

GIOVANNI CONSIGLIO, LEONARDO LA SPINA, CARMELINA SIGNORINO

## I GENERI MYCETINIS E RHIZOMARASMIUS NELLA RECENTE TASSONOMIA MOLECOLARE

### Riassunto

*I “Marasmius” con odore di aglio, oggi ascritti al genere Mycetinis, vengono descritti, illustrati e inquadrati tassonomicamente. Viene altresì fatto un breve cenno ai composti chimici responsabili dell’odore di aglio. La collocazione tassonomica del genere Rhizomarasmius nella famiglia Physalacriaceae viene discussa e illustrata filogeneticamente.*

### Abstract

*The “Marasmius” species with garlic odour are described, illustrated and taxonomically framed. A brief mention is also made of the chemical compounds responsible for the garlic odour. The taxonomic placement of the genus Rhizomarasmius in the Physalacriaceae is discussed and phylogenetically illustrated.*

### Introduzione

I funghi marasmioidi e gymnopoidi (collyboidi e lentinuloidi) sono euagarici perlopiù saprotrofi, con basidiospore lisce, bianche, bianco-giallastre chiare o bianco-rosastre chiare. Tradizionalmente i funghi marasmioidi sono rappresentati da specie che formano basidiomi reviviscenti con cappelli piuttosto tenaci e persistenti, convessi o conici, striati o solcati, con lamelle adnate e con gambi tipicamente tenaci e filiformi. Una volta tutte le specie con queste caratteristiche venivano incluse nel genere *Marasmius* Fr., eccellente esempio di un genere che storicamente ha conosciuto una larga circoscrizione tassonomica, comprendendo più di 350 specie (SINGER 1986). Esso ha rappresentato, fra i funghi agaricoidi, uno dei più grandi generi saprobici di taxa con varie distribuzioni geografiche e diversi gradi di specificità per il substrato.

I funghi gymnopoidi formano basidiomi relativamente putrescenti con cappelli meno tenaci, convessi e spesso non striati, lamelle con varie inserzioni al gambo e gambi più robusti, non filiformi. Tali specie sono state collocate tradizionalmente nel genere *Collybia*. Nel corso degli anni le specie di *Marasmius* sensu lato e di *Collybia* sensu lato sono state segregate in numerosi generi sulla base di varie combinazioni di caratteri morfologici. Per una panoramica degli attuali concetti generici basati su caratteristiche morfologiche, generalmente accettati, è opportuno fare riferimento alle pubblicazioni di SINGER (1976, 1986) e di ANTONÍN & NOORDELOOS (1993, 1997, 2010).

Con l'avvento delle tecnologie molecolari, le analisi filogenetiche dei funghi marasmioidi e gymnopoidi, basate su sequenze di DNA nucleare ribosomiale, hanno contribuito a chiarire le circoscrizioni generiche e infrageneriche. A questo riguardo sono stati fondamentali i lavori di OWINGS & DESJARDIN (1997), di MONCALVO *et al.* (2000, 2002), di PETERSEN (2000), di WILSON & DESJARDIN (2005), di RONIKIER & RONIKIER (2011), di MOREAU *et al.* (2015) e di PETERSEN & HUGHES (2017). Per rendersi conto dell'importanza della biologia molecolare nella segregazione dei numerosi generi oggi accreditati in *Marasmius* sensu lato e *Collybia* sensu lato, basta fare riferimento al compendio di KALICHMAN *et al.* (2020). Questi generi vengono oggi distribuiti nelle famiglie Cyphellaceae (13 generi), Cystostereaceae (6 generi), Marasmiaceae (12 generi), Mycenaceae (9 generi), Omphalotaceae (16 generi), Physalacriaceae (29 generi) e Porothelaceae (23 generi), tutte appartenenti al sottordine Marasmiineae dell'ordine Agaricales.

## Materiali e metodi

### Collezioni studiate

I campioni studiati sono stati depositati nell'Erbario AMB.

### Studi morfologici

I caratteri morfologici macroscopici sono stati studiati su esemplari freschi. Le strutture microscopiche sono state esaminate su materiale fresco o essiccato usando differenti mezzi di montaggio: acqua, L4 (CLÉMENÇON 1972), reagente di Melzer, rosso Congo ammoniacale, floxina, blu di cresile e blu cotone. Prelievi secchi dei campioni sono stati reidratati in acqua e montati in L4. I rilevamenti microscopici sono stati effettuati con un microscopio ottico Zeiss, usando l'immersione in olio a 1000 ingrandimenti. Le misurazioni delle basidiospore sono state fatte catturando immagini di un singolo campo visivo con molte spore (prese per schiacciamento delle lamelle di materiale essiccato di esemplari maturi) che poi sono state misurate usando la fotocamera Moticam 3. Le dimensioni delle basidiospore non includono l'appendice ilare e sono state riportate come segue: media  $\pm$  deviazione standard della lunghezza  $\times$  media  $\pm$  deviazione standard della larghezza;  $Q =$  media  $\pm$  deviazione standard del rapporto lunghezza/larghezza;  $V =$  media  $\pm$  deviazione standard del volume [ $\mu\text{m}^3$ ]. Il volume sporale approssimato è stato calcolato come quello di un ellissoide (GROSS 1972; MEERTS 1999). La larghezza dei basidi è stata misurata nella parte più larga e la lunghezza è stata misurata dall'apice (sterigma esclusi) al setto basale.

### Estrazione, amplificazione e sequenziamento del DNA

Il DNA totale è stato estratto da campioni secchi usando un protocollo modificato basato su MURRAY & THOMPSON (1980). L'amplificazione PCR ha comportato 35 cicli con una temperatura di annealing di 54 °C. Per amplificare la regione ITS del nrDNA sono stati usati i primer ITS1F e ITS4 (WHITE *et al.* 1990; GARDES & BRUNS 1993). I prodotti della PCR sono stati controllati in gel di agarosio all'1% e le reazioni positive sono state sequenziate. Le sequenze ottenute sono state assemblate e controllate a vista per i possibili errori di lettura con MEGA 6.0 (TAMURA *et al.* 2013), pre-allineate con la sua applicazione MUSCLE e quindi corrette manualmente.

### Analisi filogenetiche

Per selezionare le sequenze più strettamente correlate, presenti nei data base pubblici (INSDC/GenBank <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>, UNITE <https://unite.ut.ee/>, BOLDSYSTEMS <http://www.boldsystems.org/>), è stato usato il programma BLAST (ALTSCHUL *et al.* 1990).

La gestione delle sequenze è stata attuata usando MESQUITE (MADDISON & MADDISON 2017). Nell'allineamento ITS la regione 18S è stata eliminata. Per filtrare i gap e le regioni variabili è stato usato il software GBlocks versione 0.91b (TALAVERA & CASTRESANA 2007) con la scelta meno severa, che all'interno dei blocchi finali ammette blocchi più piccoli e posizioni di gap. Dopo i tagli alle due estremità, i gap sono stati sostituiti con punti interrogativi. I numeri di accesso delle sequenze sono riportati nelle Figure.

Sono stati costruiti quattro differenti data set: (1) un allineamento delle sequenze 28S rDNA (nrLSU) di specie di Omphalotaceae, Marasmiaceae, Physalacriaceae e Cyphellaceae ricavate da un precedente studio filogenetico (RONIKIER & RONIKIER 2011); (2) un allineamento delle sequenze 28S rDNA (nrLSU) di specie di Physalacriaceae, tratte da un precedente studio filogenetico (MOREAU *et al.* 2015) e integrate con numerose sequenze dei data base pubblici pubblicate successivamente; (3) un allineamento delle sequenze nrITS rDNA di specie di *Mycetinis* presenti nei data base pubblici, integrate con le sequenze ottenute nel presente lavoro; (4) un allineamento delle sequenze nrITS rDNA di specie di *Rhizomarasmus* presenti in GenBank, integrate con le sequenze ottenute nel presente lavoro.

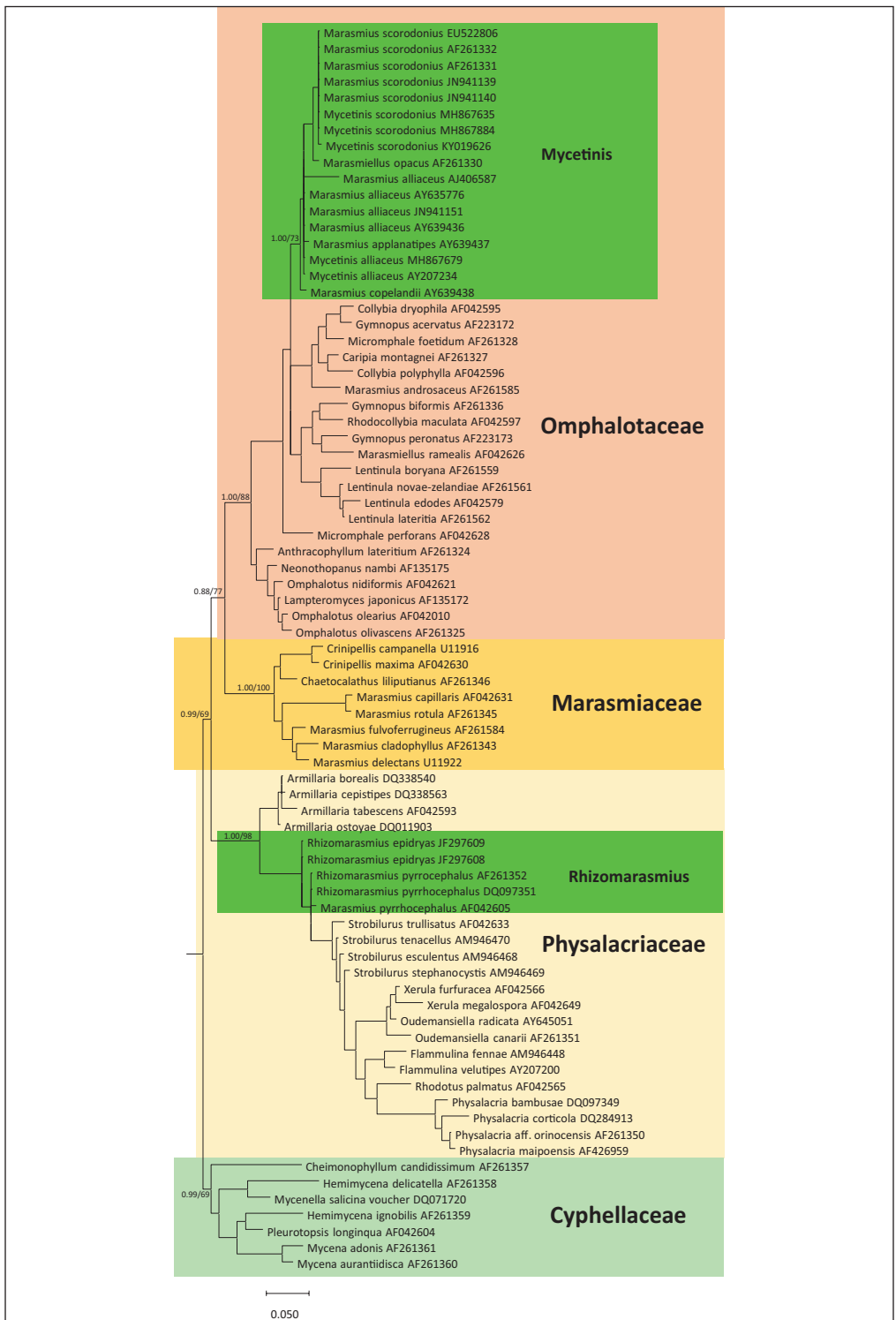


Fig. 1. Filogramma di consenso, secondo la regola della maggioranza del 50%, di sequenze LSU di specie delle famiglie Omphalotaceae, Marasmiaceae, Physalacriaceae e Cyphellaceae, basato sull'analisi combinata dell'inferenza bayesiana (MrBayes) e della massima verosimiglianza (RAxML). Sui nodi sono riportati i valori di BPP  $\geq 0.95$  e/o di MLB  $\geq 70\%$ . Il filogramma è stato radicato sulla famiglia Cyphellaceae.

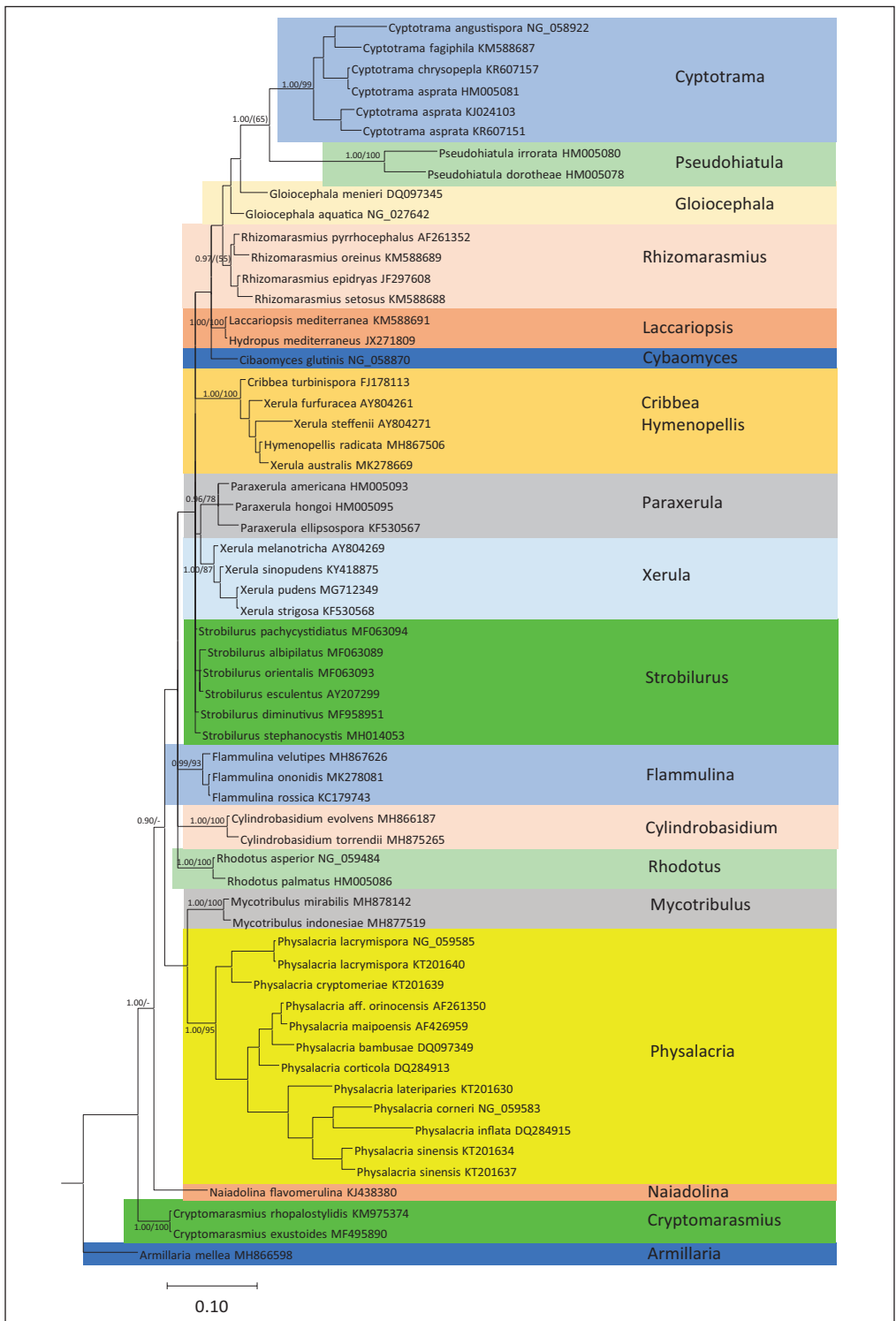


Fig. 2. Filogramma di consenso, secondo la regola della maggioranza del 50%, di sequenze LSU della famiglia Physalacriaceae, basato sull'analisi combinata dell'inferenza bayesiana (MrBayes) e della massima verosimiglianza (RAxML). Sui nodi sono riportati i valori di BPP  $\geq 0.95$  e/o di MLB  $\geq 70\%$ . Il filogramma è stato radicato su *Armillaria mellea*.

L'allineamento (1), che comprende 77 sequenze e ha un'ampiezza di 860 coppie di basi, è stato analizzato usando i metodi dell'Inferenza Bayesiana (BI) e della Massima Verosimiglianza (ML) sulla piattaforma CIPRES Science Gateway v. 3.3 (MILLER *et al.* 2010). L'analisi bayesiana è stata realizzata usando MrBayes 3.2.7a (ZHANG *et al.* 2019) con i parametri di 2 corse simultanee, 4 catene, temperatura fissata a 0.2, campionamento ogni 1000 generazioni, fino al raggiungimento della convergenza (deviazione standard minore di 0.01) e PSRF (Potential Scale Reduction Factor) (GELMAN & RUBIN 1992) uguale a 1 (dopo 29420000 generazioni). Come richiesto dalla procedura, sono stati "bruciati" il 25% degli alberi, quelli del tratto iniziale e quelli della coda finale. RAxML (STAMATAKIS 2014) è stato realizzato usando l'algoritmo di ricerca standard con 1000 cicli di bootstrap secondo il modello GTR + GAMMA. Per radicare l'albero è stata scelta come outgroup la famiglia *Cyphellaceae*, sulla base della sua posizione filogenetica esterna alle altre famiglie presenti. Gli alberi risultanti sono stati letti con la versione 4 di SEAVIEW (GOUY *et al.* 2010) e salvati in formato vettoriale per la stampa. Le analisi BI e ML hanno prodotto la stessa topologia.

L'allineamento (2), che comprende 60 sequenze e ha un'ampiezza di 853 coppie di basi, è stato analizzato usando la stessa procedura dell'allineamento (1). L'albero è stato radicato su *Armillaria mellea*. La convergenza è stata raggiunta dopo 7930000 generazioni. L'allineamento (3), che comprende 85 sequenze e ha un'ampiezza di 683 coppie di basi, è stato analizzato usando la stessa procedura dell'allineamento (1). L'albero è stato radicato su *Gymnopus luxurians*. La convergenza è stata raggiunta dopo 1540000 generazioni. L'allineamento (4), che comprende 24 sequenze e ha un'ampiezza di 688 coppie di basi, è stato analizzato usando la stessa procedura dell'allineamento (1). L'albero è stato radicato su *Xerula longipes*. La convergenza è stata raggiunta dopo 160000 generazioni.

## TASSONOMIA

### IL GENERE MYCETINIS

Earle (1909) elevò *Marasmius* sect. *Mycenopsis* di SCHROETER (1889) al rango di genere e lo chiamò *Mycetinis* con *Marasmius alliaceus* come specie tipo.

#### *Mycetinis* Earle

Bulletin of the New York Botanical Garden 5: 414. 1909

Sinonimo: *Marasmius* sect. *Alliacei* Kühner, Botaniste 25: 87. 1933 (come 'Alliateae')

**Basidiomi** reviviscenti o non reviviscenti. **Capello** convesso o campanulato, con margine diritto, sovente rugoloso-striato, da glabro a scamosciato, sovente igrofano. **Lamelle** sottili, da spaziate a moderatamente fitte, libere o adnate, talvolta formanti uno pseudocollarium. **Gambo** centrale, glabro o pubescente, non insitizio, solitamente con micelio basale, sovente brevemente radicante. **Carne** sottile o abbastanza spessa. Odore e sapore non distintivi oppure di aglio o di cipolla.

**Basidiospore** lisce, ialine, non amiloidi e non destrinoidi, non cianofile, con parete sottile. **Basidi** bisporici o tetrasporici. **Basidioli** clavati o subfusoidi. **Cheilocistidi** quasi sempre presenti, cilindrici, fusoidi o clavati, spesso diverticolati, non subcapitati o capitati. **Pleurocistidi** assenti o raramente presenti e allora simili ai cheilocistidi. **Caulocistidi** presenti o assenti. **Tessuti della trama** non destrinoidi. **Pileipellis** subimemiforme o imemiforme (almeno nel giovane), costituita da cellule sferopeduncolate, clavate, subcilindriche o irregolari, talvolta lobate e con larghe protuberanze, con parete sottile o spessa, non destrinoidi; pileocistidi perlopiù assenti. **Giunti a fibbia** presenti.

**Ecologia** su legno morto, foglie o aghi, nell'humus oppure sulla corteccia di alberi vivi.

***Mycetinis alliaceus*** (Jacq.: Fr.) Earle ex Wilson & Desjardin

Mycologia 97 (3): 677. 2005

Basionimo: *Agaricus alliaceus* Jacq., Flora Austriaca 1: 52. 1773.

≡ *Hypophyllum alliaceum* (Jacq.) Paulet, Traité des champignons 2: 2, tab. 122 bis, fig. 1. 1808 (“1793-1829”).

≡ *Marasmius alliaceus* (Jacq.) Fr., Epicrisis systematis mycologici, seu synopsis hymenomycetum: 383. 1838 (“1836-1838”).

≡ *Mycena alliacea* (Jacq.) P. Kumm., Der Führer in die Pilzkunde: 107. 1871, nom. sanct. (Fries, Syst. Mycol. 1: 140. 1821).

≡ *Chamaeceras alliaceus* (Jacq.) Kuntze, Revisio generum plantarum 3 (3): 455. 1898.

= *Marasmius alliaceus* subsp. *schaenopus* Kalchbr., Icones selectae hymenomycetum Hungariae 3: tab. 5. 1875.

= *Marasmius alliaceus* var. *subtilis* J.E. Lange, Flora Agaricina Danica 2: 25. 1921.

≡ *Marasmius alliaceus* f. *subtilis* (J.E. Lange) Lécuru, in Lécuru, Courtecuisse & Moreau, Index fungorum 384: 2. 2019.

= *Marasmius alliaceus* f. *major* Hruby, Hedwigia 70: 273. 1930

= *Mycetinis alliaceus* var. *minor* J.Aug. Schmitt, Abhandlungen der DELATTINIA 45: 261. 2020.

Combinazione non pubblicata validamente: *Mycetinis alliaceus* (Jacq.) Earle, Bulletin of the New York Botanical Garden 5: 414. 1909.

## Descrizione

**Cappello** 20-50 mm, da conico-convesso a più o meno piatto, sovente depresso con l'età, talora anche leggermente umbonato, un po' igrofano, liscio, opaco, da glabro a pruinoso, sovente leggermente rugoso, da crema-ocraceo a ocra-rosso o brunastro, talora anche biancastro, più scuro verso il centro, margine più chiaro, sottile, leggermente striato per trasparenza con tempo umido.

**Lamelle** da strettamente smarginato-adnate a libere, spaziate, larghe, da bianco sporco a crema, più o meno macchiate con l'età, con il filo intero, pruinoso, leggermente più scuro.

**Gambo** 80-150 × 3-5 mm, molto lungo, rigido, cavo, liscio, cilindraceo, sovente ispessito alla base, opaco, pruinoso o vellutato, da bruno-nerastro a nero, con base talvolta radicante e irsuto-feltrata.

**Carne** da grigia a grigio-beige, sottile, con odore forte e persistente di aglio e sapore di aglio fresco, un po' piccante e amarognolo.

**Spore** 8,2-9,8 × 5,2-6,5 μm; Q 1,3-1,7; Q<sub>m</sub> = 1,54; V<sub>m</sub> = 167 μm<sup>3</sup>, da ellissoidali a ovoidali, talvolta amigdaliformi, ialine, lisce, talora con una o due grosse guttule, non amiloidi.

**Basidi** tetrasporici, clavati, 35-45 × 10-13 μm; basidioli clavati molto numerosi.

**Cheilocistidi** 30-60 × 11-18 μm, ventricosi, ventricoso-fusiformi, lageniformi, ialini, talvolta con escrescenze diverticolate da appena abbozzate a ben sviluppate e allora digitate e flessuose.

**Pleurocistidi** non osservati.

**Pileipellis** costituita da uno strato di cellule, 24-40 × 8-20 μm, subglobose, clavate e piriformi con peduncolo allungato, ialine.

**Caulocistidi** cilindracei, 20-100 × 4-11 μm, disposti perpendicolarmente rispetto alle ife superficiali, ialini, con apici attenuati o arrotondati, per eccezione anche divisi dicotomicamente, molto abbondanti nella parte basale del gambo.

**Giunti a fibbia** diffusi in tutti i tessuti.

**Ecologia** gregario su ramoscelli degradati di *Fagus sylvatica* L., raramente anche su foglie; trovato anche su *Carpinus* spp. e su aghi di conifera.

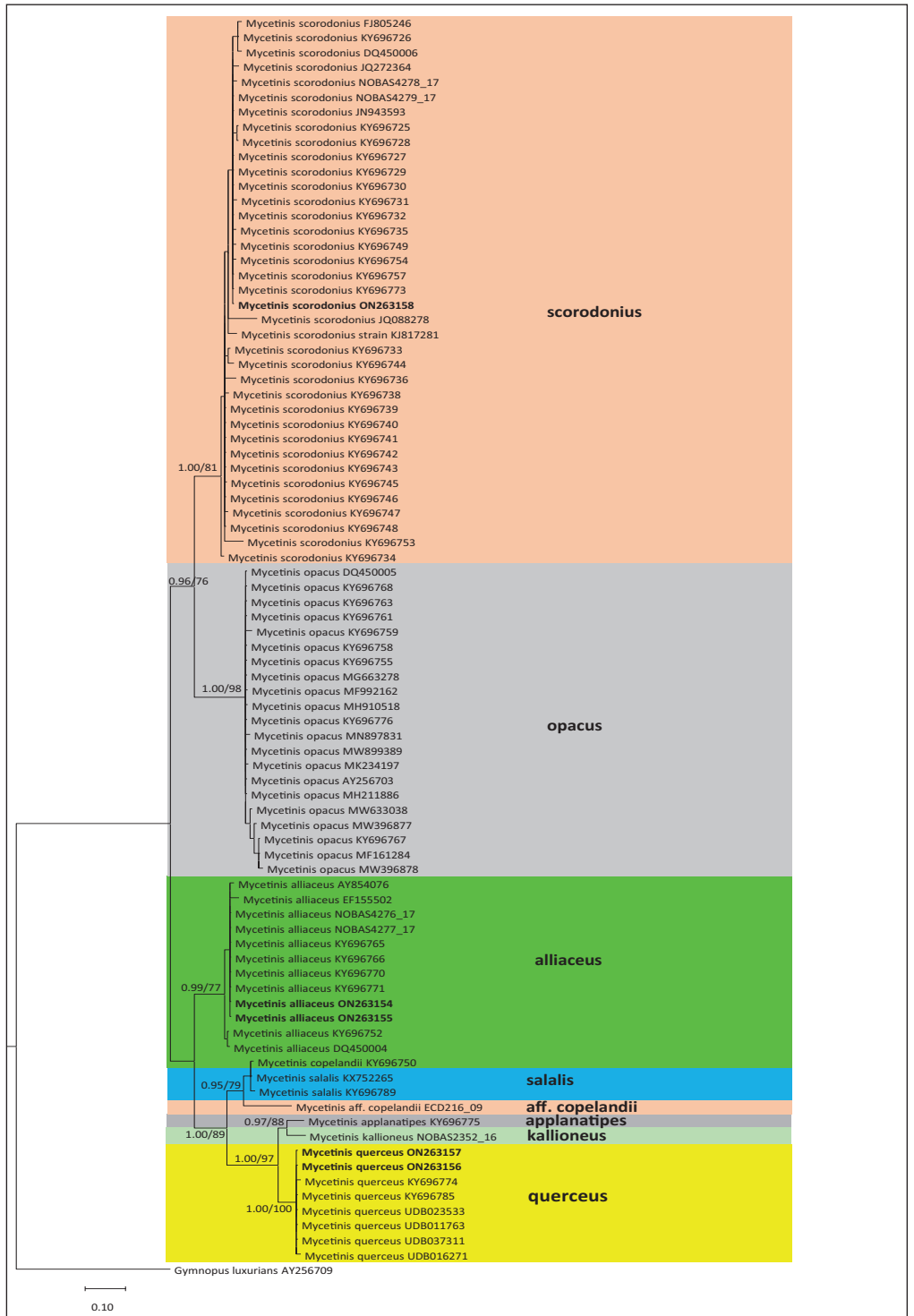
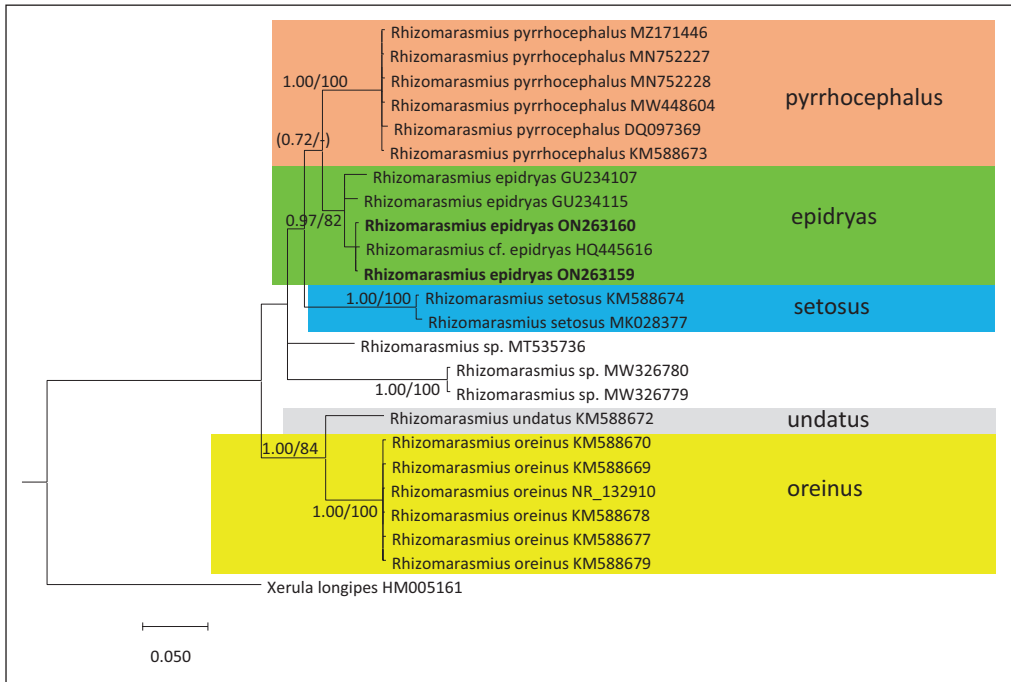
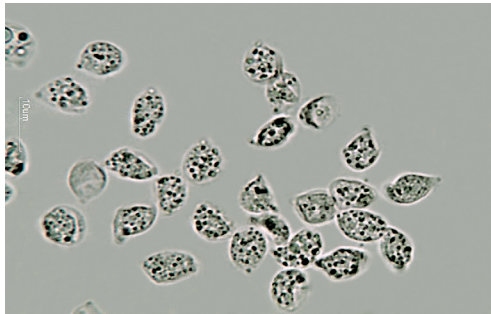


Fig. 3. Filogramma di consenso, secondo la regola della maggioranza del 50%, di sequenze ITS del genere *Mycetinis*, basato sull'analisi combinata dell'inferenza bayesiana (MrBayes) e della massima verosimiglianza (RAxML). Sui nodi sono riportati i valori di BPP  $\geq 0.95$  e/o di MLB  $\geq 70\%$ . Il filogramma è stato radicato su *Gymnopus luxurians*.

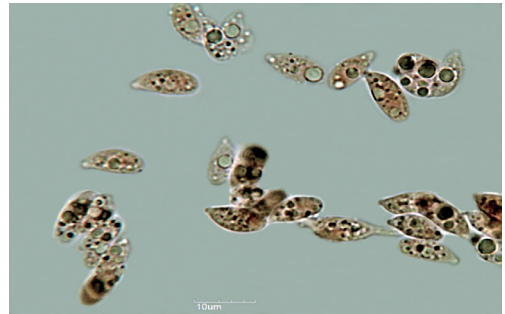


**Fig. 4.** Filogramma di consenso, secondo la regola della maggioranza del 50%, di sequenze ITS del genere *Rhizomarasmius*, basato sull'analisi combinata dell'inferenza bayesiana (MrBayes) e della massima verosimiglianza (RAxML). Sui nodi sono riportati i valori di BPP  $\geq 0.95$  e/o di MLB  $\geq 70\%$ . Il filogramma è stato radicato su *Xerula longipes*.



*Mycetinis alliaecus*. Spore.

Foto di Leonardo La Spina



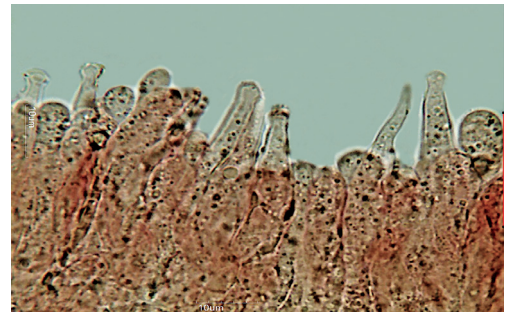
*Mycetinis querceus*. Spore.

Foto di Leonardo La Spina



*Mycetinis scorodoni*. Imenio.

Foto di Leonardo La Spina



*Rhizomarasmius epidryas*. Cheilocistidi. Foto di Leonardo La Spina



**Materiale studiato** Italia: 29/10/1999, Gambarie (S. Stefano in Aspromonte, RC), in un bosco di *Fagus sylvatica*, leg. G. Consiglio & G. Panzera, AMB n. 18852; 05/09/2006, Val di Sella (Borgo Valsugana, TN), in un bosco di *Fagus sylvatica*, leg. G. Consiglio, G. Marasca, B. Oss-Emer & G. Partacini, AMB n. 18846; 27/09/2012, Bosco di Tecchie (Cantiano, PU), in un bosco di *Fagus sylvatica*, leg. G. Consiglio, M. Maletti & L. Polidori, AMB n. 18848; 19/09/2019, Madonna dell'Acero (Lizzano in Belvedere, BO), in un bosco misto di *Fagus sylvatica* e *Abies alba* Mill., leg. M. Mazzotti, AMB n. 18770 (sequenza ITS, ON263154); 25/10/2019, Camaldoli (Poppi, FI), in un bosco misto di *Fagus sylvatica* e *Abies alba*, leg. M. Mazzotti, AMB 18771 (sequenza ITS, ON263155). Germania: 11/10/2006, Gräfinthal, Saarland, in un bosco di *Fagus sylvatica*, leg. G. Consiglio & L. Setti, AMB n. 18847.

*Mycetinis querceus* (Britzelm.) Antonín & Noordel.

in Noordeloos & Antonín, Czech Mycol. 60 (1): 26. 2008

Basionimo: *Marasmius querceus* Britzelm., Botanisches Zentralblatt 68 (5): 139. 1896.

Nome applicato erroneamente: *Marasmius prasiosmus* sensu Fr., Epicrisis systematis mycologici, seu synopsis hymenomycetum: 376. 1838 ("1836-1838"), auctorum europaeorum, non *Agaricus prasiosmus* Fr., Observationes mycologicae 2: 153. 1818.

### Descrizione

**Cappello** 15-25 mm, inizialmente convesso, poi piano-convesso, infine spianato e un po' depresso al centro, con il margine sottile, regolare o sinuoso-ondulato, striato per trasparenza, con l'età anche canalicolato. Cuticola parzialmente separabile, liscia, glabra, un po' lucida con tempo umido, igrofana, sovente leggermente grinzosa, color sabbia, beige, quasi sempre più chiara al margine, crema-ocracea se imbibita.

**Lamelle** poco fitte, mediamente spesse, intercalate da numerose lamellule tronche, adnate, bianche o crema, avana-beige a maturità, con il filo intero, concolore.

**Gambo** 40-60 × 2-3 mm, slanciato, cilindrico, sovente ricurvo, appena ingrossato all'apice e un po' dilatato alla base, internamente fistoloso, di colore crema in alto, bruno verso il basso, ricoperto da un'abbondante pruina bianca, con la base inglobante residui di foglie.

**Carne** sottile, tenera, fragile, soprattutto nel cappello, un po' fibrosa nel gambo, crema, immutabile al taglio, con odore e sapore di aglio molto pronunciati.

**Spore** (7,5) 8,3-9,4 × 3,9-4,8 (5,0) µm; Q = 1,7- 2,3; Qm = 2; Vm = 89 µm<sup>3</sup>, ellissoidali allungate, a seme di mela, ialine, lisce, con parete sottile e apicolo evidente, talora guttulate.

**Basidi** 25-36 × 6-10 µm, cilindrico-clavati, tetrasporici e bisporici; basidioli clavati e cilindrico-clavati, 20-30 × 4-8 µm.

**Peli marginali** cilindracei con l'apice leggermente attenuato e arrotondato, con profilo regolare ma anche leggermente ricurvi o addirittura flessuosi, 30-60 × 4-6 µm.

**Pileipellis** di tipo imeniforme con cellule vescicolose, clavate, clavato-lobate, talora vagamente quadrangolari, peduncolate, 15-45 × 8-16 µm.

**Caulocistidi** numerosi, 50-120 × 7-9 µm, da cilindrici a sublageniformi, anche settati, con apice attenuato, ialini, con parete spessa.

**Ecologia** su foglie morte cadute, specialmente di *Quercus* spp. ma raccolto anche su foglie di *Carpinus* sp. e di *Fagus* sp.

**Materiale studiato** Italia: 10/11/2011, Monte Rosso (S. Lorenzo in Campo, PU), in un bosco di *Fagus sylvatica*, leg. G. Consiglio & M. Maletti, AMB n. 18774 (sequenza ITS, ON263156);

Contrada Frascianelle (Foresta, ME), in un bosco misto di *Fagus sylvatica* e *Quercus pubescens* Willd., leg. L. La Spina & C. Signorino, AMB n. 18778 (sequenza ITS, ON263157).

***Mycetinis scorodonius*** (Fr.) A.W. Wilson & Desjardin,  
*Mycologia* 97 (3): 678. 2005

Basionimo: *Agaricus scorodonius* Fr., *Observ. mycol.* 1: 29. 1815, nom. sanct. (Fries, *Syst. Mycol.* 1: 130. 1821).

≡ *Chamaeceras scorodonius* (Fr.) Kuntze, *Revisio generum plantarum* 3 (3): 457. 1898.

≡ *Marasmius scorodonius* (Fr.) Fr., *Anteckningar öfver de i Sverige växande ätliga Svampar:* 53. 1836.

≡ *Gymnopus scorodonius* (Fr.) J.L. Mata & R.H. Petersen, in Mata, Hughes & Petersen, *Mycoscience* 45 (3): 221. 2004.

= *Mycetinis scorodonius* var. *dapenae* Blanco-Dios, Tarrelos, *Revista da Federation Galera de Micologia* 16: 18. 2014.

= *Mycetinis scorodonius* f. *diminutivus* R.H. Petersen, Dyson & Ammirati, in Petersen & Hughes, *MycKeys* 24: 98. 2017.

= *Collybia foetida* Dvorák, *Sbornik Klubu Přírodovědeckého v Brno:* 13. 1930.

## Descrizione

**Cappello** 10-20 mm, inizialmente convesso-campanulato, presto appianato e un po' depresso al centro, con un largo umbone ottuso, più o meno evidente nei vecchi esemplari, con il margine acuto, negli esemplari maturi revoluto, glabro, liscio poi striato, leggermente igrofano, bruno-carnicino-rossiccio all'inizio, poi con toni più chiari, bianco-ocraceo, un po' più scuro al centro.

**Lamelle** libere, mediamente spaziate, inframmezzate da lamellule, strette, leggermente venoso-congiunte, biancastre, talvolta un po' rosate.

**Gambo** 25-50 × 1-2 (3) mm, cilindrico o leggermente ingrossato in alto, fistoloso, coriaceo, tenace, glabro, brillante, bruno-rossastro, più scuro verso la base.

**Carne** sottile, bianca nel cappello, concolore nel gambo, con odore intenso, persistente, di aglio e sapore agliaceo.

**Spore** 6,7-7,5 × 3,5-4,5 μm; Q = 1,58-1,95; Q<sub>m</sub> = 1,76; V<sub>m</sub> = 62 μm<sup>3</sup>, ellissoidali allungate, lisce, con apicolo evidente, non amiloidi.

**Basidi** 25-40 × 5-8 μm, cilindrico-clavati, tetrasporici, meno frequentemente bisporici; basidioli clavati.

**Pleurocistidi** poco numerosi, 30-40 × 4-6 μm, cilindrico-fusoidi con la parte più espansa nella zona intermedia e attenuata in quella distale, apici per lo più arrotondati.

**Cheilocistidi** numerosissimi, 15-30 × 5-7,5 μm, cilindrico-clavati con apice anche irregolarmente squadrato, muniti di diverticoli e grosse escrescenze digitate fino a 2 μm di larghezza che alla sommità costituiscono delle formazioni arborescenti, anche a palco di cervo.

**Pileipellis** nella zona marginale costituita da una struttura imeniforme con cellule vescicolose, clavate e piriformi, 20-40 × 8-16 μm, a pareti regolari ma per lo più provviste di escrescenze diverticolate, talora anche lobate, frammiste a cellule piriformi, anche con lungo peduncolo e diverticoli multipli che producono una forma arborescente; nella zona discale con cellule irregolarmente clavate e piriformi, 20-40 × 10-22 μm, talora con sommità squadrata, meno frequentemente diverticolate.

**Caulocistidi** non ben differenziati dai terminali delle ife della stipitipellis.



*Mycenitis alliaceus*

Foto di Giovanni Consiglio



*Mycenitis querceus*

Foto di Giovanni Consiglio



*Mycenitis scorodonius*

Foto di Giovanni Consiglio



*Rhizomarasmius epidryas*

Foto di Giovanni Consiglio

**Giunti a fibbia** diffusi in tutti i tessuti.

**Ecologia** singolo o a gruppi su vari substrati, aghi di conifere, corteccia e legno di conifere.

**Materiale studiato** Italia: 20/08/1998, Cheta, Bellamonte (Predazzo, TN), in un bosco di *Picea abies* (L.) H. Karst., leg. G. Consiglio & C. Papetti, AMB n. 18849; 13/10/2004, Pratzano (Ramiseto, RE), in un bosco di *Picea abies*, leg. G. Consiglio & D. Jacopetti, AMB n. 18774 (sequenza ITS, ON263156).

## IL GENERE *RHIZOMARASMIUS*

Il genere *Rhizomarasmius* è stato istituito da PETERSEN (2000) per ospitare due specie di *Marasmius*, *M. pyrrhocephalus* Berk. e *M. undatus* (Berk.) Fr., che mostravano affinità con membri delle Xerulaceae (oggi Physalacriaceae).

***Rhizomarasmius*** R.H. Petersen

Mycotaxon 75: 333. 2000

**Basidiomi** con cappello convesso o emisferico, finemente pruinoso o liscio, lamelle spaziate, spesse, ascendenti, bianche; gambo lungo, rigido, radicante, finemente vellutato, chiaro all'apice, inscurente al bruno-nero verso la base. Tutte le specie del genere sono inodore.

**Pileipellis** con struttura di imeniderma costituito da elementi clavati, globosi o sferopedunculati lisci e da sparsi pileocistidi allungati. **Cheilocistidi**, **pleurocistidi** e **caulocistidi** presenti.

**Ecologia** specie saprotrofe, che crescono su ramoscelli interrati o altro materiale vegetale e radici.

***Rhizomarasmius epidryas*** (Kühner ex A. Ronikier) A. Ronikier & Ronikier

in Ronikier & Ronikier, Mycologia 103 (5): 1130. 2011

Basionimo: *Marasmius epidryas* Kühner ex A. Ronikier, Mycological Progress 8 (4): 381. 2009.

= *Marasmius epidryas* Kühner, Annales de la Société Linnéenne de Lyon 79: 115. 1936 ("1935"), è un nome invalido perché privo della diagnosi latina.

= *Mycetinis epidryas* Antonín & Noordel., in Noordeloos & Antonín, Czech Mycology 60 (1): 26. 2008, è un nome invalido perché basato su un basionimo invalido.

= *Mycetinis epidryas* (Kühner ex A. Ronikier) Antonín & Noordel., A monograph of marasmioid and collybioid fungi in Europe: 396. 2010 è un nome invalido perché non viene fatto riferimento al basionimo.

## Descrizione

**Cappello** 4-12 mm, inizialmente emisferico, poi convesso, talvolta un po' depresso al centro, da crema a bruno-ruggine, più chiaro al margine, quasi bianco, con il centro più scuro, liscio, sovente irregolare, rugoso-noduloso, leggermente scanalato in senso radiale, non striato per trasparenza, non igrofano.

**Lamelle** spaziate, crema chiare, largamente adnate.

**Gambo** 10-40 × 1-1,5 mm, crema all'apice, bruno-arancione, bruno-ruggine nella parte inferiore, interamente e densamente coperto di peli, che gli conferiscono un aspetto vellutato.

**Carne** piuttosto elastica, non fragile, bianca nel cappello e all'apice del gambo, bruno-ruggine nella parte inferiore del gambo, inodora, di sapore mite.

**Spore** 8-9,2 × 5-6 μm; Q = 1,45-1,66; Q<sub>m</sub> = 1,55; V<sub>m</sub> = 141 μm<sup>3</sup>, da ellissoidali ad amigdaliformi, ialine, lisce, guttulate, con apicolo evidente, non amiloidi.

**Basidi** 30-45 × 6-8 μm, cilindrico-clavati, tetrasporici; basidioli cilindrico-clavati, larghi 5-6 μm nel punto di massimo spessore.

**Cheilocistidi** 45-60 × 4,5-8 µm, per lo più lecitiformi con collo stretto e apice rigonfio, a birillo, largo 3-4 µm, meno frequentemente fusiformi e lageniformi, ialini, a parete non spessa.

**Pleurocistidi** 35-50 × 4-8 µm, di morfologia simile a quella dei cheilocistidi ma senza strozzatura nel collo, più numerosi quelli lageniformi e cilindracei, con apice arrotondato, ialini.

**Trama lamellare** costituita da ife cilindriche allungate parallele, a tratti intrecciate.

**Pileipellis** con struttura imeniforme, costituita da cellule clavate e piriformi, con lungo peduncolo, 20-40 × 6-11 µm, ialine, contenenti dei granuli brunastri.

**Pileocistidi** 20-38 × 5-8 µm, cilindrici e cilindrico-clavati, bruni, settati, a parete spessa.

**Stipitipellis** costituita da uno strato di cellule cilindriche allungate, parallele, larghe 2,5-5,5 µm.

**Caulocistidi** abbondanti, 50-100 × 3-5 µm, cilindracei, attenuati verso l'alto, con apici assottigliati o arrotondati, a parete piuttosto spessa, 1,2-1,7 µm, con qualche sporadico setto nel tratto distale, bruni.

**Giunti a fibbia** riscontrati in tutti i tessuti esaminati.

**Ecologia e distribuzione** la specie è associata a tessuti morti di *Dryas* spp. Cresce in habitat alpini delle montagne delle regioni temperate e nella regione (sub)artica.

**Materiale studiato** Svizzera: 01/09/2008, Alpe di Cruina (Bedretto, Canton Ticino), in una prateria con *Dryas octopetala* L., leg. G. Consiglio & F. Beretta, AMB n. 18776 (sequenza ITS, ON263159); 05/09/2012, Casaccia (Canton Grigioni), in una prateria con *Dryas octopetala*, leg. G. Consiglio, F. Beretta & L. Setti, AMB n. 18777 (sequenza ITS, ON263160).

### Tassonomia molecolare

Il filogramma di **Fig. 1** mostra inequivocabilmente che, a differenza di quanto precedentemente sostenuto (per esempio, da ANTONÍN & NORDELOOS, 2010), *Marasmius epidryas* Kühner ex A. Ronikier non appartiene al genere *Mycetinis* ma al genere *Rhizomarasmius* della famiglia Physalacriaceae, come affermato da RONIKIER & RONIKIER 2011 e MOREAU *et al.* 2015.

Nel filogramma di **Fig. 2** sono rappresentati 19 dei 29 generi oggi accreditati nella famiglia Physalacriaceae. Esso, per quanto a nostra conoscenza, rappresenta la descrizione molecolare più completa di questa famiglia. Il clado di *Rhizomarasmius* presenta un alto valore di BPP (0.97) e un discreto valore di MLB (55).

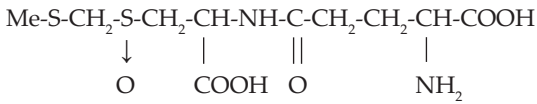
I filogrammi di **Fig. 3** e **Fig. 4** comprendono praticamente tutte le sequenze oggi disponibili di *Mycetinis* e di *Rhizomarasmius*, presenti nei database pubblici (GenBank, UNITE e BOLDSYSTEMS). I cladi di *Mycetinis alliaceus*, *M. querceus* e *M. scorodonius* (**Fig. 3**) e di *Rhizomarasmius epidryas* (**Fig. 4**) presentano elevati valori di supporto sia BPP che MLB.

### La chimica dell'odore di aglio nei *Mycetinis* del gruppo degli "alliacei"

Come indicato dal loro nome latino il micelio e i basidiomi di *Mycetinis alliaceus*, *M. querceus* (= "*Marasmius prasiomus*") e *M. scorodonius* sviluppano un forte odore di aglio, cipolla o porro, specialmente quando sono umidi o quando vengono spappolati nell'acqua.

Negli estratti di questi funghi è stata osservata una sostanza contenente zolfo che fornisce una colorazione rosso mattone con ninidrina. Per elettroforesi questa sostanza migra all'anodo indicando così il suo carattere acido. Dopo incubazione con acqua dei funghi seccati e polverizzati, questa sostanza gradualmente scompare con concomitante formazione di acido piruvico, ammoniaca e di un composto dal sapore forte che subito si decompone in prodotti volatili che hanno il caratteristico odore di aglio. Indagini approfondite, basate sulla cromatografia a scambio ionico e sulla spettrometria di massa, indicano la formazione di un precursore dipeptidico che per idrolisi acida produce l'acido L-glutammico. Il trattamento

riduttivo con Nichel Raney fornisce la  $\gamma$ -L-glutammil-L-alanina. Pertanto, il precursore è stato chiamato  $\gamma$ -glutammil-marasmina (1)



Esso è facilmente solubile in acqua e produce soluzioni leggermente acide che gradualmente si decompongono dando origine al tipico odore dei funghi parenti. Questo odore può essere attribuito ai prodotti derivati dall'acido sulfenico  $\text{Me-S-CH}_2\text{-SOH}$  che si forma con una reazione di  $\beta$ -eliminazione. La struttura completa della  $\gamma$ -glutammil-marasmina come  $\gamma$ -L-glutammil-3-(metiltiometilsulfinil)-L-alanina può essere inequivocabilmente derivata dai dati ottenuti con la risonanza magnetica del protone a 270 MHz e con la risonanza magnetica nucleare del  $^{13}\text{C}$  a 20 MHz.

### Indirizzi degli autori

GIOVANNI CONSIGLIO

Via Ronzani, 61 - IT 40033 - Casalecchio di Reno (BO).

E-mail: giovanni.consiglio45@gmail.com

LEONARDO LA SPINA

Via Dr. Leonardo Patanè, 5 - IT 95016 - Mascali (CT).

E-mail: laspina.leo@gmail.com

CARMELINA SIGNORINO

Via Dr. Leonardo Patanè, 5 - IT 95016 - Mascali (CT).

E-mail: linasignorino@libero.it

### Ringraziamenti

Ringraziamo sentitamente per la preziosa collaborazione Fausto Beretta (Brissago, Canton Ticino, Svizzera), Dario Jacopetti (Castelnuovo ne' Monti, RE), Marco Maletti (Pesaro), Giorgio Marasca (Pergine Valsugana, TN), Michele Mazzotti (Bologna), Giuseppe Panzera (Reggio Calabria), Carlo Papetti (Brescia), Giancarlo Partacini (Levico, TN), Luciano Polidori (Fano, AN) e Ledo Setti (Suzzara, MN).

### Riferimenti bibliografici

- 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.
- ANTÓNIN V. & NOORDELOOS M.E. – 1993: A Monograph of *Marasmius*, *Collybia* and related genera in Europe. Part 1: *Marasmius*, *Setulipes*, and *Marasmiellus*. *Libri Botanici* 8: 1-229. Eching.
- ANTÓNIN V. & NOORDELOOS M.E. – 1997: A Monograph of *Marasmius*, *Collybia* and related genera in Europe. Part 2: *Collybia*, *Gymnopus*, *Rhodocollybia*, *Crinipellis*, *Chaetocalathus*, and additions to *Marasmiellus*. *Libri Botanici* 17: 1-256. Eching.
- ANTÓNIN V. & NOORDELOOS M.E. – 2010: A monograph of marasmioid and collybioid fungi in Europe. *IHW-Verlag*. Eching.
- CLÉMENÇON H. – 1972: Zwei verbesserte Präparierlösungen für die mikroskopische Untersuchung von Pilze. *Zeitschrift für Pilzkunde* 38: 49-53.
- CONSIGLIO G. & PAPETTI C. – 2008: Atlante fotografico dei funghi d'Italia. Vol. 2. *Centro Studi Micologici AMB*. Vicenza.
- 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.

- EARLE F.S. – 1909: The genera of North American gill fungi. *Bulletin of the New York Botanical Garden* 5: 414.
- GARDES M. & BRUNS T.D. – 1993: ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes - application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular ecology* 2: 113-118.
- GELMAN A. & RUBIN D.B. – 1992: Inference from iterative simulation using multiple sequences. *Statistical Science* 7: 457-511.
- GMELIN R., LUXA H.-H., ROTH K. & HÖFLE G. – 1976: Dipeptide precursor of garlic odour in *Marasmius* species. *Phytochemistry* 15: 1717-1721.
- GOUY M., GUINDON S. & GASCUEL O. – 2010: SeaView version 4: A multiplatform graphical user interface for sequence alignment and phylogenetic tree building. *Molecular Biology and Evolution* 27 (2): 221-224.
- GROSS G. – 1972: Kernzahl und sporenvolumen bei einigen hymenogasterarten. *Zeitschrift für Pilzkunde* 38: 109-158.
- KALICHMAN J., KIRK P.M. & MATHENY P.B. – 2020: A compendium of generic names of agarics and Agaricales. *Taxon* 69 (3): 425-447.
- KÜHNER R. – 1933: Études sur le genre *Marasmius*. *Botaniste* 25: 57-116.
- Maddison W.P. & Maddison D.R. – 2017: Mesquite: a modular system for evolutionary analysis. Available at <http://mesquiteproject.org>
- LA SPINA L. – 2021: Funghi di Sicilia. Atlante illustrato. Tomo IV. *Tipografia Italgrafica. Catania*.
- MEERTS P. – 1999: The evolution of spores in agarics: do big mushrooms have big spores? *Journal of Evolutionary Biology* 12: 161-165.
- MILLER M.A., PFEIFFER W. & SCHWARTZ T. – 2010: Creating the CIPRES science gateway for inference of large phylogenetic trees. In: *Proceedings of the gateway computing environments workshop (GCE), 14 November 2010, New Orleans, LA*, pp. 1-8.
- MONCALVO J.-M., LUTZONI F.M., REHNER S.A., JOHNSON J. & VILGALYS R. – 2000: Phylogenetic relationships of Agaric fungi based on nuclear large subunit ribosomal DNA sequences. *Systematic Biology* 49: 278-305.
- MONCALVO J.-M., VILGALYS R., REDHEAD S.A., JOHNSON J.E., JAMES T.Y., AIME M.C., HOFSTETTER V., VERDUIN S.J.W., LARSSON E., BARONI T.J., THORN R.G., JACOBSSON S., CLÉMENÇON H. & MILLER JR. O.K. – 2002: One hundred and seventeen clades of euagarics. *Molecular Phylogenetics Evolution* 23: 357-400.
- MOREAU P.-A., VILA J., AIME M.C., ANTONÍN V., HORAK E., PÉREZ-BUTRÓN J.L., RICHARD F., URBAN A., WELTI S. & VIZZINI A. – 2015: *Cibaomyces* and *Cyptotrama*, two new genera for Europe, and an emendation of *Rhizomarasmius* (Basidiomycota, Physalacriaceae). *Mycological Progress* 14 (2): 1-16.
- MURRAY M.G. & THOMPSON W.F. – 1980: Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic acids research* 8 (19): 4321-4325.
- OWINGS P. & DESJARDIN D.E. – 1997: A molecular phylogeny of *Marasmius* and selected segregate genera. *Inoculum* 48: 29-30.
- PAPETTI C., CONSIGLIO G. & SIMONINI G. – 2008: Atlante fotografico dei funghi d'Italia. Vol. 1. *Centro Studi Micologici AMB. Vicenza*.
- PETERSEN R.H. – 2000: *Rhizomarasmius* gen. nov. (Xerulaceae, Agaricales). *Mycotaxon* 75: 333-342.
- PETERSEN R.H. & HUGHES K.W. – 2017: An investigation on *Mycetinis* (Euagarics, Basidiomycota). *Myckeys* 24: 1-138.
- RONIKIER M. & RONIKIER A. – 2011: *Rhizomarasmius epidryas* (Physalacriaceae): phylogenetic placement of an arctic-alpine fungus with obligate saprobic affinity to *Dryas* spp. *Mycologia* 103 (5): 1124-1132.
- SCHROETER J. – 1889: Die Pilze Schlesiens. In: F. COHN (red.): *Kryptogamen-Flora von Schlesien* 3 (1): 1-814. Breslau.
- SINGER R. – 1976: Marasmieae (Basidiomycetes-Tricholomataceae). *Flora Neotropica* 17: 1-348.
- SINGER R. – 1986: The Agaricales in modern taxonomy. *Sven Koeltz Scientific Books. Koenigstein*.
- STAMATAKIS A. – 2014: RAXML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30: 1312-1313.
- TALAVERA G. & CASTRESANA J. – 2007: Improvement of phylogenies after removing divergent and ambiguously aligned blocks from protein sequence alignments. *Systematic biology* 56 (4): 564-577.



- TAMURA K., STECHER G., PETERSON D., FILIPSKI A. & KUMAR S. – 2013: MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30: 2725-2729.
- 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.D., LEE S. & TAYLOR J. – 1990: Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis M.A., GELFAND D., SNINSKY J. & WHITE T. (eds.) PCR Protocols: a guide to methods and applications. *Academic Press. San Diego*, pp. 315-322.
- WILSON A.W. & DESJARDIN D.E. – 2005: Phylogenetic relationships in the gymnopoid and marasmioid fungi (Basidiomycete, euagarics clade). *Mycologia* 97 (3): 667-679.
- ZHANG C., HUELSENBECK J., VAN DER MARK P. & RONQUIST F. – 2019: MrBayes: Bayesian Inference of Phylogeny. MrBayes 3.2.7a. <https://nbisweden.github.io/MrBayes/index.html>