European *X. subtomentosus* complex. *Mycol. Res.* 111: 403-408.
- TAYLOR A.F.S., JONSSON L., JONSSON M., ROSLING A., HILLS A.E. & SIMONINI G. – 2001: Species delineation within European species of *Xerocomus* using Internal Transcriber Spacer sequence data. *Micol. e Veget. Medit.* 16 (2): 171-192.
- 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, San Diego.