

ALESSANDRO FELLIN, ROBERTO CIPOLLONE, ALESSANDRO VALDAGNI

## CORTINARIUS PRODIGIOSUS: PRIME SEGNALAZIONI DAL TRENTO-ALTO ADIGE

**Riassunto**

Gli autori documentano il ritrovamento di *Cortinarius prodigiosus* sulla base di alcune raccolte effettuate nei boschi di latifoglie di Masi di Vigo (TN), sito micologicamente interessante ubicato in Trentino-Alto Adige, già noto nel recente passato per la segnalazione di altre specie phlegmacioidi molto rare ed inedite per la micoflora italiana. La specie viene presentata dal punto di vista morfologico, ecologico e comparata con i taxa più affini dal punto di vista filogenetico. A tale scopo viene fornito, come supporto al presente lavoro, un albero filogenetico basato sul marcatore ITS che illustra le relazioni filetiche tra *Cortinarius prodigiosus* e le specie geneticamente più vicine.

**Abstract**

The discovery of *Cortinarius prodigiosus* is documented based on some collections made in the broad-leaved woods of Masi di Vigo (TN), a mycologically-interesting wooded area located in Trentino-Alto Adige already known, in the recent past, for the reporting of other phlegmacioid species both very rare and unpublished for the Italian mycoflora. The species is considered from a morphological and ecological point of view and compared with the most similar taxa from a phylogenetic perspective. For this purpose, a phylogenetic tree based on the ITS marker is provided to illustrate the phyletic relationships between *Cortinarius prodigiosus* and its genetically closest species.

**Keywords:** *Cortinarius*, *Phlegmacium*, *C. prodigiosus*, provincia di Trento.

**Introduzione**

La sez. *Calochroi* s. lat. (SOOP *et al.* 2019) costituisce un raggruppamento monofiletico il quale racchiude più di 80 specie phlegmacioidi distribuite nell'emisfero boreale legate sia ad ambienti di conifera che di latifolia (SOOP *et al.* 2019). L'approccio di studio ormai prevalente basato su una tassonomia integrata, che unisce ai dati morfologici, ecologici e chimici quelli derivanti dall'analisi molecolare, rappresenta lo strumento di indagine attraverso il quale, in questi ultimi anni, è stato possibile approfondire la conoscenza dei macromiceti nel genere *Cortinarius* (Pers.) Gray e rendere meno problematica la tassonomia all'interno dei *Calochroi*. In particolare è stato possibile chiarire le dinamiche evolutive all'interno di tale raggruppamento, evidenziare le naturali relazioni di parentela e discendenza tra le varie specie, delineare i contorni tassonomici delle stesse nonché esplorare la ben più ampia diversità in seno ai diversi taxa calochroidi (FRØSLEV *et al.*, 2007; GARRIDO-BENAVENT *et al.* 2015; MAHIQUES *et al.* 2018). Quest'ultimo aspetto appare messo in luce dalla descrizione di diverse nuove specie spesso accomunate da una plasticità fenotipica ed omogeneità di caratteri morfologici (MAHIQUES *et al.* 2018; BRANDRUD *et al.* 2019; DOVANA *et al.* 2020; FELLIN *et al.* 2021). All'interno della linea evolutiva dei *Calochroi* troviamo diversi gruppi monofiletici disposti su linee evolutive separate le quali, in certi casi, trovano consenso nella delimitazione tassonomica tradizionale su basi morfologiche condotta dai micologi nell'era in cui le tecniche di sequenziamento del dna dovevano ancora prendere il sopravvento (GARNICA *et al.* 2011; SOOP *et al.* 2019). *Cortinarius prodigiosus* Bušek, Mikšík, Borovička, D. Dvořák, L. Albert & Dima rappresenta un taxon di recente descrizione rinvenuto originariamente in Repubblica Ceca il quale, all'interno della più ampia linea evolutiva dei *Calochroi*, viene collocato nel clade *Splendentes* (GARNICA *et al.* 2009; BOROVÍČKA *et al.* 2015). Tale raggruppamento monofiletico racchiude specie fulvoidi a distribuzione europea e nord americana presenti in ambiente di conifera e latifolia ma nelle quali il contenuto pigmentario,

le reazioni al KOH e le colorazioni di insieme dei basidiomi costituiscono elementi posti a comune denominatore (GARNICA *et al.* 2009). Nel seguente contributo si presenta il primo ritrovamento per il territorio nazionale di *Cortinarius prodigiosus* specie indubbiamente rara con limitate stazioni di crescita in Europa e con un baricentro di distribuzione nei boschi termofili di latifoglie di Repubblica Ceca e Ungheria (BOROVIČKA *et al.* 2015).

## Materiali e metodi

### *Analisi morfometriche*

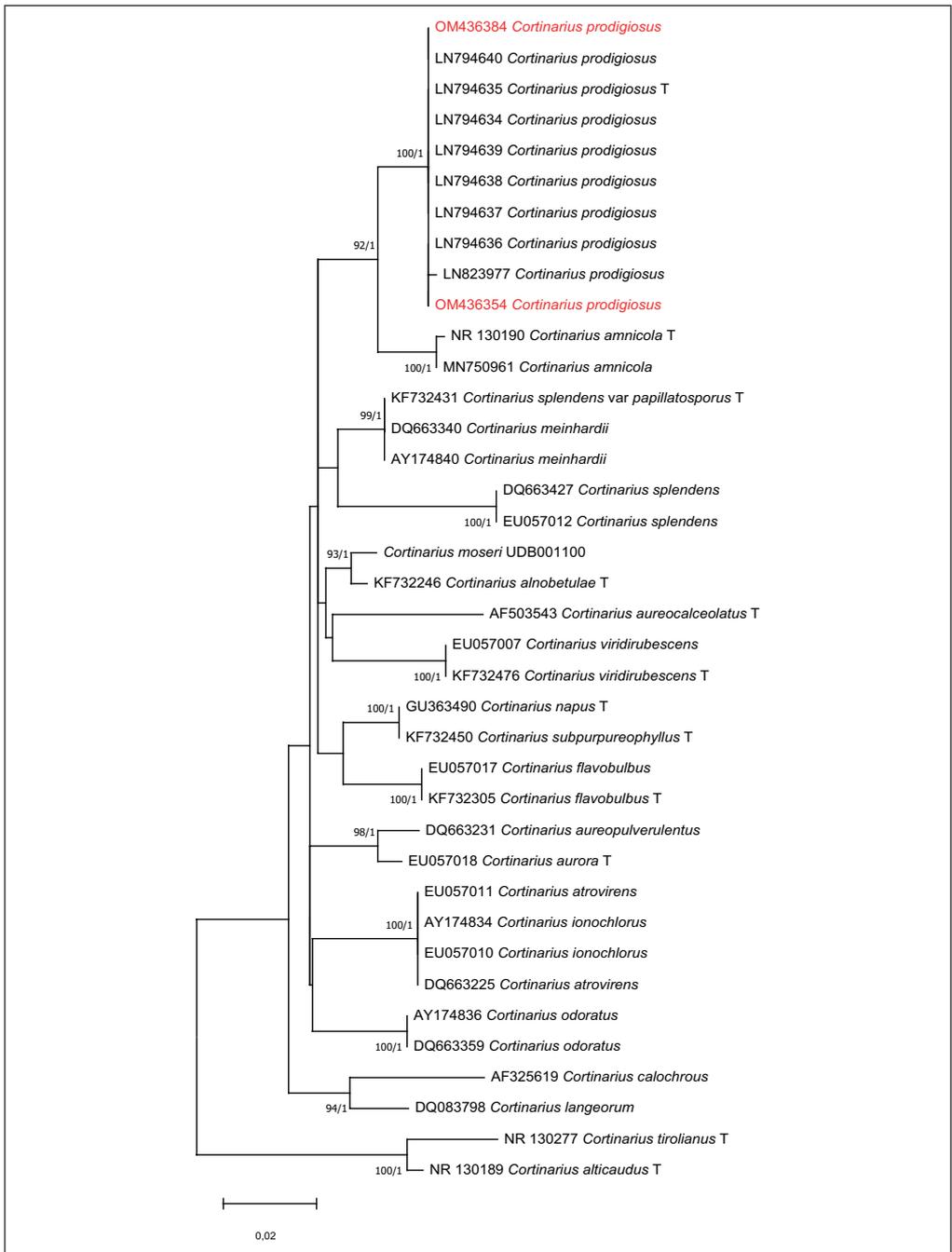
I basidiomi sono stati fotografati in habitat tramite l'ausilio di fotocamere Nikon D7100, Canon 600, munite rispettivamente di obiettivo AF Micro nikkor 60 mm e Canon 18/55 mm. La descrizione macroscopica è stata effettuata su esemplari freschi appena raccolti. Per l'analisi microscopica si sono utilizzati i seguenti microscopi: un microscopio Leica modello DMLS binoculare con una dotazione standard di obiettivi planacromatici 10, 40, 63 e 100 × ad immersione ed equipaggiato con fotocamera Leica ICC50W e un microscopio Zeiss. Le strutture microscopiche sono state osservate principalmente su campioni secchi precedentemente reidratati in acqua distillata. I liquidi di montaggio scelti per l'osservazione dei preparati sono rosso Congo come colorante universale, acqua distillata per la localizzazione dei pigmenti mentre la misurazione delle spore è stata condotta utilizzando come liquido di montaggio acqua distillata o KOH al 2%. Per i rilievi sporali si sono utilizzate le spore prelevate dalle lamelle, tenendo conto ai fini statistici di un set minimo di spore pari a 40 unità e fotografando tutte le spore nel campo ottico del microscopio. Le dimensioni sporali riportate, con esclusione dell'appendice ilare, sono espresse come (a)b- $\bar{c}$ -d(e), dove (a-) = valore minimo, b = media - deviazione standard,  $\bar{c}$  = media (in grassetto sottolineato), d = media + deviazione standard e (-e) = valore massimo. Q è stato calcolato come rapporto lunghezza/larghezza sporale. I campioni secchi sono stati depositati presso gli erbari privati degli autori (abbreviazioni AF e AV nel testo).

### *Estrazione del DNA, amplificazione PCR e sequenziamento*

Il DNA genomico è stato estratto utilizzando il DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen, Milan Italy). Per l'amplificazione della regione ITS è stata utilizzata la coppia di primers ITS1F/ ITS4 (WHITE *et al.*, 1990; GARDES & BRUNS 1993). Le reazioni di amplificazione sono state condotte nel termociclatore PE9700 (Perkin-Elmer, Applied Biosystems) secondo il protocollo usato in VIZZINI *et al.* (2014). I prodotti PCR sono stati purificati con il kit AMPure XP (Beckman) e sequenziati dalla ditta MACROGEN Inc. (Seoul, Repubblica di Corea). I cromatogrammi sono stati controllati per la ricerca e la correzione di errori di lettura putativi. Le sequenze sono state depositate in GenBank ([www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank)) e i numeri di accesso sono riportati in Fig 1.

### *Campionamento, allineamento e analisi filogenetica*

Le sequenze ITS ottenute sono state controllate utilizzando Geneious Prime 2019 (<https://www.geneious.com>). Per il dataset delle analisi filogenetiche le sequenze sono state scelte in base ai risultati di BLASTn (ALTSCHUL *et al.* 1990) e quindi scaricate dal database pubblico GenBank ([www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank)). Le sequenze selezionate e inserite nel dataset derivano principalmente dai lavori di GARNICA *et al.* 2009, 2016. L'allineamento delle sequenze è stato condotto con il software online MAFFT v. 7.0 (KATOH *et al.* 2013) ed editato manualmente con MEGA 7.0 (KUMAR *et al.* 2016). Nell'allineamento ITS la regione 18S è stata eliminata. L'analisi filogenetica sulle sequenze ITS è stata svolta tramite i metodi di Maximum Likelihood (ML) e Inferenza Bayesiana (BI). *Cortinarius alticaudus* Reumaux (NR 130189) e *Cortinarius tirolianus* Bidaud, Moëgne-Loec. & Reumaux (NR 130277) sono stati utilizzati come outgroup seguendo GARRIDO-BENAVENT *et al.*, 2015. Il modello evolutivo TPM2u+F+G4 è stato



**Fig 1.** Dendrogramma ottenuto mediante Maximum Likelihood delle sequenze ITS dei taxa più affini a *Cortinarius prodigiosus* nella sez. *Calochroi*. Sull'albero sono riportati i valori di MLB > 70% e di BPP > 0,95. Il nome della specie è corredato dall'accession number GenBank-UNITE e dalla lettera "T" in caso di sequenza riferita al typos. Le nostre due collezioni studiate sono evidenziate in rosso. Albero filogenetico di Alessandro Fellin

scelto in base ai risultati dedotti dall'analisi con il software Modelfinder implementato in IQ-TREE server (KALYAANAMOORTHY *et al.* 2017), utilizzando il "Bayesian Information Criterion" (BIC). Per l'analisi di Maximum Likelihood ci siamo avvalsi del software IQ-TREE (NGUYEN *et al.* 2015), usando la piattaforma online al sito <http://iqtree.cibiv.univie.ac.at/> (TRIFINOPOULOS *et al.* 2016) e applicando alla matrice ITS il parametro TPM2u+F+G4 precedentemente testato e 1000 repliche di bootstrap (FELSENSTEIN 1985) per la validazione statistica dei nodi dell'albero. L'analisi Bayesiana è stata condotta con l'utilizzo del software MrBayes 3.2.2 (RONQUIST *et al.* 2012), impostando 10 milioni di generazioni (algoritmo Monte Carlo Markov Chains) con il modello evolutivo sopra indicato. Sono stati salvati 10.001 alberi (frequenza di campionamento ogni 1.000 generazioni); i primi 2.500 sono stati scartati come "burn-in" e con i rimanenti è stato costruito un albero di consenso con il criterio di "majority rule". I valori di supporto dei nodi (bootstrap -MLB- e Bayesian Posterior Probabilities -BPP-) sono visualizzati sull'albero in **Fig. 1**. Il filogramma risultante (**Fig. 1**) è stato importato e visualizzato dal programma FigTree, versione 1.4.4. (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>) e successivamente editato con Inkscape 0.92 (<https://inkscape.org>).

***Cortinarius prodigiosus*** Bušek, Mikšík, Borovička, D. Dvořák, L. Albert & Dima

### Diagnosi originale

*A medium-sized Phlegmacium, distinguished by yellow pileus and lower part of stipe, greyishviolet lamellae and strikingly bicolorous flesh: yellow in most parts of stipe and whitish in pileus. Spores amygdaliform, irregularly ornamented, coarsely verrucose, 9-10 × 5.5-6 μm.*

### Descrizione macroscopica della raccolta

**Cappello** 3-8 (9) cm, convesso, presto convesso-appianato, margine persistentemente involuto, un po' lobato; umbone largo e ottuso scarsamente differenziato. Rivestimento pileico vischioso, da giallo cromo a giallo-olivastro, percorso occasionalmente da fibrille più scure solo sul margine esterno; disco talvolta disseminato irregolarmente da placche adnate e appressate di velo con colorazioni da bruno-porpora a nerastro.

**Lamelle** adnato-smarginate al gambo, fitte, biancastre o al più grigiastre nei giovani esemplari, soffuse progressivamente di lilacino negli esemplari adulti e maturi, bruno-rugginose a maturazione; filo lamellare concolore più o meno seghettato.

**Gambo** 3-9 × 1-2 cm, pieno, duro, giallo olivastro, più chiaro all'apice, progressivamente allargato in un bulbo rastremato da submarginato a marginato (× 30-35 mm) bordato da un velo universale giallastro. Bulbipellis e rizoidi miceliari giallo zolfo carico. Residui di cortina abbondanti sul gambo.

**Carne** soda, biancastra nell'asse del gambo e nel cappello, sfumata di giallo-citrino pallido nelle parti periferiche e nella corteccia del gambo, arancio-brunastra nei punti deteriorati o invasi da larve.

**Colore essiccata** bruno-olivastro.

**Carne** odore e sapore poco significativi.

**Reazioni macrochimiche** nella raccolta AF-064-2021 reazione olivastro al KOH 30% su cappello, nulla sulle altre superfici; nelle altre raccolte effettuate reazioni bruno-rossastre sul cappello e sul bulbo, negative altrove.

**Habitat e raccolte studiate** 25/10/2020 provincia di Trento, Masi di Vigo, loc. "Pontazi", quota 500 m s.l.m., coordinate geografiche: 46°15' 01"N, 11° 04' 28"E; bosco misto con *Fagus sylvatica* L., *Populus tremula* L., *Quercus pubescens* Willd. e *Corylus avellana* L., leg. R. Cipollone & A. Valdagni (raccolta depositata presso l'erbario personale con il numero AV-101-2020); *ibidem* 18/10/2021, leg. et det. A. Fellin & A. Valdagni (raccolta conservata presso l'erbario AF-064-2021).

## Descrizione microscopica della raccolta

**Spore** (9,1) 9,4-~~9,6~~-9,8 (10) × (5,3) 5,5-~~5,7~~-5,9 (6), Q = (1,60) 1,64-~~1,69~~-1,74 (1,76), ocre-fulve in KOH, destrinoidi, prevalentemente amigdaliformi in proiezione laterale, occasionalmente subamigdaliformi, leggermente rastremate verso l'apice e con raro accenno di papilla; ornamentazione costituita da verruche poco spesse e prominenti, formanti brevi creste o placche trapezoidali sovente coalescenti. Plaga scarsamente differenziata.

**Basidi** 30-36 × 8-11 μm, cilindrico-clavati, tetrasporici con pigmento intracellulare giallo-olivastro sparso.

**Cellule marginali** filo lamellare con cellule marginali intercalate ai basidi, scarsamente differenziate, sotto forma di peli gracili cilindrico-clavati; cellule sterili unicellulari o dotate di setto mediano; elemento terminale (× 13-20 μm) cilindrico-clavato fino a rastremato.

**Pileipellis** epicute ben sviluppata costituita da un'ixocute di ife cilindracee da sinuose a intrecciate, emergenti in superficie, cortemente ramificate, sottili, larghe 2-6 μm, con articoli terminali da cilindracei a subcapitulati. Pigmento prevalentemente intracellulare sotto forma di fini granulazioni giallo-olivastre; localizzata presenza nell'epicute e nel mediostrato di ammassi rifrangenti al KOH di pigmento granulare più grossolano da giallo-olivastro fino ad aranciato. Ipoderma scarsamente differenziato con ife dotate di setti più ravvicinati e larghe fino a 15-20 μm.

**Giunti a fibbia** presenti e abbondanti in tutti i tessuti.

## Risultati

La topologia degli alberi filogenetici ottenuti con i due metodi di ricostruzione filogenetica si è mostrata sovrapponibile, pertanto si è scelto di rappresentare le relazioni filogenetiche del dataset analizzato con l'albero derivato dall'analisi di Maximum Likelihood. Viene pertanto riportato nella **Fig.1** solo l'albero con i valori combinati di supporto statistico dei nodi. Il dataset ITS analizzato comprende 38 sequenze (di cui 35 ricavate da GenBank, una da UNITE e due derivanti dal seguente studio). L'allineamento risulta di 659 bp (inclusi i gap), con il 21,1% di siti variabili. Le dieci sequenze di *Cortinarius prodigiosus* formano un clade monofiletico ben supportato statisticamente (MLB=100%; BPP=1). La variabilità intraspecifica in seno al clade di *Cortinarius prodigiosus* appare molto bassa con la presenza di un'unica posizione variabile polimorfica (W = A o T) nella regione ITS2. Il clade di *Cortinarius prodigiosus* si colloca in posizione sister rispetto alla specie nord americana rappresentata da *Cortinarius ammicola* A.H. Sm. e tale relazione appare ben sostenuta statisticamente (MLB = 92%; BPP = 1). L'analisi filogenetica basata sul marcatore ITS non riesce tuttavia a risolvere le relazioni filetiche tra il clade costituito da *Cortinarius prodigiosus* e *Cortinarius ammicola* e i taxa più affini disposti su linee evolutive autonome.

## Discussione

L'epiteto "*prodigiosus*", come sottolineato nella descrizione originale di questa nuova specie phlegmacioide, si riferisce alla straordinaria combinazione di caratteri chiave i quali, a giudizio degli autori del nuovo taxon, assumono una singolare valenza tassonomica grazie alla quale risulta possibile discriminare *Cortinarius prodigiosus* dai taxa più vicini almeno morfologicamente. La diagnosi originale, che qui riportiamo nuovamente per esteso, recita quanto segue: "*A medium-sized Phlegmacium, distinguished by yellow pileus and lower part of stipe, greyishviolet lamellae and strikingly bicolorous flesh: yellow in most parts of stipe and whitish in pileus. Spores amygdaliform, irregularly ornamented, coarsely verrucose, 9-10 × 5.5-6 μm*". (BOROVIČKA *et al.* 2015). Proprio questa combinazione di caratteri morfologici, il cui valore tassonomico ci sentiamo di confermare sulla base delle nostre raccolte studiate, è stata quella che ci ha permesso di formulare le prime ipotesi di determinazione già sul campo, ipotesi che, unitamente



Foto 1. *Cortinarius prodigiosus* (AV-101-2020) in habitat.

Foto di Alessandro Valdagni



Foto 2. *Cortinarius prodigiosus* (AF-064-2021) in habitat.

Foto di Alessandro Valdagni e Alessandro Fellin

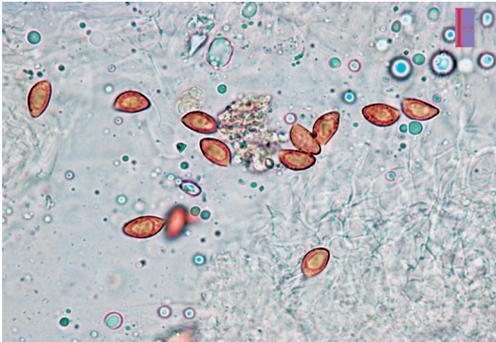


Foto 3. Spore di *C. prodigiosus*. Barra = 10  $\mu$ m.  
Foto di Alessandro Fellin

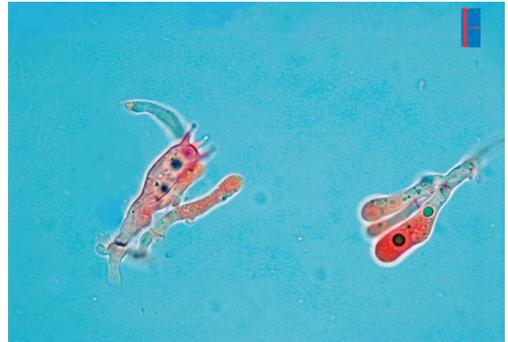


Foto 4. Basidi e cellule marginali di *C. prodigiosus*. Barra = 10  $\mu$ m.  
Foto di Alessandro Fellin

all'analisi microscopica, hanno trovato sempre più fondamento fino alla conferma data dall'analisi genetica condotta sul marcatore ITS. Anche il sito italiano di raccolta risulta ben caratterizzato con connotati ecologicamente sovrapponibili a quelli citati in letteratura. La raccolta infatti di *C. prodigiosus* è avvenuta in una stazione di crescita piuttosto termofila contraddistinta dallo sviluppo della faggeta submontana dei suoli carbonatici consorziata a settori con la roverella, il pioppo e il carpino nero. La ricchezza e la particolarità delle specie phlegmaciodi, censite con regolarità nel luogo, testimoniano, come ampiamente documentato in passato, la "bontà" micologica del bosco di Masi di Vigo nel periodo autunnale (FELLIN 2021; FELLIN *et al.* 2021). Qualche perplessità rimaneva legata alla variabilità piuttosto inusuale riscontrata in seguito al test del KOH sulla raccolta di *Cortinarius prodigiosus* AF-064-2021; a tal proposito la reazione appariva olivastra sulla superficie del cappello e pressochè brunastra nelle altre parti del carpoforo, mentre nelle precedenti raccolte, avvenute nel medesimo sito, le reazioni spaziavano dal rosso scuro al brunastro a seconda della zona del cappello testata quindi più in linea con i dati di letteratura (BOROVIČKA *et al.* 2015). Apprendiamo comunque che reazioni piuttosto atipiche risultano documentate anche su una raccolta (PRM 924729) geneticamente confermata di *C. prodigiosus* (BOROVIČKA *et al.* 2015). Pertanto è plausibile che reazioni al KOH variabili siano una caratteristica propria di tale specie la quale, va ricordato, risulta assai rara. Futuri ritrovamenti permetteranno di definire meglio tale aspetto. Tra le specie più vicine a *C. prodigiosus* sotto il profilo genetico, disposte su linee evolutive parallele e quelle invece distanti geneticamente ma affini da un punto di vista morfologico ed ecologico, ricordiamo:

*Cortinarius splendens* Rob. Henry: taxon che, seguendo la sistematica degli autori francesi dell'Atlas, appare inserito nella sottosezione *Splendentes* Bidaud, Moëgne-Loec. & Reumaux della sezione *Laeticolores* Moser & Horak che raggruppa specie dal cappello vivace maculato di bruno oppure dal cappello verde più o meno intenso. (BIDAUD *et al.* 1994). All'interno della serie *Splendens* Bidaud, Moëgne-Loec. & Reumaux *Cortinarius splendens* si contraddistingue per la piccola taglia ("...pileus carnosulo 3-6 cm, lato.."), il legame preferenziale con il faggio e, morfologicamente, per le colorazioni gialle che caratterizzano cappello, lamelle, gambo e carne (HENRY 1939; BIDAUD *et al.* 2003; CONSIGLIO *et al.* 2004). Microscopicamente la specie presenta spore verrucose con una morfologia variabile ("*Sporis ellipsoideis-ovoideis-amigdalidaliformibus*") e misure di 11 × 5,5-6,5, mentre il test macrochimico al KOH denota una reazione sul cappello olivastra o bruno-olivastra (HENRY 1939).

*Cortinarius meinhardii* Bon: specie che "nasce" con il nome di *Cortinarius vitellinus* M.M. Moser 1952, ma il nome seppur valido risulta illegittimo in quanto antedatato dal binomio *Cortinarius vitellinus* (Gillet) Bigeard & H. Guill., 1909. Bon sostituisce il nome *Cortinarius vitellinus* con *C. meinhardii* dedicando la specie al Moser, mentre Melot non considera *C. meinhardii* una

specie autonoma proponendone la declassazione al rango varietale di *Cortinarius splendens* con la nuova combinazione *C. splendens* var. *meinhardii* (Bon) Melot (Bon 1986; MELOT 1987). In seguito (1989) i micologi nordici ne conferiranno il rango di sottospecie (BRANDRUD *et al.* 1989). Da un punto di vista tassonomico *C. meinhardii*, pur condividendo chimicamente con *C. splendens* il contenuto di pigmenti estraibili di natura antrachinonica (MELOT 1990; BRANDRUD 1998), si differenzia per il legame con le conifere, le dimensioni maggiori, l'odore di pane appena sfornato e la reazione chimica del rivestimento pileico con l'idrossido di potassio su toni bruno-rossastri (BON, 1986; BRANDRUD *et al.* 1989; CONSIGLIO *et al.* 2004; BRANDRUD 2019).

*Cortinarius splendens* var. *papillatosporus* Bidaud & Moëgne-Loec. (= *Cortinarius meinhardii* s. auct.): varietà del tutto riconducibile alla specie tipo ma ben riconoscibile microscopicamente per un profilo sporale che denota spore con apice papillato (BIDAUD *et al.*, 2003). Dal punto di vista genetico però, come già messo in evidenza in GARNICA *et al.* 2016, la specie appare del tutto riconducibile a *Cortinarius meinhardii*, risultando di fatto conspecifica.

*Cortinarius splendens* var. *splendidissimus* (Rob. Henry) Bidaud & Reumaux: taxon riproposto dai micologi francesi al rango varietale di *C. splendens* in virtù di una serie di elementi morfologicamente discriminanti in particolare: il portamento dei carpofori contraddistinti da un gambo molto slanciato e sviluppato rispetto al diametro pileico, l'odore definito "odeur de *C. purpurascens*" e il quadro microscopico con spore di dimensioni maggiori in larghezza (HENRY 1992; BIDAUD *et al.* 2003). Non ci è possibile sapere però se a tale caratterizzazione morfologica corrisponda un diverso profilo genetico dato che la specie pare non sia stata oggetto ancora di studi filogenetici.

*Cortinarius amnicola* A.H. Sm.: specie di piccola taglia ("pileus 3-5 cm") a distribuzione nord americana piuttosto vicina morfologicamente ed ecologicamente a *C. prodigiosus* per via del cappello dalle colorazioni giallastre, le lamelle sfumate di lilacino ("pale vinaceous lilac") ma tuttavia con alcuni connotati morfologici devianti derivanti dal colore della carne lilacina nella parte alta dello stipite e da spore amigdaliformi ma di taglia superiore (SMITH 1942). Geneticamente si colloca in posizione sister rispetto al clade di *C. prodigiosus* e tale relazione appare supportata statisticamente (MLB=92% BPP=1).

*Cortinarius calochrous* Fr: specie che, pur ponendosi nei *Calochroi* su una linea evolutiva autonoma e geneticamente distante rispetto a *C. prodigiosus* dimostra, almeno nelle sue forme più tipiche, alcuni tratti morfocromatici simili ad esempio il cappello, la bulbipellis e i cordoni miceliari di colore giallo, le lamelle lilacine, l'habitat nei boschi di faggio e la reazione bruno rossastra all'idrossido di potassio (BELLANGER 2015; TRENDEL 2018; DOVANA *et al.* 2020). Tuttavia in tale specie non troviamo mai la carne e il gambo sfumati di giallo, le reazioni macrochimiche non sono mai di un rosso acceso (BOROVIČKA *et al.* 2015).

*Cortinarius viridirubescens* M.M. Moser & Ammirati: specie americana di taglia medio-piccola (3-7cm) dotata di lamelle prive di tonalità lilla, argillacee nei giovani esemplari, arrossanti alla manipolazione e cappello dotato di colorazioni verdastre mentre la carne risulta prevelentemente biancastra assumendo deboli sfumature giallo-olivastre solo verso la periferia del gambo o sotto la superficie del cappello (MOSER & AMMIRATI 1997; BOROVIČKA *et al.* 2015).

*Cortinarius flavobulbus* Ammirati & M.M. Moser: specie nord americana legata ai boschi di querce sempreverdi (*Quercus vacciniifolia* Hittell, *Q. garrayana* Douglas ex Hook) dotata di colorazioni lilacine più sostenute che contraddistinguono cappello, velo, lamelle e gambo (MOSER & AMMIRATI 1997). Oltre a differenze nel quadro morfologico troviamo rispetto a *C. prodigiosus* elementi devianti, sia sul fronte macrochimico che microscopico, testimoniati rispettivamente dalle reazioni al KOH negative sulle superfici e da dimensioni sporiali superiori (MOSER & AMMIRATI 1997; BOROVIČKA *et al.* 2015).

## Ringraziamenti

Desidero ringraziare il gruppo micologico “G. Bresadola” Val di Sole grazie al quale si sono condotte le analisi genetiche su *C. prodigiosus*. Un ringraziamento particolare anche a Marco Bianchi (Cremona, Italia) per la fornitura di prezioso materiale bibliografico.

## Indirizzo degli autori

ALESSANDRO FELLIN

Via G. Canestrini 10/b, 38028 Novella, Trento.

E-mail: fellin6384@yahoo.it

ROBERTO CIPOLLONE

Via Centro 51, 39051 Vadena, Bolzano.

E-mail: roberto.cipollone@apss.tn.it

ALESSANDRO VALDAGNI

Via Sabbioni 13, 38123 Povo, Trento.

E-mail: valda77@hotmail.com

## Bibliografia

- ALTSCHUL S.F., GISH W., MILLER W., MYERS E.W. & LIPMAN D.J. – 1990: Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215 (3): 403-410 (dx.doi: 10.1016/S0022-2836(05)80360-2).
- BELLANGER J.M. – 2015: Les cortinaires calochroides: une mise au point taxinomique. *Doc. Mycol.* 34: 3-34.
- BIDAUD A., MOËNNE-LOCCOZ P. & REUMAUX P. – 1994: Atlas des Cortinaires. Clé générale des sous-genres, sections, sous-sections et séries. Éditions *Féd. Mycol. Dauphiné-Savoie*, Annecy.
- BIDAUD A., CARTERET X., EYSSARTIER G., MOËNNE-LOCCOZ P. & REUMAUX P. – 2003: Atlas des Cortinaires. Pars XIII. Éd. *Féd. Mycol. Dauphiné-Savoie*. F-Marlioz.
- BON M. – 1986: Novitates. *Doc. Mycol.* XVI (63-64): 66.
- BOROVÍČKA J., BUŠEK B., MIKŠÍK M., DVOŘÁK D., JEPPESEN T.S., DIMA B., ALBERT L. & FRØSLEV T.G. – 2015: *Cortinarius prodigiosus* a new species of the subgenus *Phlegmacium* from Central Europe. *Mycol. Progr.* 14: 29 (doi.org/10.1007/s11557-015-1051-1).
- BRANDRUD T.E., LINDSTROM H., MARKLUND H., MELOT J. & MUSKOS S. – 1989: *Cortinarius* Flora Photographica I (English version). Matfors: *Cortinarius* HB. P. 38 p., pl. 60.
- BRANDRUD T.E. – 1998: *Cortinarius* subgen. *Phlegmacium* sect. *Fulvi* chemotaxonomy versus morphological taxonomy. *Journal des J.E.C.*: 0.
- BRANDRUD T.E. – 2019: *Cortinarius meinhardii*. *The IUCN Red List of Threatened Species 2019*: e.T147851191A147851218.
- BRANDRUD T.E., SCHMIDT-STOHN G. & DIMA B. – 2019: *Cortinarius hildegardiae* and *C. mariekristinae* spp. nov., two new species in the phlegmacioid clade *Humolentes* (sect. *Calochroi* s. l.). *Sydowia* 71: 0115-0127 (doi 10.12905/0380.sydowia71-2019-0115).
- CONSIGLIO G., ANTONINI D. & ANTONINI M. – 2004: Il Genere *Cortinarius* in Italia, I. *A.M.B., Fondazione C.S.M.*
- DOVANA F., BOCCARDO F., CLERICUZIO M. & VIZZINI A. – 2020: *Cortinarius lentus* (Agaricales, Cortinariaceae), a new species in section *Calochroi*. *Phytotaxa* 447 (1): 31-41 (doi.org/10.11646/phytotaxa.447.1.3).
- FELLIN A., ERCOLE E. & FERRARI R.J. – 2021: Osservazioni su *Cortinarius tiliae*. *Journal des J.E.C.* 23, p. 28-38.
- FELLIN A. – 2021: *Cortinarius osloensis*: una rara specie dei boschi di Tiglio, rinvenuta in Provincia di Trento. *RMR, Boll. AMER* 113, p. 65-75.
- FELSENSTEIN J. – 1985: Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39 (4): 783-791 (doi.org/10.1111/j.1558-5646.1985.tb00420.x).

- FRØSLEV T.G., JEPPESEN T.S., LÆSSØE T. & KJØLLER R. – 2007: Molecular phylogenetics and delimitation of species in *Cortinarius* section *Calochroi* (Basidiomycota, Agaricales) in Europe. *Molec. Phylog. and Evol.* 44 (1): 217-227 (doi.org/10.1016/j.ympev.2006.11.013).
- GARDES M. & BRUNS T.D. – 1993: ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molec. Ecol.* 2: 113-118.
- GARNICA S., WEISS M., OERTEL B., AMMIRATI J.F. & OBERWINKLER F. – 2009: Phylogenetic relationships in *Cortinarius*, section *Calochroi*, inferred from nuclear DNA sequences. *BMC Evolut. Biol.* 9: 1 (doi.10.1186/1471-2148-9-1).
- GARNICA S., SPAHN P., OERTEL B., AMMIRATI J. & OBERWINKLER F. – 2011: Tracking the evolutionary history of *Cortinarius* species in section *Calochroi*, with transoceanic disjunct distributions. *BMC Evol. Biol.* 11: 213 (doi.org/10.1186/1471-2148-11-213).
- GARNICA S., SCHÖN M.E., ABARENKOV K., RIES K., LIIMATAINEN K., NISKANEN T., DIMA B., SOOP K., FRØSLEV T.G., JEPPESEN T.S., PEINTNER U., KÜHNERT-FINKERNAGEL R., BRANDRUD T.E., SAAR G., OERTEL B. & AMMIRATI.F. – 2016: Determining threshold values for barcoding fungi: lessons from *Cortinarius* (Basidiomycota), a highly diverse and widespread ectomycorrhizal genus. *FEMS Microb. Ecol.* 92 (4): fiw045 (doi.org/10.1093/femsec/fiw045).
- GARRIDO-BENAVENT I., BALLARÀ J. & MAHIQUES R. – 2015: New insights into subg. *Phlegmacium* sect. *Calochroi*: adding morphological and molecular data from Mediterranean representatives, with special regard to *Cortinarius prasinus*, *C. natalis* and *C. murellensis* species complexes. *Journal des J.E.C.* 17: 38-78.
- HENRY R. – 1939: Suite et complément à l'étude des *Phlegmacia*. *Bull. Soc. Mycol. France* 55(2): 16-195.
- KALYAANAMOORTHY S., MINH B.Q., WONG T.K.F., HAESELER A. & JERMIIN L.S. – 2017: ModelFinder: Fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nature Methods* 14: 587-589 (doi.org/10.1038/nmeth.4285).
- HENRY R. – 1992: Les cortinaires «Scauri» à lames jaunes (= Section *Fulvi* Moser et Horak p.p.). *Doc. Mycol.* XXII (87): 17-41.
- KATO H. & STANDLEY D.M. – 2013: MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molec. Biol. and Evol.* 30 (4), 772-780 (doi.org/10.1093/molbev/mst010).
- KUMAR S., STECHER G. & TAMURA K. – 2016: MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molec. Biol. and Evol.* 33 (7): 1870-1874.
- MAHIQUES R., BALLARÀ J., SALOM J.C., BELLANGER J.M. & GARRIDO-BENAVENT I. – 2018: Morphogenetic diversity of the ectomycorrhizal genus *Cortinarius* section *Calochroi* in the Iberian Peninsula. *Mycol. Progr.* 17: 815-831 (doi.org/10.1007/s11557-018-1394-5).
- MELOT J. – 1987: Contribution à l'étude du genre *Cortinarius* II. *Doc. Mycol.* XVII (68): 65-73.
- MELOT J. – 1990: Une classification du genre *Cortinarius* (Pers.) S. F. Gray. *Doc. Mycol.* 20 (80): 43-59.
- MOSER M. & AMMIRATI J.F. – 1997: Studies on North American *Cortinarii*. 4. New and interesting *Cortinarius* species (subgen. *Phlegmacium*) from oak forests in Northern California. *Sydowia* 49: 25-48.
- NGUYEN L.T., SCHMIDT H.A., VON HAESELER A. & MINH B.Q. – 2015: IQ-TREE a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molec. Biol. and Evol.* n. 32 (1): 268-274 (doi: 10.1093/molbev/msu300).
- RONQUIST F., TESLENKO M., VAN DER MARK P., AYRES D.L., DARLING A., HOHNA 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. *System. Biol.* 61: 539-542 (doi.org/10.1093/sysbio/sys029).
- SMITH A.H. – 1942: New and unusual *Cortinarii* from Michigan with a key to the North American species of genus *Bulbopodium*. *Bull. of the Torrey Botanical Club* 69: 44-64.
- SOOP K., DIMA B., COOPER J.A., DUCKCHUL P. & OERTEL B. – 2019: A phylogenetic approach to a global supraspecific taxonomy of *Cortinarius* (Agaricales) with an emphasis on the southern mycota. *Persoonia* 42: 261-290 (doi.org/10.3767/persoonia.2019.42.10).
- TRENDEL, J.M. – 2018: Les Cortinaires calochroïdes des feuillus du Nord de l'Alsace. *Bull. Soc. Mycol. Strasbourg* n. 117: 354.
- TRIFINOPOULOS J., NGUYEN L.T., VON HAESELER A. & MINH B.Q. – 2016: W-IQ-TREE: a fast online phylogenetic tool for maximum likelihood analysis. *Nucleic Acids Res.* 44 (W1): W232-W235 (doi: 10.1093/nar/gkw256).

- VIZZINI A., GELARDI M., PERRONE L., CONTU M., LI T.-H., ZHANG M. & XIA W.-Y. – 2014: A new collection of *Chlorophyllum hortense* (Agaricaceae, Agaricales) from south-eastern China: molecular confirmation and morphological notes. *R.M.R., Boll. AMER* 91 (1): 319.
- WHITE T.J., BRUNS T., LEE S.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*, pp. 315-322 (doi.org/10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1).