

ALESSANDRO FELLIN, ELISEO BATTISTIN

ENTOLOMA CALCEUS: SEGNALAZIONE DI UNA RARA SPECIE SFAGNICOLA
RECENTEMENTE DESCRITTA

Riassunto

Gli autori documentano il ritrovamento inedito per il territorio nazionale di *Entoloma calceus*, specie recentemente descritta e segnalata solo in Norvegia, Francia e Danimarca. I rinvenimenti, avvenuti in una torbiera a sfagni in Val di Non (TN) nella regione Trentino-Alto Adige, hanno permesso da un lato di approfondire e consolidare la conoscenza di tale entità evidenziandone la variabilità cromatica, dall'altro di confermare la presenza di tale specie in ecosistemi particolari e con flora specializzata come quelli appunto delle torbiere alpine. La presentazione della specie in oggetto è supportata anche dalla ricerca di sequenze omologhe nel database molecolare pubblico NCBI e dall'indagine filogenetica sul marcatore ITS. A tale scopo viene fornito, come completamento al presente lavoro, un albero filogenetico che illustra le relazioni tra *Entoloma calceus* e le specie geneticamente più vicine all'interno del sottogenere *Cyanula* di *Entoloma*.

Abstract

Entoloma calceus, a recently described species thus far reported only from Norway, France and Denmark, is firstly recorded for the Italian territory. The presented material, collected in a sphagnum peatbog in Val di Non (TN), in Trentino-Alto Adige, allowed both to gain a better understanding of the species phenotypic plasticity, by documenting its chromatic variability, and to confirm its occurrence in particular ecosystems having a specialized flora such as those of alpine peatbogs. The morphological delimitation of the species is supported by a research for homologous ITS sequences present in public molecular database like NCBI and a phylogenetic analysis based on the ITS marker illustrating the relationships between *Entoloma calceus* and its genetically closest species within *Entoloma* subgenus *Cyanula*.

Keys words *Entoloma*, *Cyanula*, *Leptonia*, *E. calceus*, provincia di Trento.

Introduzione

All'interno del genere *Entoloma* il sottogenere *Cyanula* (Romagn.) Noordel. (NOORDELOOS & GATES 2012) raggruppa almeno 200-300 specie a distribuzione mondiale, ma con almeno 80-90 specie confinate solo nel continente europeo (NOORDELOOS *et al.* 2022a; FACHADA *et al.* 2023; KIBBY 2023). Nel recente passato, in virtù di una visione sistematica più allargata e di stampo morfologico, le "cyanule" erano inserite nel sottogenere *Leptonia* (NOORDELOOS 2004). Tale raggruppamento di specie accomunate, secondo tale impostazione, da caratteri morfologici comuni, racchiude in realtà taxa con radici evolutive ben distinte risultando di fatto polifiletico (MOROZOVA *et al.* 2018; NOORDELOOS *et al.* 2022a). La nuova impostazione sistematica in ottica filogenetica tuttavia pare riconfermare almeno in parte alcuni caratteri ritenuti discriminanti sul piano morfologico tra le specie del sottogenere *Leptonia* e quelle del sottogenere *Cyanula* (MOROZOVA *et al.* 2014; NOORDELOOS *et al.* 2022a). Se infatti quest'ultime esibiscono colori accesi e piuttosto variabili, cappello inizialmente fibrilloso/squamuloso, tessuti privi di giunti a fibbia e legame con ambienti aperti seminaturali a matrice calcarea (NOORDELOOS *et al.* 2022a; RESCHKE *et al.* 2022; BRANDRUD *et al.* 2023; FACHADA *et al.* 2023), quelle del sottogenere *Leptonia* invece risultano dotate di giunti a fibbia, apparendo relegate ad ambienti boscati o a substrati legnosi (MOROZOVA *et al.* 2014; BRANDRUD *et al.* 2023; NOORDELOOS *et al.* 2022c).

Secondo il più recente disegno sistematico in chiave filogenetica il sottogenere *Cyanula* appare strutturato in nove sezioni (NOORDELOOS *et al.* 2022c; BRANDRUD *et al.* 2023). Quest'ultime raggruppano specie cosmopolite con portamento per lo più collibioide, ma ben differenziate anche morfologicamente. *Entoloma calceus* Noordel., Bendiksen, Brandrud, P.A. Moreau & Vila risulta collocato all'interno della sez. *Poliopodes* Dima, Noordel., O.V. Morozova, Brandrud & Reschke, la quale circoscrive dodici specie ancora poco conosciute, difficili da differenziare ma che presentano alcuni caratteri chiave. Tra questi spiccano le dimensioni piccole dei basidiomi, il cappello sottile profondamente striato a maturità, le colorazioni inizialmente brunastre e infine il gambo lucido su tonalità bluastre (NOORDELOOS *et al.* 2022a; BRANDRUD *et al.* 2023). Lo scopo del presente lavoro è quello di documentare l'inedita presenza in Italia di *Entoloma calceus* evidenziandone la variabilità morfologica alla luce delle abbondanti raccolte effettuate nelle torbiere a sfagni della regione Trentino-Alto Adige.

Materiali e metodi

I basidiomi sono stati fotografati in habitat tramite l'ausilio di fotocamera Nikon D7100 munita di obiettivo AF Micro Nikkor 60 mm. La descrizione macroscopica è stata effettuata su esemplari freschi appena raccolti. Per l'analisi microscopica sono stati utilizzati un microscopio Leica modello DMLS binoculare con una dotazione standard di obiettivi planacromatici 10×, 40×, 63× e 100× (immersione), collegato a una fotocamera Leica ICC50W e un microscopio Nikon Eclipse E-200, dotato di obiettivi 10×, 40×, 60× e 100× (immersione) e connesso a una telecamera. 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, acqua distillata e una soluzione acquosa satura di cloruro di sodio (NaCl) 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 depositate sul gambo o da sporata, tenendo conto ai fini statistici di un set minimo di spore pari a 50 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-c-d(e), dove (a-) = valore minimo, b = (media - deviazione standard), c = media, d = (media + deviazione standard) e (-e) = valore massimo. Q è stato calcolato come rapporto lunghezza/larghezza sporale. La notazione [X/Y/Z] indica il numero di X spore misurate in Y esemplari da Z collezioni. I campioni secchi sono stati depositati presso l'erbario TR (Museo-Museo delle scienze di Trento). L'analisi statistica per l'elaborazione dell'ellisse di confidenza delle spore è stata realizzata tramite il software XLSTAT (<https://www.xlstat.com>).

Analisi molecolare

Estrazione e amplificazione del DNA

Il DNA totale è stato estratto e amplificato da campioni secchi utilizzando un protocollo modificato basato su MURRAY & THOMPSON (1980). Le reazioni di PCR (MULLIS & FALOONA 1987) hanno incluso 35 cicli a una temperatura di 54 °C. Sono stati impiegati i primers ITS1F e ITS4 (WHITE *et al.* 1990; GARDES & BRUNS 1993) per amplificare la regione ITS rDNA. I prodotti PCR sono stati controllati in gel di agarosio all'1% e le reazioni positive sono state sequenziate con uno o entrambi i primer PCR. 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) 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>). Il dataset per le analisi filogenetiche è stato costruito utilizzando

sequenze omologhe tratte soprattutto dai lavori di NOORDELOOS *et al.* (2022) e MOROZOVA *et al.* (2022). L'allineamento è stato realizzato con le impostazioni di default del software online MAFFTv7.0 (KATOH *et al.* 2013) ed editato manualmente con MEGA 7.0 (KUMAR *et al.* 2016). L'analisi filogenetica sulle sequenze ITS è stata svolta tramite il metodo di Maximum Likelihood (ML). *Clitopilus hirneolus* (Fr.) Kühner & Romagn. (MH856141) e *Clitopilus prunulus* (Scop.) P. Kumm. (FJ770389) sono stati utilizzati come outgroup seguendo NOORDELOOS *et al.* (2022b). Il modello evolutivo TPM2u+F+I+G4 è stato 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+I+G4 precedentemente testato. I valori di supporto statistico dei nodi sono riportati come SH-aLRT ("SHIMODAIRA-HASEGAWA version of the approximate likelihood-ratio test") per valori ritenuti significativi SH-aLRT ≥ 82 (ANISIMOVA *et al.* 2011; BELLANGER *et al.* 2015). 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>).

Entoloma calceus Noordel., Bendiksen, Brandrud, P.-A. Moreau & Vila (Fig. 2-3)

Descrizione macroscopica

Cappello 0,5-1,5 cm, inizialmente conico-convesso, successivamente disteso fino a distintamente depresso, non igrofano, percorso in senso radiale fino al centro da strie più scure grigio-scuro; margine involuto, piegato verso il basso, lobato, intero o debolmente dentellato con cuticola appena eccedente il margine. Superficie glabra o finemente squamulosa verso il centro con squamule appressate adnate, scarsamente in rilievo e calotta discale appena delimitata.

Lamelle adnate-smarginate, piuttosto spaziate, inizialmente grigiastre, rapidamente rosa carnicino; filo intero o debolmente ondulato, bordato di grigio-nerastro.

Gambo 3-8 × 0,1-0,2 cm slanciato, per lo più cilindraceo, liscio e lucente, grigiastro, bianco tomentoso alla base.

Carne biancastra o grigiastra, odore nullo.

Habitat e raccolte studiate Italia. Trentino-Alto Adige, Trento, Novella, fraz. Brez, Biotopo "Palù Longia", torbiera con *Sphagnum magellanicum* Brid., *Sphagnum* sp., *Carex rostrata* Stokes. ed *Equisetum palustre* L., coordinate geografiche 46°28'19.2"N, 11°05'13.8"E, 1580 m s.l.m., 22 agosto 2022, leg. & det. A. Fellin (raccolta depositata in erbario TR gmb 01378); *ibidem*, 10/08/2023 (raccolta depositata in erbario TR gmb 01379).

Descrizione microscopica (Fig.4)

Spore [65/2/2] (10,8)12,1-12,9-13,7 (15,1) × (8,3) 8,8-9,3-9,8 (10,7) Q = (1,21)1,29-1,38-1,47(1,63), guttulate, a 6-8 angoli smussati viste di profilo (Fig. 4A).

Cuticola strato più superficiale (suprapellis) costituita da ife cilindracee (× 3-12 µm), disposte a cutis o con ife rialzate con tendenza a trichoderma verso il centro del cappello; elementi terminali cilindracei, banali; presenza nella suprapellis di pigmento intracellulare brunastro associato a pigmento parietale giallastro più sviluppato nell'ipoderma; ipoderma con ife più larghe (× 20-25 µm), cortamente diverticolate o ramificate e dotate di guttule lipidiche rifrangenti (Fig. 4B).

Basidi 25-35× 10-15 µm, cilindracei, prevalentemente tetrasporici, occasionalmente (tri)-bisporici; sterigmi lunghi fino a 10 µm; presenza occasionale di pigmento intracellulare giallo chiaro (Fig. 4D).



Fig 1. Dendrogramma ottenuto mediante Maximum Likelihood delle sequenze ITS dei taxa più affini a *Entoloma calceus* nel subgen. *Cyanula*. Sull'albero sono riportati i valori di supporto statistico (SH-aLRT). I rami risultano annotati solo se supportati statisticamente (SH-aLRT \geq 82). Il nome della specie è correlato dall'accession number GenBank-UNITE e dalla lettera "T" in caso di sequenza riferita al typos.

Albero filogenetico di Alessandro Fellin



Fig. 2. *Entoloma calceus* in habitat. TR gmb 01379. Barra 1 cm.

Foto di Alessandro Fellin



Fig. 3. *Entoloma calceus* in habitat. TR gmb 01378. Barra 1 cm.

Foto di Alessandro Fellin

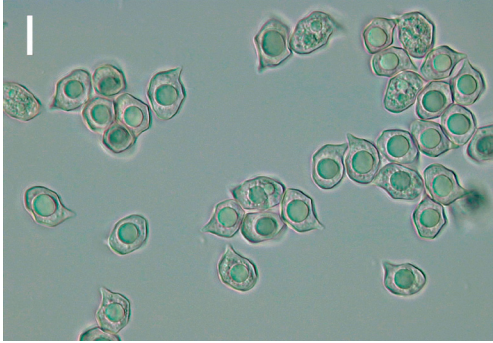


Fig. 4A. *E. calceus*. Spore. TR gmb 01379. Barra 10 μm .
Foto di Alessandro Fellin

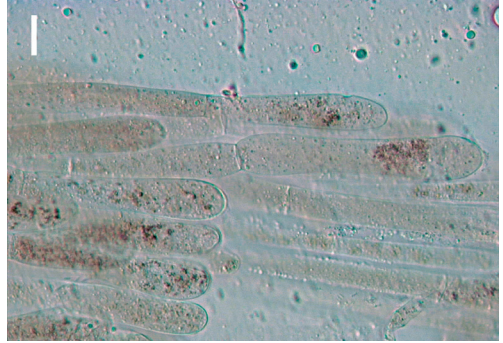


Fig. 4B. *E. calceus*. Cuticola. TR gmb 01379. Barra 10 μm .
Foto di Alessandro Fellin



Fig. 4C. *E. calceus*. Cellule marginali. TR gmb 01378. Barra 10 μm .
Foto di Alessandro Fellin



Fig. 4D. *E. calceus*. Basidi. TR gmb 01379. Barra 10 μm .
Foto di Alessandro Fellin

Cellule marginali filo lamellare sterile con palizzata di cheilocistidi unicellulari o dotati di 1-3 setti con forma prevalentemente cilindrico-clavata o con rari elementi dotati di articolo terminale con restringimento nella parte mediana; presenza di debole pigmento intracellulare brunastro (Fig. 4C).

Trama imeniale ife cilindracee, subparallele, piuttosto allungate, larghe 3-25 μm , dotate di restringimenti ai setti, intercalate a ife piú ramificate, ialine o con presenza appena abbozzata di pigmento intracellulare giallo chiaro.

Giunti a fibbia assenti in tutti i tessuti.

Discussione

La sezione *Poliopodes* del sottogenere *Cyanula* raggruppa specie ad ampia distribuzione geografica, ma contraddistinte dalla particolare conformazione del filo lamellare del tipo "*poliopus-type*" (NOORDELOOS *et al.* 2022a). *Entoloma calceus* viene inserito filogeneticamente all'interno di tale raggruppamento e risulta ben caratterizzato dal punto di vista ecologico e morfologico in virtú dell'habitat peculiare, delle colorazioni degli esemplari nelle prime fasi di crescita, nonché delle spore lunghe addirittura fino a 15 μm . (NOORDELOOS *et al.* 2022a; NOORDELOOS *et al.* 2022c; BRANDRUD *et al.* 2023). Tale specie risulta attualmente segnalata solo in Norvegia, Francia e Danimarca, prediligendo le zone umide e le torbiere a sfagni (BRANDRUD *et al.* 2023; NOORDELOOS *et al.* 2022a; NOORDELOOS *et al.* 2022c). Macroscopicamente si presenta come una specie di taglia piccola, a portamento collibioide con colorazioni iniziali blu-violacee sia nel cappello che nel gambo ("*...entirely blackish-blue to deep violaceous blue at first...*");

tali colorazioni tendono rapidamente a scomparire evidenziando un cappello profondamente striato, poco carnoso, grigio-topo (“...then fading to pale mouse grey, sometimes however, retaining the blackish-blue colour at centre, finally discolouring whitish to pale pinkish with age...”). Le nostre raccolte di *Entoloma calceus* denotano già nei giovani esemplari l’assenza di colorazioni blu-violacee a favore di tinte uniformi grigiastre. La presenza inoltre di un filo lamellare bordato di bruno-nerastro avvicina di fatto le nostre raccolte più a quella francese ricondotta in seguito ad approfondimento genetico a una variante più chiara di *Entoloma calceus* (PAM00092901). Suddetta raccolta infatti, nell’interpretazione di P.A. Moreau, era originariamente stata determinata come *Entoloma atromarginatum* (Romagn. & J. Favre) Zschiesch. (NOORDELOOS 2004), data la buona corrispondenza con la descrizione originale del *Rhodophyllus atromarginatus* Romagn. & Favre (ROMAGNESI & FAVRE 1938). Quasi perfetta appare anche la corrispondenza genetica delle nostre due sequenze rispetto a quella sopracitata di *Entoloma calceus* (PAM00092901-accession number ON008492). Lievi differenze genetiche, prive di valenza tassonomica e riconducibili a una variabilità intraspecifica, sussistono invece nei confronti delle due raccolte norvegesi (fra cui quella olotipica) come evidenziato dalla topologia locale del clado di *Entoloma calceus* nell’albero filogenetico proposto (Fig. 1).

Microscopicamente rileviamo spore in media di maggiori dimensioni ($12,9 \times 9,3$ vs. $10,5-11,8 \times 7,9-8,8 \mu\text{m}$) rispetto alla raccolta olotipica, mentre confermiamo la presenza di basidi bisporici, nonché di macrospore lunghe fino a $15 \mu\text{m}$.

Entoloma atromarginatum, nel concetto originale di tale specie e alla luce della revisione microscopica del materiale lectotipico, appare indubbiamente entità molto vicina a *Entoloma calceus* a tal punto da costituire potenzialmente una variante fenotipica di quest’ultimo (NOORDELOOS *et al.* 2022a). La reale posizione tassonomica di *Entoloma atromarginatum* rimane tuttavia da chiarire, data l’assenza di dati genetici rappresentativi derivanti da materiale topotipico (NOORDELOOS *et al.* 2022a). Attualmente tale entità viene mantenuta distinta da *Entoloma calceus* in virtù delle spore di maggiori dimensioni ($12-15 \times 7-9 \mu\text{m}$), le colorazioni più brunastre dei basidiomi, nonché l’igrofaneità del cappello (ROMAGNESI & FAVRE 1938; HIRSCH 1984; NOORDELOOS *et al.* 2022a). L’assenza di tinte bluastre e la dominanza invece di quelle giallo-brunastre giustificerebbero anche la sua naturale assegnazione all’interno della sez. *Fuliginosa* Dima & Noordel. (NOORDELOOS *et al.* 2022a). All’interno di tale raggruppamento tassonomico troverebbe, tra l’altro, posto anche *Entoloma caliginosum* (Romagn. & J. Favre) Bon & Courtec., altra specie molto vicina ecologicamente ad *Entoloma atromarginatum* paragonabile a quest’ultimo per la piccola taglia, il cappello striato con aspetto brunastro ma distinto per le spore di minore dimensione (ROMAGNESI & FAVRE 1938; NOORDELOOS 2004; BATTISTIN & FELLIN 2021). La posizione tassonomica di tale entità, piuttosto “critica”, rimane ancora incerta in attesa di dati genetici derivanti da raccolte rappresentative, auspicabilmente topotipiche. I taxa più vicini morfologicamente e geneticamente a *Entoloma calceus*, all’interno della sezione *Poliopodes*, sono sicuramente *Entoloma pseudocyanulum* Wölfel, specie sfagnicola, esile e di piccola taglia, dotata di cappello profondamente striato dalle colorazioni bruno grigiastre, gambo lucido bluastro, spore di dimensioni notevoli fino a $15 \mu\text{m}$ e il filo lamellare sterile bordato da cheilocistidi ben differenziati (BRANDRUD *et al.* 2023). *Entoloma perchalybeum* Noordel., J.B. Jordal & Dima, altro sosia, è una specie nordica di recente istituzione paragonabile da un lato per le colorazioni d’insieme bluastre dei basidiomi a *Entoloma chalybeum*, ma distinto geneticamente da quest’ultimo. Morfologicamente, inoltre, risulta distinto non solo per il cappello inizialmente tomentoso-squamuloso e striato a maturità, ma anche per il filo lamellare concolore (NOORDELOOS *et al.* 2022a; NOORDELOOS *et al.* 2022c; BRANDRUD *et al.* 2023).

Per quanto concerne l’indagine molecolare, effettuata nel presente contributo, riportiamo che il dataset di sequenze ITS analizzato comprende sessantadue sequenze (di cui cinquantasette ricavate da GenBank, tre da UNITE e due derivanti dai nostri campioni). L’allineamento comprende settecentottantacinque nucleotidi (inclusi i gap) dei quali trecentosettantasette informativi.

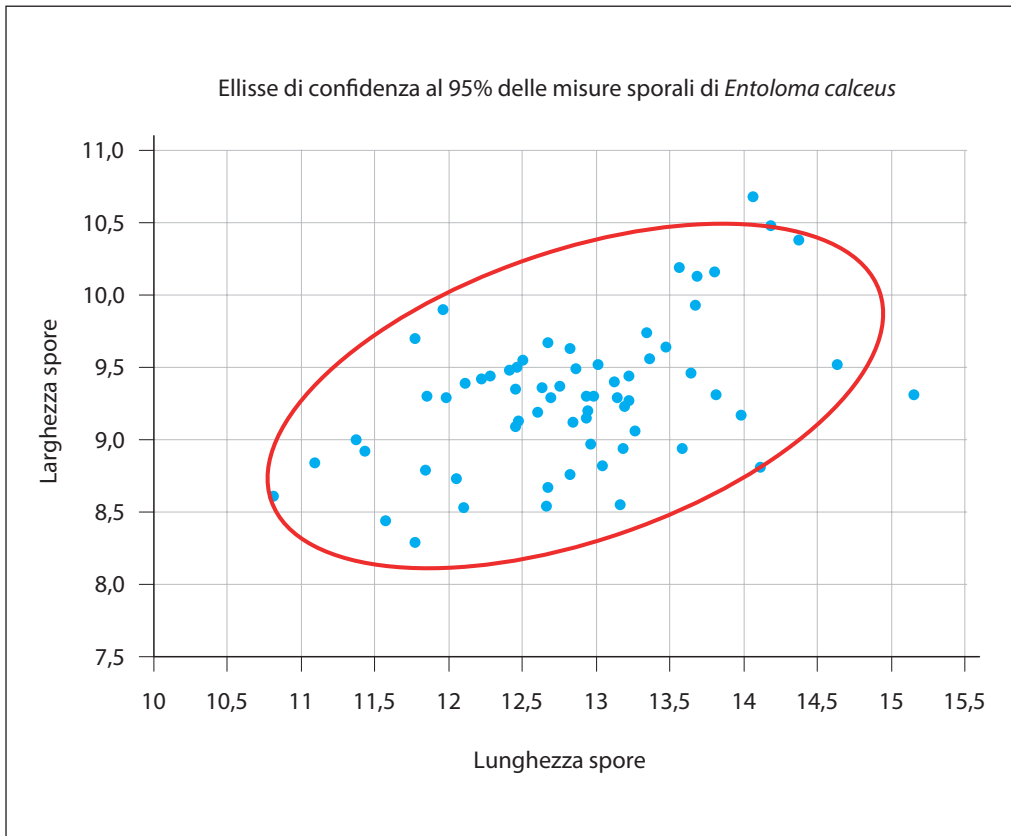


Fig. 5. Ellisse di confidenza al 95% delle misure sporiali di *Entoloma calceus*. Assi X/Y: lunghezza/larghezza delle spore in μm .
Elaborazione di Alessandro Fellin

Le cinque sequenze di *Entoloma calceus* formano un clade monofiletico ben supportato statisticamente (SH-aLRT=95,2). All'interno dell'intero "clado *calceus*" la variabilità della regione ITS (Pairwise% Identity) è di 99,1%; in tale clado le nostre due sequenze esibiscono una buona corrispondenza con quella dotata di accession number ON008492, formando un sottoclado ben supportato statisticamente (SH-aLRT=92,3) con una Pairwise% Identity pari al 99,7%. L'albero filogenetico (Fig. 1) mette in evidenza una possibile affinità tra le sequenze di *Entoloma calceus*, *Entoloma perchalybeum* e *Entoloma poliopus*, tuttavia le relazioni tra essi non trovano un significativo supporto statistico. L'inserimento delle nostre sequenze in NCBI in data 26/09/2023 ha prodotto i seguenti risultati: 99,21% di similarità e 94% di sovrapposizione con la sequenza dell'holotipus di *E. calceus* per la raccolta TR gmb 01378, 99,85% di similarità e 85% di sovrapposizione, invece, per la raccolta TR gmb 01379. Riteniamo opportuno, infine, effettuare delle considerazioni sull'habitat peculiare in cui *Entoloma calceus* è stato ritrovato: il biotopo "Palù Longia" è un tipo di ambiente molto raro sul versante meridionale delle Alpi. Rappresenta infatti una torbiera di sella sui rilievi montuosi dell'alta val di Non all'interno del comune Novella (TN) contraddistinta, dal punto di vista vegetazionale, da elementi floristici tipici delle torbiere piane fonticole, di transizione e alte (estesi sfagneti). La torbiera in oggetto, sui bordi perimetrali, appare caratterizzata dalla presenza di betulla pubescente (*Betula pubescens* L.) su torba, nonché di abete rosso (*Picea abies* L.).

Tali essenze vegetazionali vanno ad incrementare l'interesse micologico, nonché botanico, del sito in oggetto dal momento che danno vita a singolari ambienti di transizione meglio noti come torbiere boscate. Tra le specie floristiche più significative e di interesse dal punto di vista ecologico spiccano *Andromeda polifolia* L., *Sphagnum magellanicum* Brid., *Carex* sp. e *Molinia* sp. (www.areeprotette.provincia.tn.it).

Indirizzi degli autori

ALESSANDRO FELLIN

Via G. Canestrini 10/B, 38028 Novella fraz.Revò (Tn-Italia).

E-mail: fellin6384@yahoo.it

ELISEO BATTISTIN

Museo di Storia Naturale,

Corso Italia 63 - I 36078 Valdagno (VI-Italia).

E-mail: eliseo_battistin@yahoo.it

Ringraziamenti

Un ringraziamento a Marco Floriani per la fornitura dei numeri di erbario del museo delle scienze (Muse) di Trento. Un ringraziamento particolare anche al gruppo micologico "G. Bresadola" Val di Sole (Dimaro-Tn) per il continuo supporto ricevuto.

Bibliografia

- ANISIMOVA, M., GIL, M., DUFAYARD, J.-F., DESSIMOZ, C. & GASCUEL, O. – 2011: Survey of branch support methods demonstrates accuracy, power, and robustness of fast likelihood-based approximation schemes. *Systematic Biology* 60: 685-699. (doi.org/10.1093/sysbio/syr041)
- BATTISTIN, E. & FELLIN A. – 2021: Osservazioni su *Entoloma caliginosum*. *RMR, Boll. AMER* 113, 102-105.
- BELLANGER J.M. – 2015: Les cortinaires calochroïdes: une mise au point taxinomique. *Doc. Mycol.* XXXVI: p. 3-34.
- BRANDRUD T., BENDIKSEN E., JORDAL J., WEHOLT Ø., LORÅS J., DIMA B. & NOORDELOOS M. – 2023: *Entoloma* species of subgenus *Cyanula* (*Tricholomatinae*, *Basidiomycota*) in Norway, with emphasis on habitat preferences and distribution. *Agarica* 43: 85–137.
- FACHADA V., PEDREIRO H., RAIMUNDO S., DIMA B. & MARQUES G. – 2023: *Entoloma sicoense*, a new species in the subgenus *Cyanula* (*Entolomataceae*). *Phytotaxa*, Vol 606, n°2: 133-146. (doi.org/10.11646/phytotaxa.606.2)
- 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. (doi.org/10.1111/j.1365-294X.1993.tb00005.x)
- HIRSCH G. – 1984: Pilzflora der DDR-Zur Nomenklatur einiger Taxa. *Wiss. Z. Friedrich Schiller- Univ. Jena, Naturwiss. R.* 33(6): 813-820.
- KALYAANAMOORTHY S., MINH B.Q., WONG TKF., HAESLER A. & JERMIIN L.S. – 2017: ModelFinder: Fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nat. Meth.* 14: 587-589. (doi.org/10.1038/nmeth.4285)
- KATO K. & 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)
- KIBBY G. – 2023: *Mushrooms and Toadstools of Britain & Europe* Volume 3: Agarics Part 3. Geoffrey Kibby.

- 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. (doi.org/10.1093/molbev/msw054)
- MOROZOVA O.V., NOORDELOOS M.E. & VILA J. – 2014: *Entoloma* subgenus *Leptonia* in borealtemperate Eurasia: towards a phylogenetic species concept. *Persoonia* 32: 141-169. (doi.org/10.3767/003158514X681774)
- MOROZOVA O.V., NOORDELOOS M.E., POPOV E.S. & ALEXANDROVA A.V. – 2018: Three new species within the genus *Entoloma* (Basidiomycota, Agaricales) with clamped basidia and a serrulatum-type lamellae edge, and their phylogenetic position. *Mycol. Progr.* 17: 381-392. (doi.org/10.1007/s11557-017-1364-3)
- MOROZOVA O.V., POPOV E., ALEXANDROVA A.V., PHAM T.H.G. & NOORDELOOS M. E. – 2022: Four new species of *Entoloma* (Entolomataceae, Agaricomycetes) subgenera *Cyanula* and *Claudopus* from Vietnam and their phylogenetic position. *Phytotaxa* vol. 549 (2): 1-21 (doi.org/10.11646/phytotaxa.549.1.1)
- MULLIS K. & F. A. FALOONA – 1987: Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Meth. in Enzym.* 155: 335-350. (doi.org/10.1016/0076-6879(87)55023-6)
- MURRAY M. G. & W. F. THOMPSON – 1980: Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucl. Acids Res.* 8(19): 4321-4325. (doi.org/10.1093/nar/8.19.4321)
- NGUYEN L.T., SCHMIDT H.A., VON HAESLER 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)
- NOORDELOOS M.E. & GATES G.M. – 2012: *The Entolomataceae of Tasmania*. Springer: pp. 400.
- NOORDELOOS M.E. –2004: *Entoloma s.l.(suppl.)*. Fungi Europaei 5°. Candusso Editrice.
- NOORDELOOS M.E., LORÅS J., EIDISSEN S.E., BRANDRUD T.E., BENDIKSEN E., MOROZOVA O., JORDAL J.B., WEHOLT Ø., JANSEN G.M., LARSSON E. & DIMA B. – 2020: Three new *Entoloma* species of the *Cyanula* clade (Entolomataceae, Agaricales) from (sub)alpine habitats in Northern Norway and Sweden. *Sydowia* 73: 185–196.
- NOORDELOOS M.E., MOROZOVA O., DIMA, B., RESCHKE K., JANSEN G., BRANDRUD T.E., BJARNE JORDAL J., BENDIKSEN E. & VILA J. – 2022a: *Fungi Europaei 5b / Flora Agaricina Neerlandica* 1 supplement. Candusso Editrice
- NOORDELOOS M.E., VILA J., JORDA, J.B., KEHLET T., BRANDRUD T.E., BENDIKSEN E., MOREAU P.A., DONDL M., LORÅS J., LARSSON E. & DIMA B. – 2022c: *Contributions to the Revision of the Genus Entoloma (Basidiomycota, Agaricales) in Europe: Six New Species from Subgenus Cyanula and Typification Of E. Incarnatofuscenscens*. *Fung. System. and Evol.* vol. 9 (1): 87-97. (doi.org/10.3114/fuse.2022.09.06)
- RESCHKE K., NOORDELOOS M.E., MANZ C., HOFMANN T.A., RODRIGUEZ-CEDENO J., DIMA B. & PIEPENBRING M. – 2022: Fungal diversity in the tropics: *Entoloma* spp. in Panama. *Mycol. Progr.* 21, 93-145. (doi.org/10.1007/s11557-021-01752-2)
- ROMAGNESI H. & FAVRE J. – 1938: Quelques Rhodophylles nouveaux ou rares des hauts-marais jurassiens. *Revue de Mycol.* 3: 60-77
- TRIFINOPOULOS J., NGUYEN L.T, VON HAESLER A. & MINH B.Q. – 2016: W-IQ-TREE: a fast online phylogenetic tool for maximum likelihood analysis. *Nucl. Acids Res.* 44 (W1): W232-W235. (doi: 10.1093/nar/gkw256)
- 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)