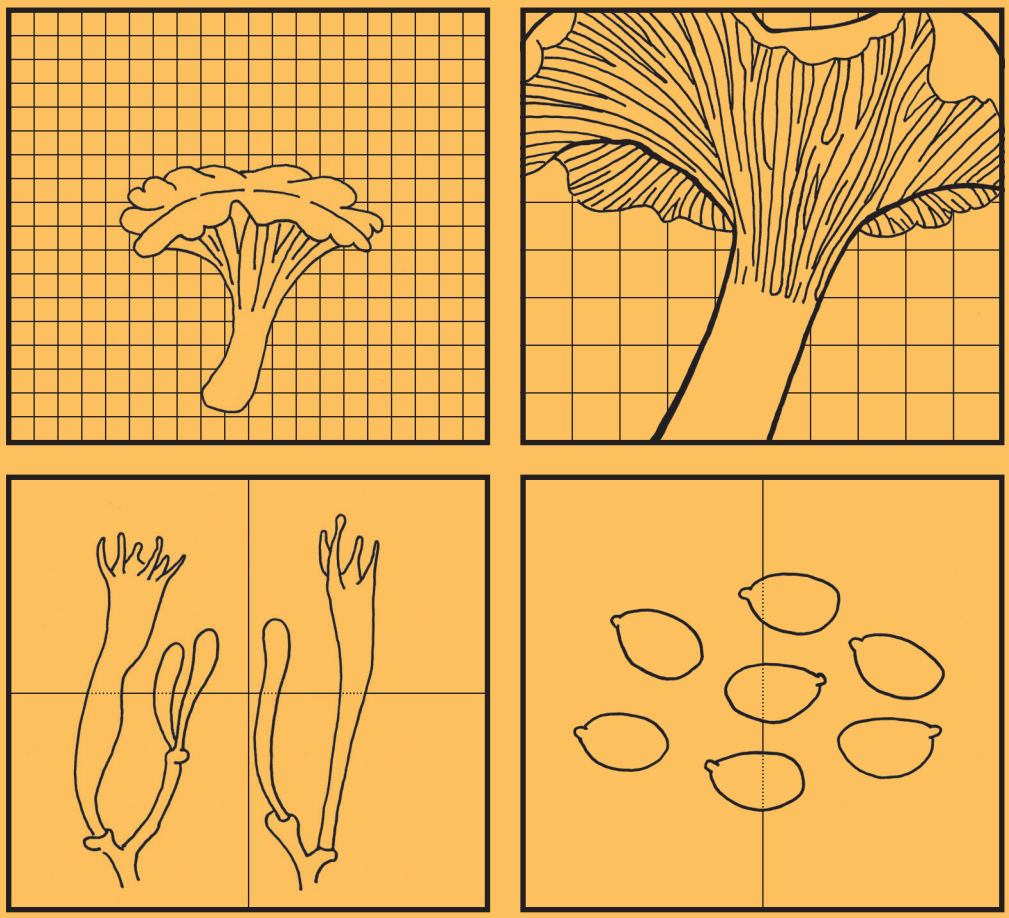
ISSN 2704-6206

RIVISTA MICOLOGICA ROMANA

Bollettino dell'Associazione Micologica Ecologica Romana

128



A.M.E.R. Associazione Micologica Ecologica Romana - APS, Via Tuscolana, 548 - 00181 Roma

RIVISTA MICOLOGICA ROMANA
BOLLETTINO dell'ASSOCIAZIONE MICOLOGICA ECOLOGICA ROMANA

128 – MAGGIO-AGOSTO 2026 (2) SOMMARIO / CONTENTS

Massimo Sanna, Alberto Mua, Mario Melis, Marco Casula, Ariadne N.M. Furtado, Andrea C. Rinaldi

Three new species of the genus *Pseudosperma* collected in Sardinia / Tre nuove specie del genere *Pseudosperma* raccolte in Sardegna 3
(pubblicato il 26 marzo 2026)

Matteo Lazzari, Matteo Bevilacqua, Luciano Michelin, Livio Lorenzon, Andrea Battistuzzi

***Tricholoma croceoflavescens*, una nuova specie della sezione *Rigida* / *Tricholoma croceoflavescens*, a new species of the *Rigida* section** 25
(pubblicato il 26 marzo 2026)

Alberto Mua, Massimo Sanna, Marco Casula, Mario Melis, Ariadne N.M. Furtado, Andrea C. Rinaldi

***Russula roseopicta*, a new species of *Russula* subsection *Maculatinae* associated with cork oak forests of Sardinia (Italy) / *Russula roseopicta*, una nuova specie di *Russula* sottosezione *Maculatinae* associata alle foreste di quercia da sughero della Sardegna (Italia)** 39
(pubblicato il 5 luglio 2026)

Rubrica Micologica ed Ecologica / Mycological and Ecological Section

Alcune *Polyporales* Gäum. / Some *Polyporales* Gäum. 53
Giovanni Segneri

Le piante erbacee spontanee sui marciapiedi della città / The spontaneous herbaceous plants on the sidewalks of the city 68
Giovanni Segneri

ERRATA CORRIGE 82

RIVISTA MICOLOGICA ROMANA

BOLLETTINO dell'ASSOCIAZIONE MICOLOGICA ECOLOGICA ROMANA

Anno XLII, n. 128, maggio-agosto 2026 (2)

Direttore responsabile

Luigi PERRONE

Redazione

Alessandro FRANCESCANGELI - Tomaso LEZZI - Luigi PERRONE - Giovanni SEGNERI - Alfredo VIZZINI

Direzione, Redazione ed Amministrazione, Via Tuscolana 548, 00181 Roma - Tel. e Fax 06-7802490

P. IVA 02120821000 - C.F. 80074620586 • e-mail: segreteria@ameronlus.it • http://www.ameronlus.it

Autorizzazione del Tribunale di Roma N. 97 per la versione on line del 22.05.2018

Periodico quadrimestrale

La pubblicazione della rivista viene effettuata solo in formato digitale e i numeri interi o i singoli articoli sono scaricabili gratuitamente dal sito dell'Associazione: https://www.ameronlus.it/ojs/index.php/rmr

La Rivista è proprietà dell'A.M.E.R. e la riproduzione parziale o totale degli articoli in essa contenuti sarà consentita solo previa autorizzazione. **Gli articoli sono sottoposti a *peer-review***.

I singoli articoli che compongono il numero in uscita avranno una data di pubblicazione propria che precede o coincide con quella della pubblicazione finale del fascicolo che li raccoglie.

Per quanto riguarda i numeri arretrati sotto forma cartacea sarà richiesto un contributo, oltre alle spese postali, che varierà a seconda della quantità dei numeri richiesti. Il pagamento può essere effettuato tramite il seguente bonifico bancario, intestato a A.M.E.R. APS, Via Tuscolana 548, 00181 Roma, presso:

Credit Agricole Italia S.p.a., Viale Regina Margherita, 188 - Roma - Codice IBAN: IT 88 V 06230 03201 000 064 338 746 (dall'Italia) - BIC/SWIFT: CRPPIT2PXXX (dall'estero).

ASSOCIAZIONE MICOLOGICA ED ECOLOGICA ROMANA - A.M.E.R. APS

Associazione dotata di personalità giuridica

Presidente

Aldo GURRIERI

Segretario Generale

Leonardo GIULIANI

Tesoriere

Luciano DEL MASTRO

Consiglio Direttivo

Marialuisa ACETO - Alessandro BUDRONI - Fabio DE STEFANI - Luciano DEL MASTRO - Gaetano FANELLI
Alessandro FRANCESCANGELI - Umberto FRANCESCANGELI - Leonardo GIULIANI -
Aldo GURRIERI - Massimo NAPOLI - Giovanni SEGNERI

Garante

Vincenzo ALFANO

RMR Boll. AMER n. 128, Anno XLII, 2026 (2): 3-24
https://doi.org/10.57624/AMER.2026.5

MASSIMO SANNA, ALBERTO MUA, MARIO MELIS, MARCO CASULA,
ARIADNE N.M. FURTADO, ANDREA C. RINALDI

THREE NEW SPECIES OF THE GENUS *PSEUDOSPERMA* COLLECTED IN SARDINIA

Abstract

Three new species from Sardinia (Italy), Pseudosperma dominariense, P. coloniense and P. flagellatum, are described in detail, along with colour photographs of their macro and microscopic characters and a comparative study of their closest allies. Additionally, a phylogenetic tree comprising newly discovered species and additional Pseudosperma species from the GenBank (NCBI) and Unite database is also provided.

Riassunto

Tre nuove specie provenienti dalla Sardegna (Italia), Pseudosperma dominariense, P. coloniense e P. flagellatum, sono descritte in dettaglio, corredate da fotografie a colori che ne illustrano le caratteristiche macro e microscopiche e da uno studio comparativo delle specie più affini. Viene inoltre fornito un albero filogenetico comprendente le specie di nuova scoperta e ulteriori specie di Pseudosperma provenienti dai database GenBank (NCBI) e Unite.

Key words *Agaricomycetes*, *Inocybaceae*, Phylogeny, Taxonomy.

Introduction

Phylogenetic studies initiated several years ago, which led to the dismantling of the polyphyletic genus *Inocybe* (Fr.) Fr. of classical taxonomy, have demonstrated that also its Sect. *Rimosae* is polyphyletic (Matheny 2009), its species being found in two different distinct clades: the first clade, called "*Pseudosperma*" (Matheny 2005; Kropp *et al.* 2013), comprises the species belonging to Sect. *Rimosae* s.s. whereas the second clade, called "*Inosperma*", comprises two subclades in the first of which are placed the species close to *Inocybe maculata* Boud. (clade "*Maculata*") and in the second those of Sect. *Cervicolores* Sing. (clade "*Cervicolores*") of the same genus (Larsson *et al.* 2009; Matheny 2009); therefore, ultimately, the clades "*Pseudosperma*" and "*Inosperma*" comprised the species belonging to the sections *Rimosae* and *Cervicolores* of the old taxonomy (Kuyper 1986; Stangl 1989).

In the work of Matheny *et al.* (2020) the two clades "*Maculata*" and "*Cervicolores*" were included within a new genus called *Inosperma* (Kühner) Matheny & Esteve-Rav., morphologically characterised by ectomycorrhizal species with spores often phaseoliform, basidia hyaline or with necropigment, cheilocystidia sometimes with cyanophilous content, pleurocystidia absent, stipe base sometimes bulbous, context often reddening and odour sometimes characteristic.

Numerous new taxa of genus *Pseudosperma* Matheny & Esteve-Rav. have been described in recent years in Europe in the works of Jacobsson & Larsson (2009), Carteret & Remaux (2015), Cervini *et al.* (2020), Cervini (2022), Bandini & Oertel (2020), Bandini *et al.* (2021, 2022, 2023, 2024), Sanna *et al.* (2024), Dong *et al.* (2025), Kleine *et al.* (2025).

Pseudosperma Matheny & Esteve-Rav. [= *Inocybe* Sect. *Rimosae* (Fr.) Quél. p.p.] is a genus which comprises overall a total of 133 among species and infraspecific levels worldwide, which can be found in different European ecosystems, according to what is reported on the website Index Fungorum [www.indexfungorum.org/names/names.asp (access carried out on 16 January 2026)]. This genus comprises ectomycorrhizal species with cheilocystidia derived from modified basidia, basidia hyaline and devoid of necropigments, by the absence of pleurocystidia, pileus

fibrillose, often rimose, rarely squamulose, stipe with apex distinctly pruinose, furfuraceous or sometimes floccose, stipe base generally uniform, context not changing colour on rubbing, odour often spermatic, of green maize or honey, occasionally absent, spores from ellipsoidal to indistinctly phaseoliform (Matheny *et al.* 2020).

The mycorrhizal biology of the genus *Pseudosperma* is little known beyond those which have been the observations made in the field. However the wide range of habitats in which the species of this genus thrive, such as boreal forests of conifers and broadleaves, coastal dunes and riverbanks (Cervini *et al.* 2020; Bandini & Oertel 2020; Saba *et al.* 2020; Bandini *et al.* 2021, 2022; Mao *et al.* 2022), suggests that they may establish ectomycorrhizal symbioses with a wide variety of host plants (Matheny *et al.* 2020). Some species of *Pseudosperma* seem to be specialised, that is engaged in symbiosis with a single host plant or a group of closely related plants (Bandini & Oertel 2020; Yu *et al.* 2020), but it is presumable that generalist species also exist. Furthermore, as observed by Bandini & Oertel (2020), the geographical distribution of most species is little known, leaving ample possibilities to explore the flexibility of this genus.

Over several years the Authors have carried out numerous excursions in different habitats of Sardinia with the aim of studying its fungal species. During these excursions collections of basidiomata were made which the same authors, basing themselves exclusively on macro and micromorphological characters, were not able to classify among the known species of the genus *Pseudosperma*.

In the light of this, it was necessary to carry out in-depth bibliographical research at both European and worldwide level in order to attempt to identify the collected species which are the subject of this study.

In this work *Pseudosperma dominariense*, *P. coloniense* and *P. flagellatum* are proposed as new species on the basis of a detailed morphological examination and molecular phylogenetic analyses, furthermore the main morphological and ecological characters which distinguish them from closely related species will be discussed and we will analyse their evolutionary relationships with the use of a multilocus phylogeny. The internal transcribed spacer (internal transcribed spacer, nrITS) and the large nuclear ribosomal subunit (large nuclear ribosomal subunit, nrLSU) of DNA were sequenced from dried basidiomata.

MATERIALS AND METHODS

Macroscopic and microscopic examination

The study was carried out both on fresh material and on exsiccata of collections of basidiomata found in Sardinia (Italy) and photographed in the field with Canon 450D and Canon 1100D digital cameras.

The preparations were observed with Optika B-383 PLi and Motic BA 400 trinocular microscopes equipped with integrated digital video camera of the same brand for the capture of microscopic images and with Optech B4 binocular microscope without video camera whose microscopic images were acquired with Nikon Coolpix SQ Optec digital camera.

The description of macromorphological characters was carried out on fresh specimens whereas the study of micromorphological characters was carried out on exsiccata using 2% anionic Congo Red and 6% NH_4OH for the preparation of the slides. The exsiccata were previously rehydrated with 5% KOH or with distilled H_2O. The cuticle was observed both in water and in 2% anionic Congo Red.

Spore measurements are the result of a number equal to or greater than 32 measurements obtained from spore deposit, according to what is recommended by Parmasto & Parmasto (1987); spore measurement was carried out on spores belonging to different specimens of the collection.

The data relating to basidiospore dimensions is expressed as (minimum-) mean minus standard deviation – mean – mean plus standard deviation (–maximum) of length × (minimum–) mean minus standard deviation – mean – mean plus standard deviation (–maximum) of width. Qm (= Mean Quotient) is given by the arithmetic mean of the quotients of the single spores; the quotient of a spore (Q) is the ratio length/width. From spore measurements the apiculus was excluded; from basidia measurements the sterigmata were excluded. The data relating to basidia and cystidia dimensions is expressed as (minimum–) mean minus standard deviation – mean plus standard deviation (–maximum); sometimes the value of the mean is also present, which is underlined.

For the description of morphological characters the work of Kuyper (1986) was used, whereas the colour code of Ridgway (1912) was used for their definition.

The studied collections were deposited in the Herbaria of the Department of Life and Environmental Sciences, sect. Botany, of the University of Cagliari (CAG) in Italy and that of the University of Alcalá, Alcalá de Henares in Spain (AH). Duplicates of the collections are found in the private herbaria of Alberto Mua (M, Quartu Sant'Elena, Italy) and Massimo Sanna (MS, Cagliari, Italy).

Laboratory procedures and phylogenetic inference

Total DNA was extracted, amplified and sequenced by the companies Alvalab (Oviedo, Spain) and Molecular Solutions LLC (Portland, Oregon, USA) according to their standardised methodologies.

The methodology used by the company Alvalab was that of extraction of total DNA from dried samples according to the standard method using cetyltrimethylammonium bromide (CTAB) (Murray & Thompson 1980). The nuclear ribosomal internal transcribed spacer (nrITS) of rnDNA was amplified and sequenced using the primers ITS-1F, ITS4 and ITS-4B (White *et al.* 1990; Gardes & Bruns 1993). The nuclear large ribosomal region 28S (nrLSU) of rnDNA, instead, was amplified and sequenced using the pair of primers LR0R/LR5 (Vilgalys & Hester 1990; Cubeta *et al.* 1991). The products obtained from PCR were run on a 1% agarose gel. The chromatograms were checked to detect possible reading errors which were then appropriately corrected manually. Further details on laboratory procedures, including PCR conditions, electrophoresis and purification, are available in Alvarado e *et al.* (2010, 2021).

Instead, the methodology used by the company Molecular Solutions LLC was that of extracting total DNA from fungal tissue by heating with a Chelex extraction buffer (100 mM Tris with a pH of 8.5, 4% Chelex 100 and 1% Triton X-100) at 99 °C for 20 minutes, then freezing. After thawing, the resulting supernatant was used in PCR. PCR was performed in 25 mL reactions with 1 μL of nrDNA extract, 0.4 mM of each primer, 0.2 mM of the dNTP mixture, 5 μg of bovine serum albumin and 0.5 U of OneTaq Hot Start DNA polymerase (New England Biolabs, Ipswich, MA, USA) in standard OneTaq 1X buffer. PCR conditions were the following: 94 °C for 30 s, followed by 36 cycles of 94 °C for 15 s, 57 °C for 30 s and 68 °C for 60 s, followed by a final extension at 68 °C for 5 min. The primers ITS-1F (Garden & Bruns 1993) and ITS4 (White *et al.* 1990) were used to amplify the ITS1-5.8S-ITS2 region (nrITS). Sequencing was carried out at Eurofins Genomics (Louisville, KY, USA) using the same primers used for PCR. The forward and reverse reads were aligned using the software Geneious 10.2.4 and resolved manually, when necessary.

The nucleotide sequences obtained in this study were initially compared, using the BLASTn algorithm (Altschul *et al.* 1990) of the website National Center for Biotechnology Information (NCBI), with the sequences present in this database to verify both contamination of the PCR product and to obtain a preliminary taxonomic circumscription at genus level of our samples within the family *Inocybaceae*, then optimising the search of sequences with higher similarity

(MEGABLAST). Subsequently two nucleotide sequence datasets (nrITS and nrLSU) were assembled comparing those available in recent phylogenetic studies on the genus *Pseudosperma* retrieved from the NCBI and *Unite* databases. The final nrITS and nrLSU datasets contained respectively 40 and 13 sequences, including nrITS and nrLSU sequences of *Inocybe oblectabilis* (Britzelm.) Sacc, species used as outgroup. The phylogenetic tree was obtained by creating the Fasta files of the respective datasets containing the nrITS nucleotide sequences and those nrLSU retrieved from the NCBI database, then proceeding to multiple sequence alignment for each marker through the MUSCLE algorithm (Edgar 2004) of the software MEGA X (Kumar *et al.* 2018), correcting them manually, following visual inspection and exploratory analysis of the alignment in order to identify taxa with missing data and anomalous divergence patterns, then trimming the ends of the longer sequences in the nrITS alignment which included part of the ribosomal subunits 18S–28S in order to reduce the risks of "noise" in the phylogenetic signal, finally generating a Nexus file as final product of the alignment itself of each analysed dataset. The software MESQUITE version 4.02 (Maddison *et al.* 2025) was used to perform the concatenation of the datasets of the two markers nrITS and nrLSU then exporting the taxa block produced by the analysis in Phylip and Nexus for Mr. Bayes formats. The concatenated Phylip file was then processed with the program RAxMLGUI 2.0 (Edler *et al.* 2020) to estimate a multi-locus phylogeny according to the Maximum Likelihood model: the RAxML analysis was conducted using the substitution model GTR+GAMMA for the two delimited partitions (nrITS1+5.8S+nrITS2, nrLSU), 1000 rapid bootstrap pseudoreplications (Rapid Bootstrapping) were implemented to evaluate nodal support, therefore we assumed bootstrap values ≥ 70% as significant for conflicting relationships among the same set of taxa (Mason-Gamer & Kellogg 1996). Subsequently, we inferred an additional phylogeny in a Bayesian context with the program MrBayes version 3.2.7 (Ronquist *et al.* 2012) using the concatenated Nexus for Mr Bayes file, which was processed for the calculation of Bayesian Inference. The settings given for the calculation of Bayesian Inference were: 1×10^7 generations, sampling frequency 1000, value of 0.25 for the burn-in setting (therefore the first 25% of the data was discarded as burn-in and the consensus tree based on the 50% majority rule and the corresponding posterior probabilities were calculated from the remaining trees), substitution model GTR+I+Γ (rate heterogeneity modelled by a gamma distribution with a proportion of invariant sites) and nchain = 4. The nodes of the tree which showed bootstrap support values (BS) equal to or greater than 70% (RAxML analysis) and Bayesian posterior probabilities (PP) equal to or greater than 0.95 (MrBayes analysis) were considered significantly supported. The phylogenetic trees thus obtained were visualised and processed with the program TreeGraph2 v. 2.15.0-887 (Stöver & Müller 2010).

As outgroup the sequence of the collection of *Inocybe oblectabilis* (Britzelm.) Sacc. JV32005 deposited in GenBank with accession number ON754370 was chosen.

RESULTS

Dataset of molecular sequences

Four nrITS sequences and four nrLSU sequences were generated de novo from the Sardinian collections of the new species presented in this work (**Tab. 1**).

The final nrITS alignment of 40 sequences was 2239 bp long whereas the nrLSU alignment comprised 13 sequences and was 1442 bp long.

The concatenated multi-locus dataset (nrITS1+5.8S+nrITS2, nrLSU) used for the inference of ML and Bayesian phylogenies, composed of 40 sequences, had a total number of 3681 bp, including 638 variable sites of which 299 singleton sites

Table 1. List of the species included in the phylogenetic analysis. The data of the examined collections are provided (species, herbarium number, country, GenBank or UNITE number for the loci nrITS and nrLSU). The sequences in bold were obtained during this study.

Species	Orginal specimen identification	Voucher/Strain	Country	ITS Accession Number"	LSU Accession Number"
Inocybe oblectabilis	*Inocybe oblectabilis*	JV32005	Italy	ON754370	ON754370
Pseudosperma bulbosissimum	*Inocybe bulbosissima*	EL30_06	Sweden	FJ904158	FJ904158
Pseudosperma bulbosissimum	*Inocybe bulbosissima*	EL6605	Norway	AM882765	AM882765
Pseudosperma calciphilum	*Pseudosperma calciphilum*	CAG B/5.8.1 holotype	Italy	ON799406	OQ341419
Pseudosperma calciphilum	*Pseudosperma calciphilum*	CAG 5/3.63	Italy	ON799411	OQ341322
Pseudosperma californicum	*Pseudosperma californicum*	NY:NY 814859 holotype	USA	OP162981	OP162981
Pseudosperma citrinostipes	*Pseudosperma citrinostipes*	FHMU3150 holotype	China	MT072898	–
***Pseudosperma coloniense* sp. nov.**	***Pseudosperma coloniense***	**CAG B/5.8.3 holotype**	**Italy**	**PX607989**	**PX607990**
***Pseudosperma coloniense* sp. nov.**	***Pseudosperma coloniense***	**GP09M**	**Italy**	**PX607986**	**PX607991**
***Pseudosperma coloniense* sp. nov.**	***Inocybe fastigiata***	**AH49047**	**Spain**	**PZ019234**	**PZ017934**
***Pseudosperma coloniense* sp. nov.**	***Inocybe rimosa***	**AH00628**	**Spain**	**PZ017929**	**PZ017932**
Pseudosperma conviviale	*Pseudosperma conviviale*	AMB 18243 holotype	Italy	MT095091	MT095115
Pseudosperma conviviale	*Inocybe* sp.	TUF120558	Estonia	UDB032063 (U)	–
***Pseudosperma dominariense* sp. nov.**	***Pseudosperma dominariense***	**CAG B/5.8.4 holotype**	**Italy**	**PX607992**	**PX607993**
Pseudosperma dulcamaroides	*Inocybe dulcamaroides*	EL112_06	Sweden	FJ904126	FJ904126
***Pseudosperma flagellatum* sp. nov.**	***Pseudosperma flagellatum***	**CAG B/5.8.5 holotype**	**Italy**	**PX607994**	**PX607995**
Pseudosperma flavorimosum	*Pseudosperma favorimosum*	LAH:35042 holotype	Pakistan	NR169927	–
Pseudosperma gemellum	*Pseudosperma* sp. JMB- 2022a	XC2002-81 isotype	France	ON129689	–
Pseudosperma gilvum	*Pseudosperma* sp. NM- 2022c	BJTC FM 1941 holotype	China	OM801910	–
Pseudosperma guttuliferum	*Pseudosperma guttiliferum*	21581	Italy	JF908233	–
Pseudosperma guttuliferum	*Pseudosperma guttuliferum*	373	Italy	JF908100	–

Species	Orginal specimen identification	Voucher/Strain	Country	ITS Accession Number"	LSU Accession Number"
Pseudosperma melleum	*Pseudosperma melleum*	MCVE:30145 holotype	Italy	NR_171959	MT095114
Pseudosperma melliolens	*Inocybe melliolens*	G00110921 holotype	France	MN901255	–
Pseudosperma napaeanum	*Pseudosperma* sp. BO- 2020c	SMNS-STU-F-0901463 holotype	Germany	MW010040	–
Pseudosperma obsoletum	*Pseudosperma obsoletum*	Strain PBM2332	USA	jQ408766	JQ319697
Pseudosperma obsoletum	*Inocybe obsoleta*	EL1704	Sweden	AM882769	AM882769
Pseudosperma permelliolens	*Pseudosperma permelliolens*	XC2000-20 isotype	France	ON129680	–
Pseudosperma permelliolens	*Pseudosperma permelliolens*	XC2006-05	France	ON129682	–
Pseudosperma ponderosum	*Pseudosperma ponderosum*	MCVE:30144 holotype	Italy	MT095092	MT095116
Pseudosperma rimosum	*Inocybe rimosa*	PAM03110904	France	FJ904144	FJ904144
Pseudosperma rimosum	*Inocybe rimosa*	EL7505	Sweden	AM882762	AM882762
Pseudosperma rimosum	*Pseudosperma rimosum*	"STU:SMNS-STU-F-0901777 ITS variant b epitype"	Germany	OQ324791	OQ324791
Pseudosperma rimosum	*Pseudosperma rimosum*	"STU:SMNS-STU-F-0901777 ITS variant a Epitype"	Germany	OQ324790	OQ324790
Pseudosperma sp.	*Pseudosperma* sp.	mushroomobserver.org/482695	USA	ON866523	–
Pseudosperma sp.	*Inocybe rimosa*	AH30688	Spain	PZ017935	–
Pseudosperma subvolvatum	*Inocybe* sp.	S448	Estonia	UDB0103230	–
Pseudosperma subvolvatum	*Pseudosperma* sp.	FQ05 M	Italy	OQ433946	–
Pseudosperma subvolvatum	*Pseudosperma* sp.	CAG B/5.8.2 holotype	Italy	OR248647	OR248673
Pseudosperma umbrinellum	*Inocybe umbrinella*	F14488TypeS holotype	"Submitted University of Gothenburg-SWEDEN Collected ITALY"	HM209796	–
Pseudosperma umbrinellum	*Pseudosperma umbrinellum*	4375	Italy	JF908116	–

Phylogenetic inference

The multi-locus phylogeny produced with RAxML had a Final ML Optimization Likelihood (Final Log-Likelihood) value equal to -10910.434881, whereas the Bayesian analysis produced with MrBayes reached an Average Standard Deviation of Split Frequencies (Average Standard Deviation of Split Frequencies- avgstddev) of 0.005 after 1.245×10^6 generations: the final avgstddev value turned out to be 0.00224, meaning an excellent convergence between the chains. The estimated mean sizes of independent samples (Effective Sample Size - EES) were > 200 for all parameters, with actual values that were generally > 500. Therefore, summarising, the convergence of the MCMC chains was evaluated by means of the Average Standard Deviation of Split Frequencies (<0.01) and the Effective Sample Size, which turned out to be > 200 for all parameters, with values generally > 500 thus demonstrating the reliability of the analysis carried out. Since the phylogenies obtained did not show supported conflicts, the topology inferred according to a Bayesian framework is presented in **Fig. 1**.

The nrITS and nrLSU sequences of the typus of the new species were also compared with some sequences of *Pseudosperma* not yet published whose collections were deposited as *Pseudosperma rimosum* (Bull.) Matheny & Esteve-Rav. and "*Inocybe fastigiata*" (Schaeff.) Quél., kindly shared by Prof. Dr. Fernando Esteve-Raventós, and having herbarium codes AH49047, AH00628 and AH30688; AH is the acronym of the herbarium of the University of Alcalá de Henares (Spain). These collections will be referred to in this study as *Pseudosperma* sp. followed by their herbarium deposit number; their comparison with the three new species presented in the work showed genetic distances in nrITS comprised in the range 0 ÷ 8.2%.

Pseudosperma dominariense forms a well-defined and supported monophyletic clade (BS = 86; PP = 0.96), clearly separated from the collections of the related species *P. subvolvatum* M. Sanna, Mua, Porcu, Marco Casula & A.C. Rinaldi which form a monophyletic clade with supports BS = 67 and PP = 0.95. The stability of the clade supports a consistent phylogenetic isolation, not referable to simple intraspecific variation. The nrITS genetic distance of *P. dominariense* with that of the closest species deposited in the NCBI dataset falls within the range 3.4 ÷ 3.5%, whereas that between the collections of *Pseudosperma sp.* AH00628, AH30688 and AH49047 varies between 8 and 8.2%.

Pseudosperma flagellatum also forms a monophyletic clade pairing with a collection of *Pseudosperma* sp. AH30688 and not nesting within the clade formed by *P. umbrinellum* (Bres.) Matheny & Esteve-Raventós, *P. guttuliferum* (Kühn.) Matheny & Esteve-Raventós and *P. napaeanum* Bandini & B. Oertel, therefore behaving as an isolated lineage where also the node of the two clades is not strongly but moderately supported (BS = 54; PP = 0.86); the node of the complex "*P. umbrinellim-guttuliferum-napaeanum*" turns out to be strongly supported (BS = 80; PP = 1) showing it to be formed by a group of species very cohesive among themselves. The clade "*P. flagellatum – P.* sp. AH30688", instead, possesses a moderate bootstrap support (BS = 62) but coherent, whereas its posterior probability is high (PP = 0.96) therefore *Pseudosperma* sp. (AH30688) results sister of *P. flagellatum* but whose relationships need further investigations with other future collections. The nrITS genetic distance of *P. flagellatum* with that of the closest species retrieved in the NCBI dataset is comprised in the range 2.7-3.7%, whereas that with *Pseudosperma* sp. AH30688 is 3.1%, with 20 mismatches and 17 gaps, whereas it results to be 3.9% with the collections of *Pseudosperma* sp. AH00628 and AH49047.

Finally, *Pseudosperma coloniense* forms a strongly supported clade (BS = 100; PP = 1) with the collections of *Pseudosperma* sp. AH49047 and AH00628. The monophyletic clade formed by the collections of *P. coloniense* has support BS = 96 and PP = 0.86 which means high topological stability and a probable attempt of recent divergence with respect to the sister taxa. The nrITS genetic distance of *P. coloniense* with the closest species deposited in the NCBI database is comprised in the range 3.9 ÷ 4.3%, whereas that with the collections of *Pseudosperma* sp. AH00628 and AH49047 is 0% this in justification also of the strong support of the clade, whereas that with *Pseudosperma* sp. AH30688 is 4.1%.

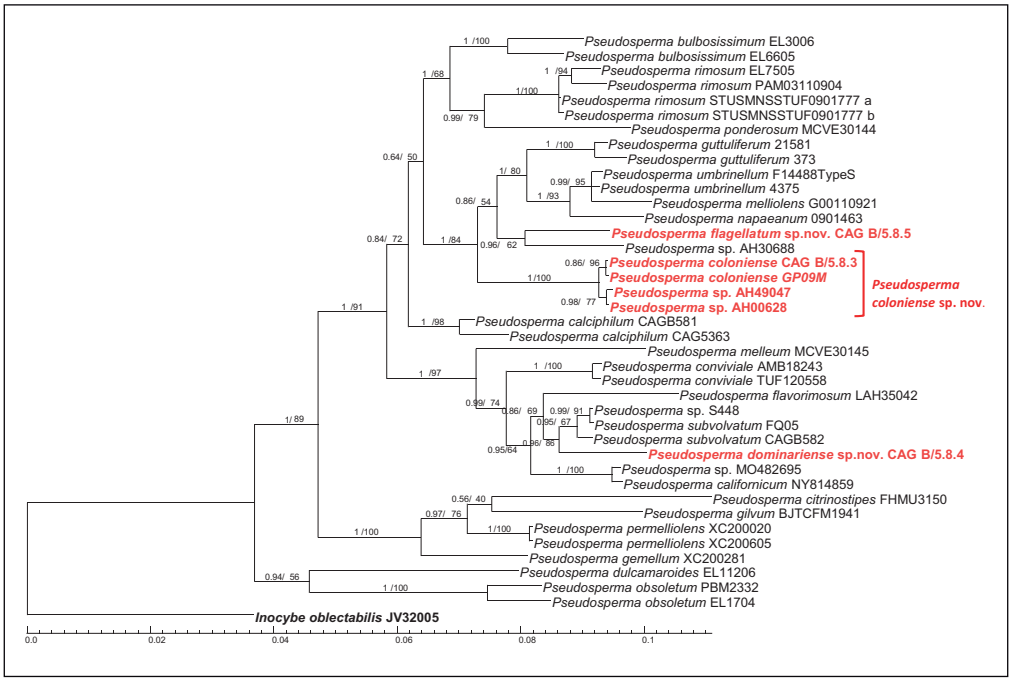


Figure 1. Phylogenetic tree. The phylogram illustrates the evolutionary relationships of the new species of *Pseudosperma*. The topology represented was obtained according to a Bayesian model using MrBayes with nrITS and nrLSU dataset. The values of Posterior Probabilities (PP) and Bootstrap support (BP) are represented on the branches leading to the nodes. *Inocybe oblectabilis* was used as outgroup. The voucher number and the name of the species are indicated in the branch labels. New species are in boldface.

TAXONOMY

Pseudosperma dominariense M. Sanna, A. Mua, M. Melis, M. Casula, A.N.M. Furtado & A.C. Rinaldi sp. nov.
MycoBank number: MB 862723

Original diagnosis

Pseudosperma dominariense is characterized by a pileus with a distinctly acute umbo and an ochre-brown to yellowish-brown cuticle, darker at the disc, with a surface breaking into fibrils and absence of velar remnants. The stipe, whitish at first and later becoming light ochre, is not bulbous and shows pruinosity only at the apex. The spores are smooth, broadly ellipsoidal, occasionally (sub)phaseoliform, measuring (9.3) 10.4-11.4-12 (14) × (5.8) 6.2-7-7.8 (9.2) µm. The cheilocystidia are thin-walled, (sub) cylindrical, claviform, (sub)ventricose or (sub)utriform and they measuring (31) 33-45-53 (58) × (9) 11-15-21 (23) µm. Thin-walled (sub)cylindrical or (sub)claviform caulocystidia are present at the stipe apex. Combined morphological characters and ITS/LSU sequence data genetically distinguish this species from Pseudosperma subvolvatum, P. californicum, and P. conviviale.

Holotypus collected on 23 October 2024 in Italy, Laconi (OR), Loc. "Su Dominariu", in the presence of *Quercus pubescens*, in small groups, *leg*. Mua A., Sanna M. & Melis M., herbarium CAG B/5.8.4 (holotypus), GenBank: ITS (PX607992), LSU (PX607993)

Etymology the epithet "*dominariense*" refers to the collection location of the holotype "Su Dominariu".

Macroscopic characters

Pileus 2.5-3.5 cm, initially conical, then conico-convex finally plane provided with marked acute umbo, cuticle of ochre-brown colour (Pl. IV, 19, YO-Y, f – Code Ridgway, 1912), brown-yellowish (Pl. IV, 19,YO-Y, d – Code Ridgway, 1912), darker at the disc (Pl. XXIX, 15'', Y-O, k – Code Ridgway, 1912), surface initially compact then broken into fibrils, absence of velar remnants. Margin jagged fissured also deeply, initially involute then plane, also revolute.

Lamellae rather crowded, emarginate or adnate, moderately crowded, ochre then brownish, initially whitish then whitish-greyish (Pl. LI, 23'''', f – Code Ridgway, 1912), then grey-ochre (Pl. XLIV, 21''', O-YY, b – Code Ridgway, 1912) finally brownish (Pl. XXX, 19'', YO-Y, k – Code Ridgway, 1912) slightly shaded with olive tone, with lamellulae not numerous; edge eroded, white.

Stipe 4-8 × 0.4-0.7 cm, slender, cylindrical, slightly enlarged at the base, not bulbous, surface of whitish colour then light ochre (Pl. XXX, 23'', i, Light Y- Code Ridgway, 1912), sometimes with brown-ochraceous patches (Pl. XV, 17' O-Y, I – Code Ridgway, 1912) in its basal part, pruinose character present in the apical part, slight fibrillose character present along its entire height.

Context fibrous, whitish. Odour slightly spermatic mixed with rancid oil. Taste acidulous.

Microscopic characters

Spores smooth, brown, broadly ellipsoidal, ellipsoidal, also (sub)phaseoliform, obtuse apex, with central guttule, (9.3) 10.4-11.4-12 (14) × (5.8) 6.2-7-7.8 (9.2) µm, Qm = 1.62 , n = 105.

Basidia tetrasporic, 31-39 × 11-13 µm, claviform, provided with basal clamp connections.

Cheilocystidia thin-walled, (sub)cylindrical, claviform, (sub)ventricose, (sub)utriform, rounded apex, some provided with 1 septum, (31) 33-45-53 (58) × (9) 11-15-21 (23) µm.



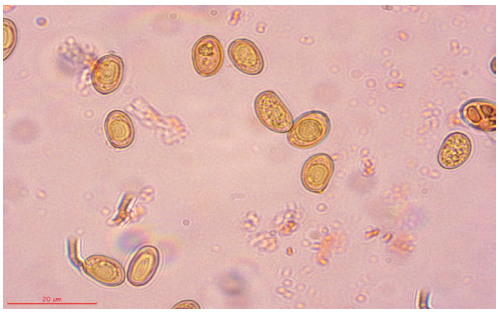
Pseudosperma dominariense. CAG B/5.8.4 (holotypus). Photo by Massimo Sanna

Caulocystidia thin-walled, (sub)cylindrical, (sub)claviform, rounded apex, 44-54-94 (95) × 10-12-20 (21) µm, only present at the apex, presence of septate piliform elements, 4-6 µm wide, with rounded terminal element.

Suprapellis cutis formed by hyphae 4-10 µm wide provided with encrusting and parietal pigment of brown colour and presence of cytoplasmic pigment of yellow-brownish colour especially in the deeper layers.

Clamp connections present.

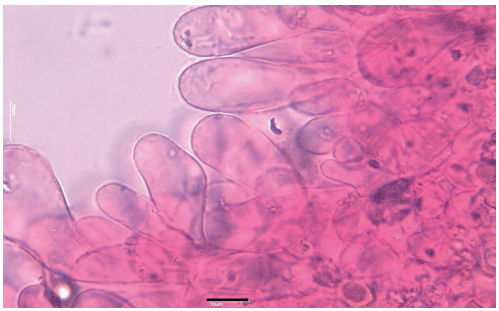
Studied collections 23 Oct 2024, Italy, Laconi (OR), Loc. "Su Dominariu", with presence of *Quercus pubescens* Willd., in small groups, *leg.* Mua A., Sanna M. & Melis M., herbarium CAG B/5.8.4 (holotypus), GenBank ITS (PX607992), LSU (PX607993); 23 Oct 2024, Laconi (OR), Loc. "Su Dominariu", with presence of *Quercus pubescens*, *leg.* Mua A., Sanna M. & Melis M., 1940MS.



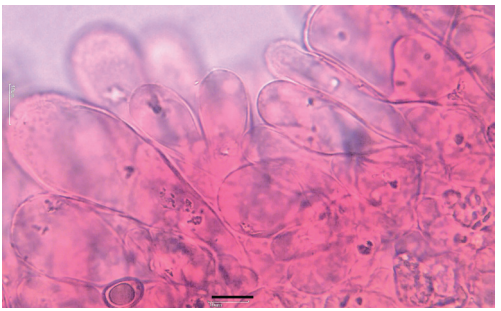
P. dominariense. CAG B/5.8.4 (holotypus). Spores in Congo red (1000 ×). Bar 20 µm. Foto by Mario Melis



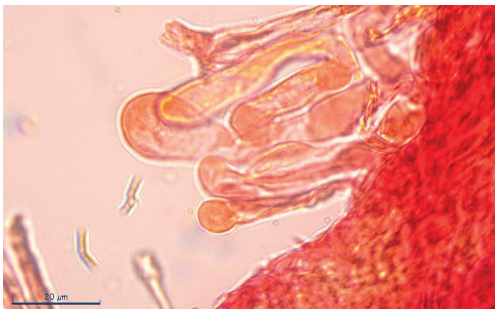
P. dominariense. CAG B/5.8.4 (holotypus). Basidia in Congo red (1000 ×). Bar 10 µm. Photo by Massimo Sanna



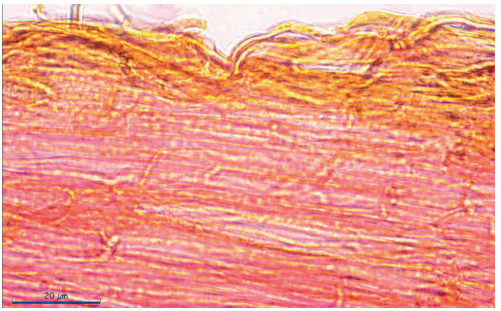
P. dominariense. CAG B/5.8.4 (holotypus). Cheilocystidia in Congo red (1000 ×). Bar 10 µm. Photo by Massimo Sanna



P. dominariense. CAG B/5.8.4 (holotypus). Cheilocystidia in Congo red (1000 ×). Bar 10 µm. Foto by Massimo Sanna



P. dominariense. CAG B/5.8.4 (holotypus). Caulocystidia (1000 ×) in Congo red. Bar 20 µm. Photo by Mario Melis



P. dominariense. CAG B/5.8.4 (holotypus). Pileipellis in Congo red (1000 ×). Bar 20 µm. Photo by Mario Melis

Pseudosperma flagellatum M. Sanna, A. Mua, M. Casula, M. Melis, A.N.M. Furtado & A.C. Rinaldi sp. nov.
MycoBank number: MB 862725

Original diagnosis

Pseudosperma flagellatum is characterized by a pileus that is initially bell-shaped and later plano-convex, with a prominent, well-defined central umbo. The cuticle is brown to yellowish-brown, initially compact and soon becoming strongly rimose, with ephemeral cortiniform velar remnants. The stipe is not bulbous and has a surface covered with whitish longitudinal fibrils. The spores are smooth, broadly ellipsoidal, also (sub)phaseoliform, measuring (7.4) 9.2-10.4 -12.5 (13.7) × (5.4) 5.9-6.9 - 7.6 (8.4) µm. The cheilocystidia are thin-walled, (sub)claviform, claviform, (sub)cylindrical, rarely subventricose or (sub)utriform, measuring (22) 28-43-44 (47) × (7) 8.5-12-16 (17) µm. The caulocystidia are (sub) cylindrical or (sub)claviform. Combined morphological characters and ITS/LSU sequence data genetically distinguish this species from Pseudosperma umbrinellum and P. coloniense.

Holotypus collected on 20 Oct 2022 in Italy, Laconi (OR), Loc. "Su Dominariu", Ippodromo area, in the presence of *Quercus ilex* L., *leg.* Mua A., Casula M., Sanna M. & Costantini S., herbarium CAG B/5.8.5 (holotypus), GenBank: ITS (PX607994), LSU (PX607995)

Etymology with the cuticle that has the appearance of a surface that has undergone whipping.

Macroscopic characters

Pileus 2.3-5 cm, initially campanulate then conical, then plane with evident well pronounced central umbo. Cuticle of brown colour (Pl. IV, 19 Yo-Y, k – Code Ridgway, 1912), brown-yellowish (Pl. IV, 19 YO-Y, m – Code Ridgway, 1912), initially compact, soon strongly rimose whit diverging fibres showing the whitish context beneath except at the disc where it remains compact. Margin involute then turned downwards, with ephemeral whitish cortiniform velar remnants.

Lamellae rather crowded, adnate or emarginate, with few lamellulae, initially whitish-greyish (Pl. LI, 23'''', f – Code Ridgway, 1912), then of light ochre colour (Pl. XXX, 23'', I – Code Ridgway, 1912) finally dark ochre (Pl. XXX, 19'', YO-Y, k – Code Ridgway, 1912), with slight olive shading. Edge slightly crenulate, white.

Stipe 3.5-6.5 × 0.3-0.8 cm, cylindrical, enlarged in the basal part but not bulbous, surface initially whitish then of ochraceous colour (Pl. XXIX, 17'' O-Y – Code Ridgway, 1912), traversed by longitudinal whitish fibrils and striate, with slight whitish velar remnant at the base of the stipe.

Context fibrous, whitish. Odour spermatic with slight urinary note. Taste acidulous.

Microscopic characters

Spores smooth, brown, broadly ellipsoidal, ellipsoidal, also (sub)phaseoliform, obtuse apex, with central guttule, (7.4) 9.2-10.4-12.5 (13.7) × (5.4) 5.9-6.9-7.6 (8.4) µm, Qm = 1.59, n = 64

Basidia claviform, tetrasporic, some bisporic, 25.5-36.5 × 9.3-11.5 µm.

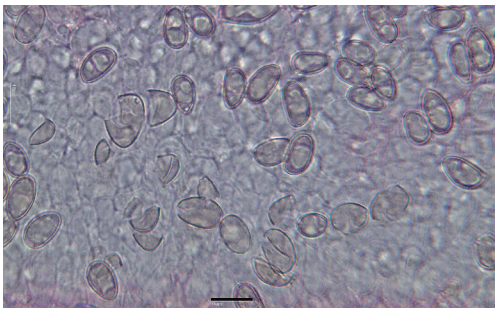
Cheilocystidia (sub)claviform, claviform, (sub)cylindrical, rarely (sub)ventricose or (sub) utriform, thin-walled, rounded apex, basal clamp connections, (22) 28-43-44 (47) × (7.3) 8.5-12-16 (17) µm, some with 1 septum, some (sub)cylindrical or cylindrical paracheilocystidia present.

Caulocystidia at the apex of the stipe, thin-walled, (sub)cylindrical, (sub)claviform, (43) 45-61-86 (90) × (5) 6-8-11 µm, sometimes provided with 1-2 septa, some rare capitate terminal element, pyriform caulocystidioid elements are present.

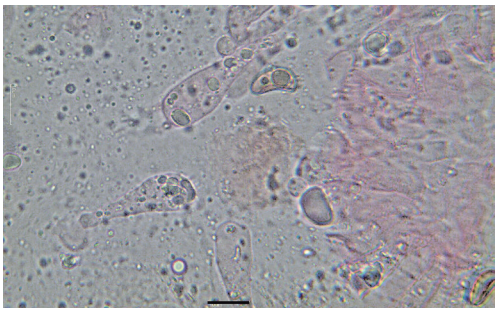
Suprapellis cutis of hyphae with presence of clamp connections, in some parts the cutis tends to become slightly confused, hyphae 3-8 µm wide, slight encrusting and parietal pigment of brown colour present, cytoplasmic pigment of yellowish colour present especially in the lower layer of the epicutis and in the mediopellis.



Pseudosperma flagellatum. CAG B/5.8.5 (holotypus). Photo by Massimo Sanna



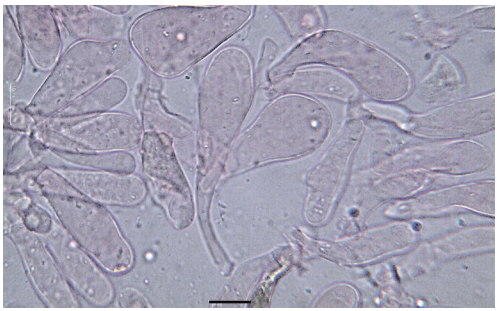
P. flagellatum. CAG B/5.8.5 (holotypus). Spores in Congo red (1000 ×). Bar 10 μm. Photo by Massimo Sanna



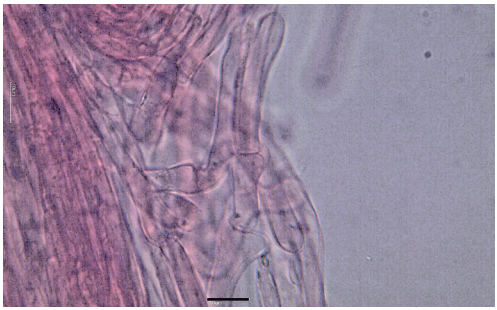
P. flagellatum. CAG B/5.8.5 (holotypus). Basidia in Congo red (1000 ×). Bar 10 μm. Photo by Massimo Sanna



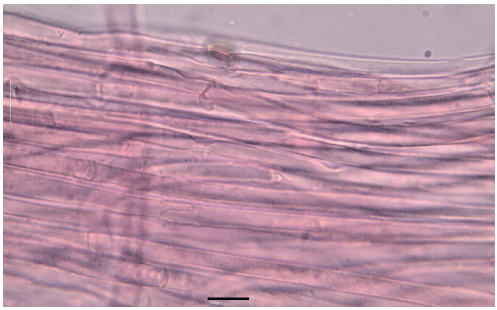
P. flagellatum. CAG B/5.8.5 (holotypus). Cheilocystidia in NH_4OH (1000 ×). Bar 10 μm. Photo by Massimo Sanna



P. flagellatum. CAG B/5.8.5 (holotypus). Cheilocystidia in NH_4OH (1000 ×). Bar 10 μm. Photo by Massimo Sanna



P. flagellatum. CAG B/5.8.5 (holotypus). Caulocystidia in Congo red (1000 ×). Bar 10 µm. Photo by Massimo Sanna



P. flagellatum. CAG B/5.8.5 (holotypus). Pileipellis in Congo red (1000 ×). Bar 10 µm. Photo by Massimo Sanna

Clamp connections present.

Studied collections 20 Oct 2022, Italy, Laconi (OR), Loc. "Su Dominariu", zona Ippodromo, in the presence of *Quercus ilex*, *leg.* Mua A., Casula M., Sanna M. & Costantini S., herbarium CAG B/5.8.5 (holotypus), GenBank: ITS (PX607994), LSU (PX607995).

Pseudosperma coloniense A. Mua, M. Sanna, M. Melis, M. Casula, A.N.M. Furtado & A.C. Rinaldi sp. nov.
MycoBank number: MB 862726

Original diagnosis

Pseudosperma coloniense is characterized by a pileus that is initially conical, becoming plano-convex, with a broad central umbo. The cuticle is ochraceous brownish to brownish, distinctly rimose at the periphery, and apparently lacking a velipellis. The stipe is cylindrical, whitish, and floccose at the apex. The spores measure (7.7) 8.8-9.6-10.8 (12.5) × (5.6) 5.8-6.3-6.8 (8.7) µm and are ellipsoidal to oblong, smooth. The cheilocystidia measuring (26) 32-52 (53) × (8) 10-15 (18) µm, they are abundant and arranged in tufts and are claviform, fusiform, or cylindrical-claviform, thin-walled. Caulocystidia are frequent at the stipe apex and arranged in tufts. Combined morphological characters and ITS/LSU sequence data genetically distinguish this species from Pseudosperma umbrinellum, P. guttuliferum, and P. flagellatum.

Holotypus collected on 11 Oct 2024 in Italy, Dolianova (CA), Loc. "Sa Colonia", *leg.* A. Mua, in the presence of *Quercus ilex*, herbarium CAG B/5.8.3 (holotypus), GenBank: ITS (PX607989), LSU (PX607990).

Etymology the epithet "*coloniense*" refers to the collection location of the holotype "Sa Colonia".

Macroscopic characters

Pileus 3-6 cm, initially conical then plane-convex, with broad central umbo. Cuticle dry, ochraceous brownish colour (Pl. XVI, 21'', YO-Y, k – Code Ridgway, 1912) to brownish (Pl. XL, 17''O-Y, I – Code Ridgway) darker and undissociated at the centre, distinctly rimose in the periphery, velipellis apparently absent. Margin initially slightly involute then extended, sometimes revolute, often fissured.

Lamellae colour initially whitish, pale grey in youth (Pl. LI, 23''''', f – Code Ridgway, 1912), then progressively ochre (Pl. XVI, 19', YO-Y, k – Code Ridgway), rather crowded, adnate or emarginate, ventricose at maturity, lamellulae not very numerous. Edge crenulate, white.

Stipe 4-7 × 0.7-1.3 cm, cylindrical, often slightly sinuous, traversed by longitudinal whitish fibrils, floccose above, whitish (Pl. LIII, 10 – Code Ridgway, 1912), with scarce velar remnants in youth.

Context rather thick at the centre of the pileus, whitish. Odour not spermatic, honeyed-oily, with note of burnt oil. Taste mild.



Pseudosperma coloniense. CAG B/5.8.3 (holotypus). Photo by Alberto Mua

Microscopic characters

Spores (7.7) 8.8-9.6-10.8 (12.5) × (5.6) 5.8-6.3-6.8 (8.7) µm, Q = (1.2) 1.4-1.7 (2.1), Qm = 1.5, n = 90, from ellipsoidal to oblong, smooth, yellow-brownish, with large central guttule.

Basidia (22.5) 25.7-33.3 (36.6) × (8.8) 9.5 - 11 (12) µm, claviform, tetrasporic.

Cheilocystidia (26) 32-52 (53) × (8) 10-15 (18) µm, abundant, gathered in tufts, claviform, fusiform, cylindro-claviform, septate, thin-walled.

Caulocystidia frequent at the apex of the stipe, gathered in tufts, (32) 33-57 (73) × (7) 8-13 µm, cylindro-claviform, cylindrical, cystidioid hairs are present, 24-59 × 2-9 µm, cylindrical, some capitate.

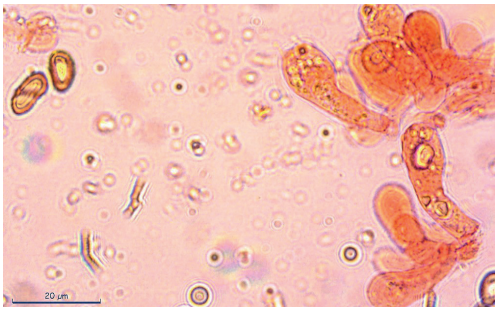
Suprapellis of cutis type, with rare raised terminal elements, hyphae 3.5-6.5 µm wide, finely encrusting parietal and intracellular pigment of yellow-brownish colour, especially in the deeper layers.

Clamp connections observed in all elements.

Studied collections 11 Oct 2024, Italy, Dolianova (CA), Loc. "Sa Colonia", *leg.* A. Mua, in the presence of *Quercus ilex*, herbarium CAG B/5.8.3 (holotypus), GenBank: ITS (PX607989), LSU (PX607990); 11 Oct 2024, Italy, Dolianova, Loc. "Sa Colonia", *leg.* A. Mua, in the presence of *Quercus ilex*, GP09M, GenBank: ITS (PX607986), LSU (PX607991); 01 Dec 1975, Spain, Community of Madrid, El Escorial, Alto de la Cruz Verde, with *Pinus pinaster* Aiton, *leg.* M.T. Saenz, J.J. Salcedo & A. Egaña, AH00628, GenBank: ITS (PZ017929), LSU (PZ017932); 20 Oct 2015, Spain, Catalonia, Sant Feliu de Codina, Monastery of Sant Miquel del Fai, mixed forest of *Quercus ilex* with *Q. pubescens* on slightly basic soil, *leg.* G. Moreno & E. Marcote, AH 49047, GenBank: ITS (PZ019234), LSU (PZ017934)



P. coloniense. CAG B/5.8.3 (holotypus). Spores in Congo red (1000 ×). Bar 10 µm. Photo by Mario Melis



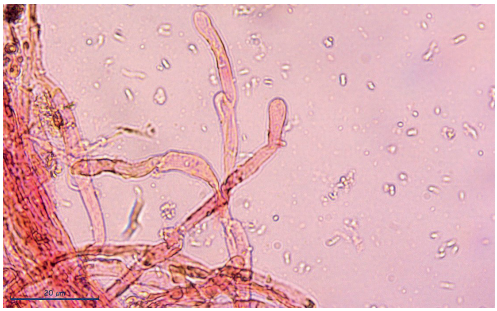
P. coloniense. CAG B/5.8.3 (holotypus). Basidia in Congo red (1000 ×). Bar 10 µm. Photo by Mario Melis



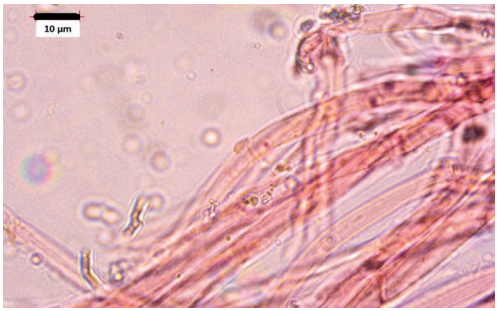
P. coloniense. CAG B/5.8.3 (holotypus). Caulocystidia in Congo red (1000 ×). Bar 10 µm. Photo by Mario Melis



P. coloniense. CAG B/5.8.3 (holotypus). Cheilocystidia in Congo red (1000 ×). Bar 10 µm. Photo by Mario Melis



P. coloniense. Collection 11 Oct 2024. Caulocystidia in Congo red (1000 ×). Bar 10 µm. Photo by Mario Melis



P. coloniense. Collection 11 Oct 2024. Pileipellis in Congo red (1000 ×). Bar 10 µm. Photo by Mario Melis

Discussion

Pseudosperma dominariense is a small-medium sized species already well characterised macroscopically by the absence of velar remnants on the pileus, fibrillose cuticle, of ochre-brown to brown-yellowish colour, darker at the disc, with marked acute umbo, stipe slightly enlarged at the base but not bulbous, ochre-brownish lamellae with slight olive shading in adult specimens, context with spermatic odour mixed with a note of rancid oil. Microscopically it is characterised by the presence of leiospores from ellipsoidal to (sub)phaseoliform, thin-walled cheilocystidia, with different morphologies, from claviform to (sub)utriform, some septate, caulocystidia present at the apex of the stipe, mostly (sub)clavate, growth under *Quercus pubescens*.

In the phylogenetic tree, elaborated with the results obtained from the Maximum Likelihood (Maximum Likelihood- ML) and Bayesian Posterior Probability (Bayesian Posterior Probability-

BPP) analysis, *P. dominariense* is positioned on a clade together with *P. flavorimosum* Jabeen & Khalid, *P. subvolvatum* Sanna, Mua, Porcu, Casula & A.C. Rinaldi and *P. californicum* (Murrill) Beker & U. Eberh.

The result of the comparative nucleotide ITS analysis of the species carried out on BLAST of the GenBank site (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) provided the result of 96.6% similarity with sequence OR248647 belonging to the holotypus of *P. subvolvatum* (CAG B/5.8.2) (synonymous of *Pseudosperma schwetzingense* Kleine, F. Hampe & M. Scholler).

Pseudosperma flavorimosum Jabeen & Khalid, Pakistani species, is distinguishable from *P. dominariense* by the prominent umbo, lamellae initially yellow-brown then dark brown, stipe also dark-brown, smaller spores, (7.8) 9.5-12.8 (13.31) × (5.7) 6.3-7.8 (8.9) μm, smaller basidia, (14.8) 26.4-31.2 (36.7) × (10) 10.5-10.8 (11.8) μm, smaller cheilocystidia, (18.5) 19.2-21.7 (25.3) × (7.5) 7.7-8.6 (9.1) μm, pileipellis a non-encrusted trichoderma (Jabeen & Khalid, 2020).

Pseudosperma subvolvatum M. Sanna, Mua, Porcu, Marc. Casula & A.C. Rinaldi (synonymous of *Pseudosperma schwetzingense* Kleine, F. Hampe & M. Scholler), recently published, is a medium-sized species, with more compact cuticle, lamellae initially whitish-greyish then brown-olivaceous, longer stipe, with basal velar remnants forming a pseudo-volva, complex odour, different, with herbaceous component, of potato peel mixed with rancid oil and only slight spermatic note, slightly longer spores, (9.5) 10.4-11.4-12.4 (15) × (5.5) 6.1-6.7-7.2 (8) μm, smaller cheilocystidia, (25.7) 32.8-38.2-42.7 (62.7) × (9.2) 11.6-16-19.6 (24.9) μm, slightly gelatinised cutis, growth under *Populus alba* L. and *Q. ilex* (Dong *et al.* 2025).

Pseudosperma californicum (Murrill) Beker & U. Eberh., Californian species found under *Quercus* sp., recently recombined in *Pseudosperma* from *Hebeloma*, possesses spores from cylindrical to ellipsoidal, on average longer, 11-14 × 6-7.5 μm, sometimes with constrictions and clavate cheilocystidia (Eberhardt *et al.* 2023).

Pseudosperma umbrinellum (Bres.) Matheny & Esteve-Rav. [= *P. melliolens* (Kühner) Matheny & Esteve-Rav. (2019)] has pilei dark or lurid gray and a cinnamon dark centre, gills from white to argillaceous with white edges, sub-bulbous and white stipe with a brownish base, 30-50 × 4-6 mm, fibrillose-pruinate with furfuraceous, sub-fioccose apex, veil white cortiniform, odor less, white flesh, spores reniform, 10-14 × 5.5-6.5 μm, cheilocystidia clavate, sometimes clavate or subfusiform 40-65 ×10-16 um, under *Populus nigra* L. (Bresadola 1905). In the descriptions made by Kühner (1988) and Cervini *et al.* (2020) as *P. melliolens*, the species would have a slenderer habit, bulbous stipe bases, gills stained with yellow-brown, persistent smell of honey, smaller basidia, 24-38 × 12-14 μm, slightly smaller spores, (9) 9.9-12.2 (13.5) × (6) 6.3-7.2 (8) μm, mainly clavate and smaller cheilocystidia, 20-55 × 8-19 μm, [32-55 × 8 - 16 μm, on average 39 × 12 μm, Qm = 3,4 by Cervini *et al.* (2020)].

Pseudosperma melleum Cervini, Bizio & P. Alvarado, also a Mediterranean species, shows a pileus with ochraceous-orange colours, a much slender stipe up to 10 cm high, a distinctive strong honey-like smell, smaller spores (average 10.6 × 6 μm, Qm = 1.8), and smaller cheilocystidia (31-42-54 × 10-13-17 μm. (Cervini *et al.* 2020).

Pseudosperma permelliolens (Carteret & Reumaux) Matheny & Esteve-Rav. has strong honeyed or virous honeyed smell, spores on average longer and narrower, (11) 11.5-15.5 (16) × 6-8 μm, Q = 1.8-1.9, cheilocistydia cylindrical or slightly utriform, longer on average, 25-75 (95) × (6) 10-20 (25) μm, growing under *Fagus sylvatica* L., *Quercus* sp., *Picea abies* (L.) H. Karst., *Larix decidua* Mill., *Betula* sp., *Pinus* sp. (Carteret & Reumaux 2015).

Pseudosperma rimosum (Bull.) Matheny & Esteve-Rav. has a bigger size, straw-yellow, tawny or ochre-brown pileus, brown gills with a distinct olive tinge, whitish flesh, straw-coloured on the stipe, spermatic smell (at least when cut), smaller spores on average, 9-10.8-13 × 5.4-6.7-7.7 μm, (sub)cylindrical, (sub)phaseoliform or (sub)amygdaliform, longer cheilocystidia, 28-47-70 × 9-12-18 μm, from (sub)cylindrical to (sub)claviform. (Bandini *et al.* 2024).

Pseudosperma flagellatum is a small-medium sized species, conical pileus with pronounced umbo, cuticle of brown, brown-yellowish colour, initially compact then rimose except at the disc where it remains compact, on the margin only ephemeral cortiniform remnants, lamellae initially whitish-greyish then dark ochre with slight olive shading, stipe enlarged in the basal part but not bulbous, with slight whitish velar remnant, context with spermatic odour, spores from broadly ellipsoidal to (sub)phaseoliform, thin-walled cheilocystidia, from (sub)cylindrical to claviform, with rounded apex, caulocystidia are present in the apex of the stipe, from (sub) cylindrical to (sub)claviform, some with capitate apex, with pyriform caulocystidioid elements, suprapellis in cutis tending to become confused in some parts and presence of brown encrusting and parietal pigment as well as cytoplasmic pigment of yellow colour.

The result of the comparative nucleotide ITS analysis of the species carried out on BLAST of the GenBank site provided the result of 97.3% similarity with sequence FJ904165 belonging to a collection of *P. umbrinellum* (JV13699) and of 97% with sequence HM209796 of another collection (F14488TypeS) which results to be the holotypus of the same species.

Pseudosperma flagellatum is found on a clade with *Pseudosperma* sp. AH30688, GenBank: ITS (PZ017935)

Basidiomes of *Pseudosperma* sp. AH30688, present context with strong honey odour, slightly larger spores, 10-14.5 × 6.5-8 μm, smaller cheilocystidia, sub-cylindrical, sub-claviform, sub-utriform, sometimes capitate, also provided with 1-2 septa, 35-40 × 11.5-20 μm, caulocystidia present in the upper third, cylindrical, sub-cylindrical, also septate, 10 μm wide, found in mixed forest of *Pinus halepensis* Mill. and *Quercus ilex*, calcareous soil according to the data provided by Prof. F. Esteve-Raventós (2026).

Pseudosperma guttuliferum (Kühner) Matheny & Esteve-Rav. is an alpine species distinguishable by lamellae of colour +/- olivaceous, inodorous context, slightly larger cheilocystidia, (27) 34-46 (55) × (10) 11-16 (22) μm, guttulate in NH_4OH, slightly longer and wider spores, (10) 11.7-12.7 (14.5) × 6.7-8.7 μm, growth under *Salix retusa* L. and *S. reticulata* L. (Kühner 1988); according to Ferrari (2006) the stipe of this species would be conspicuously bulbous and the cheilocystidia with refractive yellow content in NH_4OH.

Pseudosperma umbrinellum (Bres.) Matheny & Esteve-Rav., often presents an acute umbo, context with distinct spermatic odour, narrower spores, 9-14 × 5-7 μm, on average 11 × 6 μm and cheilocystidia constricted towards the upper extremity (Heim 1931).

Pseudosperma napaeanum Bandini & B. Oertel, recently published species found in Germany under *Pinus mugo* Turra, *Dryas octopetala* L., *Helianthemum nummularium* (L.) Mill., presents smaller pileus, 1-2.5 cm, lamellae from yellow to yellow-ochre, spores on average wider, 9.1-14.1 × 5.9-9.3 μm, on average 10.6 × 7.2 μm, Qm = 1.5, sub-amygdaliform, slightly shorter basidia, 24-35 × 7-11 μm, often sub-capitate cheilocystidia of larger dimensions, 23-60 × 7-17 μm, on average 37 × 10 μm, often sub-capitate or papillate caulocystidia (Bandini & Oertel 2020).

Pseudosperma ponderosum Cervini, Bizio & P. Alvarado is recognisable by its stocky, massive shape, by its initially copper-brown and not yellowish colouring, as well as by a more abundant cortina, often woolly-floccose in young specimens, by the lamellae and cuticle which frequently tend to become yellow-spotted, complex smell, by the cylindrical-clavate cheilocystidia, relatively narrow and short (Cervini, Bizio & Alvarado 2020).

Pseudosperma conviviale Cervini, Bizio & P. Alvarado originally described from Sardinia does not show a velipellis on the pileus, which is yellowish-ochraceous, the stipe is slender 50-110 × 8-12mm, and the smell is honey-like, reminiscent of that of *Inosperma cookie* (Bres.) Matheny & Esteve-Rav., it also shows bigger spores (11.7 × 7.2 μm on average) and cheilocystidia with dimensions 30-73 × 11-23 μm (Cervini *et al.* 2020).

Pseudosperma rimosum (Bull.) Matheny & Esteve-Rav. has a bigger size, straw-yellow, tawny or ochre-brown pileus, brown gills with a distinct olive tinge, whitish flesh, straw-coloured on

the stipe, sligtly longer spores, 9-10.8-13 × 5.4-6.7-7.7 μm, (sub)cylindrical, (sub)phaseoliform or (sub)amygdaliform, longer cheilocystidia, 28 -47-70 × 9-12-18 μm, from (sub)cylindrical to (sub)claviform. (Bandini *et al.* 2024).

Pseudosperma coloniense, third new species presented in this work, is a small-medium sized species, with plane-convex pileus which presents a broad central umbo, cuticle ochraceous brownish to brownish colour, undissociated at the disc and rimose in the peripheral part, apparently lacking a velipellis, without pileic remnants, ochraceous lamellae in adult specimens and in which olive shading is absent, cylindrical stipe, often sinuous, whitish and with scarce velar remnants, context with honeyed-oily odour, cheilocystidia gathered in tufts of claviform, cylindro-claviform or fusiform shape, caulocystidia of cylindrical or cylindro-claviform shape, found under *Quercus ilex*, *Q. pubescens* and *Pinus pinaster*.

The result of the comparative nucleotide ITS analysis of the species carried out on BLAST of the GenBank site provided the result of 96.3% similarity with sequence FJ904165 belonging to a collection of *P. umbrinellum* (JV13699), of 95.7% with sequence HM209796 of another collection (F14488TypeS) which results to be the holotypus of the same species.

Pseudosperma coloniense is found in a well-supported clade (PP = 1; BS = 100) with the collection of *Pseudosperma* sp. AH49047 and that of *Pseudosperma* sp. AH00628.

Different from *P. coloniense*, *P. umbrinellum* often presents an acute umbo, context with distinct spermatic odour, slightly larger spores, 9-14 × 5-7 μm, on average 11 × 6 μm and cheilocystidia constricted towards the upper extremity (Heim 1931).

Pseudosperma napaeanum Bandini & B. Oertel, species found in Germany under *Pinus mugo*, *Dryas octopetala*, *Helianthemum nummularium*, presents smaller pileus, 1-2.5 cm, lamellae from yellow to yellow-ochre, spores on average longer and wider, 9.1-14.1 × 5.9-9.3 μm, on average 10.6 × 7.2 μm, Qm = 1.5, sub-amygdaliform, slightly narrower basidia, 24-35 × 7-11 μm, often sub-capitate cheilocystidia of slightly larger dimension, 23- 60 × 7-17 μm, on average 37 × 10 μm, often sub-capitate or papillate caulocystidia (Bandini & Oertel 2020).

Pseudosperma calciphilum Sanna, Mua, Porcu, Casula, A.C. Rinaldi, Mifsud & Garrido-Ben, recently found in Sardinia, presents a low umbo and evident velar remnants on the pileus, lamellae of beige colour in adult specimens, slightly more robust stipe, with beige-chamois shading and also spotted with rust-brown at the base, context with honeyed-oily odour with herbaceous and spermatic notes, larger spores, (9) 10.76-12.55-14.34 (17.62) × (5.91) 6.7-7.39-8.09 (9.91) μm with Qm = 1.70, larger basidia, 30.5-44 × 10-15 μm, larger cheilocystidia, 26-71 ×10-23 μm, on average 48.4 × 16 μm, of cylindro-claviform, claviform but also pyriform shape, caulocystidia of larger dimensions and also wider, 45-78-110 × 11-16.9-21 μm, present also in the median third, slightly gelatinised pileipellis (Sanna *et al.* 2024)

Pseudosperma flagellatum, new species presented here, has cuticle of brown, brown-yellowish colour, strongly rimose, ephemeral velar remnants on pileic margin, light ochre lamellae with slight olive shading in mature specimens, stipe initially whitish then of ochraceous colour, larger spores, (7.4) 9.2-10.4-12.5 (13.7) × (5.4) 5.9-6.9-7.6 (8.4) μm, shorter cheilocystidia (22) 28-43-44 (47) × (7) 8.5-12-16 (17) μm, also (sub)ventricose or (sub)utriform, slightly longer caulocystidia, (43) 45-61-86 (90) × (5) 6-8-11 μm, with presence of pyriform caulocystidioid elements.

Pseudosperma guttuliferum (Kühner) Matheny & Esteve-Rav. is an alpine species distinguishable by lamellae of colour +/- olivaceous, inodorous context, slightly wider cheilocystidia, (27) 34-46 (55) × (10) 11-16 (22) μm, guttulate in NH_4OH, larger spores, (10) 11.7-12.7 (14.5) × 6.7-8.7 μm, growth under *Salix retusa* and *S. reticulata* (Kühner 1988); according to Ferrari (2006) the stipe of this species would be conspicuously bulbous and the cheilocystidia with refractive yellow content in NH_4OH.

Pseudosperma melleum Cervini, Bizio & P. Alvarado, also a Mediterranean species, shows a pileus with ochraceous-orange colours, a much slender stipe up to 10 cm high, a distinctive

strong honey-like smell, longer spores (average 10.6 × 6 μm, Qm = 1.8), and slightly smaller cheilocystidia 31-42-54 × 10-13-17 μm. (Cervini *et al.* 2020).

Pseudosperma rimosum (Bull.) Matheny & Esteve-Rav. has a bigger size, straw-yellow, tawny or ochre-brown pileus, surface initially smooth, later strongly fibrous, brown gills with a distinct olive tinge, whitish flesh, straw-coloured on the stipe, spermatic smell (at least when cut), larger spores, 9-10.8-13 × 5.4-6.7-7.7 μm, (sub)cylindrical, (sub)phaseoliform or (sub)amygdaliform, longer cheilocystidia, 28-47-70 × 9-12-18 μm, from (sub)cylindrical to (sub)claviform, sometimes septate. (Bandini *et al.* 2024).

Conclusions

The systematics of the genus *Pseudosperma* continues to be redefined. This work describes three new species, enlarging the number of taxa of the genus and providing information on the distribution and evolutionary history of the genus. The approach that integrates morpho-taxonomic characters with phylogenetic hypotheses supports the distinction of the new taxa from those already known to science.

This study demonstrates how important it is to study the diversity of *Pseudosperma*, in particular in environments which have been under-sampled, such as Mediterranean ecosystems.

In conclusion, the authors consider that the new species here presented, for their macro and micromorphological characters and for the differences between the morphologically and phylogenetically closest species, are to be considered new to science and to be included in the genus *Pseudosperma* Matheny & Esteve-Rav.

Acknowledgements

Prof. Fernando Esteve-Raventós (Spain) is thanked for the material made available and for his valuable suggestions.

Authors' addresses

Massimo Sanna
Via Galileo Galilei 18 - 09047 Selargius (CA) Italia.
A.M.B. Gruppo di Cagliari Sette Fratelli.
E-mail: massanfungo@gmail.com
https://orcid.org/0000-0002-3427-702X

Alberto Mua
Via Spano 8 - 09045 Quartu S. Elena (CA), Italia.
A.M.B. Gruppo di Cagliari Sette Fratelli.
E-mail: albermua@gmail.com
https://orcid.org/0000-0002-9586-0403

Mario Melis
Via Sardegna 78 - 09045 Quartu S. Elena (CA), Italia.
A.M.B. Gruppo di Cagliari Sette Fratelli.
E-mail: mariomelis02@gmail.com
https://orcid.org/0009-0003-3961-6013

Marco Casula
Via Piave 21 - 09048-Sinnai (CA), Italia.
A.M.B. Gruppo di Cagliari Sette Fratelli.
E-mail: casula.mek@gmail.com
https://orcid.org/0009-0008-8898-5778

Ariadne N.M. Furtado
Dipartimento di Scienze Biomediche- Università di Cagliari- 09042 Monserrato (CA), Italia.
E-mail: ariadnemf@gmail.com
https://orcid.org/0000-0001-9596-7553

Andrea C. Rinaldi
Dipartimento di Scienze Biomediche - Università di Cagliari- 09042 Monserrato (CA), Italia.
E-mail: rinaldi@unica.it
https://orcid.org/0000-0002-9352-1037

Bibliography

Altschul S.F., Gish, W., Miller W., Myers E.W. & Lipman D.J. – 1990: Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology* 215: 403-410.

Alvarado P., Manjón J.L., Matheny P.B. & Esteve-Raventós F. – 2010: *Tubariomyces*, a new genus of *Inocybaceae* from the Mediterranean region. *Mycologia* 102 (6): 1389-1397.

Alvarado P., Moreno G. & Manjón J.L. – 2012: Comparison between *Tuber gennadii* and *T. oligospermum* lineages reveals the existence of the new species *T. cistophilum* (*Tuberaceae, Pezizales*). *Mycologia* 104 (4): 894-910.

Alvarado P., Cabero J., Moreno-Mateos D., Vizzini A., Alonso J., Lebeuf R., Siquier J.L. & Vidal J.M. – 2021: Phylogenetic relationships among false truffle genera of *Paxillaceae - Alpova*, *Melanogaster*, *Neoalpova*, and *Paralpova*, gen. nov. *Mycologia* 113: 828-841.

Bandini D. & B. Oertel – 2020: Three new species of the genus *Pseudosperma* (*Inocybaceae*). *Czech Mycology* 72 (2): 221-250.

Bandini D, Oertel B. & Eberhardt U. – 2021: Noch mehr Risspilze (2): Dreizehn neue Arten der Familie *Inocybaceae*. *Mycologia Bavarica* 21: 27-98.

Bandini D., Oertel B. & Eberhardt U. – 2022: Nochmehr Risspilze (3): Einundzwanzig neue Arten der Familie *Inocybaceae*. *Mycologia Bavarica* 22: 31-138.

Bandini D., Oertel B. & Eberhardt, U. – 2023: Nochmehr Risspilze (4): Einundzwanzig neue Arten der Familie *Inocybaceae*. *Mycologia Bavarica* 23: 1-50.

Bandini D., Oertel B. & Eberhardt U. – 2024: Nochmeher Risspilze (5): Elf neue Arten der Familie *Inocybaceae*. *Mycologia Bavarica*, 24: 1-52.

Carteret X. & P. Reumaux – 2015: Miettes sur les Inocybes (8e série). Inocybes jaunes ou jaunâtres, 1ère partie. *Bulletin de la Société Mycologique de France* 131: 1-96.

Cervini M., E. Bizio & P. Alvarado – 2020: Quattro nuove specie del genere *Pseudosperma* (*Inocybaceae*) con odore di miele. *Rivista di Micologia* 63 (1): 3-36.

Cervini M. – 2022: Nomenclatural novelties. *Index Fungorum* 520: 1-1.

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: 1395-1400.

Dong W., K. D. Hyde, R. Jeewon, S. C. Karunarathna, H. Zhang *et al.* – 2025: Taxonomic and phylogenetic contributions to freshwater fungi and other fungal taxa. *Pseudosperma subvolvatum. Fungal Diversity* notes: 2017-2122.

Eberhardt U., Grilli E., Schütz N., Bartlett P. & Beker H.J. – 2023: Old but not obsolete: A new life for some of Murrill's (*Hebeloma*) names. *Mycologia* 115 (3): 1-52.

Edgar R.C. – 2004: Muscle: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research* vol. 32 (5): 1792-1797.

Edler D., Klein J., Antonelli A. & Silvestro D. – 2020: raxmlGUI 2.0: A graphical interface and toolkit for phylogenetic analyses using RaxML. *Methods in Ecology and Evolution*, 00: 1-5.

Edler D., Klein J., Antonelli A. & Silvestro D. – 2020: Raxml GUI 2.0: a graphical interface and toolkit for phylogenetic analyses using RaxML. *Methods in Ecology and Evolution*, 00: 1-5.

Ferrari E. – 2006: *Inocybe* alpine e subalpine. *Fungi Non Delineati*. Pars XXXIV-XXXV-XXXVI. Edizioni Candusso, Alassio: 1-457.

Gardes M. & Bruns T.D. – 1993: ITS primers with enhanced specificity for *Basidiomycetes*. Application to the identifications of mycorrhizae and rust. *Molecular Ecology* 2: 113-118.

Heim R. – 1931: *Le genre Inocybe*. Paul Lechevalier & Fils éditeurs. Paris: 1-456.

Jabeen S. & Khalid A.N. – 2020: *Pseudosperma flavorimosum* sp. nov. From Pakistan. *Mycotaxon* 135: 183-193.

Jacobson S. & Larsson E. – 2009: *Inocybe spuria*, a new specie in section *Rimosae* from boreal coniferous forest. *Mycotaxon* 109: 201-207.

Kropp B.R., Matheny P.B. & Hutchison L.J. – 2013: *Inocybe* section *Rimosae* in Utah: phylogenetic affinities and new species. *Mycologia* 105 (3): 728-747.

Kleine J., Hampe F., Bänsch J., Oertel B., Schneider A., Zibold M. & Scholler M. – 2025: Risspilze (*Inocybaceae*) und ihre Baumpartner in drei baden-württenbergischen Schlossgärten mit *Inocybe badensis*, *I.favoris*, *I. schweyckertii* und *Pseudosperma schwetzingense* spp. nov. *Zeitschrift für Mykologie*, 91 (2): 319-372.

Kühner R. – 1988: Diagnoses de quelques nouveaux Inocybes récoltés en zone alpine de la Vanoise (Alpes françaises*). Documents Mycologiques*. Association d' Ecologie et de Mycologie- Lille. Tome XIX. Fascicule n° 74: 1-27.

Kuyper T.W. – 1986: *A revision of the genus Inocybe in Europe. I. Subgenus Inosperma and the smooth-spored species of subgenus Inocybe*. Rijksherbarium, Leiden: 1-247.

Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C. & Tamura K. – 2018: MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Molecular Biology and Evolution* 35 (6): 1547-1549.

Larsson E., Ryberg M., Moreau P.-A., Delcuse Mathiesen Å. & Jacobsson S. – 2009: Taxonomy and evolutionary relationships within species of section *Rimosae* (*Inocybe*) based on ITS, LSU and mtSSU sequence data. *Persoonia* 23: 86-98.

Maddison W.P. & Maddison D.R. – 2025: A modular system for evolutionary analysis. Version 4.02. htpps://www.mesquiteproject.org

Mao N., Xu Y.-Y., Zhao T.-Y., Lv J.-C. & Fan, L. – 2022: New species of *Mallocybe* and *Pseudosperma* from North China. *Journal of Fungi* 8: 256. (https://doi.org/10.3390/jof8030256)

Mason-Gamer R.J. & Kellog E.A. – 1996: Testing for Phylogenetic Conflict Among Molecular Data Setsin the Tribe *Triticeae* (*Gramineae*). *Systematic Biology*, Vol. 45, 4: 524-545

Matheny P.B. – 2005: Improving phylogenetic inference of mushrooms with RPB1 and RPB2 nucleotide sequences (*Inocybe*, *Agaricales*). *Molecular Phylogenetic and Evolution* 35: 1 - 20

Matheny P.B. – 2009: A phylogenetic classification of the *Inocybaceae*. *McIlvainea* 18: 11-21.

Matheny P.B., Hobbs A.M. & Esteve-Raventós F. – 2020: New skin for the old ceremony. *Mycologia* 112 (1): 8- 120.

Murray M.G. & Thompson W.F. – 1980: Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research* 8: 4321-4325.

Parmasto E. & Parmasto I. – 1987: Variation in Basidiospores in the *Hymenomycetes* and its significante to their taxonomy. *Bibliotheca Mycologica*, Band 115. Cramer, Berlin, Germany: 1-168.

Ridgway R. – 1912: *Color standards and color nomenclature*. A. Hoen & Company, Baltimore MD: 1-42.

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: 539-542.

Saba M., Haelewaters D., Pfister D.H. & Khalid A.N. – 2020: New species of *Pseudosperma* (*Agaricales, Inocybaceae*) from Pakistan revealed by morphology and multi-locus phylogenetic reconstruction. *MycoKeys* 69: 1-31.

Sanna M., Mua A., Porcu G., Casula M., Rinaldi A.C., Mifsud S. & Garrido-Benavent I. – 2024: *Pseudosperma calciphilum* (*Inocybaceae*), a new Mediterranean species from Sardinia (Italy), Malta and Valencia (Spain). *Phytotaxa* 633 (3): 253-264.

Stangl J. – 1989: *Die Gattung Inocybe in Bayern*. Verlag Der Gesellschaft. Regensburg: 410 pp.

Stöver B.C. & Müller K.F. – 2010: TreeGraph 2: Combining and visualizing evidence from different phylogenetic analyses. *BMC Bioinformatics* 11: 7.

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.

White, T.J., Bruns, T., Lee, S. & Taylor, J. – 1990: Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis M.A., Gelfand D.H., Sninsky J.J. & White T.J. (Eds.) PCR protocols: a guide to methods and applications. Academic Press, New York: 315-322.

Yu W.J., Chang C., Qin L.W., Zeng N.K., Wang S.X. & Fan Y.G. – 2020: *Pseudosperma citrinostipes* (*Inocybaceae*), a new species associated with Keteleeria from southwestern China. *Phytotaxa* 450: 8-16.

Sitography

https://www.inocybe.org

https://www.mycobank.org

http://www.indexfungorum.org

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank

http://piximetre.fr

https://unite.ut.ee

https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi

http://inocybaceae.org

RMR Boll. AMER n. 128, Anno XLII, 2026 (2): 25-38
https://doi.org/10.57624/AMER.2026.6

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.

Key words *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.) Quél. (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 & Calledda (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 ± 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
Tricholoma boudieri	*Tricholoma boudieri*	Epitype	C-F-90092	LT000136	Slovenia	Heilmann-Clausen *et al*. 2017
Tricholoma boudieri	*Tricholoma boudieri*	–	HKAS97070	MW724437	Cina	Ding *et al*. 2023
Tricholoma boudieri	*Tricholoma boudieri*	–	HKAS97163	MW724373	Cina	Ding *et al*. 2023
Tricholoma boudieri	*Tricholoma boudieri*	–	C-F-59305	LT000014	Danimarca	Heilmann-Clausen *et al*. 2017
Tricholoma croceoflavescens	***Tricholoma croceoflavescens***	**Holotype**	**MCVE 31988**	**PZ062843**	**Italia**	**this study**
Tricholoma croceoflavescens	***Tricholoma croceoflavescens***	–	**LL 1984**	**PZ062841**	**Italia**	**this study**
Tricholoma croceoflavescens	***Tricholoma croceoflavescens***	–	**BEV 01990**	**PZ062840**	**Italia**	**this study**
Tricholoma croceoflavescens	***Tricholoma croceoflavescens***	–	**BEV 02062**	**PZ062842**	**Italia**	**this study**
Tricholoma forteflavescens	*Tricholoma forteflavescens*	–	MB-301985	MF034246	Cina	Reschke *et al*. 2018
Tricholoma forteflavescens	*Tricholoma forteflavescens*	Holotype	HKAS93511	MF034207	Cina	Reschke *et al*. 2018
Tricholoma olivaceum	*Tricholoma olivaceum*	–	HKAS68600	MW724351	Cina	Ding *et al*. 2023
Tricholoma olivaceum	*Tricholoma olivaceum*	Holotype	HKAS93513	MF034209	Cina	Reschke *et al*. 2018
Tricholoma pallens	*Tricholoma pallens*	Isotype	HRL3381	ON256907	Canada	Lebeuf *et al*. 2023
Tricholoma pallens	*Tricholoma pallens*	–	HRL2642	ON206668	Canada	Landry *et al*. 2022
Tricholoma pallens	*Tricholoma pallens*	–	IN07	OM972428	USA	Russell 2022
Tricholoma portentosum	*Tricholoma portentosum*	Neotype	C-F-59053	LT000035	Danimarca	Heilmann-Clausen *et al*. 2017
Tricholoma rapipes	*Tricholoma rapipes*	–	C-F-96241	LT000037	Danimarca	Heilmann-Clausen *et al*. 2017
Tricholoma rapipes	*Tricholoma rapipes*	Epitype	C-F-59258	LT000085	Francia	Heilmann-Clausen *et al*. 2017

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

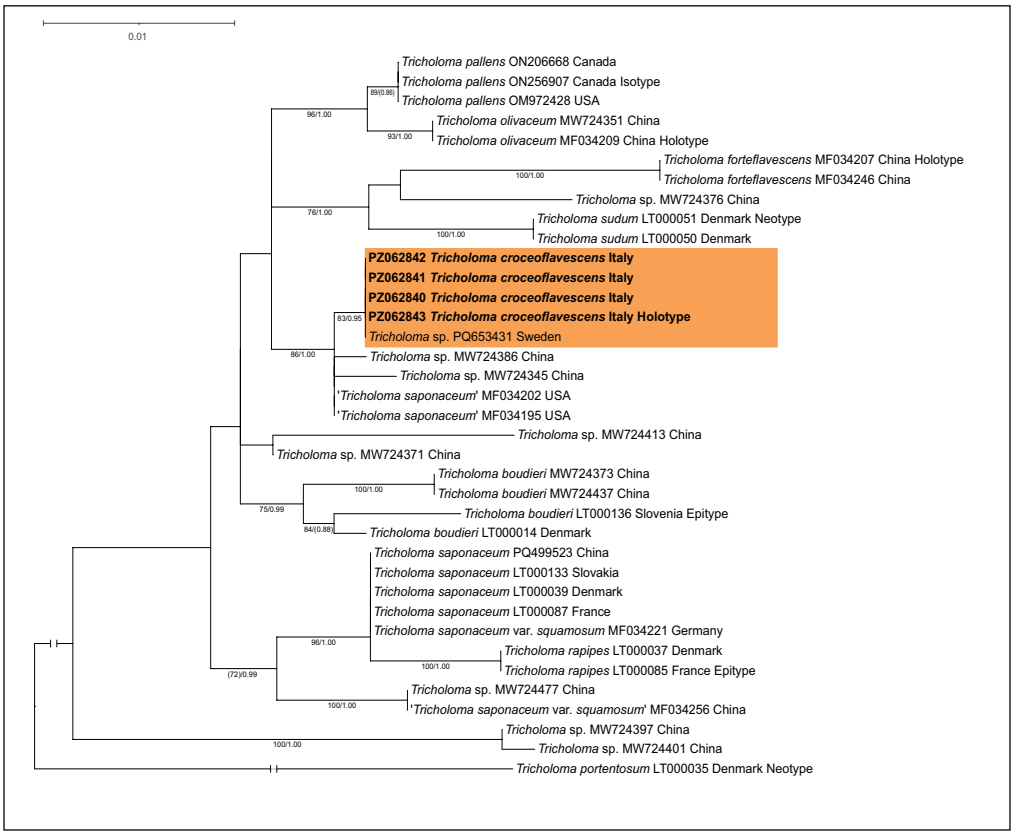


Figura 1. Albero filogenetico della sezione *Rigida* elaborato secondo i metodi ML e BI relativo alla regione ITS. Le sequenze in grassetto sono quelle ottenute dagli autori per il presente lavoro.

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 × 4,5 µm), 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: crŏcĕus, a, um = colored like saffron, flāvescĕre = 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 dolciastri 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 zebrato, 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 pinea* e *P. pinaster*. 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

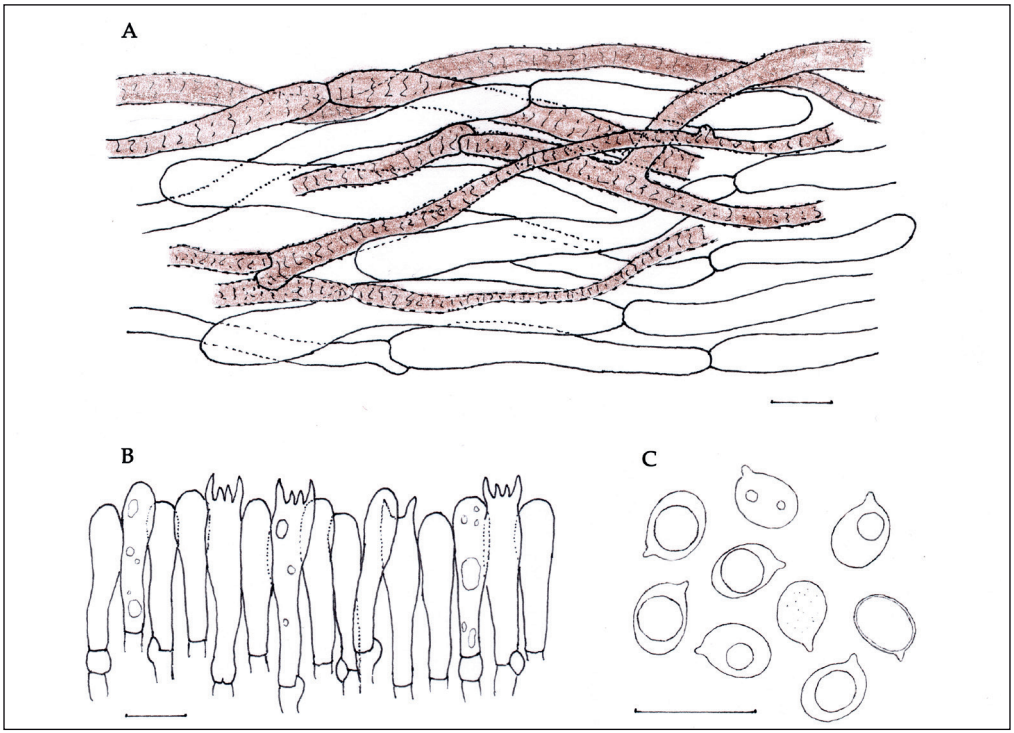


Tavola 1. *Tricholoma croceoflavescens*. Tavola di microscopia. **A**: pileipellis. **B**: palizzata imeniale. **C**: spore.
Tavola di Luciano Michelin

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 latifoglia (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 olivastra, 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)

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. Copenaghen [*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. *MycoKeys* 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)

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., Kõljalg 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)

RMR Boll. AMER n. 128, Anno XLII, 2026 (2): 39-52
https://doi.org/10.57624/AMER.2026.7

ALBERTO MUA, MASSIMO SANNA, MARCO CASULA, MARIO MELIS,
ARIADNE N.M. FURTADO, ANDREA C. RINALDI

RUSSULA ROSEOPICTA, A NEW SPECIES OF *RUSSULA* SUBSECTION *MACULATINAE* ASSOCIATED WITH CORK OAK FORESTS OF SARDINIA (ITALY)

Abstract

Russula roseopicta is described as a new species belonging to Russula subsection Maculatinae, based on collections from cork oak (Quercus suber) forests in Sardinia. Phylogenetic analyses based on ITS and LSU sequences place the species within the maculata lineage, where it forms a distinct and well-supported clade separated from other European representatives of the subsection. Morphologically, the new species is characterized by a predominantly pink pileus surface with ochre patches, yellow lamellae and spore print, mild to moderately spicy taste, relatively large basidiospores with partially connected ornamentation, and mostly one-septate dermatocystidia. A detailed description, illustrations, and comparisons with allied taxa are provided.

Riassunto

Russula roseopicta viene descritta come una nuova specie appartenente alla sottosezione Maculatinae del genere Russula, sulla base di campioni raccolti in foreste di sughere (Quercus suber) in Sardegna. Le analisi filogenetiche basate sulle sequenze ITS e LSU collocano la specie all'interno della stirpe maculata, dove forma un clade distinto e ben supportato, separato dagli altri rappresentanti europei della sottosezione. Morfologicamente, la nuova specie è caratterizzata da una superficie del cappello prevalentemente rosa con macchie ocra, lamelle e spore gialle, sapore da mite a moderatamente acre, basidiospore relativamente grandi con ornamentazione parzialmente connessa e dermatocistidi per lo più monosettati. Vengono fornite una descrizione dettagliata, illustrazioni e confronti con taxa affini.

Key words *Ectomycorrhizal fungi, Mediterranean forests, taxonomy, phylogeny, Russulaceae.*

Introduction

Russula Pers. is a monophyletic genus (Buyck *et al*. 2018) belonging to the family *Russulaceae*, together with *Lactarius* Pers., *Lactifluus* (Pers.) Roussel, *Multifurca* Buyck & V. Hofst, *Boidinia* Stalpers & Hjortstam, *Gloeopeniophorella* Rick and *Pseudoxenasma* K.H. Larss. & Hjortstam. Species of *Russula* are globally distributed ectomycorrhizal fungi associated with a wide range of woody plants, including conifers, broadleaf trees, and shrubs such as members of the *Cistaceae*. Although approximately 800 species are currently recognized, the actual diversity of the genus is considered to be much higher, with estimates exceeding 2,000 species worldwide (Adamčík *et al*. 2019).

At present, nine subgenera are recognized within the genus *Russula* (Hongsanan *et al*. 2015, Das *et al*. 2017; Buyck *et al*. 2018; Buyck *et al*. 2020; Buyck *et al.* 2023). Within *Russula*, subsection *Maculatinae* (Konrad & Joss.) Romagn. belongs to *Russula* subgen. *Russula* and forms part of the so-called "crown clade" recognized in recent phylogenetic studies (Adamčík *et al*. 2019). Species of this subsection constitute a relatively coherent group morphologically and phylogenetically, although species delimitation within the group remains challenging.

The current circumscription of subsection *Maculatinae* largely corresponds to the group traditionally treated as series *maculata* (nom. inval.) by Sarnari (1998). Species of this subsection are typically characterized by reddish to ochraceous basidiomata, often showing rusty discolorations, a mild to spicy taste, non-encrusted dermatocystidia reacting greyish in sulfovanillin, absence of incrusted primordial hyphae, basidiospores with isolated or partially connected ornamentation, and a yellow to yellowish spore print (Adamčík & Jančovičová 2012).

Phylogenetic studies have shown that subsection *Maculatinae* can be divided into two principal lineages: the *maculata* lineage and the *globispora* lineage (Adamčík *et al.* 2016; Kiran *et al*. 2021; Ji *et al*. 2022). The new species described here belongs to the *maculata* lineage, which includes *R. maculata* Quél., *R. nympharum* F. Hampe & Marxm., *R. mansehraensis* Saba, Caboň & Adamčík, and the sequestrate species *R. candida* (Tul. & C. Tul.) J.M. Vidal.

Species of subsection *Maculatinae* are mainly distributed in Europe and Asia. In Europe, subsection *Maculatinae* includes: *R. maculata, R. nympharum, R. globispora* (J. Blum) Bon, and *R. dryadicola* R. Fellner & Landa. The sequestrate species *R. mattiroloana* (Cavara) T. Lebel, *R. candida* and *R. mediterraneensis* Konstantin., J.M. Vidal, Gelardi, Papadimitriou, Tulli, Angeli & Vizzini are also included; the first two were previously assigned to the genus *Macowanites* Kalchbr. and have recently been recombined within the genus *Russula* (Vidal *et al.* 2019).

In Asia, the following species have been described: from India, *R. mayawatiana* K. Das, S.L. Mill. & J.R. Sharma (Das *et al.* 2006); from Pakistan, *R. quercus-floribundae* M. Kiran & Adamčík (Crous *et al.* 2019), *R. ayubiana* M. Kiran & Khalid, *R. abbottabadensis* Saba & Adamčík (Caboň *et al*. 2019), *R. mansehraensis* (Crous *et al*. 2018), *R. rubricolor* Jabeen, Naseer & Khalid (Jabeen *et al*. 2020), and *R. iqbalii* Naveed, Ijaz, S. Ullah & Jabeen (Naveed *et al*. 2025); from China, *R. tengii* G.J. Li & H.A. Wen (Caboň *et al*. 2019), *R. rubiginosus* R.Q. Ji, M.L. Xie & J.J. Zhou (Ji *et al*. 2022), *R. heilongjiangensis* G.J. Li & R.L. Zhao (Li *et al*. 2018), and *R. puxianensis* L. Fan & H.Y. Fu (Fu *et al*. 2026). *R. maculata* has also been reported from Pakistan (Sultana *et al*. 2011), although these collections lack molecular support.

In North America, *R. subrubescens* Murrill was described (Murrill 1940).

For Africa, Bertault (1978) reported *R. maculata* from Algeria, although these collections may actually represent *R. nympharum*. He also reported *R. maculata* Quél. var. *bresadolana* (Singer) Romagnesi from Morocco, possibly a synonym of *R. globispora*. The taxonomic identity of *R. straminea* Malençon (Malençon 1944) remains uncertain and it is probably synonymous with *R. globispora*.

In Sardinia, the occurrence of *R. nympharum* and *R. globispora* has been confirmed (Casula *et al.* 2021), whereas previous reports of *R. maculata* lack molecular support and may correspond to misidentifies collections of *R. nympharum* (Brotzu 1993; Mua & Casula 2012). During surveys in Sardinian cork oak forests, additional collections attributable to subsection *Maculatinae* were discovered. Morphological and molecular analyses demonstrated that these collections represent a previously undescribed species, here introduced as *Russula roseopicta*.

MATERIALS AND METHODS

Morphological observations

The basidiomata were examined and photographed in situ, and ecological data were recorded in the field.

Macromorphological features were described from fresh basidiomata. Spore print colors were determined according to the code of Romagnesi (1967), while morphological terminology follows Sarnari (1998, 2005). Macrochemical reactions were carried out using the following reagents: $FeSO_4$, phenol (2%), guaiac resin + ethyl alcohol (extemporaneous reaction), and KOH (30%).

Microscopic observations

Micromorphological studies were performed using Optika B-383 PLi trinocular microscopes (Optika Italy, Ponteranica, BG, Italy) and Motic BA 400 (Motic Europe, Barcelona, Spain), both equipped with integrated digital cameras, as well as an Optech B4 binocular microscope (Optech Technology, Taipei City, Taiwan) fitted with a Nikon Coolpix SQ digital camera (Nikon Europe B.V., Campi Bisenzio, FI, Italy).

The exsiccata were rehydrated with NH_4OH (3%). The pileipellis was examined in water, anionic Congo red (2%), sulfovanillin, and basic fuchsin, whereas hymenial cystidia were observed in anionic Congo (2%) red and sulfovanillin. Basidiospores were examined in Melzer's reagent.

Basidiospore measurements were carried out on at least 32 spores obtained from spore deposits, following Parmasto & Parmasto (1987). Basidiospore measurements are presented as (minimum–) mean − SD – mean – mean + SD (–maximum), for both length and width, with the mean value underlined. Q represents the length/width ratio, and Qm the mean quotient. The hilar appendix and spore ornamentation were excluded from measurements, as were sterigmata from basidium measurements. Dimensions of basidia and cystidia can be expressed as minimum–maximum ranges.

Both collections studied (holotype and paratype) were deposited in the Herbarium of the Department of Life and Environmental Sciences, Botanical Section, University of Cagliari (CAG). Duplicate collections (isotype and paratype) are preserved in the private herbarium of Alberto Mua (Quartu Sant'Elena, Italy).

Molecular analysis

The two collections attributable to an undescribed species of *Russula* subsection *Maculatinae* were selected for molecular analysis. The ITS region was sequenced for both collections, whereas the LSU region was obtained for the paratype.

Total DNA extraction, PCR amplification, and sequencing were performed by Alvalab (Oviedo, Spain), following standard protocols. DNA was extracted from dried samples using a cetyltrimethylammonium bromide (CTAB) method (Murray & Thompson 1980). The ITS region was amplified using the primer pair ITS1F/ITS4 (White *et al.* 1990; Gardes & Bruns 1993), and the LSU region using LR0R/LR5 (Vilgalys & Hester 1990). PCR products were checked on 1% agarose gel, and chromatograms were inspected and manually corrected when necessary. Further details on PCR conditions, electrophoresis, and purification are provided in Alvarado *et al.* (2010, 2012, 2021).

Newly generated sequences were compared with available sequences in GenBank using BLASTn (Altschul *et al.* 1990) and with sequences available in UNITE through PlutoF (Fungal Records Database). Two datasets were assembled for phylogenetic analyses: an ITS dataset including 52 sequences and an LSU dataset including 26 sequences of *Russula* subsection *Maculatinae* retrieved from GenBank and UNITE, together with the newly generated sequences. The dataset included two sequences of *R. roseopicta* and two sequences of *R. globispora* generated in the present study. *Russula cuprea* Krombh. (GenBank: ITS: MG386711; LSU: MZ358818) was selected as outgroup, as it belongs to subsection *Cupreinae* Bon, which is phylogenetically very close to subsection *Maculatinae*.

All sequences used in the analyses are listed in **Tab. 1**. Sequences were aligned using the MUSCLE (Edgar 2004), implemented in MEGA 12 (Kumar *et al.* 2024), and the alignments were manually inspected and adjusted where necessary. Nexus and phylip files were generated using MESQUITE 3.61 (Maddison & Maddison 2019).

Maximum likelihood analyses were performed using raxMLGUI 2.0 (Stamatakis 2014; Edler *et al.* 2021), with 1000 bootstrap replicates and the GTR+GAMMA substitution model. Bayesian inference was performed using MrBayes 3.2.7 (Ronquist *et al.* 2012), with two independent runs of four chains for 10 million generations, sampling every 1000 generations. The first 25% of trees were discarded as burn-in.

Trees were visualized and edited using TreeGraph 2 (Stöver & Müller 2010). Bayesian posterior probabilities (BPP) were mapped onto the maximum likelihood tree. Branches were considered supported when BPP values were ≥ 0.95 and/or maximum likelihood bootstrap support values (MLBS) were ≥ 70%.

RESULTS

Maximum likelihood and Bayesian analyses produced congruent topologies. Bayesian analysis showed satisfactory convergence (avgstddev = 0.003414; PSRF = 1; ESS > 500 for all parameters). Phylogenetic analyses recovered two main clades within *Russula* subsection *Maculatinae*, corresponding to the *maculata* lineage and the *globispora* lineage previously recognized in the literature. The two collections identified as *Russula roseopicta* clustered together with maximal statistical support (MLBS = 100; BPP = 1) and formed a distinct and well-supported lineage within the maculata clade (MLBS = 82; BPP = 0.99). The phylogenetic placement of the new species was consistently recovered in both maximum likelihood and Bayesian analyses and remained clearly separated from the morphologically similar European taxa *R. maculata* and *R. nympharum*. The phylogenetic placement of the sequestrate species *R. candida* was recovered within the *maculata* lineage, although with weaker phylogenetic support for some deeper relationships within the clade.

Table 1. List of collections included in the phylogenetic analysis. Sequences in bold were deposited in GenBank directly by the authors.

Species	Voucher	ITS	LSU	Country	Type	Reference
Russula abbottabadensis	LAH310099	MG386702	—	Pakistan	—	Caboň *et al.* 2019
Russula abbottabadensis	FH00304589	MG386704	MN518356	Pakistan	T	Caboň *et al,* 2019
Russula ayubiana	LAH 35438	MZ358867	MZ358816	Pakistan	—	Kiran *et al.* 2021
Russula ayubiana	LAH 35439	NR_174925	MZ358817	Pakistan	T	Kiran *et al.* 2021
Russula candida	JC171001N	MK105631	MK105710	Spain	—	Vidal *et al.* 2019
Russula candida	JMV799894	MK105630	no	Germany	—	Vidal *et al.* 2019
Russula candida	JMV20100724b	MK105632	MK105711	Spain	—	Vidal *et al*. 2019
Russula cuprea (outgroup)	GENT (2010 BT168)	MG386711	MZ358818	Germany	—	Caboň *et al*. 2019
Russula dyadicola	TURA 152390	MG386712	MZ358820	Finland	—	Caboň *et al*. 2019
Russula dyadicola	UPS:AT2004140	KU928145	MN518358	Sweden	—	Adamčík *et al*. 2016
Russula dyadicola	TURA 151632	KU928146	MN518357	Germany	—	Adamčík *et al*. 2016
Russula globispora	GENT:FH-2007-BT111	KU928144	MG944273	Germany	—	Adamčík *et al*. 2016
Russula globispora	GENT (2007 BT98)	MG386717	MZ358822	Germany	—	Caboň *et al.* 2019
Russula globispora	SAV:HK12021	KU886595	MN518362	Sweden	—	Caboň *et al*.2019
Russula globispora	GENT:FH-2007-BT121	KU886594	MG944274	Germany	—	Caboň *et al.* 2019
Russula globispora	**GJ03M**	**PZ559968**	—	**Italy**	—	**This study**
Russula globispora	**FJ16M**	**PZ559973**	—	**Italy**	—	**This study**
Russula heilongjiangensis	HMAS:255142	MG719932	—	China	T	Li *et al.* 2018

Species	Voucher	ITS	LSU	Country	Type	Reference
Russula heilongjiangensis	HMAS:279587	MG719933	—	China	—	Li *et al.* 2018
Russula iqbalii	UEH-F0026	PQ110531	—	Pakistan	T	Naveed *et al.* 2025
Russula iqbalii	UEH-F0027	PQ110532	—	Pakistan	—	Naveed *et al.* 2025
Russula maculata	SAV:F-933	KU928150	MG944275	Slovakia	—	Adamčík *et al.* 2016
Russula maculata	SAV:F-2130	KU928151	MG944277	Estonia	—	Adamčík *et al.* 2016
Russula maculata	GENT:FH-2010-BT184	KU928154	—	Germany	—	Adamčík *et al.* 2016
Russula maculata	GENT:FH-2009-BT05	KU928155	MG944279	Germany	—	Adamčík *et al.* 2016
Russula mansehraensis	HUP-SU33	MG948635	—	Pakistan	—	Crous *et al.* 2018
Russula mansehraensis	HUP-SUR180	MG948636	MN518354	Pakistan	T	Crous *et al.* 2018
Russula mansehraensis	HUP-SU803	MG948637	—	Pakistan	—	Crous *et al.* 2018
Russula mansehraensis	LAH:MAM-0077	KU886598	—	Pakistan	—	Crous et al. 2018
Russula mattiroloana	JMV800644 (BCN)	MK105653	MK105722	Greece	—	Vidal *et al.* 2019
Russula mattiroloana	JMV800713 (BCN)	MK105656	MK105723	Poland	—	Vidal *et al.* 2019
Russula mediterraneensis	JMV800641 (BCN)	MK105660	MK105726	Greece	—	Vidal *et al.* 2019
Russula mediterraneensis	MG636, 29085 (MCVE)	MK105661	—	Italy	—	Vidal *et al.* 2019
Russula mediterraneensis	MG636, 29086 (MCVE)	MK105662	—	Italy	—	Vidal *et al.* 2019
Russula nympharum	GENT RUS11121505	NR_153268	—	Spain	T	Adamčík *et al.* 2016
Russula nympharum	HJB10019	DQ422015	MN518353	Belgium	—	Adamčík *et al.* 2016
Russula nympharum	CAG P.11.2.32	OM001196	—	Italy	—	Casula *et al.* 2021
Russula quercus-floribundae	LAH 36220	MN053391	MN513044	Pakistan	—	Crous *et al.* 2019
Russula quercus-floribundae	LAH 36219	MN053395	MN513043	Pakistan	T	Crous *et al.* 2019
Russula roseopicta	**HE05M**	**PZ544118**	**PZ544119**	**Italy**	—	**This study**
Russula roseopicta	**HE15M**	**PZ544120**	**—**	**Italy**	**T**	**This study**

Species	Voucher	ITS	LSU	Country	Type	Reference
Russula rubiginosus	HMJAU58933	OL828349	—	China	T	Ji *et al.* 2022
Russula rubiginosus	HMAS:267826	KX441111	KX441358	China	—	Ji *et al.* 2022
Russula rubiginosus	HMAS:267741	KX441095	KX441342	China	—	Ji *et al.* 2022
Russula rubiginosus	HMJAU58934	OL828348	—	China	—	Ji *et al.* 2022
Russula rubiginosus	clone QL041	HM105533	—	China	—	Wang *et al.* 2012
Russula rubricolor	AN-2019a isolate SJ105	MK142796	—	Pakistan	T	Jabeen *et al.* 2020
Russula rubricolor	AN-2019a isolate SJ106	MK142795	—	Pakistan	—	Jabeen *et al.* 2020
Russula rubricolor	AN-2019a isolate ASK47	MK142798	—	Pakistan	—	Jabeen *et al.* 2020
Russula subrubescens	TENN F18339	NR_153232	—	USA	T	—
Russula subrubescens	MQ24-HRL4175	PX308544	—	Canada	—	Landry *et al.* 2025
Russula tengii	HMAS262728	MG386708	—	China	T	Caboň *et al.* 2019

TAXONOMY

Russula roseopicta Mua, Marc. Casula, M. Sanna, M. Melis, A.N.M. Furtado & A.C. Rinaldi sp. nov.
MycoBank N. 864278

Diagnosis

Russula roseopicta differs from other European members of subsection Maculatinae by the combination of predominantly pink pileus cuticle with ochre patches also present on the stipe, yellow lamellae and spore print, mild to moderately spicy taste, relatively large basidiospores with partially connected ornamentation, predominantly one-septate dermatocystidia, and its occurrence in Quercus suber forests in Sardinia. Phylogenetically, it forms an independent clade within the maculata lineage.

Etymology

The epithet refers to the characteristic pink coloration of the pileus cuticle.

Holotype

Italy, Sardinia, Su Berrinu locality, Municipality of Isili (CA), in *Quercus suber* L. forest on calcareous soil, 705 m a.s.l., 07 Oct 2025, *leg.* A. Mua. Deposited in CAG herbarium (C.14.3); isotype in private herbarium Mua (HE15M). GenBank: ITS PZ544120.

Additional specimen examined

Italy, Sardinia, Onitzu locality, Municipality of Belvì (NU), in *Quercus suber* forest on neutral soil, 550 m a.s.l., 28 Sep 2025, *leg.* Alberto Mua, deposited in CAG herbarium (C.14.4) and duplicate in private herbarium Mua (HE05M). GenBank: ITS PZ544118, LSU PZ544119.

Pileus 4-8 cm broad, initially hemispherical with a slightly involute margin, becoming convex, often lobed, and finally shallowly depressed in the centre; surface dry, pink to pink-orange, often fading to whitish, especially towards the centre, frequently with scattered yellow-brown to ochraceous patches. Margin entire, not striate, even at maturity.

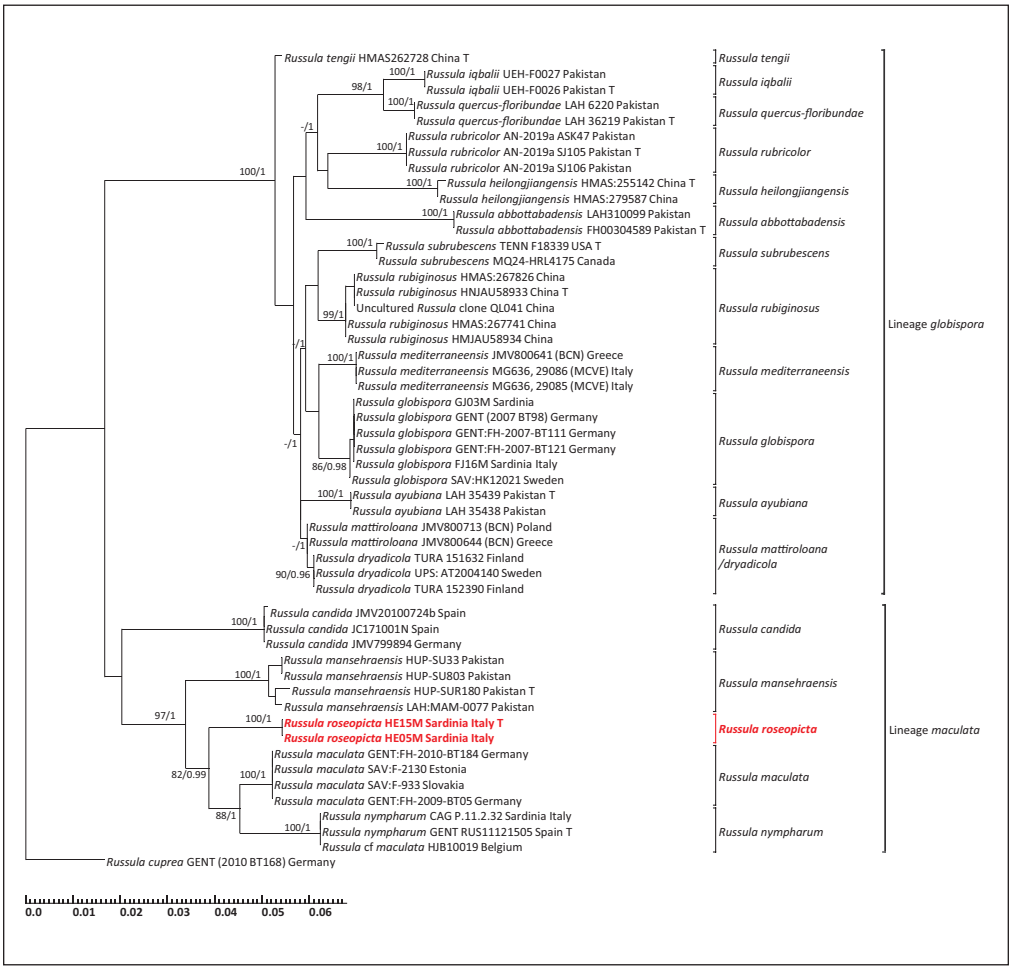


Figure 1. Maximum Likelihood phylogeny of *Russula* subsection *Maculatinae* inferred with RAxML. Bayesian posterior probabilities obtained from MrBayes are mapped onto the RAxML topology. Branch support values are reported above the branches as Maximum Likelihood bootstrap percentages (MLBS) and Bayesian posterior probabilities (BPP). Only MLBS values ≥ 70% and BPP values ≥ 0.95 are shown. Sequences generated in this study are indicated in red.

Lamellae adnate to slightly decurrent, moderately crowded, with few lamellulae, becoming broader and somewhat ventricose with age; edge blunt; intervenose between the lamellae; initially deep cream, becoming yellow.

Spore print IVd (Romagnesi code).

Stipe central to eccentric, stout, cylindrical to clavate, with a wrinkled surface, white, with ochraceous spots on the lower half; initially stuffed, becoming cavernous, then hollow.

Context white, slightly yellowing over time, firm then soft; taste mild to moderately spicy. Smell pleasant, fungal.

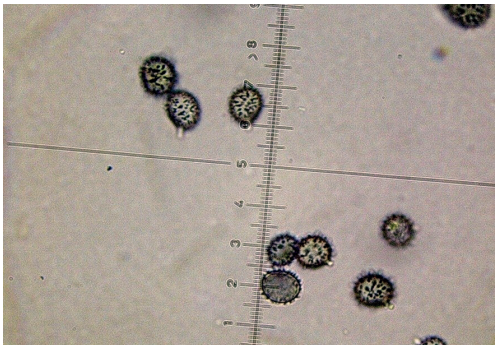
Macrochemical reactions on the stipe surface: $FeSO_4$ negative or producing a very pale pink-orange reaction; phenol (2%) grey-brown; guaiac weakly and slowly positive; KOH (30%) negative.



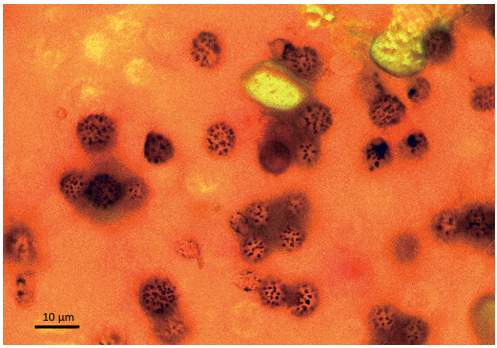
Russula roseopicta. Holotype. Photo by Alberto Mua



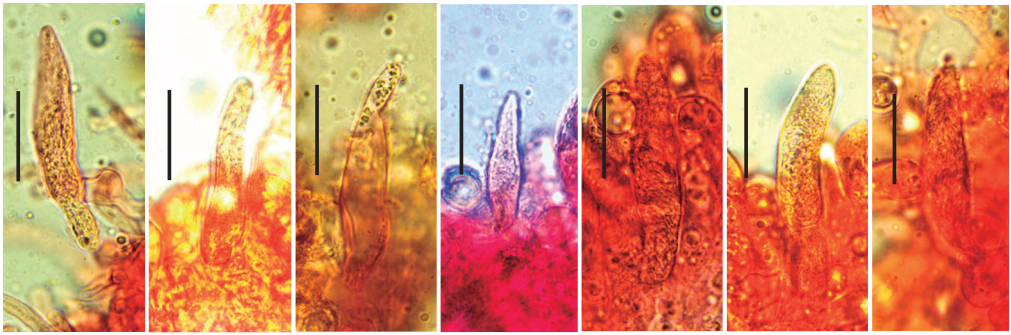
Russula roseopicta. Paratype. Photo by Alberto Mua



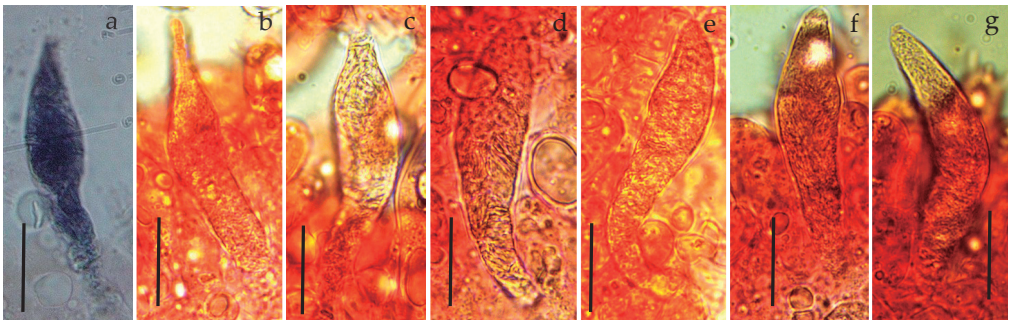
R. roseopicta. Spores in Melzer reagent. Holotype (1000×). Scale bar = 10 μm. Photo by Marco Casula



R. roseopicta. Spores in Melzer reagent. Holotype (1000×). Scale bar = 10 μm. Photo by Marco Casula



R. roseopicta. Cheilocystidia in Congo red. Holotype. Scale bar = 20 μm. Photo by Alberto Mua

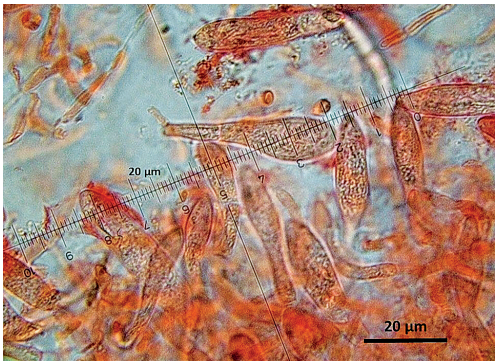


R. roseopicta. Pleurocystidia. Holotype. **a**. In sulfovanillin; **b-g**. In Congo red. Scale bar = 20 μm. Photo by Marco Casula (**a**); Photo by Alberto Mua (**b-g**)

Basidiospores (8.00) 8.44-9.39-10.34 (11.38) × (6.11) 7.14-7.95-8.75 (9.90) μm, Q = 1.10-1.18-1.26, subglobose to ellipsoid, ornamented with amyloid spines 0.6-1.2 μm high, mostly isolated, occasionally connected by short ridges; suprahilar plage amyloid, very conspicuous, with irregular, sometimes stellate margins.

Basidia 35-50 × 11-14 μm, clavate, predominantly 4-spored, with a few 2-spored; sterigmata 3-4 μm long.

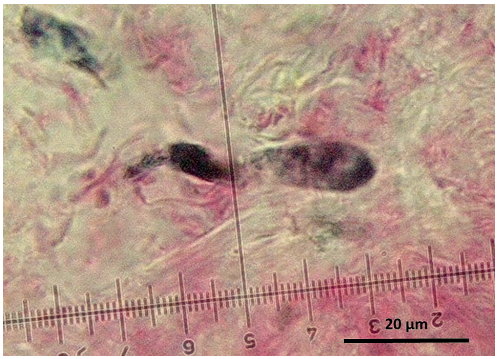
Cheilocystidia 33-58 × 5.2-11.5 μm, fusiform to clavate, elongate, turning black in sulfovanillin.



R. roseopicta. Dermatocystidia in Congo red. Holotype (1000 ×). Scale bar = 20 µm. Photo by Marco Casula



R. roseopicta. Dermatocystidia in basic fuchsin. Holotype (1000×). Scale bar = 20 µm. Photo by Marco Casula



R. roseopicta. Dermatocystidia in sulfovanillin. Holotype (1000 ×). Scale bar = 20 µm. Photo by Marco Casula

Pleurocystidia 54-74 × 11-14 µm, fusiform to clavate, turning black in sulfovanillin, rarely appendiculate.

Pileipellis a non-gelatinized trichoderm, approximately 150 µm thick, not clearly differentiated into suprapellis, mediopellis, and subpellis. At the pileus margin, it is composed of broad hairs, (1.49) 1.75-2.19-2.64 (3.09) µm wide, and numerous dermatocystidia, (3.55) 4.54-5.83-7.13 (8.31) µm wide and up to 150 µm long. The dermatocystidia are partly clavate and unicellular, but predominantly septate with a single septum, only rarely possessing two septa. The center of the pileus is composed of cylindrical terminal hyphae (hairs), (1.2) 1.9-2.5-3.2 (3.9) µm wide, mostly with rounded apices, rarely attenuate or appendiculate, occasionally diverticulate. Dermatocystidia very abundant, partly unicellular but more commonly one-septate and only rarely two-septate, clavate, (4.90) 5.86-8.41-10.96 (14.80) µm wide, containing granular contents in Congo red, turning black in sulfovanillin, lacking incrustations after treatment with basic fuchsin, rarely diverticulate; terminal element usually clavate, rarely cylindrical. Primordial hyphae absent.

Distribution and ecology it has been collected in Sardinia in Mediterranean forests dominated by *Quercus suber*. The species appears to be associated with thermophilous ectomycorrhizal habitats in insular Mediterranean ecosystems.

Discussion

The combination of morphological characters and phylogenetic evidence supports the recognition of *Russula roseopicta* as a distinct species within subsection *Maculatinae*. The most diagnostic features include the predominantly pink basidiomata with ochre discolorations, yellow lamellae and spore print, relatively large basidiospores with partially connected ornamentation, and predominantly one-septate dermatocystidia. In addition, the species appears to be ecologically associated with Mediterranean *Quercus suber* forests in Sardinia.

Below is a description of the characteristics that distinguish *R. roseopicta* from other European members of the subsection *Maculatinae.*

Russula maculata is distinguished from *R. roseopicta* by the presence of small purplish to rust-colored spots on the basidiomata, a stem often tinged with reddish hues, larger hymenial cystidia, spores with lower and generally more interconnected warts, and, on average, thinner dermatocystidia (Adamčík & Jančovičová 2013).

Russula nympharum differs in having rusty patches on the cuticle, slightly smaller spores with lower warts, pleurocystidia and cheilocystidia that are on average longer, and thinner dermatocystidia, predominantly unicellular and only occasionally septate (Adamčík *et al.* 2016).

Russula mansehraensis, an Asian species that is nevertheless closely related phylogenetically to the European species *Russula roseopicta*, *Russula maculata* and *Russula nympharum*, differs in being associated with conifers (*Pinus roxburghii* Sarg.), having smaller spores with lower and more interconnected warts, a gelatinized suprapellis, and narrower dermatocystidia (Adamčík *et al.* 2016, Crous *et al.* 2018).

Russula globispora differs by its predominantly ochraceous basidiomata, only occasionally showing reddish tones, more extensive rust-coloured patches on the pileus surface, paler lamellae, and larger subglobose basidiospores bearing isolated spines [1-1.5 (2) μm high] that are only exceptionally connected by short ridges. In addition, pileipellis hairs in *R. globispora* usually possess attenuated terminal elements (Blum 1962; Sarnari 1998, (Adamčík & Jančovičová 2013).

Russula dryadicola differs ecologically by its alpine habitat associated with *Dryas octopetala* L. and *Salix reticulata* L., and probably also with *Betula* spp. and *Picea abies* as well as morphologically by its viscid pileus cuticle with rust-coloured patches, and slightly smaller basidiospores (Bincoletto & Ostellari 2005).

Additional European taxa showing partial morphological similarities include *Russula cuprea*, which can be distinguished by its different pileus coloration, the yellow–orange lamellae at maturity, and by its markedly diverticulate pileipellis hairs and dermatocystidia, the latter being additionally multiseptate and, on average, narrower.

Russula decipiens (Singer) Svrček differs by its yellow–orange lamellae, absence of ochraceous patches on the pileus and stipe, evident greying of the context, and large, abundant, and consistently unicellular dermatocystidia (Sarnari 1998).

Russula quercilicis Sarnari appears to be associated mainly with holm oak forests and shows initially very pale lamellae and pileus colours resembling those of *Russula vesca* Fr., later becoming more similar to *Russula decipiens.* It further differs by possessing unicellular and encrusted dermatocystidia (Sarnari 1998).

Russula rutila Romagn. is characterized by a predominantly red pileus usually lacking ochraceous discolorations and by strongly encrusted dermatocystidia (Sarnari 1998).

The discovery of *Russula roseopicta* further highlights the still incompletely known diversity of Mediterranean representatives of subsection *Maculatinae*. Mediterranean ectomycorrhizal ecosystems, particularly insular systems such as Sardinia, likely harbour a greater diversity of *Russula* species than currently recognized. Mediterranean cork oak ecosystems represent important reservoirs of ectomycorrhizal fungal diversity and may support locally specialized fungal communities. The insular isolation of Sardinian ectomycorrhizal communities may also have contributed to diversification processes within Mediterranean lineages of *Russula*. The apparent association of the new species with *Quercus suber* forests suggests a potentially specialized ecological niche within thermophilous Mediterranean habitats. Additional sampling and multilocus phylogenetic studies will likely reveal further undescribed diversity and help clarify phylogenetic relationships within the *maculata* lineage.

Authors' addresses

Alberto Mua
Via Spano 8 - 09045 Quartu S. Elena (CA-IT).
E-mail: albermua@gmail.com
https://orcid.org/0000-0002-9586-0403
Associazione Micologica Bresadola Gruppo di Cagliari Sette Fratelli

Massimo Sanna
Via Galileo Galilei 18 - 09047 Selargius (CA-IT).
E-mail: massanfungo@gmail.com
https://orcid.org/0000-0002-3427-702X
Associazione Micologica Bresadola Gruppo di Cagliari Sette Fratelli

Mario Melis
Via Sardegna 78, 09045 Quartu S. Elena (CA-IT).
E-mail: mariomelis02@gmail.com
https://orcid.org/0009-0003-3961-6013
Associazione Micologica Bresadola Gruppo di Cagliari Sette Fratelli

Marco Casula
Via Piave 21, 09048-Sinnai (CA-IT).
E-mail: casula.mek@gmail.com
https://orcid.org/0009-0008-8898-5778
Associazione Micologica Bresadola Gruppo di Cagliari Sette Fratelli

Ariadne N.M. Furtado
Dipartimento di Scienze Biomediche- Università di Cagliari- 09042 Monserrato (CA-IT).
E-mail: ariadnemf@gmail.com
https://orcid.org/0000-0001-9596-7553

Andrea C. Rinaldi
Dipartimento di Scienze Biomediche- Università di Cagliari- 09042 Monserrato (CA), Italia,
Associazione Micologica Bresadola Gruppo di Cagliari Sette Fratelli.
E-mail: rinaldi@unica.it
https://orcid.org/0000-0002-9352-1037

References

Adamčík S., Caboň M., Eberhardt U., Saba M., Hampe F., Slovak M., Kleine J., Marxmueller H., Jančovičová S. & Pfister D.H. – 2016: A molecular analysis reveals hidden species diversity within the current concept of *Russula maculata* (*Russulaceae*, *Basidiomycota*). *Phytotaxa* 270 (2): 71-88. (https://doi.org/10.11646/phytotaxa.270.2.1)

Adamčík S. & Jančovičová S. – 2012: Type studies in *Russula* subsection *Maculatinae*: *R. decipiens* and related taxa as interpreted by H. Romagnesi. *Cryptogamie Mycologie* 33: 411-420. (https://doi.org/10.7872/crym.v33.iss4.2012.411)

Adamčík S. & Jančovičová, S. – 2013: Type studies in *Russula* subsection *Maculatinae* and affiliated taxa: four species as interpreted by Henri Romagnesi. *Sydowia* 65(2): 201-222.

Adamčík S., Looney B., Caboň M., Jančovičová S., Adamčíková K. *et al.* – 2019: The quest for a globally comprehensible *Russula* language. *Fungal Diversity*, 99 (1): 369-449. (https://doi.org/10.1007/s13225-019-00437-2)

Altschul S.F., Gish W., Miller W., Myers E.W. & Lipman D.J. – 1990: Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology* 215: 403-410. (https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)

Alvarado P., Manjón J.L., Matheny P.B. & Esteve–Raventós F. – 2010: *Tubariomyces*, a new genus of *Inocybaceae* from the Mediterranean region. *Mycologia* 102 (6): 1389-1397.

Alvarado P., Moreno G. & Manjón J.L. – 2012: Comparison between *Tuber gennadii* and *T. oligospermum* lineages reveals the existence of the new species *T. cistophilum* (*Tuberaceae, Pezizales*). *Mycologia* 104 (4): 894–910. (https://doi.org/10.3852/11-254)

Alvarado P., Cabero J., Moreno–Mateos D., Vizzini A., Alonso J., Lebeuf R., Siquier J.L. & Vidal J.M. – 2021: Phylogenetic relationships among false truffle genera of *Paxillaceae – Alpova, Melanogaster, Neoalpova,* and *Paralpova*, gen. nov. *Mycologia* 113: 828-841. (https://doi.org/10.1080/00275514.2021.1911552)

Bertault R. – 1978: Russules du Maroc. *Bulletin de la Société Mycologique de France* 94 (1): 5-31.

Bincoletto A. & Ostellari C. – 2005*: Russula dryadicola* (Singer) Fellner & Landa, primo ritrovamento in Italia. *Rivista di Micologia* 48 (4): 301-307.

Blum J. – 1952: Quelques espèces collectives de Russules. II. *Bulletin de la Société Mycologique de France* 68: 224-257.

Brotzu R. – 1993: *Guida ai funghi della Sardegna,* vol. 2. Archivio fotografico sardo.

Buyck B., Horak E., Cooper J.A. & Wang X.H. – 2023: *Russula* subgen. *Cremeoochraceae* subgen. nov.: a very small and ancient lineage sharing with *Multifurca* (*Russulaceae*) an identical, largely circum–Pacific distribution pattern. *BioRxiv*: 2023-07. (https://doi.org/10.1101/2023.07.26.550279)

Buyck B., Wang X.-H., Adamčíková K., Caboň M., Jančovičová S., Hofstetter V. & Adamčík S. – 2020: One step closer to unravelling the origin of *Russula*: subgenus *Glutinosae* subg. nov. *Mycosphere* 11 (1): 285–304. (https://doi.org/10.5943/mycosphere/11/1/6)

Buyck B., Zoller S. & Hofstetter V. – 2018: Walking the thin line… ten years later: the dilemma of above versus below–ground features to support phylogenies in the *Russulaceae* (*Basidiomycota*). *Fungal Diversity* 89(1): 267-292. (https://doi.org/10.1007/s13225-018-0397-5)

Caboň M., Li G.J., Saba M., Kolařík M., Jančovičová S., Khalid A.N., Moreau P.A., Wen H.A., Pfister D.H. & Adamčík S. – 2019: Phylogenetic study documents different speciation mechanisms within the *Russula globispora* lineage in boreal and arctic environments of the Northern Hemisphere. *IMA Fungus* 10: 1-16. (https://doi.org/10.1186/s43008-019-0003-9)

Casula M., Mua A. & Sanna M. – 2021: *Russula* rare o interessanti della Sardegna (Italia) 7. *Rivista Micologica Romana, Bollettino dell'Associazione Micologica Ecologica Romana* 113: 87-101.

Crous P.W., Wingfield M.J., Burgess T.I., Hardy G., Gené J. *et al.* – 2018: Fungal Planet description sheets: 716–784. *Persoonia*: *Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* 40: 240-393. (https://doi.org/10.3767/persoonia.2018.40.10)

Crous P.W., Wingfield M.J., Lombard L., Roets F., Swart W.J. *et al.* – 2019: Fungal Planet description sheets: 951-1041. *Persoonia*: *Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* 43: 223. (https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.43.06)

Das K., Miller S.L. & Sharma J.R. – 2006: *Russula* in Himalaya 2: Four new taxa. *Mycotaxon* 95: 205-215.

Das K., Ghosh A., Bhatt R.P., Chakraborty D., Hofstetter V. & Buyck B. – 2017: Fungal biodiversity profiles: 41-50. *Cryptogamie Mycologie* 38 (4): 527-547. (https://doi.org/10.7872/crym/v38.iss4.2017.527)

Edler D., Klein J., Antonelli A. & Silvestro D. – 2021: raxml GUI 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)

Edgar R.C. – 2004: MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research* 32 (5): 1792-1797. (https://doi.org/10.1093/nar/gkh340)

Fu H.Y., Li J.H., Ji H.M., Mao N., Li T. & Fan L. – 2026: Morphological and phylogenetic evidence reveal nine new species of *Russula* (*Russulaceae*, *Russulales*) from Shanxi Province, North China. *Journal of Fungi* 12 (1): 78. (https://doi.org/10.3390/jof12010078)

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)

Hongsanan S., Hyde K.D., Bahkali A.H., Camporesi E., Chomnunti P., Ekanayaka H., Gomes A.M., Hofstetter V., Jones E.B.G., Pinho D.B., Pereira O.L., Tian Q., Wanasinghe D.N., Xu J.–C. & Buyck B. – 2015: Fungal biodiversity profiles 11–20. *Cryptogamie, Mycologie* 36 (3): 355-380. (https://doi.org/10.7872/crym/v36.iss3.2015.355)

Jabeen S., Naseer A. & Khalid A.N. – 2020: *Russula rubricolor* sp. nov. from Himalayan forests of Pakistan. *Mycotaxon* 135: 765-776. (https://doi.org/10.5248/135.765)

Ji R.Q., Xie M.L., Zhou J.J., Meng L.P., Li Y., Zhang Z.H. & Li G.J. – 2022: *Russula rubiginosus* sp. nov. in *Russula* subsect. *Maculatinae* from Heilongjiang Province, Northeast China. *Phytotaxa* 575 (2):140-148. (https://doi.org/10.11646/phytotaxa.575.2.3)

Kiran M., Miroslav C., Senko D., Abdul N.K. & Slavomír A. – 2021: Description of the fifth new species of *Russula* subsect. *Maculatinae* from Pakistan indicates local diversity hotspot of ectomycorrhizal fungi in southwestern Himalayas. *Life* 11 (7): 662. (https://doi.org/10.3390/life11070662)

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), msae 263. (https://doi.org/10.1093/molbev/mbae263)

Li G.J., Zhang C.L., Zhao R.L. & Lin F.C. – 2018: Two new species of *Russula* from Northeast China. *Mycosphere* 9 (3): 431-443. (https://doi.org/10.5943/mycosphere/9/3/1)

Maddison W.P. & Maddison D.R. – 2019: Mesquite: a modular system for evolutionary analysis. Version 3.61. (https://www.mesquiteproject.org)

Malençon M.G. – 1944: Notes critiques sur quelques *Hymenomycetes* d'Europe et d'Afrique du Nord. *Bulletin Trimestriel de la Société Mycologique de France*. 58 :14-56.

Mua A. & Casula M. – 2012: *Atlante dei funghi della Sardegna*. Grafica del Parteolla.

Murrill W.A. – 1940: Additions to Florida Fungi: 3. *Bulletin of the Torrey Botanical Club* 67: 145-154.

Murray M.G. & Thompson W. – 1980: Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic acids research* 8 (19): 4321-4326.

Naveed M., Jabeen S., Ijaz H., Azeem M., Kha, M. & Ullah S. – 2025: *Russula iqbalii* sp. nov., Identified in *R.* subsect. *Maculatinae* from Pakistan, based on morphology, microscopy, and phylogeny. *Microscopy Research and Technique* 88 (4): 986-998. (https://doi.org/10.1002/jemt.24761)

Parmasto E. & Parmasto I. – 1987: Variation of basidiospores in the *Hymenomycetes* and its significance to their taxonomy. *Bibliotheca Mycologica* 115: 1-168. J. Cramer, Berlin & Stuttgart.

Romagnesi H. – 1967: *Les Russules d'Europe et d'Afrique du Nord*. Bordas, Paris: 998 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: 539-542. (https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029)

Sarnari M. – 1998: *Monografia illustrata de genere Russula in Europa*. Tomo Primo. Vol. 1. A.M.B. Fondazione centro studi micologici, Vicenza.

Sarnari M. – 2005: *Monografia illustrata del genere Russula in Europa*. Tomo secondo. A.M.B. Fondazione centro studi micologici, Vicenza.

Stamatakis A. – 2014: raxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post–analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30 (9): 1312-1313. (https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033)

Stöver B.C. & Müller K.F. – 2010: TreeGraph2: Combining and visualizing evidence from different phylogenetic analyses. *BMC Bioinformatics* 11: 7. (https://doi.org/10.1186/1471-2105-11-7)

Sultana K., Rauf C.A., Riaz A., Naz F., Irshad G. & Ul Haque M.I. – 2011: Check list of agarics of Kaghan valley–1. *Pakistan Journal of Botany* 43 (3): 1777-1787.

Vidal J., Alvarado P., Loizides M., Konstantinidis G., Chachuła P., Mleczko P., Moreno G., Vizzini A., Krakhmalnyi M. & Paz A. – 2019: A phylogenetic and taxonomic revision of sequestrate *Russulaceae* in mediterranean and temperate Europe. *Persoonia, Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* 42: 127-185. (https://doi.org/10.3767/persoonia.2019.42.06)

Vilgalys R. & Hester M. – 1990: Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of Bacteriology* 172 (8): 4238-4246. (https://doi.org/10.1128/JB.172.8.4238-4246.1990)

White T.J., Bruns, T., Lee S. & Taylor J. – 1990: Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In PCR Protocols: *A Guide to Methods and Applications*; Innis M.A., Gelfand D.H., Sninsky, J.J., White T.J., Eds.; Academic Press: New York, NY, USA: 315-322.

ALCUNE POLYPORALES Gäum.

Giovanni Segneri

Proseguendo il percorso sulla evoluzione sistematica e tassonomica che abbiamo iniziato e trattato già nei precedenti due articoli della rivista, vediamo cosa sta succedendo in altri comparti delle scienze naturali. Quello che è stato rilevato in micologia trova un parallelo attuale anche in botanica, soprattutto nel mondo dei vegetali superiori (cormofite).

È stato rilevato che la divisione, combinazione e circoscrizione dei nuovi generi è la causa di ampie modifiche ai binomi. Questo modo di procedere per ottenere generi monofiletici ha effetti tassonomicamente assai dirompenti molto più del necessario (Nicolle *et al.* 2024). È opportuno ricordare che la sistematica dal punto di vista filogenetico è una disciplina dinamica che non segue un percorso evolutivo già tracciato e condiviso ma deve essere costruita passo dopo passo. La sfida che ora gli studiosi debbono affrontare consiste nel collegare i vecchi e i nuovi tipi di evidenze. Nicolle *et al.* (2024), come già in precedenza fatto da altri studiosi (Vellinga *et al.* 2015), hanno sentito il bisogno di suggerire dei comportamenti a cui i ricercatori avrebbero dovuto attenersi. Infatti, hanno proposto sei regole che consideravano le riclassificazioni del genere. Lo scopo era quello di ridurre al minimo qualsiasi interruzione tassonomica e mantenere la stabilità dei binomi delle specie di un genere senza compromettere la loro validità scientifica (Nicolle *et al.* 2024).

Gli studi filogenetici contemporanei mantengono collegamenti sicuri con i sistemi tradizionali basati sulla morfologia ma spesso con insufficiente visione critica d'insieme. Questo comporta frequentemente la trasformazione in nuovi generi di piccoli clade senza che vengano discusse soluzioni classificatorie alternative. L'applicazione di questo criterio soddisfa sicuramente il principio di monofilia (Vellinga *et al.* 2015) ma porta inevitabilmente ad una frantumazione della vecchia sistematica.

Oggi questo appare l'andamento prevalente seguito da una buona parte della comunità scientifica che tuttavia non viene condiviso. Molti ritengono che la suddivisione della tassonomia tradizionale debba e possa essere minimizzato per ottenere la monofilia (Nicolle *et al.* 2024). L'alternativa di cercare una soluzione che possa portare, invece, a degli accorpamenti appare poco utilizzata.

Questi approcci divergenti rispecchiano le vecchie distinzioni tra due concetti, "*Splitter*" (sgretolare, suddividere) e "*Jumper*" (raggruppare, riunire). Come si può intuire, esistono punti di vista diversi nel mondo scientifico, gli studiosi coinvolti avvertono il bisogno di confrontarsi per ricercare convergenze e punti di vista comuni.

Di seguito un esempio già proposto in un precedente articolo della rivista per chiarire come è possibile procedere nella analisi, nella valutazione e nelle conclusioni di alberi filogenetici dovendo scegliere fra diverse possibilità.

Non molto tempo fa, nel valutare l'albero filogenetico ML di *Polyporaceae* basato su dataset a 3 geni, gli autori (Justo *et al.* 2017) si sono trovati di fronte alla necessità di fare una scelta tipo "*Splitter*" o tipo "*Jumper*". Infatti l'albero proponeva queste due possibili soluzioni. Gli autori hanno optato per fare una scelta più inclusiva considerando la famiglia *Ganodermataceae* come sinonimo di *Polyporaceae*. Questa loro proposta non ha generato un impatto aggressivo sulla sistematica esistente ed ha conservato per intero la sua validità scientifica. Una scelta più restrittiva di tipo "*Splitter*" ovvero scorporando *Ganodermataceae* da *Polyporaceae* avrebbe richiesto altri interventi tassonomici/nomenclaturali che avrebbero destabilizzato l'attuale sistematica di *Polyporaceae* (peraltro gravata da altra irrisolta problematica che riguarda la tipizzazione di *Polyporus*) senza che venisse aggiunto un maggiore valore scientifico. Con lo stesso spirito è stato affrontato uno studio per dipanare le problematiche che affliggono le entità del marciume bruno incluse in *Fomitopsidaceae* Jülich (1981).

Tempo fa il genere *Fomitopsis* risultava polifiletico (Kim *et al.* 2005; Ortiz-Santana *et al.* 2013) e gli studi filogenetici successivi non proponevano delle soluzioni ritenute sufficienti (Spirin *et al.* 2024). Per circoscrivere e definire il genere *Fomitopsis* in senso filogenetico sono stati utilizzati ampi campionamenti per delimitare *Fomitopsidaceae* e mostrarne la posizione all'interno di *Polyporales*. Nello stesso tempo è stata assicurata una ampia copertura geografica poiché *Fomitopsis* sensu lato comprende decine di specie descritte in tutto il mondo (Spirin *et al.* 2024).

Lo studio ha dimostrato che in *Fomitopsis* dovrebbero e potrebbero essere incluse diverse entità di generi di polipori come *Dichomitus, Gloeophyllum, Junghuhnia*, *Laccocephalum, Nigroporus, Skeletocutis, Trametes* e *Tyromyces*, che in precedenza non erano inclusi negli studi filogenetici sui polipori del marciume bruno (Spirin *et al.* 2024).

In conclusione, viene proposta la presenza di soli tre generi *Anthoporia*, *Antrodia* e *Fomitopsis* all'interno della famiglia *Fomitopsidaceae.* Il genere *Fomitopsis* diventa un genere ampio con 128 specie accettate e i nomi di genere come *Daedalea*, *Caloporus* e *Piptoporus* considerati come suoi sinonimi.

A questo punto passo a descrive le quattro specie oggetto di questo articolo, sono: ***Postia guttulata***; ***Pycnoporus cinnabarinus, Sparassis crispa*** e ***Spongipellis pachyodon.***

Postia guttulata (Peck) Jülich (1982)

Basidioma sessile, dimidiato (a forma di semicerchio o conchiglia), annuale, imbricato o fuso lateralmente, largo fino a 10 cm e spesso 1-2 cm; superficie sterile irregolarmente rugosa, provvista di piccole depressioni rotondeggianti, radialmente fibrillosa, colore prima biancastro poi giallastro; margini sottili, ondulati.

Imenoforo provvisto di pori rotondo-angolosi, 4-6 per mm, colore biancastro poi sfumato di giallastro; tubuli monostratificati, 2-5 mm spessi, concolori.

Contesto biancastro, fibroso, 5-10 mm di spessore. Odore fungino. Sapore molto amaro.

Commestibilità non commestibile.

Habitat su legno morto di conifera e, talvolta, di latifoglie; produce carie bruna.

Microscopia: **spore** da oblunghe a subcilindriche, lisce, ialine, parete sottile, 4-5 × 2-2,5, μm; **basidi** clavati, tetrasporici, 13-22 × 4-6 μm, **giunti a fibbia** presenti; **cistidi** assenti, presenti dei cistidioli fusiformi non sporgenti dal filo imeniale; la **struttura ifale** è monomitica, ife a parete sottile, ialine, ramificate, larghe 3-5,5 μm, nel contesto possono raggiungere un diametro di 12 μm; sono presenti ife gloeoplere o oleifere (cellule di forma allungata e con contenuto interno rifrangente, denso e granuloso, ricco di gocce oleose o resinose); **giunti a fibbia** presenti.

Questa specie è diffusa in Europa ma non ovunque presente, la raccolta a cui faccio riferimento è stata effettuata nella zona retrodunale del parco Nazionale del Circeo su rami e tronchi a terra (ma non adagiati al suolo) di pino domestico (*P. pinea* L.). Comunque, in letteratura viene segnalata la crescita, generalmente, su conifere (compreso *Abies alba* Mill.) e meno frequentemente su latifoglie. A tal proposito risulta segnalata una raccolta dalla Polonia (Dai 2014) su tronco caduto di faggio (*Fagus sylvatica* L.) e altre due raccolte nella Riserva Naturale di Tamisto, Finlandia, su tronco caduto di pioppo (Dai 2011). Questa entità è piuttosto rara, recenti studi hanno indicato come areale di crescita preferenziale l'emisfero boreale con esclusione delle aree tropicali (Zmitrovich *et al.* 2025). È stata rilevata in Europa una frequente associazione con l'areale naturale di *Picea* dove cresce su legno vivo o morto di conifere, in vecchie foreste naturali (Yurchenko & Kotiranta 2020; Zmitrovich *et al.* 2025). Dal punto di vista trofico si comporta come parassita su alberi vivi e come saprofita su quelli morti, preferibilmente su quelli eretti e meno frequentemente su quelli caduti (Zmitrovich *et al.* 2025).

Per quanto riguarda la morfologia anatomica, studi recenti hanno messo in evidenza la presenza di una struttura ifale pseudodimitica, con ife pseudoscheletriche quasi solide,

predominanti nei basidiomi maturi, che determinano una consistenza dura simile a quella di *Fomitopsis* (Zmitrovich *et al.* 2025). Questa specie si caratterizza per le dimensioni medio/piccole, per la forma generalmente flabelliforme, frequentemente substipitata, inizialmente di colore biancastro poi macchiata di brunastro. Superficie sterile spesso con piccole depressioni di 1-3 mm di diametro e superficie poroide con depressioni di guttazione, sapore molto amaro (Yurchenko & Kotiranta 2020).

Dal punto di vista tassonomico questa specie fu istituita nel 1880 negli Stati Uniti ad opera di Peck come *Polyporus guttulatus,* oggi suo basionimo. Nel 1907 subì il primo trasferimento nel genere *Tyromyces,* come *Tyromyces guttulatus,* ad opera di Murrill. A seguito di alcune considerazioni tassonomiche fatte su alcuni *Basidiomycetes*, nel 1982, Jülich la trasferì nel genere *Postia* col binomio di *Postia guttulata.* Nel 1985, trascorsi appena tre anni, Gilbertson e Ryvarden proposero di spostare questa entità in *Oligoporus* col binomio di *Oligoporus guttulatus*. Negli anni successivi e fin quasi ai nostri giorni questi ultimi due binomi vennero utilizzati da vari autori a seconda del proprio punto di vista.

In realtà, alcuni micologi non hanno accettato *Postia*, preferendo i generi affini *Spongiporus* o *Oligoporus*, poiché nessuna specie era stata elencata nel 1874 da Fries quando *Postia* fu proposto per la prima volta.

Studi filogenetici condotti nei primi venti anni di questo secolo hanno messo in evidenza che il genere *Postia,* come tradizionalmente inteso, sia polifiletico (Binder *et al.* 2005, 2013; Ortiz-Santana 2013; Pildain & Rajchenberg 2013; Shen *et al.* 2014, 2015, 2019; Justo *et al.* 2017). Le analisi filogenetiche più recenti hanno supportato fortemente la separazione dei generi, *Amaropostia, Calcipostia, Cyanosporus, Cystidiopostia, Fuscopostia, Spongiporus* da *Postia* s.str. (Shen *et al.* 2019). Sulla base delle caratteristiche morfologiche e delle analisi filogenetiche, *Oligoporus guttulatus* = *Postia guttulata* è stata trasferita nel nuovo genere *Calcipostia* (famiglia *Postiaceae*) come *Calcipostia guttulata* (Shen *et al*. 2019).



Postia guttulata Foto di Giovanni Segneri



Postia guttulata Foto di Giovanni Segneri

Pycnoporus cinnabarinus (Jacq.) P. Karst. (1881)

Basidioma annuale, sessile, a mensola, singolo o riunito in gruppo, dimidiato (ricorda la mezza luna), sporgente 2-6 cm, largo fino a 20 cm, spesso fino a 2 cm; superficie sterile inizialmente pubescente, poi glabra, solitamente rugosa, irregolarmente zonata concentricamente, opaca, tende a scolorire con l'età, colore da rosso-arancio a rosso-cinabro; margine sottile ed acuto, concolore.

Imenoforo poroide, costituito da tubuli monostratificati dello spessore di 1-5 mm, più chiari del contesto; pori regolarmente distribuiti, da ampiamente arrotondato-angolosi ad angolosi, 3-4 per mm, rosso-cinabro, rosso arancio; dissepimenti interi, ispessiti, poi sottili e lacerati, pubescenti.

Contesto spugnoso, suberoso, tenace, infine coriaceo, spesso 2-15 mm, colore rosso-aranciato. Odore e sapore nulli.

Commestibilità non commestibile.

Habitat su legno morto a terra di latifoglie, raramente di conifera; produce carie bianca.

Microscopia: **spore** ellissoide-cilindriche, un po' arcuate, lisce, ialine, parete sottile, 4,2-6,5 × 2-2,8, μm; **basidi** clavati, tetrasporici 13-18 × 5-6 μm, **giunti a fibbia** presenti; **cistidi** assenti; la **struttura ifale** è trimitica, ife generatrici a parete sottile, settate, ialine, larghe 2-4,5 μm, **giunti a fibbia** presenti, ife connettive a parete spessa, ramificate, contorte, intrecciate, giallo-arancio, prive di setti, larghe 2-4 μm, ife scheletriche a parete spessa, prive di setti, con rare ramificazioni, brunastre, larghe 2-9 μm.

Questa specie è abbastanza comune in Europa ma non ovunque presente, la raccolta a cui faccio riferimento è stata effettuata su rami morti a terra di faggio (*Fagus sylvatica*).

Per il colore, la forma e l'habitat è individuabile già sul terreno, comunque è da tenere presente che possiede un sosia, *Pycnoporus sanguineus* (L.) Murrill, con areale tropicale o regioni a clima mite (Téllez-Téllez *et al.* 2016). Quest'ultimo si differenzia dalla specie qui descritta per dimensioni minori (sporgenza fino a 3 cm; larghezza 2-3 cm; spessore fino a 1 cm) e per tonalità più aranciate; non molto tempo fa segnalato dalla Spagna (Suay *et al.* 2000).

I funghi basidiomiceti che decompongono il legno producono sostanze con interesse biologico per diverse applicazioni e in diversi campi. In tempi moderni si registra la crescente richiesta di aromi naturali nell'industria alimentare. La vanillina è uno degli aromi più universalmente utilizzati in alimenti ma anche in profumi, bevande e prodotti farmaceutici (Priefert *et al.* 2001). Oggi, il consumo mondiale di vanillina è molto elevato e solo una piccola parte è costituito da vanillina naturale estratta dai baccelli di vaniglia, mentre la restante parte è costituita da vanillina sintetica (Li & Rosazza 2000). Tuttavia, secondo le attuali normative europee e statunitensi, le sostanze aromatiche sintetizzate chimicamente non possono essere utilizzate per la produzione di aromi naturali (Muheim & Lerch 1999). Infatti, la vanillina può essere venduta come "aroma naturale di vaniglia" solo se la materia prima e il processo sono naturali.

La ricerca scientifica, per poter rispettare questi vincoli legislativi, ha sviluppato altri metodi di produzione tramite l'uso delle biotecnologie. Ciò ha generato una migliore conoscenza scientifica ed un aumento degli investimenti in questo settore. Uno dei metodi individuati e proposto all'attenzione dei ricercatori, consiste nel processo di bioconversione in due fasi dell'acido ferulico in vanillina, combinando l'azione di due funghi filamentosi, *Aspergillus niger* Tiegh. e *Pycnoporus cinnabarinus*. Nella prima fase, *A. niger* trasforma l'acido ferulico in acido vanillico e nella seconda fase l'acido vanillico viene ridotto a vanillina da *Pycnoporus cinnabarinus* (Lesage-Meessen *et al.* 1996). Alcuni dei substrati naturali di partenza utilizzati



Pycnoporus cinnabarinus Foto di Giovanni Segneri

sono lignina, paglia di grano, polpa di barbabietola da zucchero, residui di scarto dell'olio di crusca di riso (Zheng *et al.* 2007) che rendono il processo di produzione molto economico. In particolare, il processo di conversione della lignina in vanillina è uno dei più promettenti in termini di sostenibilità e rilevanza economica (Hansen *et al.* 2009). Infatti, la lignina è la seconda materia prima rinnovabile più disponibile, con circa 50 milioni di tonnellate prodotte all'anno (Hansen *et al.* 2009).

Dal punto di vista tassonomico questa specie fu istituita da Jacquin (1776) come *Boletus cinnabarinus,* oggi basionimo della specie. Successivamente, nel 1816, Fries lo trasferì al genere *Polyporus* come *Polyporus cinnabarinus* (Jacq.) e nel 1849 lo ricombinò come *Trametes cinnabarina* (Jacq.) Fr. Nel 1881 Karsten lo trasferì nel nuovo genere *Pycnoporus* con il binomio di *Pycnoporus cinnabarinus*. Tale binomio è rimasto il più utilizzato fino ai primi anni del XXI secolo, nonostante siano stati effettuati alcuni trasferimenti in altri generi intorno alla fine del 1800.

Studi sulla filogenesi di *Trametes* e dei generi affini in cui sono stati utilizzati marcatori ribosomiali (nLSU, ITS) e geni codificanti proteine (RPB1, RPB2, TEF1-alfa), hanno evidenziato un clade "trametoide" fortemente supportato. Questo clade includeva la maggior parte delle specie di *Trametes* [tra cui quella tipo, *T. suaveolens* (L.) Fr.] insieme a specie appartenenti a *Lenzites*, *Pycnoporus* e *Coriolopsis polyzona* (Pers.) Ryvarden.

Alla luce di questi risultati, l'uso di un unico nome generico (*Trametes*) per il clade "trametoide" è stato considerato la migliore opzione tassonomica e nomenclaturale, poiché il concetto morfologico di *Trametes* sarebbe rimasto pressoché invariato (Justo & Hibbett 2011). Gli stessi autori hanno preso in considerazione scenari alternativi per suddividere il clade dei "trametoidi" in cinque o più generi. Questa scelta però avrebbe reso quasi impossibile la distinzione morfologica dei generi separati e l'attribuzione di ulteriori specie a uno qualsiasi di questi generi sarebbe risultata molto difficile. Sempre gli stessi autori hanno concluso di considerare i generi *Artolenzites, Coriolopsis* (come attualmente tipificato), *Coriolus, Cubamyces, Cyclomycetella, Lenzites, Poronidulus, Pseudotrametes* e *Pycnoporus* sinonimi di *Trametes*.

Alla luce di queste valutazioni, oggettivamente condivisibili, viene riabilitato l'antico binomio di Fries, *Trametes cinnabarina* da considerare, pertanto, il corretto nome attuale della specie qui descritta.

Sparassis crispa (Wulfen) Fr. (1821)

Basidioma annuale, globoso, emisferico-appiattito, a forma di grossa spugna, 20-40 (50) cm di larghezza, 10-20 cm di altezza, costituito da numerose ramificazioni piatte, sinuose, serrate, lisce, all'apice a forma di foglia, colore crema-ocraceo, brune al bordo delle lamine.

Imenoforo liscio, indifferenziato, disposto su tutte le superfici a vista delle ramificazioni.

Gambo corto, carnoso, radicante.

Contesto bianco, elastico, fibroso. Odore gradevolmente fungino. Sapore dolce.

Commestibilità commestibile.

Habitat a terra direttamente collegata con le piante di conifere; produce carie bruna.

Microscopia: **spore** ampiamente ellissoidali, lisce, ialine, a parete sottile, con una sola guttula centrale, 5,5-6 μm; **basidi** strettamente clavati, tetrasporici, 45-50 × 6-7 μm, **giunti a fibbia** presenti; **cistidi** assenti; la **struttura** è monomitica, ife con pareti da leggermente spesse a sottili, settate, larghe 2-10 μm, **giunti a fibbia** presenti.

Questa entità è presente in Europa ma non è molto comune, cresce isolata ai piedi delle conifere, preferibilmente di pino o su legno molto decomposto. Il riconoscimento di questa specie non dovrebbe risultare difficoltoso almeno a livello di genere per la sua tipica conformazione morfologica. Infatti, la caratteristica del genere è costituita da flabelli (terminali

a forma di ventaglio) ramificati che si originano da un nucleo centrale. Comunque, per avere la conferma della specie è opportuno osservare e valutare i caratteri microscopici, in tempi moderni le sorprese arrivano quando meno te le aspetti. Le specie di *Sparassis* mostrano un'ampia variazione morfologica, soprattutto quando sono confrontati i materiali provenienti dall'Asia orientale e dall'Australia con le raccolte del Nord America e dell'Europa (Wang *et al*. 2004).

Studi filogenetici basati su due marcatori molecolari (ITS; LSU) hanno mostrato, in quello che viene definito il complesso *Sparassis crispa*, la presenza di diversi cladi monofiletici (Hughes *et al.* 2013). In alcuni casi corrispondenti a specie già denominate (ad esempio *S. crispa*, *S. radicata* Weir), ma, altri privi di nome (ad esempio, *S. "crispa"* del Nord America orientale e sudoccidentale).

Sempre in quest'ultimo studio, l'esame morfologico di numerose collezioni ha inoltre evidenziato sottili differenze correlate alla distribuzione geografica. Non molto tempo fa è stato osservato che le raccolte europee erano morfologicamente differenti da quelle asiatiche e, pertanto venne suggerita l'importanza di identificare la specie tramite il DNA mitocondriale (Bashie 2020). L'uso di questo marcatore sembra sia più indicato per individuare le varie entità del genere *Sparassis*, per questo motivo il suo utilizzo viene sollecitato soprattutto a coloro che svolgono ricerca scientifica. La certa identificazione della specie permette una corretta comunicazione delle sostanze presenti (metaboliti bioattivi), evitando possibili confusioni e garantendone una sicura utilizzazione sanitaria.

S. crispa, conosciuta popolarmente anche come "fungo cavolfiore", è un fungo medicinale ampiamente utilizzato nella medicina tradizionale cinese grazie alla presenza di sostanze bioattive con attività farmacologiche e al loro utilizzo negli integratori alimentari (Kimura 2013; Bashir & Choi 2017).



Sparassis crispa Foto di Giovanni Segneri



Sparassis crispa Foto di Giovanni Segneri

Nel tempo, il fungo cavolfiore ha goduto di una certa stabilità tassonomica. Istituito nel lontano 1821 da Wulfden come *Clavaria crispa*, oggi basionimo della specie, nel 1821 fu trasferito nel genere *Sparassis* da Fries col binomio di *Sparassis crispa*. Appartiene alla famiglia *Sparassidaceae* (*Polyporales*), di cui rappresenta il genere tipo (Justo *et al.* 2017).

Spongipellis pachyodon (Pers.) Kotl. & Pouzar (1957)

Basidioma annuale o biennale, ampiamente aderente al substrato, da carnoso a coriaceo, singolo o imbricato, semicircolare, da effuso-riflesso a completamente resupinato, sessile, pileo sporgente fino a 5 cm, superficie sterile pubescente, azonata, quasi liscia nelle parti più vecchie, color crema o ocra pallido; margine del pileo da ottuso ad acuto (tagliente), fertile, concolore alla superficie sterile.

Imenoforo con superficie imeniale più o meno concava, irregolare, spesso decorrente, pori incompleti, superficiali, presenti solo nelle aree marginali, 0,5-1 per mm, che diventano rapidamente dentati o lamellari e infine si trasformano in spine appiattite e appuntite, 0,5-1 per mm (irpicoidi); colore da crema a giallastro, ocra pallido negli esemplari molto vecchi.

Contesto prima coriaceo poi compatto allo stato secco, spesso fino a 3 cm, bianco-crema, costituito tipicamente da due strati, quello superiore più sottile e cotonoso, quello inferiore più spesso, denso e compatto. Odore forte e sgradevole, sapore non testato.

Commestibilità non commestibile.

Habitat su legno di latifoglie; produce carie bianca.

Microscopia: **spore** da globose a largamente ellissoidi, lisce, ialine, a parete leggermente spessa, non amiloidi, 5,5-6,5 (7,4) × 4,5-5,6 (6,4) μm; Q = 1,15-1,22; **basidi** strettamente

clavati, tetrasporici, 30-40 × 4,5-7 µm, **giunti a fibbia** presenti; **cistidi** assenti; la **struttura** è monomitica, ife con parete da sottile a spessa, settate, da subparallele a intrecciate, larghe 4,9-6 µm quelle del contesto, 3,3-4,1 µm quelle della trama, **giunti a fibbia** presenti.

Questa entità viene considerata poco comune nel nord Europa mentre è un po' più frequente nel centro e sud europeo. La raccolta a cui faccio riferimento è stata effettuata su un ceppo morto di *Platanus orientalis* L., in un parco pubblico di Roma. Cresce su latifoglie morte e vive dove causa una carie bianca molto aggressiva che porta allo svuotamento del cilindro; in letteratura viene segnalato anche su *Quercus* sp., *Aesculus* sp., *Celtis* sp. e *Fagus sylvatica.*

Effettuare sul terreno una certa e sicura determinazione è piuttosto difficile. Per forma e colore può assomigliare a *Climacocystis borealis* (Fr.) Kotl. & Pouzar (*Polyporales*) e *Schizopora paradoxa* (Schrad.) Donk (*Hymenochaetales*), dai quali differisce per caratteri microscopici. È una specie prevalentemente della zona temperata europea che vive principalmente su querce vive, nel passato è stata segnalata anche nel Caucaso (Nikolaeva 1964). Possiede un sosia *Irpiciporus mollis* (Berk. & M.A. Curtis) Murrill nel nord America. Le differenze morfologiche tra queste specie sono sottili: *S. pachyodon* si differenzia per le spore leggermente più grandi e le ife della trama leggermente più strette (Miettinen *et al.* 2023).

Dal punto di vista tassonomico/nomenclaturale questa specie fu istituita come *Hydnum pachyodon* da Persoon nel 1825, oggi basionimo della specie. La mutevolezza della configurazione dell'imenoforo ha contribuito nel tempo a identificarlo in diversi generi e a mettere in rilievo la sua fragile posizione sistematica. Fries (1838) lo propose come *Sistotrema* che nel passato includeva specie con imenoforo da grandinoide a poroide. Nel 1888 Quélet lo incluse nel genere *Irpex* per l'imenoforo a volte irpicoide (aculei piatti e dentati). Nel 1900 Patouillard lo spostò nel genere *Lenzites* a causa dell'imenoforo sovente grossolanamente



Spongipellis pachyodon Foto di Giovanni Segneri



Spongipellis pachyodon Foto di Giovanni Segneri

lamellato o labirintiforme. Kotlaba & Pouzar (1957) lo rinominarono come *Irpiciporus pachyodon* (oggi nome corrente), spostandolo in questo genere che fu istituito in America da Murrill nel 1905 per sostituire il genere *Irpex*. Infine, venne trasferito nel genere *Spongipellis* (Kotlaba & Pouzar 1965).

Questo ultimo binomio venne accettato da molti altri studiosi fino agli inizi del XXI secolo (Piątek *et al.* 2004; Bernicchia 2005; Szabó 2012). Sembrava essersi conclusa la peregrinazione sistematica di questa specie ma, invece dobbiamo registrare una nuova proposta nomenclaturale che non ha avuto un grande seguito per la mancanza di evidenze molecolari. *S. pachydon* venne trasferito in *Sarcodontia* col binomio di *Sarcodontia pachyodon* Spirin (2001) ed accettato da Zmitrovich *et al.* (2006). Tale scelta venne fatta basandosi unicamente su caratteri micromorfologici, quali un sistema ifale monomitico con ife provviste di giunti a fibbia, basidiospore ellissoidali o subglobose a parete spessa.

I primi anni di questo secolo, alcuni studi filogenetici hanno messo in evidenza l'esistenza di una criticità: *Spongipellis spumea* (Sowerby) Pat., la specie tipo del genere appariva in posizione isolata, non imparentata con altre specie del genere (Tomšovský 2012; Binder *et al.* 2013). Infatti, *Spongipellis pachyodon*, *Spongipellis litschaueri* Lohwag, e *Spongipellis unicolor* (Schwein.) Murrill. apparivano raggruppate a parte nella famiglia *Cerrenaceae* (Justo & Hibbett 2011; Justo *et al.* 2017). Successivi studi di filogenetica hanno evidenziato e confermato che il genere *Spongipellis* era polifiletico (Westphalen *et al.* 2016; Wang *et al.* 2022) e che l'entità qui descritta non apparteneva a *Spongipellis* e neppure al genere *Sarcodontia (*Nakasone *et al*. 2021). Un recentissimo studio di Miettinen *et al.* (2023), ha dimostrato che la specie qui trattata appartiene al genere *Irpiciporus* con il binomio attualmente corrente di *Irpiciporus pachyodon* (Pers.) Kotl. & Pouzar, confermando la lungimiranza e correttezza della scelta fatta da Kotlaba & Pouzar (1957).

Bibliografia

Audet S. – 2018: New genera and new combinations in *Antrodia* s.l. or *Polyporus* s.l., or new families in the *Polyporales*. *Mushrooms nomenclatural novelties* 14: 1-4.

Bashir K.M.I. & Choi J-S. – 2017: Clinical and physiological perspectives of β-glucans: the past, present, and future. *International Journal of Molecular Sciences* 18 (9): 1906.

Bashie K.M.I., Rheu K.M., Kim M.-S. & Cho M.-G. – 2020: The complete mitochondrial genome of an edible mushroom, *Sparassis crispa*. *Mitochondrial DNA Part B* 5 (1): 862-863.

Bernicchia A. – 1990: *Polyporaceae s.l. in Italia.* Istituto di Patologia Vegetale Università degli Studi, Bologna.

Bernicchia A. – 2005: *Polyporaceae* s.l. *Fungi Europaei* 10, Ed. Candusso.

Bernicchia A., Fugazzola M.A., Gemelli V., Mantovani B., Lucchetti A., Cesari M. & Speroni E. – 2006: DNA recovered and sequenced from an almost 7000 y-old Neolithic polypore, *Daedaleopsis tricolor*. *Mycological Research* 110: 14-17.

Bernicchia A. – 2010: *Corticiaceae* s.l. *Fungi Europaei* 12, Ed. Candusso.

Binder M., Hibbett D.S., Larsson K.H., Larsson E., Langer F. & Langer G. – 2005: The phylogenetic distribution of resupinate forms across. The major clades of mushroom-forming fungi (*Homobasidiomycetes*). *Systematic Biodiversity* 3: 113-157.

Binder M., Justo A., Riley R., Salamov A., Lopez-Giraldez F. *et al.* – 2013: Phylogenetic and phylogenomic overview of the *Polyporales*. *Mycologia* 105: 1350-1373.

Breitenbach J. & Kränzlin F. – 1986: Champignons De Suisse, Tome 2, Champignos sans lames. *Mykologia* Lucerne: 78-369.

Carlson A., Justo A. & Hibbett D.S. – 2014: Species delimitation in *Trametes:* a comparison of ITS, RPB1, RPB2 and TEF1 gene phylogenies. *Mycologia* 106 (4): 735-745.

Chen Y.Y., Li H.J. & Cui B.K. – 2015: Molecular phylogeny and taxonomy of *Fibroporia* (*Basidiomycota*) in China. *Phytotaxa* 203 (1): 47-54.

Chen Y.Y. & Cui B.K. – 2016: Phylogenetic analysis and taxonomy of the *Antrodia heteromopha* complex in China. *Mycoscience* 57 (1): 1-10.

Chen YY., Wu F., Wang M. & Cui B.K. – 2017: Species diversity and molecular systematics of *Fibroporia* (*Polyporales, Basidiomycota*) and its related genera. *Mycological Progress* 16: 521-533.

Chen C.C., Chen C.Y., Lim Y.W. & Wu S.H. – 2020: Phylogeny and taxonomy of *Ceriporia* and other related taxa and description of three new species. *Mycologia* 112 (1): 64-82.

Chen C.C., Chen C.Y. & Wu S.H. – 2021: Species diversity, taxonomy and multi-gene phylogeny of phlebioid clade (*Phanerochaetaceae, Irpicaceae, Meruliaceae*) of *Polyporales*. *Fungal Diversity* 111: 337-442.

Chiu H.H. – 2007: Phylogenetic analysis of *Antrodia* Species And *Antrodia camphorata* inferred from internal transcribed spacer region. *Antonie van Leeuwenhoek* 91: 267-276.

Cui B.K., Liu S. & Dai Y.C. – 2011: Wood-rotting fungi in Eastern China 6. Two new species of *Antrodia* (*Basidiomycota*) from Mt. Huangshan, Anhui Province. *Mycotaxon* 116: 13-20.

Cui B.K., Li H.J., Ji X., Zhou J.L., Song J., Si J., Yang Z.L. & Dai Y.C. – 2019: Species diversity, taxonomy and phylogeny of *Polyporaceae* (*Basidiomycota*) in China. *Fungal Diversity* 97: 137-392.

Dai Y.C. & Niemelä T. – 2002: Changbai wood-rotting fungi 13. *Antrodia* sensu lato. *Annales Botanici Fennici* 39: 257-265.

Dai, Y.C., Wang Z., Binder M. & Hibbett D.S. – 2006: Phylogeny and a new species of *Sparassis* (*Polyporales, Basidiomycota*): evidence from mitochondrial *atp*6, nuclear rDNA and *rpb*2 genes. *Mycologia* 98(4): 584-592.

Donk M.A. – 1933: Revision de Niederlandischen Homobasidiomycetes. *Aphyllophoraceae* II. *Meded. Bot. Mus. Herb. Rijks. Univ. Utrecht* 9: 1-141.

Donk M.A. – 1960: The generic names proposed for *Polyporaceae*. *Persoonia* 1 (2): 173-302.

Donk M.A. – 1964: A conspectus of the families of *Aphyllophorales*. *Persoonia* 3: 199-324.

Donk MA. – 1969: Notes on European polypores - III. Notes on species with stalked fruitbody. *Persoonia* 5 (3): 237-263.

Gilbertson R.L. & Ryvarden L. – 1986: *North American polypores 1. Abortiporus - Lindtneria*. Fungiflora, Oslo: 1-433 pp.

Han M.L., Chen Y.Y., Shen L.L., Song J., Vlas_A.K.J., Dai Y.C. & Cui B.K. – 2016: Taxonomy and phylogeny of the brown-rot fungi: *Fomitopsis* and its related genera. *Fungal Diversity* 80: 343-373.

Hansen E.H., Møller B.L., Kock G.R., Bünner C.M., Kristensen C., Jensen O.R., Okkels F.T., Olsen C.E., Motawia M.S. & Hansen J. – 2009: De Novo Biosynthesis of Vanillin in Fission Yeast (*Schizosaccharomyces pombe*) and Baker's Yeast (*Saccharomyces cerevisiae*). *Applied and Environmental Microbiology Journal* 75 (9).

He M.Q., Zhao R.L., Hyde K.D., Begerow D., Kemler M. *et al.* – 2019: Notes, outline and divergence times of Basidiomycota. *Fungal Diversity* 99: 105-367.

Hibbett D.S. & Vilgalys R. – 1993: Phylogenetic Relantionships of *Lentinus* (*Basidiomycotina*) Inferred from Molecular and Morphological Characters. *Systematic Botany* 18 (3): 409-433.

Hibbett D.S. & Donoghue M.J. – 2001: Analysis of character correlations among wood decady mechanisms, mating systems, and substrate rangers in homobasidiomycetes. *Systematic Biology* 50 (2): 215-242.

Hibbett D.S. & Binder M. – 2002: Evolution of complex fruitingbody morphologies in homobasidiomycetes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B* 269: 1963-1969.

Hughes K.W., Segovia A.R. & Petersen R.H. – 2013: Transatlantic disjunction in fleshy fungi. I. The *Sparassis crispa* complex. *Mycological Progress*13: 407-427.

Jia B.S. & Cui B.K. – 2011: Notes on *Ceriporia* (*Basidiomycota, Polyporales*) in China. *Mycotaxon* 116: 457-468.

Jülich W. – 1982 [1981]: Higher taxa of *Basidiomycetes*. *Bibliotheca Mycologica* 85: 485.

Jülich W. – 1982: Notes on some *Basidiomycetes* (*Aphyllophorales* and *Heterobasidiomycetes*). *Persoonia* 11: 421-428.

Justo A. & Hibbett D.S. – 2011: Phylogenetic classification of *Trametes* (*Basidiomycota, Polyporales*) based on a five-marker dataset. *Taxon* 60: 1567-1583.

Justo A., Miettinen O., Floudas D., Ortiz-Santana B., Sjökvist E., Lindner D., Nakasone K., Niemelä T., Larsson KH., Ryvarden L. & Hibbett D.S. – 2017: A revised family-level classification of the *Polyporales* (*Basidiomycota*). *Fungal Biology* 121: 798-824.

Kim S.Y., Park S.Y. & Jung H.S. – 2001: Phylogenetic classification of *Antrodia* and related genera based on ribosomal RNA internal transcribed spacer sequences. *Journal of Microbiology and Biotechnology* 11: 475-481.

Kim S.Y., Park S.Y., Ko K.S. & Jung H.S. – 2003: Phylogenetic analysis of *Antrodia* and related taxa based on partial mitochondrial SSU rDNA sequences. *Antonie van Leeuwenhoek* 83: 81-88.

Kimura T. – 2013: Natural products and biological activity of the pharmacologically active cauliflower mushroom *Sparassis crispa*. *BioMed Research International*: 1-9.

Kotiranta H. & Penzina T. – 2001: *Spongipellis sibirica*, comb. nova (*Basidiomycetes*), and its affinities to the polypore genera *Tyromyces*, *Aurantioporus* and *Climacocystis*. *Annales Botanici Fennici* 38: 201-209.

Krüger D., Petersen R.H. & Hughes K.W. – 2006: Molecular phylogenies and mating study data in *Polyporus* with special emphasis on group "*Melanopus*" (*Basidiomycota*). *Mycological Progress* 5: 185-206.

Krüger D., Hughes K. & Petersen R. – 2008: Notes on the molecular Phylogeny of the "*Polyporellus*" group whithin *Polyporus*: identity of collections from Canada and Ecuador, and relationships with *Lentinus*. *Sidowia* 60 (2): 213-233.

Lesage-Meessen L., Delattre M., Haon M., Thibault J-F., Ceccaldi BC., Brunerie P. & Asther M. – 1996: A two-step bioconversion process for vanillin production from ferulic acid combining *Aspergillus niger* and *Pycnoporus cinnabarinus*. *Journal of Biotechnology* 50 (2-3): 107-113.

Li T. & Rosazza J.P.N. – 2000: Biocatalytic Synthesis of Vanillin. *Applied and Environmental Microbiology* 66 (2).

Li Y., He S.H., Chen C.C., Nakasone K.K. & Ma H.X. – 2022: Global Taxonomy and Phylogeny of *Irpicaceae* (*Polyporales, Basidiomycota*) With Descriptions of Seven New Species and Proposals of Two New Combinations. *Frontiers in Microbiology* 13.

Li Y., Chen C.C. & He S.H. – 2023: New corticioid taxa in *Phanerochaetaceae* (*Polyporales, Basidiomycota*) from East Asia. *Frontiers in Microbiology* 14.

Li Y., Cao Y.F., Nakasone K.K., Liu S.L., Huang M.R. & He S.H. – 2025: Species diversity, taxonomy, multigene phylogeny, and divergenze times of *Meruliaceae* (*Polyporales, Basidiomycota*). *Mycology*: 1-42.

Liu S., Chen Y.Y., Sun Y.F., He X.L., Song C.-G., Si J., Liu D.-M., Gates G. & Cui B.-K. – 2023: Systematic classification and phylogenetic relationships of the brown-rot fungi within the *Polyporales. Fungal Diversity* 118: 1-94.

Liu Z.B. & Yuan Y. – 2020: *Luteoporia citriniporia* sp. nov. (*Polyporales, Basidiomycota*), evidenced by morphological characters and phylogenetic analysis. *Phytotaxa* 461(1): 031-039.

Matheny P.B., Wang Z., Binder M., Curtis J.M., Lim Y.W. *et al.* – 2007: Contributions of rpb2 and tef1 to the phylogeny of mushrooms and allies (*Basidiomycota, Fungi*). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 43: 430-451.

Melo I., Cardoso J., Dueñas M., Salcedo I. & Telleria M.T. – 2012: *Peniophora aluticolor* (*Fungi, Basidiomycota*), an orphaned species restudied. *Nova Hedwigia* 94 (3-4): 437-440.

Miettinen O., Larsson E., Sjökvist E. & Larsson K.H. – 2012: Comprehensive taxon sampling reveals unaccounted diversity and morphological plasticity in a group of dimitic polypores (*Polyporales, Basidiomycota*). *Cladistics* 28: 251-270.

Miettinen O., Vlasák J., Larsson E., Vlasák J. Jr., Seelan J.S.S., Hernawati H., Levicky Q., Larsson K.H. & Spirin V. – 2023: A revised genus-level classification for *Cerrenaceae* (*Polyporales, Agaricomycetes*). *Fungal Systematic Evolution* 12: 271-322.

Mulheim A. & Lerch K. – 1999: Towards a high-yield bioconversion of ferulic acid to vanillin. *Applied Microbiology and Biotechnology* 51: 456-461.

Nakasone K.K., Ortiz-Santana B. & He S.-H. – 2021: Taxonomic studies of crust fungi with spines in *Radulomyces*, *Sarcodontia,* and the new genus *Noblesia*. *Mycological Progress* 20: 1479-1501

Nakasone K. & Ortiz-Santana B. – 2022: New Species and Combinations in the *Cerrenaceae* (*Polyporales, Basidiomycota*). *Lilloa* 59: 89-113.

Niemelä T. – 1981: Polypores rare in or new to Finland. *Karstenia* 21: 15-20.

Niemelä T., Dai YC., Kinnunen J. & Schigel DS. – 2004: New and in North Europe rare polypore species (*Basidiomycota*) with annual, monomitic basidiocarps. *Karstenia* 44: 67-77.

Niemelä T., Kinnunen J., Larsson K.H., Schigel D.S. & Larsson E. – 2005: Genus revision and new combinations of some North European polypores. *Karstenia* 45 (2): 75-80.

Nikolaeva T.L. – 1964: Новый и впервые обнарушенные в СССР Виды ежовиковых грибов (сем. *Hydnaceae*) (Novyy i vpervye obnarushennye v SSSR vidy ezhovikovyh gribov (sem. *Hydnaceae*). *Novosti Sistematiki Nizshikh Rastenii* 1: 168-175.

Núñez M. & Ryvarden L. – 2001: East Asian polypores 2. *Polyporaceae* s. lato. *Synopsis Fungorum* 14: 165-522.

Ortiz-Santana B., Lindner D.L., Miettinen O., Justo A. & Hibbet D.S. – 2013: A phylogenetic overview of the *Antrodia* clade (*Basidiomycota, Polyporales*). *Mycologia* 105 (6):1391-1411.

Park M.S., Quan Y., Jung P.E., Oh S.Y., Jang Y., Kim J.J. & Lim Y.W. – 2014: Re-evaluation of the Genus *Antrodia* (*Polyporales, Basidiomycota*) in Korea. *Mycobiology* 42 (2): 114-119.

Piatek M., Seta D. & Szczepkowski A. – 2004: Notes on Polish polypores 5. Synopsis of the genus *Spongipellis*. *Acta Mycologica* 39 (1): 25-32.

Pildain M.B. & Rajchenberg M. – 2013: The phylogenetic position of *Postia* s.l. (*Polyporales, Basidiomycota*) from Patagonia, Argentina. *Mycologia* 105: 357-367.

Priefert H., Rabenhorst J. & Steinbuchel A. – 2001: Biotechnological production of vanillin. *Applied Microbiology and Biotechnology* 56 (3-4): 296-314.

Rajchenberg M. – 2006: Polypores (*Basidiomycetes*) from the Patagonian Andes forests of Argentina. *Bibliotheca Mycologica* band 201. (J. Cramer Verlag: Stuttgart, Germany).

Rajchenberg M., Gorjon S.P. & Pildain M.B. – 2011: The phylogenetic disposition of *Antrodia* s.l. (*Polyporales, Basidiuomycota*) from Patagonia, Argentina. *Australian Systematic Botany* 242 (2): 111-120.

Reid D.A. – 1962: Notes on fungi which have been referred to the *Thelephoraceae* sensu lato. *Persoonia-Molecular Phylogeny Evolution Fungi* 2: 109-169.

Reid A.D. – 1975: Notes on Some Jugoslav Fungi. *Acta Botanica Croatica* 34: 133-137.

Ryvarden L. – 1991: Genera of polypores. Nomenclature and taxonomy. *Synopsis Fungorum* 5: 1-363.

Ryvarden L. & Gilbertson R.L. – 1993: Polypores european, Part 1. *Synopsis fungorum* 7. Fungiflora - Oslo, Norway: 268-282.

Ryvarden L. & Gilbertson R.L. – 1993: European polypores 1. *Synopsis Fungorum* 6: 1-387.

Ryvarden L. & Hibbett D.S. – 2017: A revised family-level classification of the *Polyporales* (*Basidiomycota*). *Fungal Biology* 121: 798-824.

Sanchez-Garcia M., Ryberg M., Khan F.K., Varga T., Nagy L.G. & Hibbett D.S. – 2020: Fruting body form, not nutritional mode, is the major driver of diversification in mushroom-forming fungi. *Europe PubMed Central* 117 (51): 32528-32534.

Santana B.O., Lindner D.L., Miettinen O., Justo A. & Hibbett D.S. – 2013: A phylogenetic overvieew of the *antrodia* clade (*Basidiomycota, Polyporales*). *Mycologia* 105 (6): 1391-1411.

Shen L.L. & Cui B.K. – 2014: Morphological and molecular evidence for a new species of *Postia* (*Basidiomycota*) from China. *Cryptogamie Mycologie* 35: 199-207.

Shen L.L., Liu H.X. & Cui B.K. – 2015: Morphological characters and molecular data reveal two new species of *Postia* (*Basidiomycota*) from China. *Mycological Progress* 14: 7.

Shen L.L., Wang M., Zhou J.L., Xing J.H., Cui B.K. & Dai Y.C. – 2019: Taxonomy and phylogeny of *Postia*. Multi-gene phylogeny and taxonomy of the brown-rot fungi: *Postia* (*Polyporales, Basidiomycota*) and related genera. *Persoonia* 42: 101-126.

Sotome K., Hattori T., To-anun C., Salleh B. & Kakishima M. – 2008: Phylogenetic relationships of *Polyporus* and morphologically allied genera. *Mycologia* 100: 603-15.

Spirin W.A. – 2001: *Tyromyces* P. Karst. and related genera. *Mycena* 1: 64-71.

Spirin V. – 2007: New and noteworthy *Antrodia* species (*Polyporales, Basidiomycota*) in Russia. *Mycotaxon* 101: 149-156.

Spirin V., Vlasák J., Niemelä T. & Miettinen O. – 2013: What is *Antrodia* in sensu strictu? *Mycologia* 105 (6): 1555-1576.

Spirin V., Vlasák J. & Miettinen O. – 2016: Studies in the *Antrodia serialis* group (*Polyporales, Basidiomycota*). *Mycologia* 109: 217-230.

Spirin V., Volobuev S., Okun M., Miettinen O. & Larsson K.H. – 2017: What is the type species of *Phanerochaete* (*Polyporales, Basidiomycota*). *Mycological Progress* 16: 171-183.

Spirin, V., Runnel K., Vlasák J., Viner I., Barrett M.D., Ryvarden L., Bernicchia A., Rivoire B., Ainsworth A.M., Grebenc T., Catarbia M., Niemalä T., Larsson K.H. & Miettinen O. – 2024: The genus *Fomitopsis* (*Polyporales, Basidiomycota*) reconsidered. *Studies in Mycology* 107: 149-249.

Suay I., Arenal F., Asensio FJ., Basilio A., Cabello M.A., Díez M.T., García J.B., del Val G.A., Gorrochategui J., Hernández P., Peláez F. & Vicente M.F. – 2000: Screening of basidiomycetes for antimicrobial activities. *Antonie van Leeuwenhoek* 78 (2): 129-139.

Szabó I. – 2012: Poroid Fungi of Hungary in the Collection of Zoltán Igmándy. *Acta Silvatica et Lignaria Hungarica* 8: 113-122.

Téllez-Téllez M., Villegas E., Rodríguez A., Acosta-Urdapilleta M.L., O'Donovan A. & Díaz-Godínez G. – 2016: Mycosphere Essay 11: Fungi of *Pycnoporus*: morphological and molecular identification, worldwide distribution and biotechnological potential. *Mycosphere* 7 (10): 1500-1525.

Tian X.M., Man X.W. & Liu Z.B. – 2022: Irpex jinshaensis sp. nov. and *I. subulatus* comb. nov. (*Irpicaceae, Polyporales*), evidenced by morphological characters and phylogenetic analysis. *Phytotaxa* 533: 73-82.

Tomšovský M. – 2012: Delimitation of an almost forgotten species *Spongipellis litschaueri* (*Polyporales, Basidiomycota*) and its taxonomic position within the genus. *Mycological Progress* 11: 415-424.

Wang D.Q. & Zhao C.L. – 2021: Morphological and phylogenetic evidence for recognition of two new species of *Phanerochaete* from East Asia. *Journal of Fungi* 7: 1063.

Wang C.G. & Dai Y.C. – 2022: Phylogeny and taxonomy of *Spongipellis* (*Polyporales, Basidiomycota*) and its micromorphological similar genera. *Mycological Progress* 21 (73).

Wang Z., Binder M., Dai Y.C. & Hibbett D.S. – 2004: Phylogenetic relationships of *Sparassis* inferred from nuclear and mitochondrial ribosomal DNA and RNA polymerase sequences. *Mycologia* 96(5), 1015-1029.

Welti S., Moreau P.A., Favel A., Courtecuisse R., Haon M., Navarro D., Lesage-Meessen L. & Taussac S. – 2012: Molecular phylogeny of *Trametes* and related genera and description of a new genus *Leiotrametes*. *Fungal Diversity* 55: 47-64.

Westphalen M.C., Tomšovský M. & Rajchenberg M. – 2016: Morphological and phylogenetic studies of two new neotropical species of *Loweomyces* (*Polyporales, Basidiomycota*). *Mycological Progress* 15: 967-975.

Westphalen M.C. & Motato-Vásquez V. – 2022: A new species of *Pseudolagarobasidium* from Brazil and new insights on *Cerrena* (*Basidiomycota, Cerrenaceae*). *Phytotaxa* 555: 2.

Wu S.-H., Yu Z., Dai Y.C., Chen C.T., Su C.H., Chen L.C., Hsu W.C. & Hwang G.Y. – 2004: *Taiwanofungus*, a polypore new gen. *Fungal Science* 19 (3-4): 109-116.

Wu Z.O., Xu T.M., Shen S., Liu X.F. & Zhao C.L. – 2018: *Elaphroporia ailaoshanensis* gen. et sp. nov. In *Polyporales* (*Basidiomycota*). *MycoKeys* 30 (29): 81-95.

Xiao D., Ma L., Yang C., Ying Z., Jiang X. & Lin Y.-Q. – 2018: De Novo sequencing of a *Sparassis latifolia* genome and its associated comparative analyses. *Canadian Journal of Infectious Diseases and Medical Microbiology*: 1-12.

Yang Y., Li R., Jiang Q., Zhou H., Muhammad A., Wang H. & Zhao C. – 2024: Phylogenetic and Taxonomic Analyses Reveal Three New Wood-Inhabiting *Fungi* (*Polyporales, Basidiomycota*) in China. *Journal of Fungi* 10: 55.

Yu Z.H., Wu S.H., Wang D.M. & Chen C.T. – 2010: Phylogenetic relationships of *Antrodia* species and related taxa based on analyses of nuclear large subunit ribosomal DNA sequences. *Botanic Studies* 51: 53-60.

Yuan Y., Ji X.H., Wu F. & Chen J.J. – 2017: *Ceriporia albomellea* (*Phanerochaetaceae, Basidiomycota*), a new species from tropical China based on morphological and molecular evidences. *Phytotaxa* 298: 20-28.

Yurchenko E. & Kotiranta H. – 2020: New or rare for *Belarus* species of polyporoid fungi collected in Belavezhskaya Pushcha in 2016. *Веснік Палескага дзяржаўнага універсітэта. Серыя прыродазнаўчых навук* 1: 3-11.

Zhao C.L. & Cui B.K. – 2014: Phylogeny and taxonomy of *Ceriporiopsis* (*Polyporales*) with descriptions of two new species from southern China. *Phytotaxa* 164: 17-28.

Zhao C.L., Cui B.-K., Song J. & Dai Y.-C. – 2015: *Fragiliporiaceae*, a new family of *Polyporales* (*Basidiomycota*). *Fungal Diversity* 70: 115-126.

Zhao H., Wu Y., Yang Z., Liu H., Wu F., Dai Y. & Yuan Y. – 2024: Polypore funga and species diversity in tropical forest ecosystems of Africa, America and Asia, and a comparison with temperate and boreal regions of the Northern Hemisphere. *Forest Ecosystems* 11.

Zhou L.J., Geng B.B., Zhang G.L., Zhang Y.H. & Tian X.M. – 2023: Diversity and resources of wood-rotting fungi in Shandong Province. *Mycosystema* 42: 2331-2355.

Zheng L., Zheng P., Sun Z., Bai Y., Wang J. & Guo X. – 2007: Production of vanillin from waste residue of rice bran oil by *Aspergillus niger* and *Pycnoporus cinnabarinus*. *Bioresource Technology* 98 (5): 115-1119.

Zmitrovich I.V., Malysheva V.F. & Spirin W.A. – 2006: A new morphological arrangement of the *Polyporales* I. *Phanerochaetineae*. *Mycena* 6: 4-56.

Zmitrovich I.V. & Malysheva V.F. – 2013: Towards a Phylogeny of *Trametes* Alliance (*Basidiomycota, Polyporales*). *Mikologiya i Fitopatologiya* 47 (6): 358-380.

Zmitrovich I.V. & Kovalenko A.E. – 2016: Lentinoid and polyporoid fungi, Two Generic Conglomerates Containing Important Medicinal Mushrooms in Mmolecular Perspective. *International Journal of Medicinal Mushrooms* 18 (1): 23-38.

Zmitrovich I.V. – 2018: Conspectus Systematis Polyporaceraum v. 1.0. *Folia Cryptogamica Petropolitana* 6: 1-45.

Zmitrovich I.V., Shabunin D.A., Bukharova N.V. & Perelygin V.V. – 2025: *Calcipostia guttulata* (*Basidiomycota, Polyporales*) in Russia. *Doklady Biological Sciences*, Vol. 524: 301-312.

LE PIANTE ERBACEE SPONTANEE SUI MARCIAPIEDI DELLA CITTÀ

Giovanni Segneri

Oggi è diventato un argomento quotidiano parlare dei cambiamenti climatici in tutto il mondo. Il dibattito non è concentrato solo nell'ambito ristretto degli specialisti ma coinvolge anche il normale cittadino. Il problema del cambiamento ambientale globale rappresenta una delle più grandi sfide che l'umanità deve affrontare oggi e a cui dovrà far fronte nel futuro. È necessario parlare del clima che cambia soprattutto per i frequenti fenomeni atmosferici che si presentano con forza distruttiva in luoghi dove, a memoria dell'uomo, non si ricordano avvenuti. Questo andamento climatico, caratterizzato da fenomeni ventosi, piovosi molto intensi e violenti intervallati a lungi periodi di assenza di precipitazioni, viene considerato insolito e pericoloso per l'uomo e l'ambiente. In generale la natura dispone di meccanismi utili per adattarsi alle mutevoli condizioni ambientali e superare i periodi di difficoltà, però se questi fenomeni, eccessivamente prolungati nel tempo, dovessero standardizzarsi, il futuro di molti organismi viventi apparirebbe in serio pericolo.

Preoccupati da questo scenario apocalittico, ci domandiamo quali possano essere gli effetti negativi che si possono verificare in un ecosistema. Certamente ce ne sono ma trattando in questa rubrica le piante erbacee in ambito urbano fissiamo la nostra attenzione su di loro. All'interno degli agglomerati urbani, infatti, si determina un particolare clima, noto come meso clima urbano. Frutto di una bassa copertura vegetale, della presenza di materiali edilizi, materiali catramosi e della produzione di calore dovuta al traffico automobilistico o alle attività industriali. Le piante erbacce che crescono in ambiente stradale si sono adattate a vivere in questi luoghi difficili e vi prosperano senza particolari problemi. Però, sempre più spesso, a causa dei cambiamenti climatici debbono affrontare condizioni ambientali inospitali molto diverse da quelle abituali. Pur interagendo con l'ambiente esterno, debbono velocemente adattarsi alle mutevoli circostanze che mettono a dura prova la varietà dei meccanismi adattivi di cui dispongono.

Questi agenti negativi esterni, che impediscono l'ottimale sviluppo, inibiscono il normale funzionamento e il benessere di una pianta, sono indicati come fattori di stress (Jackson *et al.* 1981; Jones & Jones 1989). Possono essere sia di tipo biotico che abiotico (gli aspetti geologici, climatologici e atmosferici), che possono influire sulla loro sopravvivenza, crescita e capacità riproduttiva. Fra gli stress abiotici più dannosi in ambito urbano è possibile individuare la carenza o l'assenza idrica. In un centro abitato, l'acqua piovana scorre via sulla superficie dei manufatti urbani e finisce nel sistema fognario, solo una minima parte va a costituire una riserva nel suolo. Pertanto, nei mesi estivi si può registrare una carenza idrica che, associata ad elevate temperature, può risultare fatale per alcune specie erbacee nei luoghi esposti a mezzogiorno.

Se questo quadro può ritenersi normale cosa accade quando si sommano periodi di siccità indotti da variate condizioni climatiche? La scienza ci da numerose informazioni su come le piante reagiscono alla siccità, la loro risposta può originare cambiamenti morfologici, fisiologici e biochimici che riducono sia l'esposizione allo stress stesso che la limitazione del danno facilitando la ripresa dei sistemi danneggiati. Fra le prime risposte fisiologiche, le piante sotto stress idrico chiudono gli stomi; ne consegue una riduzione dei processi fotosintetici. Questo influisce sull'accrescimento generale della pianta, diminuisce la crescita in dimensioni e numero dei fusti e delle foglie, ma in controtendenza aumenta l'apparato radicale. Tutto questo comporta una attenta valutazione dello stato di salute di una pianta erbacea quando si vuole determinare la specie in ambito urbano. Infatti, fusti, foglie, brattee rientrano fra le caratteristiche anatomiche che per essere valutate debbono essere misurate.

A questo punto vado a descrivere le quattro piante erbacee oggetto di questo articolo, sono: ***Amaranthus blitum*** L. subsp. ***blitum***, conosciuta comunemente come "amaranto livido", ***Amaranthus viridis*** L., conosciuta comunemente come "amaranto verde", ***Antirrhinum majus*** L., conosciuta comunemente come "Bocca di leone comune" e, infine, ***Senecio vulgaris*** L., conosciuta comunemente come "senecione comune".

Amaranthus blitum L. subsp. ***blitum***, conosciuta comunemente come "amaranto blito", "amaranto livido", è una pianta erbacea annuale, nella classificazione biologica è inquadrata nelle Terofite scapose con sigla T scap in quanto supera la stagione avversa allo stato di seme.

Fusti possono raggiungere una altezza di 50 cm, ascendenti, tipicamente glabri, robusti (non sottili).

Foglie alterne, picciolate, lamina intera, ovato romboidale, 1,5-6 × 2-9 cm, apice tipicamente smarginato, base cuneata.

Infiorescenza in glomeruli ascellari e in spiga terminale, flessuosa.

Fiori piccoli, non appariscenti, tipicamente con 3 tepali, generalmente lineari, più corti del frutto, brattee acute, uguali o più corte dei tepali. Fioritura (antesi) da luglio a ottobre.

Frutti sono capsule ellissoidi (più lunghe che larghe) non più lunghe di 3 mm, indeiscenti, lisce o debolmente rugose; semi marrone scuro, con diametro di 1,1-1,5 mm.

Commestibilità commestibile, officinale.

Distribuzione specie originaria della zona mediterranea dell'Europa e dell'Africa, diffusasi un po' ovunque.

Habitat ruderi, margine delle strade, aiuole, giardini, orti, su suoli ricchi di composti azotati, dal livello del mare fino a 800 m di altezza.

"Amaranto blito" è una pianta annua a distribuzione originariamente mediterranea e oggi divenuta subcosmopolita, presente in quasi tutte le regioni d'Italia. Nell'area metropolitana di Roma questa entità non è diffusa ovunque, purtuttavia, è piuttosto facile da trovare in ambito stradale.

Amaranthus L. comprende circa 70 specie a livello mondiale (Hernández-Ledesma *et al.* 2015) e dal punto di vista tassonomico è un genere critico a causa della sua elevata variabilità fenotipica. Per questo motivo, nel tempo, sono stati commessi errori nomenclaturali e/o una relativa disordinata applicazione dei nomi (vedi ad esempio, Mosyakin & Robertson 1996; Costea *et al*. 2001). Anche la specie qui descritta è una entità polimorfica e appartiene a un gruppo tassonomicamente complesso in cui si possono riconoscere altre specie. In passato "amaranto blito" era individuato come *Amaranthus lividus* L., oggi considerato sinonimo di *A. blitum* L. (Bartolucci *et al.* 2018; Galasso *et al.* 2018), messo in relazione con *A. emarginatus* Moq. ex. Salzm. ex Uline & W.L. Braye e *A. viridis* L., considerate specie molto vicine. Anche *A. emarginatus* [alieno, naturalizzato in Italia (Iamonico 2015)], possiede una spiccata variabilità morfologica e per tale motivo al suo interno viene spesso accettata la varietà "*pseudogracilis*". Le due entità differiscono per habitus, struttura della infiorescenza e dimensioni delle foglie. Tuttavia, il loro valore tassonomico è dibattuto e *A. emarginatus* stesso viene talvolta incluso in *A. blitum* con il rango di sottospecie. Quindi, parlare oggi di *A. blitum* potrebbe apparire azzardato, sembra essere un argomento riservato e dibattuto all'interno di un ristretto gruppo di persone, studiosi e specialisti del genere *Amaranthus*.

Oggi come nel passato, la tassonomia basata solo su attente e scrupolose osservazioni dei caratteri morfologici non è sufficiente a chiarire dubbi, incertezze, e a risolvere i problemi esistenti in modo ampiamente condiviso. Purtuttavia, una circoscrizione e definizione di *A. blitum* è stata fatta in tempi recenti (Iamonico 2015). Sono stati individuati nella forma della



Amaranthus blitum in ambiente stradale. Foto di Giovanni Segneri



Amaranthus blitum. Foglie con apice smarginato. Foto di Giovanni Segneri

lamina fogliare, del frutto e del seme i caratteri tipici ritenuti assai stabili e non occasionali. Pertanto, nell'ambito stradale di Roma è possibile raccogliere un *Amaranthus* con tre tepali per fiore, aspetto ascendente, foglia con apice chiaramente smarginato, spiga terminale fiorale flessuosa, frutti indeiscenti, riconducibile ad *A. blitum.* La specie qui descritta si differenzia e si caratterizza per la foglia che raggiunge 9 cm di lunghezza, per i frutti lunghi 2-3 mm e per i semi con diametro 1,1-1,5 mm. Per completezza di informazione e visto che *A. emarginathus* s.l. è considerato in forte espansione nell'ambiente stradale romano, di seguito si riportano le misure corrispondenti a: foglia con lunghezza che non supera 3,5 cm, frutti che non superano la lunghezza di 2 mm e semi che non superano 1,1 mm di diametro.

Recenti studi molecolari hanno evidenziato un gruppo (clade) *A. blitum* s.l. composto da due sottogruppi ben differenziati e sostenuti da solidi dati statistici. Uno riferito al lignaggio tipo, il secondo gruppo riferito al lignaggio *A. emarginatus* (Waselkov *et al.* 2018). Quindi, la suddivisione fornita tra *A. blitum* e *A. emarginatus* trova sostegno dai recenti studi molecolari succitati e può essere considerata con estrema attenzione.

Riguardo però alla possibilità di risolvere in modo completo le problematiche tassonomiche esistenti in *Amaranthus* sono certamente necessari ulteriori studi filogenetici applicati all'intero genere.

Amaranthus viridis L., conosciuta comunemente come "amaranto verde", è una pianta erbacea annuale. Nella classificazione biologica è inquadrata nelle Terofite scapose con sigla T scap in quanto supera la stagione avversa allo stato di seme.

Fusti possono raggiungere una altezza di 70 cm, tipicamente eretti, flessuosi, ramificati, solitamente glabri o poco pelosi superiormente.

Foglie alterne, picciolo di 3-7 (10 cm), lamina intera ovato-romboidale 2-7 × 1,5-6 cm, base cuneata o subrotonda, apice minutamente mucronato, verde opaco.

Infiorescenza a pannocchie formate da spighe, di solito gracili (5-6 mm di diametro), quella terminale lunga 10-15 cm.

Fiori unisessuali, il numero dei femminili è superiore a quelli maschili, verdi, 3 tepali ovato-lanceolati, brattee lanceolate-ovate con breve resta, più corte dei tepali. Fioritura (antesi) da luglio a ottobre,

Frutti sono capsule subsferiche, fortemente rugose, indeiscenti, con 1 seme leggermente compresso, nero lucido.

Commestibilità commestibile, officinale.

Distribuzione specie di origine sud americana, diffusasi un po' ovunque.

Habitat campi coltivati ed incolti, zone ruderali, margine delle strade, aiuole, giardini, massicciate ferroviarie, dal livello del mare fino a 600 m di altezza.

A. viridis per molti esperti è una pianta annua di origine sudamericana, invece per qualcun'altro la sua origine può essere fatta risalire all'Asia (Ferdous *et al.* 2015). In Italia è presente in quasi tutte le regioni, nell'areale romano è assai diffusa, soprattutto in ambito stradale. "Amaranto verde", come altre piante di *Amaranthus,* è commestibile, le foglie giovani possono essere usate cotte da sole o miste con altre erbe selvatiche. È ampiamente utilizzato in varie cucine di tutti i continenti dove è apprezzato per il sapore delle foglie simile a quello degli spinaci e per le elevate proprietà nutrizionali.

Diverse specie di *Amaranthus*, soprattutto quelle americane, sono utilizzate come piante ornamentali e rivestono una notevole importanza nel settore vivaistico. Altre specie vengono coltivate in alcune zone del mondo per i semi ricchi di proteine e consumati come pseudocereali. Queste piante di origine americana, chiamate anche amaranti da granella, sono *A. caudatus* L., *A. hypochondriacus* L. e *A. cruentus* L.



Amaranthus viridis in ambiente stradale. Foto di Giovanni Segneri



Amaranthus viridis. Habitus stradale. Foto di Giovanni Segneri

Alcune di queste riescono a sfuggire alla coltivazione causando, principalmente, impatti economici nei sistemi agricoli con riduzione della produttività e della qualità delle colture (Costea *et al.* 2001; Das 2016).

Anche "amaranto verde" rientra fra queste piante e viene considerata infestante degli orti e dei campi sarchiati. Da recenti studi biologici emerge chiaramente che l'invasività di questa pianta è associata alla sua capacità di germinare in un'ampia gamma di condizioni ambientali e di tollerare lo stress idrico del suolo attraverso adattamenti morfologici e fisiologici.

In molte parti del mondo "amaranto verde" viene utilizzato nella medicina popolare in quanto gli vengono riconosciute proprietà astringenti, rinfrescanti ed antiemorragiche.

Dal punto di vista tassonomico si caratterizza per il portamento eretto dei fusti che non sono di grosso calibro, per l'aspetto flessuoso, per l'apice fogliare acuto (occasionalmente appena smarginato in qualche foglia) e per i frutti rugosi. Spesso viene accostato o confuso con le entità del complesso "*blitum*". La specie più vicina potrebbe essere *A. emarginatus* var. *emarginatus* che possiede fusti tipicamente ascendenti ed apice fogliare nettamente smarginato (vedere la nota a calce di *A. blitum*).

Antirrhinum majus L., conosciuta comunemente come "bocca di leone comune", "bocca di leone ornamentale" è una pianta perenne, legnosa. Nella classificazione biologica è inquadrata nelle Camefite fruticose con sigla Ch frut, piante di modeste dimensioni con fusto legnoso. Superano la stagione avversa per mezzo di gemme poste a un'altezza dal suolo tra 2 e 50 cm.

Fusti fino ad una altezza di 100 cm, radice a fittone, solitamente eretti, semplici o poco ramosi, provvisti di peli ghiandolari nella parte superiore, glabri in quella inferiore.

Foglie di colore verde intenso, le basali con picciolo assente o assai corto, spatolate, generalmente opposte, quelle cauline lineari-lanceolate, alterne, sessili.

Infiorescenza a racemi densi, terminali (solitaria o ascellare), allungata, semplice, bratteata; brattee alterne ovato-ottuse o acute.

Fiori peduncolati, grandi, vistosi, zigomorfi (simmetrici rispetto ad un solo piano di simmetria), calice tubuloso-campanulato diviso in 5 lacinie ovali; corolla tubulare, di tipo bilabiale, labbro superiore verticale, bilobo, quello inferiore trilobo, labbro mediano aderente al labbro superiore; colore porporino; sperone sostituito da un ingrossamento basale del tubo corollino. Fioritura (antesi) da maggio a settembre.

Frutti sono capsule ellissoidali con inserzione laterale, pubescenti; semi reticolati, rugosi, neri, di circa 1 mm.

Commestibilità specie officinale.

Distribuzione specie con origine nelle zone occidentali del Mediterraneo diffusasi in tutto l'areale mediterraneo.

Habitat ruderi, margine delle strade, vecchie mura, pietraie, purché esposti al sole, dal livello del mare fino a 600 m di altezza.

"Bocca di leone comune" è una pianta con aspetto cespuglioso originaria della regione mediterranea, presente in tutte le regioni italiane. Questa pianta intensamente coltivata per scopo ornamentale, naturalizzata e inselvatichita, è presente nell'areale romano prevalentemente, nelle zone fortemente urbanizzate, in particolare su vecchi muri. Apprezzata fin dall'antichità per la bellezza dei fiori viene utilizzata per decoro o per la raccolta di fiori recisi. Non è difficile da coltivare, ama una esposizione soleggiata, terreno calcareo e non necessita di abbondanti innaffiature neppure nella stagione più calda. Esistono diverse varietà con fiori monocolore o screziati, con una gamma di colori che comprende il rosa, l'azzurro, il bianco, il giallo e il viola. Le cultivar giganti sono ottime per la raccolta di fiori recisi mentre



Antirrhinum majus in ambiente stradale. Foto di Giovanni Segneri

quelle nane o ricadenti sono ottime per bordure di giardini e/o coperture di aree rocciose sfruttando la adattabilità della pianta per i suoli. I fiori recisi possono durare a lungo se gestiti correttamente, in questo caso i boccioli possono continuare ad aprirsi. La particolarità che contraddistingue questa pianta è la forma del fiore simile alla bocca con labbra che si aprono se vengono premute con due dita ai lati e che ricordano la bocca di un leone. Da questa somiglianza deriva il nome del fiore.

Nella medicina tradizionale è nota per le sue proprietà antinfiammatorie, lenitive ed emollienti. Utilizzata principalmente per uso locale sotto forma di unguenti o infusi, trova impiego nel trattamento di infiammazioni del cavo orale, emorroidi, ragadi, scottature ed eritemi, grazie alle mucillagini in essa contenute. Studi recenti hanno dimostrato che *Antirrhinum majus* possiede attività antimicrobiche, insetticide, citotossiche, antiossidanti,



Antirrhinum majus su vecchi muri monumentali. Foto di Giovanni Segneri



Antirrhinum majus. Fiori. Foto di Giovanni Segneri



Antirrhinum majus. Fiori. Foto di Giovanni Segneri

effetti sul sistema nervoso centrale e periferico e molte altre attività biologiche (Al-Snafi 2015; Kumar 2022). Non sono esclusi, comunque, effetti collaterali come reazioni allergiche, pertanto, per garantirsi un'alimentazione sana ed equilibrata è sempre bene affidarsi ai consigli del proprio medico curante o di un altro qualificato esperto.

Dal punto di vista tassonomico si caratterizza per essere una pianta perenne con foglie verdi sviluppate, corolla bilabiata e ingrossamento a forma di gozzo alla base (non un vero sperone), con 4-5 stami, fauce chiusa da un rigonfiamento del labbro superiore (corolla personata), denti del calice più corti della corolla.

Nella sistematica tradizionale il genere *Antirrhinum* L. è inserito nelle *Scrophulariaceae* Juss., mentre in quella filogenetica APG IV nelle *Plantaginaceae* Juss. In quest'ultima famiglia sono

raggruppate piante erbacee o in minor misura arbustive, prive di stipole, corolla bilabiata, i frutti sono capsule setticide (apertura che avviene lungo linee longitudinali che corrispondono ai margini dei carpelli), i peli sono ghiandolari con la testa priva di divisioni verticali.

Senecio vulgaris L., conosciuta comunemente come "senecione comune", "calderaja", "senecio comune", "calderina", "calderugia", "verzellina", è una pianta erbacea annua con consistenza carnosa, fragile. Nella classificazione biologica è inquadrata nelle Tereofite scapose con sigla T scap, piante con asse fiorale allungato e spesso privo di foglie che superano la stagione avversa per mezzo del seme.

Fusti possono raggiungere una altezza di 40-50 cm, da ascendenti a eretti, in alto ramoso-corimbosi, provvisti di piccolo rizoma che ha radici fibrose secondarie poco evidenti.

Foglie basali spatolate, lunghe fino a 7 cm, lobate o partite, dentate, cauline alterne, semiamplessicauli, pennato-partite, lobi ottusi.

Infiorescenza subcorimbosa, terminale, capolini piccoli, lunghi 10 mm, larghi 5 mm, penduli prima dell'antesi; involucri cilindrici con due serie di brattee tipicamente nere all'apice, le esterne triangolari e più corte delle interne.

Fiori poco appariscenti, tutti tubulosi, appena sporgenti dall'involucro, colore giallo. Fioritura (antesi) da gennaio a dicembre.

Frutti sono cipselle con un piccolo achenio cilindrico di 1-2 mm, pappo composto da setole semplici e bianche.

Commestibilità specie officinale tossica**.**

Distribuzione specie di origine euro-asiatica, nel tempo diffusasi un po' ovunque.

Habitat campi coltivati ed incolti, vigneti, discariche, margini stradali, orti, giardini, aiuole, dal livello del mare fino a 1.800 m di altezza.

"Senecio comune" è una pianta annua originaria dell'areale euro asiatico nel tempo divenuta subcosmopolita. È presente in tutte le regioni italiane, nell'area metropolitana romana è molto comune. Cresce in vegetazioni ruderali, nei coltivi, in orti, giardini, discariche, ai margini delle strade e dei marciapiedi e in ambito stradale. Possiede la capacità di adattarsi ad ambienti e suoli diversi, sopporta ampie escursioni termiche che le hanno permesso di passare con facilità dai luoghi ruderali a quelli agricoli. Qui ha dato origine a vaste popolazioni infestanti con danni indotti alle coltivazioni; la pianta si diffonde agevolmente a causa del breve ciclo biologico (2-3 mesi dalla germinazione del seme alla produzione dei nuovi semi). Per limitare la diffusione negli ambienti agricoli si è pensato di sviluppare il controllo biologico di *S. vulgaris* tramite la ruggine *Puccinia lagenophorae* Cooke, specie fungina associata naturalmente alla pianta (Frantzen & Müller-Schärer 1999; Leiss *et al.* 2001). I risultati degli studi suggeriscono che è necessario manipolare le dinamiche dell'ospite (*P. lagenophorae*) durante l'inverno per aumentare le epidemie di ruggine in primavera, fungendo, così, da controllo biologico di *S. vulgaris*.

La pianta è tossica per la presenza di alcaloidi ad azione lenta ma molto dannosa per l'organismo umano. Gli alcaloidi pirrolizidinici (PA, senecionina e senecifillina), che sono la causa dei danni epatici cronici, cumulativi e cancerogeni, sono termostabili. Questo vuol dire che non vengono distrutti con la cottura e neppure eliminati con l'essiccazione. Anche se in tempi antichi la pianta veniva utilizzata nella medicina popolare, stante la sua elevata pericolosità è opportuno evitarne qualsiasi uso sanitario.

Dal punto di vista tassonomico il genere *Senecio* L. appartiene alla famiglia *Asteraceae* Bercht. & J. Presl che conta un elevato numero di specie in tutti i continenti. La famiglia possiede la tipica infiorescenza a capolino con fiori tubulati e ligulati; possono trovarsi capolini con tutti i fiori di un solo tipo oppure misti. La famiglia, una delle più grosse della flora mondiale, comprende specie sparse in tutto il mondo, dall'Europa all'Asia, dal Sud Africa alla Siberia,



Senecio vulgaris in ambiente stradale. Foto di Giovanni Segneri



Senecio vulgaris. Habitus stradale. Foto di Giovanni Segneri



Senecio vulgaris. Capolini ed infruttescenze. Foto di Giovanni Segneri

dal Sud America alla Nuova Zelanda. Possono essere erbacee annuali, biennali o perenni; suffruticose, rampicanti, arbustive o arboree. Il senecio comune si caratterizza per avere l'infiorescenza con capolini del medesimo aspetto, fiori tubulosi, gialli, appena sporgenti dall'involucro. Inoltre è privo di spine e le foglie sono alterne (mai opposte) con lamina profondamente divisa. Il capolino possiede il ricettacolo nudo, l'achenio è provvisto di pappo, l'involucro è formato da una serie di squame più lunghe, generalmente nere all'apice, con alla base delle piccole squame molto più corte. È molto variabile, in particolare nella statura e nella ramificazione, per questo può essere confuso con *S. pygmaeus* D.C. Talvolta può presentare in periferia fiori con ligule molto corte, allora, occorre fare attenzione a non confonderlo con *S. sylvaticus* L., di aspetto simile, che differisce per fiori esterni provvisti di lunghe ligule gialle.

Bibliografia

Agradi E., Recondi S. & Rotti G. – 2005: *Conoscere le piante medicinali.* Mediservice, Cologno Monzese (MI).

Al-Snafi A.E. – 2015: The pharmacological importance of *Antirrhinum majus* - A review. *Asian Journal of Pharmaceutical Science & Technology* 5 (4): 313-320.

Anzalone B., Iberite M. & Lattanzi E. – 2010: La Flora vascolare del Lazio. *Informatore Botanico* 42 (1): 187-317

Atzei A.D. – 2017: *Le Piante nella tradizione popolare della Sardegna*. Carlo Delfino Editore

Banfi E. & Consolino F. – 2000: *La Flora Mediterranea*. Istituto Geografico De Agostini, Novara.

Bartolucci F., Peruzzi L., Galasso G., Albano A., Alessandrini A. *et al.* – 2018: An updated checklist of the vascular flora native to Italy. *Plant Biosystems* - An *International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology* 152: 2: 179-303.

Ceruti A. – 1986: *Il nuovo Pokorny*. Loescher. Torino.

Conti F., Abbate G., Alessandrini A. & Blasi C. – 2005. *An annotated checklist of Italian vascular flora.* Palombi Editori.

Conti F., Alessandrini A., Bacchetta G., Banfi E., Barberis G. *et al*. – 2007: Integrazioni alla checklist della flora vascolare italiana [Integrations to the Italian vascular flora]. *Natura Vicentina* 10: 5-74.

Corbetta F., De Santis A., Forlani L. & Murari G. – 2001: *Piante officinali italiane*. Edagricole, Bologna.

Coombes A.J. – 2006: *La biblioteca della natura*, volume I. Alberi R.C.S. Libri S.p.A. Milano.

Costea M. & Tardif F.J. – 2003: The biology of Canadian weeds. 126. *Amaranthus albus* L., *A. blitoides* S. Watson and *A. blitum* L. *Canadian Journal of Plant Science* 83 (4): 1039-1066.

Das S. – 2016: *Amaranthus*: The Crop of Great Prospect. In S. Das (Ed.), *Amaranthus:* A Promising Crop of Future: 13-48. Springer.

Frantzen J. & Müller-Schärer H. – 2002: Wintering of the biotrophic fungus *Puccinia lagenophorae* within the annual plant *Senecio vulgaris*: implications for biological weed control. *Plant Pathology* 48: 483-490.

Galasso G., Conti F., Peruzzi L., Ardenghi N.M. G., Banfi E. *et al.* – 2018: An updated checklist of the vascular flora alien to Italy. *Plant Biosystems* 152 (3): 556-592.

Hernández-Ledesma P., Berendsohn W.G., Borsch T., Von Mering S., Akhani H. *et al.* – 2015: A taxonomic backbone for the global sunthesis of species diversity in the angiosperm orden *Caryophyllales*. *Wildenowia* 45 (3): 281-383.

King L.M. & Schaal B.A. – 1990. Genotypic variation within asexual lineages of *Taraxacum officinale*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 87: 998-1002.

Kumar G. – 2022: A review of the chemical constituents and pharmacological activities of *Antirrhinum majus* (snapdragon). *IP International Journal of Comprehensive and Advanced Pharmacology* 7 (1): 1-5.

Iamonico D. – 2009; Chiave analitica delle specie del genere *Amaranthus* (*Amaranthaceae*) presenti in Valle d'Aosta. *Revue Valdôtaine d'Histoire Naturelle* 63: 63-68.

Iamonico D., Iberite M. & Nicolella G. – 2014 - Aggiornamento alla flora esotica del Lazio (Italia centrale). II. *Informatore Botanico Italiano* 46(2): 215-220.

Iamonico D. – 2015: Taxonomic revision of the genus *Amaranthus* (*Amaranthaceae*) in Italy. *Phytotaxa* 199 (1): 001-084.

Iamonico D., Hussain A.N., Paola F. & Galasso G. – 2024: *Amaranthus emarginatus* s.l. (*Amaranthaceae*) in Italy. *Natural History Sciencens* 11 (1): 37-44.

Leiss K. & Muller- Schärer H. – 2001: Population dynamics of the annual plant *Senecio vulgaris* in ruderal and agricultural habitats. *Basic and Applied Ecology* 2 (1): 53-64.

Meeran M.W., Sami A., Haider M.Z. & Umar M. – 2023: Multivariate Analysis for Morphological Traits of *Amaranthus viridis. Bulletin of Biological and Allied Sciences Research,*Volume 8: 46.

Mosyakin S.L. & Robertson K.R. – 1996: New infrageneric taxa and combinations in *Amaranthus Amaranthaceae*). *Annales Botanici Fennici* 33: 275–281.

Petrova A.S. – 2018: *Amaranthus viridis* and *Euphorbia serpens* new alien species records for the Flora of Bulgaria. *Comptes rendus de l'Académie bulgare des Sciences* 71 (1): 46-52.

Pierini B., Garbari F. & Peruzzi L. – 2009: Flora vascolare del Monte Pisano (Toscana nord-occidentale). *Informatore Botanico Italiano* 41: 147-213.

Pignatti S. – 1982: *Flora d'Italia*. Edagricole, Bologna.

Pignatti S., Guarino R. & La Rosa M. – 2017-2019: *Flora d'Italia*, 2ª edizione. Edagricole, Bologna.

Reyad-ul-Ferdous Md., Shamim Shahjahan D.M., Tanvir S. & Mukti M. – 2015: Present Biological Status of Potential Medicinal Plant of *Amaranthus viridis*: A Comprehensive Review. *American Journal of Clinical and Experimental Medicine*. Special Issue: Herbal Remedies as Alternative to Future Drugs Development and Treatment. Vol. 3, No. 5-1: 12-17.

Scariot V., Ferrante A. & Romano D. – 2022: Editorial: Edible flowers: Understanding the effect of genotype, preharvest, and postharvest on quality, safety, and consumption. *Frontiers in Plant Science* 13.

Simonetti G. & Watschinge R.M. – 1986: *Erbe di campi e prati*. A. Mondatori, Milano.

Stinca A. & Motti R. – 2017: Alien Plant Invasions In Astroni Crater, a Decades-Long Unmanaged Forest In Southern Italy. *Atti della società Toscana di Scienze Naturali*, Memorie Serie B, 124: 101-108.

Van Baarlen P., van Dijk P.J., Hoekstra R.F. & Hans De Jong J.H. – 2000: Meiotic recombination in sexual diploid and apomictic triploid dandelions (*Taraxacum officinale* L.). *Genome* 43: 827-835.

Waselkov K.E., Boleda A.S. & Olsen K.M. – 2018: A phylogeny of the genus *Amaranthus* (*Amaranthaceae*) based on several low-copy nuclear loci and chloroplast regions. *Systematic Botany* 43 (2): 439-458.

Siti web

www.actaplantarum.org (visitato l'ultima volta il 03/04/2026).

www.catalogueoflife.org-Catalogue of life (visitato l'ultima volta il 03/04/2026).

www.luirig.altervista.org/flora/taxa/ (visitato l'ultima volta il 03/04/2026).

ERRATA CORRIGE N. 127

Pag. 20. Bibliografia

La corretta citazione è: Voto P. – 2025: *Inosperma apricum* in the Nordio forest. *MycolObs.-Mycological Observations,* Vol. 12: 29-36, non Voto P. – 2025: *Inosperma apricum* in the Nordio forest. *ogie* 12: 29-36.

Pag. 41. Holotype

The correct accession numbers are: ITS PX607988; LSU PX859766, non ITS PX607987.1; LSU PX607985.1.

Pag. 51. TASSONOMIA

L'attribuzione autoriale corretta è la seguente:
Chlorophyllum molybdites (G. Mey.) Massee ex P. Syd., *Just's Bot. Jahresber.* 26: 159. 1900, non (G. Mey.) Massee, *Bull. of Miscell. Inform.*, Kew 138: 136 (1898)