

Journal des J.E.C.

Publié par l'association « Journées européennes du Cortinaire »
Herausgegeben von der Association « Journées européennes du Cortinaire »
Pubblicato dall'associazione « Journées européennes du Cortinaire »
Publicado por la asociación « Journées européennes du Cortinaire »
Edited by the Association « Journées européennes du Cortinaire »

La revue paraît chaque année avant le congrès, dans toute la mesure du possible en septembre.

Die Zeitschrift erscheint jeweils vor der jährlichen Tagung, wobei als Ausgabemonat der September angestrebt wird.

La rivista esce prima del convegno annuale, possibilmente nel mese di settembre.

La revista es de aparición anual, antes de la celebración del congreso y, siempre que sea posible, en septiembre.

The journal is published prior to the annual meeting, the aim being the month of September.

Abréviation normalisée du titre – Zitiervorschlag – proposta di citazione – Abreviación normalizada del título – proposed abbreviation: *Journ. J.E.C.*

Tome XXIV, n° 23, septembre 2021
Band 24, Nr. 23, September 2021
Tomo XXIV, n° 23, settembre 2021
Tomo XXIV, n° 23, septiembre 2021
Volume XXIV, No 23, September 2021

Gesamtherstellung:
Dipdruck OHG
J.-G.-Mahl-Straße 40
I-39031 Bruneck

Imprimé en Italie 2021

Prix : € 40.-

Pour les membres des J.E.C., l'abonnement au Journal des J.E.C. est inclus dans la cotisation annuelle, qui s'élève actuellement à 40,- Euros.

Für die J.E.C.-Mitglieder ist das Journal des J.E.C. im jährlichen Mitgliederbeitrag in Höhe von derzeit EURO 40.00 inbegriffen.

Per i soci J.E.C. il prezzo dello Journal des J.E.C. è compreso nella quota associativa annuale di 40 €.

Para los miembros de las J.E.C., la suscripción al Journal des J.E.C. está incluida en la cotización anual, la cual asciende actualmente a 40 €.

The annual fee for a membership in the J.E.C. is € 40 and includes one copy of the Journal des J.E.C.

ISSN 1560-7658

***Cortinarius subturibulosus*:** « Illumina »-tion d'un champion de l'adaptation

JEAN-MICHEL BELLANGER*, ANDRÉ BIDAUD** & PIERRE-ARTHUR MOREAU***

Reçu le 31 mars 2021

Résumé

L'identité phylogénétique de *Cortinarius subturibulosus* est ici révélée, par séquençage de seconde génération de type Illumina de l'holotype conservé à MPU. Le résultat confirme l'interprétation actuelle de l'espèce et relègue au rang de synonyme tardif *C. salicinus*, *C. subcoronatus* et *C. urdaibaiensis*, ainsi que *C. helianthemorum*, dont nous montrons ici la conspécificité avec *C. subturibulosus*. Les contours de cette espèce, tels que révisés ici, sont beaucoup plus larges que ceux proposés dans le protologue mais aussi, écologiquement, que ceux décrits dans la littérature de référence. *Cortinarius subturibulosus* est ainsi l'une des espèces de cortinaire les plus adaptables qui soient, colonisant aussi bien les chênaies thermophiles méditerranéennes que les pelouses alpines à *Dryas* et saules nains, ainsi que les prairies à hélianthèmes sous toutes altitudes et latitudes. La couleur pourprée de la chair du stipe, au moins dans sa partie supérieure, la surface blanche soyeuse de ce dernier ainsi que les spores elliptiques fortement ornées et d'assez grandes dimensions pour le sous-genre, constituent les éléments diagnostiques les plus pertinents selon l'analyse.

Zusammenfassung

Mit einer Sequenzierungsmethode der nächsten Generation (Illumina) wird die phylogenetische Stellung des am Herbarium der Universität Montpellier (MPU) aufbewahrten Holotypus von *Cortinarius subturibulosus* geklärt. Das Ergebnis bestätigt die derzeitige Interpretation der Art und weist die Konspezifität mit *C. salicinus*, *C. subcoronatus*, *C. urdaibaiensis* und *C. helianthemorum* nach; die phylogenetische Position der Letzteren war bisher noch unbekannt. Es zeigt sich, dass die Variationsbreite von *C. subturibulosus* nach unseren Untersuchungen viel größer ist als bisher angenommen wurde und in der neueren Literatur beschrieben wird. Diese Art hat eine der größten ökologischen Amplituden aller *Cortinarius*-Arten, weil sie mediterrane, thermophile *Quercus*-Wälder, alpine Matten mit *Dryas* und Zwergweiden und auch von *Helianthemum* dominierte Graslandschaften besiedelt. Die violetten Farbtöne zumindest im oberen Teil des Stielfleisches, der weiße, seidige Stiel und die stark ornamentierten, für eine *Telamonia* recht großen Sporen sind die besten diagnostischen Merkmale von *C. subturibulosus*.

* Jean-Michel Bellanger, CEFÉ, CNRS, Univ. Montpellier, EPHE, IRD, INSERM, 1919, route de Mende, F-34293 Montpellier Cedex 5, France – jean-michel.bellanger@cefe.cnrs.fr

** André Bidaud, 2436, route de Brailles, F-38510 Vézeronce-Curtin, France – andrebidaud38@orange.fr

*** Pierre-Arthur Moreau, Fac. Pharmacie de Lille, Univ. Lille, ULR 4515 - LGCgE, Laboratoire de Génie Civil et géo-Environnement, F-59000 Lille, France – pierre-arthur.moreau@univ-lille.fr

Riassunto

Con un metodo di sequenziazione di seconda generazione (Illumina) viene chiarita l'identità filogenetica dell'holotypus di *Cortinarius subturibulosus*, conservato nell'erbario dell'Università di Montpellier (MPU). Il risultato conferma l'attuale interpretazione della specie e relega al rango di sinonimi successivi *C. salicinus*, *C. subcoronatus*, *C. urdaibaiensis* oltre a *C. helianthemorum*, di cui noi dimostriamo qui la conspecificità con *C. subturibulosus*. I contorni di questa specie, così come qui rivisti, sono molto più larghi di quelli proposti nel protologo, ma anche, ecologicamente, di quelli descritti nella letteratura di riferimento. *Cortinarius subturibulosus* è così una delle specie di cortinari più adattabili che si sappia, colonizzando così bene le quercete termofile mediterranee, sia i prati alpini a *Dryas* e salici nani, così come le praterie a eliantemi a tutte le altitudini e latitudini. Il colore porpora della carne del gambo, almeno nella parte superiore, la superficie bianca sericea di quest'ultimo, così come le spore ellittiche fortemente decorate e di dimensioni piuttosto grandi per il sottogenere, costituiscono dall'analisi gli elementi diagnostici più costanti.

Resumen

La identidad filogenética del *Cortinarius subturibulosus* se desvela aquí mediante la secuenciación de segunda generación (Illumina) del holotipo, conservado en el MPU. Los resultados confirman la interpretación habitual de la especie y muestran conespecificidad con *C. salicinus*, *C. subcoronatus* y *C. urdaibaiensis*, así como con *C. helianthemorum*, que hasta la fecha no había sido posicionado filogenéticamente. Las especies limítrofes, como se revisan aquí, son más de las que se citan en el protólogo, así como también resulta ser más ancha la ecología de lo que se cita en la bibliografía más destacada. *Cortinarius subturibulosus* resulta ser una de las especies más tolerantes del género, colonizando por igual bosques termófilos de *Quercus* mediterráneos, praderas alpins con *Dryas* y sauces enanos, así como praderas dominadas por *Helianthemum*. El tono púrpura de la carne del estípite, al menos en la parte superior, la superficie sedosa blanquecina de éste y las esporas elípticas, fuertemente ornamentadas y de tamaño relativamente grande para el subgénero, constituyen las características que más refuerzan el diagnóstico en nuestro análisis.

Abstract

The phylogenetic identity of *Cortinarius subturibulosus* is here unveiled by the next generation sequencing (Illumina) of the holotype conserved at MPU. The result confirms the current interpretation of the species and shows its conspecificity with *C. salicinus*, *C. subcoronatus* and *C. urdaibaiensis*, as well as with *C. helianthemorum*, that was so far not positioned phylogenetically. The species boundaries, as revised here, are much wider than those defined in the protolog but also than the ecological ones described in the relevant recent literature. *Cortinarius subturibulosus* is thus one of the most tolerant species in the genus, equally colonizing Mediterranean thermophilous *Quercus* woodlands, alpine grasslands with *Dryas* and dwarf willows, as well as *Helianthemum*-dominated grasslands. The purple tinges in the stipe context, at least in its upper part, the white, silky surface of the stipe and the elliptic, strongly ornamented spores of relatively large dimensions for the subgenus, constitute the most strongly supported diagnostic traits in our analysis.

Mots clés • Schlüsselwörter • Parole chiave • Palabras clave • Key words: Cortinaire, *Telamonia*, *Hydrocybe*, *Bombycini*, taxinomie, NGS, Illumina, phylogénie, hélianthèmes.

Introduction

Si le genre *Cortinarius* rebute nombre de mycologues (pas ceux lisant ce bulletin), par sa diversité taxinomique pléthorique, le sous-genre *Telamonia* en est incontestablement en grande partie responsable. Ces centaines de petits cortinaires gris-bruns, rapidement secs, se ressemblant tous et occupant les niches écologiques les plus variées, ont en effet de quoi dérouter. L'état des connaissances sur ces champignons a cependant fait récemment un bond de géant avec la publication par LIIMATAINEN *et al.* (2020) de « Mission impossible ». Ce travail monumental de séquençage et d'analyse phylogénétique de près de 500 typus, complété par la désignation d'une vingtaine de néo- et épitypes, permet pour la première fois d'associer un nom à une récolte de *Telamonia*, pour peu que celle-ci soit séquencée au locus ITS. Il s'agit d'une avancée majeure pour l'ensemble des sciences de l'environnement (écologie des communautés, biologie de la conservation), dans l'incapacité chronique de nommer leurs objets d'étude, ainsi que pour la communauté des mycologues naturalistes, pouvant désormais enfin espérer mettre un nom sur leurs récoltes avec un degré raisonnable de confiance.

En a-t-on pour autant terminé avec les affres de la détermination des télamonias ? Certainement pas. D'abord parce que le recours au séquençage, bien que de plus en plus démocratisé hors des laboratoires universitaires, n'est pas (encore) une évidence pour de nombreux cortinariologues. Ensuite parce que l'ossature phylogénétique du sous-genre, révélée par « Mission impossible », ne permet pas à elle seule de redéfinir les contours d'espèces phylogénétiquement non ou mal résolues, comme c'est le cas par exemple dans les sections *Flexipedes*, *Castanei* ou *Lanigeri*. Enfin parce que la couverture taxinomique considérable de cette étude n'est cependant pas exhaustive et que certaines espèces, y compris banales, n'y figurent pas. LIIMATAINEN *et al.* (2020) représente donc une cartographie inédite du paysage télamoniôide de l'hémisphère nord mais dont il revient maintenant aux mycologues naturalistes d'affiner localement la résolution.

Cortinarius subturibulosus Kizlik & Trescol appartient à ce groupe d'espèces absentes de « Mission impossible », parce que son holotype n'a pas été séquencé et que personne n'a à ce jour épitypifié ce nom avec une récolte séquencée. Dans sa conception initiale, cette espèce méditerranéenne des chênes verts plus ou moins mêlés de pins d'Alep était un taxon de petite taille, brun, assez fortement voilé, montrant des teintes mauves-bleutées au sommet du stipe et dans les lames, et exhalant une agréable odeur de fleur d'oranger ou de romarin (KIZLIK et TRESOL 1991 ; EPINAT *et al.* 1993). Par la suite, *C. subturibulosus* a été recombinaisonné comme variété de *C. decipiens* (Pers.) Fr. par ORTEGA et MAHIQUES (1995) et signalé à maintes reprises en Espagne, dans le même type d'écosystèmes typiquement méditerranéens (SUÁREZ-SANTIAGO *et al.* 2009). Il y a 20 ans, MAHIQUES et BURGUETE (2001) décrivaient, toujours d'Espagne mais sur stations acidiphiles et plus sclérophylles, souvent mêlées de *Cistus* spp., *C. bombycinus*, plus fortement voilé que *C. subturibulosus* et inodore. Trois ans plus tard, FERNÁNDEZ SASIA (2003) publiait d'une yeuseraie mêlée de pistachiers, lauriers et phyllaires en Pays Basque, *C. urdaibaiensis*, bien difficile à distinguer de *C. subturibulosus*, l'auteur ayant lui-même hésité à en faire une variété de l'espèce de Kizlik et Trescol. SUÁREZ-SANTIAGO *et al.* (2009) ont montré que ces deux espèces sont phylogénétiquement très affines bien que distinctes et ont proposé qu'elles sont conspécifiques de *C. (decipiens var.) subturibulosus*. Comme les séquences de *C. bombycinus* et *C. urdaibaiensis* sont significativement différentes de celle du néotype de *C. decipiens*, le rang variétal précédemment attribué à *C. subturibulosus* fut logiquement rejeté. Enfin, ces auteurs ont synonymisé *C. urdaibaiensis* à *C. subturibulosus* et introduit *C. subturibulosus* var. *bombycinus* pour désigner les récoltes les plus fortement voilées, inodores et acidiphiles +/- cisticoles (SUÁREZ-SANTIAGO *et al.* 2009).

De façon surprenante, *C. subturibulosus* est absent de l'*Atlas des Cortinaires* (ADC), les auteurs n'ayant pas la certitude d'avoir croisé cette espèce caméléon. Cependant, en 2017, alors que nous révisons la section *Bicolores* traitée trois ans plus tôt dans la Pars XXII (BIDAUD *et*

al. 2014), nous découvrons avec surprise que *C. salicinus* Carteret et Bidaud, petite espèce des saulaies naines de zone alpine, appartenait au clade de *C. urdaibaiensis* (LIIMATAINEN *et al.* 2017). Cette information, pourtant publiquement disponible depuis 2017 (GenBank KX964437), n'a étrangement pas été intégrée à « Mission impossible ». En revanche, LIIMATAINEN *et al.* (2020) ont montré que le type de *C. subcoronatus*, petite espèce ilicicole méditerranéenne, appartient au même clade. Ce dernier taxon, traité dans la section *Hydrocybe* par BIDAUD *et al.* (2001), dévie de *C. urdaibaiensis*, *C. subturibulosus* et *C. bombycinus* essentiellement par des tonalités lilacines restreintes à la chair du stipe et l'absence d'odeur. D'un point de vue écologique, il est intéressant de noter que plusieurs récoltes phylogénétiquement confirmées dans ce clade ont été faites en association avec les hélianthèmes (*Helianthemum* spp., *Cistaceae*) en Angleterre (LIIMATAINEN et AINSWORTH 2018). Dans le respect des règles de priorité nomenclaturale et ne considérant que les noms phylogénétiquement définis, c'est sous *C. subcoronatus* que ces récoltes ont été publiées et c'est aussi sous ce nom que LIIMATAINEN *et al.* (2020) désignent le clade de *C. subturibulosus* au sens des auteurs espagnols.

L'absence de séquence de référence pour *C. subturibulosus* pose donc un problème de légitimité de ce nom, non au sens nomenclatural du terme (le nom est valide et pleinement légitime) mais plutôt du point de vue de son usage car l'ère phylogénétique dans laquelle la mycologie est maintenant entrée fait peu de cas d'interprétations non soutenues par une donnée de séquence ADN. Par ailleurs, le clade actuellement pressenti pour représenter *C. subturibulosus*, quel que soit le nom que l'on doive lui associer, inclut des récoltes présentant un niveau de plasticité morphologique (présence de bleu-lilacin ou pas, abondance variable du voile, odeur ou pas) mais surtout écologique (*Quercus*, *Cistaceae*, *Salix*, *Dryas*; Méditerranée, Angleterre, zone alpine) rarement mis en évidence pour une même espèce dans le genre *Cortinarius*. La présente étude a pour objectif de révéler l'identité de *C. subturibulosus* ainsi que de préciser les contours taxinomique et écologique de ce champion de l'adaptation.

Matériel et méthodes

Extraction, PCRs et séquençage classique :

L'extraction de l'ADN génomique de chaque échantillon a été réalisée à l'aide du kit REDEExtract-N-AmpTM Plant PCR (Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, USA), suivant les instructions du fabricant. Pour le séquençage de type Sanger, le cistron ITS1-5.8S-ITS2 (« ITS ») a été amplifié par PCR grâce aux amorces ITS1F, ITS4 et ITS4b (WHITE *et al.* 1990, GARDES et BRUNS 1993), comme décrit dans LIIMATAINEN *et al.* (2017). Le séquençage a ensuite été réalisé dans les deux sens par Eurofins Genomics (Ebersberg, Allemagne). Après reconstitution et édition visuelle des séquences pleine longueur sous Codon Code Aligner 4.1.1 (Codon Code Corp., Centerville, MA, USA), ces dernières ont été déposées dans la base de séquences internationales GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>), sous les numéros MW931729 à MW931738.

Séquençage Illumina-MiSeq (séquençage de seconde génération ou haut débit, « NGS ») :

Une bibliothèque de produits d'amplification PCR ou « amplicons » a été réalisée comme décrit dans BIDAUD *et al.* (2021). Brièvement, le principe de cette méthode consiste à amplifier puis fixer physiquement sur une lame de verre spécialement traitée, plusieurs millions de produits de PCR représentant la diversité moléculaire présente dans l'extrait de départ (plus de détails sur <https://www.illumina.com/science/technology/next-generation-sequencing/beginners.html>). Le choix des amorces ITS3 et ITS4 utilisées pour cette analyse, permettant d'amplifier une partie de l'ARN ribosomique 5.8S et l'ITS2 dans son intégralité, se justifie par la taille maximale limitée des amplicons dans cette technique ainsi que par le plus grand pouvoir résolutif de l'ITS2 chez

les cortinaires, comparé à celui de l'ITS1 (GARNICA *et al.* 2016). Le séquençage en lui-même est basé sur une méthodologie radicalement différente de la méthode Sanger, et permet de « lire » en parallèle la séquence des millions de molécules fixées, par un processus séquentiel d'émission de fluorescence. Contrairement au séquençage Sanger qui identifie une séquence ADN unique à l'issue du processus d'amplification, le séquençage Illumina génère des millions de séquences représentatives de la diversité des ADNs présents au départ dans le matériel analysé. En théorie, cette technique permet donc d'espérer identifier un ADN très minoritaire dans un échantillon, par exemple dans le cas d'un spécimen d'herbier contaminé par des moisissures ou fortement dégradé.

Analyses phylogénétiques :

Les séquences obtenues ont été alignées avec les séquences ITS les plus proches présentes dans les bases de données GenBank et UNITE (NILSSON *et al.* 2018), à l'aide du logiciel MUSCLE (EDGAR 2004). L'analyse phylogénétique a ensuite été réalisée en maximum de vraisemblance (ML, PhyML 3.0, GUINDON *et al.* 2010) et en inférence Bayésienne (BI, MrBayes 3.1.2, RONQUIST et HUELSENBECK 2003), sur www.phylogeny.fr (DEREEPER *et al.* 2008). Le soutien statistique des branches de chaque phylogramme a été mesuré par les métriques SH-aLRT (ML) et BPP (BI), significatives lorsqu'égales ou supérieures à 82% et 95%, respectivement.

Résultats et discussion

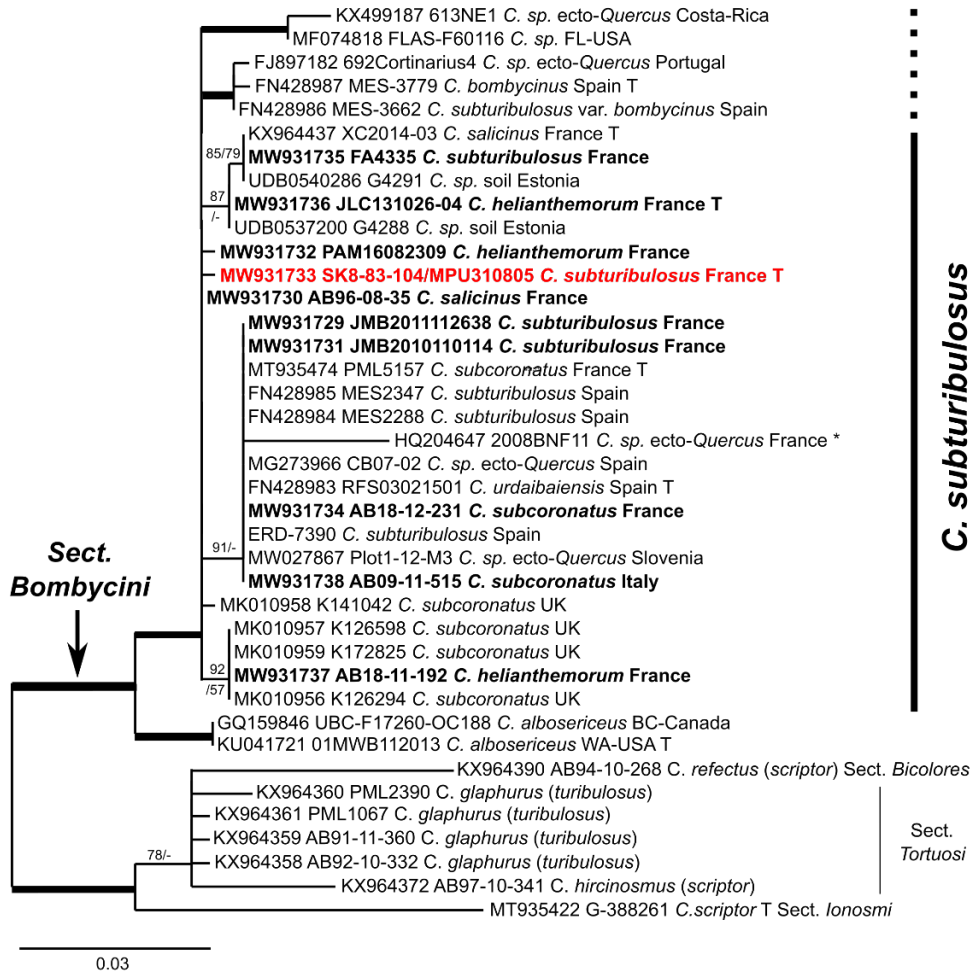
L'identité de *C. subturibulosus* enfin révélée

Plusieurs tentatives de séquençage de l'holotype S. Kizlik n° 8-83-104 par la technique classique, dite « Sanger », s'étant soldées par des échecs (J.-M. Bellanger), y compris en utilisant un kit spécialement conçu pour amplifier l'ADN ancien ou dégradé (Alvalab, comm. pers. R. Mahiques), nous avons soumis le matériel à un séquençage de deuxième génération (NGS) de type « Illumina MiSeq » (cf. Matériels et Méthodes). Un total de 9728 séquences ITS2 de bonne qualité ont ainsi été obtenues, parmi lesquelles 89% ne sont pas issus de Basidiomycota. La composition de ce cortège contaminant, comportant plusieurs espèces manipulées au laboratoire, suggère moins un mauvais séchage du matériel qu'un problème de conservation car l'ADN cible semble avoir été dégradé sans présence massive d'ADN d'*Aspergillus* et autres *Candida* spp., classiquement retrouvés dans des échantillons moisissus. Malgré cette dégradation massive, 200 séquences sont assignables au genre *Cortinarius*, soit environ 2% du nombre total de séquences générées.

L'analyse de ces séquences indique que 61,5% d'entre elles (N = 123) sont identiques à la séquence consensus générée à partir des 200, ou divergent de ce consensus par 1 ou 2 différences. Le reste des séquences se distribue de façon décroissante dans les catégories présentant de 3 à 10 différences au consensus. Cette distribution indique qu'une seule espèce de cortinaire est majoritairement présente dans l'échantillon, représentée par la séquence consensus et une multitude de variants de ce consensus. Ce profil n'est pas surprenant pour le locus ITS, car l'ADN ribosomique dont il fait partie est présent dans les génomes sous la forme de centaines de copies (paralogues) plus ou moins polymorphes. En raison de la nature itérative de l'amplification PCR, un séquençage classique (Sanger) ne permet pas d'identifier cette diversité de séquences intra-individuelle et génère seulement la séquence majoritaire présente dans l'extrait.

L'analyse phylogénétique de la séquence consensus de S. Kizlik n° 8-83-104 la positionne sans aucune ambiguïté dans le clade de *C. subturibulosus* sensu auct. (Fig. 1), avec 100% d'identité avec la séquence des types de *C. subcoronatus* et *C. urdaibaiensis* sur les 321 positions alignées. Ce résultat confirme donc la conspécificité de *C. subcoronatus* et *C. urdaibaiensis* avec *C. subturibulosus*, et donc les conclusions de SUÁREZ-SANTIAGO *et al.* (2009). Dans l'état actuel des

connaissances, le nom correct pour cette espèce est donc *C. subturibulosus*, puisque ce binôme antédite *C. subcoronatus* de 10 ans.



Phylogramme : Jean-Michel Bellanger

Fig. 1 — Phylogénie ITS de la section *Bombycini*

Phylogramme en maximum de vraisemblance (ML) de la section *Bombycini*, en l'état actuel de son échantillonnage moléculaire (N = 32 séquences), enraciné avec sept séquences appartenant aux sections *Bicolores*, *Tortuosi* et *Ionosmi*. En analyse bayésienne (BI), le clade de *C. bombycinus* se trouve en position de monophylie réciproque avec le reste du clade de *C. subturibulosus* incluant les deux séquences américaines (non montré). Les nombres indiqués au-dessus des branches représentent les valeurs du test approché de rapport de vraisemblance (SH-aLRT) et de probabilité postérieure bayésienne (BPP), exprimées en pourcentages et mesurant la robustesse statistique de chaque branche en ML et en BI, respectivement. Pour plus de lisibilité, lorsque ces métriques sont significatives (SH-aLRT > 81 % et BPP 95 %), elles ne sont pas indiquées mais les branches concernées sont épaissies. Les séquences générées pour la présente étude sont écrites en gras, celle (consensus, cf. texte pour les détails) issue de l'analyse Illumina-MiSeq étant en plus indiquée en rouge. La séquence HQ204647 marquée d'un astérisque présente des signes de mauvaise qualité (différences au consensus localisées aux extrémités), suggérant que la longue branche est artefactuelle. Les séquences issues de matériels types sont marquées d'un suffixe T. Dans le groupe externe, les noms d'espèce sont ceux retenus après la révision phylogénétique des sections *Bicolores* et *Tortuosi* par Liimatainen *et al.* (2017), avec, entre parenthèses, les noms publiés auparavant dans l'*Atlas des Cortinaires*, Pars XIX (Bidaud *et al.*, 2010).

Cortinarius subtribulosus n'est pas restreint aux chênaies thermophiles méditerranéennes

La présence dans le clade de récoltes extra-méditerranéennes suggère que *C. subtribulosus*, bien que décrit de chênaies thermophiles et confirmé dans le sud de la France, le nord de l'Italie et la péninsule ibérique, peut coloniser d'autres niches écologiques, bien au-delà de l'aire méditerranéenne. La position de la séquence du type de *C. salicinus* et de quelques autres séquences alpines ou estoniennes dans un clade faiblement soutenu à l'intérieur du clade inclusif, pose la question d'un éventuel taxon infraspécifique à distinguer du type (Fig. 1). Cette topologie locale de l'arbre phylogénétique reflète la présence dans ces séquences d'une substitution T/G en position 134 de l'alignement (domaine ITS1) et d'une substitution T/C en position 564 de l'alignement (domaine ITS2). Cependant, la séquence de la récolte PAM16082309, d'origine subalpine supérieure, montre sur les chromatogrammes à ces deux positions un double pic T/G et T/C, respectivement (non montré), indiquant que ces polymorphismes ne sont pas fixés dans deux populations génétiquement isolées. Compte tenu du fait que le matériel séquencé (basidiomes à hyphes dicaryotiques) est diploïde, et considérant les biais d'amplification PCR mentionnés plus haut, PAM16082309 représente donc sans doute un individu hétérozygote issu de parents porteurs chacun d'un haplotype différent [T134 ; T564] et [G134 ; C564], respectivement. Le flux génique ainsi révélé entre les deux populations reflète l'absence d'isolement reproductif entre elles, ce qui, par définition, prive les positions 134 et 564 de l'alignement, et donc le clade « alpino-estonien », de toute valeur taxinomique.

Un élément supplémentaire a attiré notre attention lors de cette analyse. La récolte PAM16082309, au profil ITS hétérozygotique décrit ci-dessus, avait été déterminé par son collecteur (P.-A. Moreau) *C. helianthemorum*, sur des bases morpho-anatomiques mais aussi écologiques (présence d'hélianthèmes). Cette espèce initialement décrite *ad interim* dans l'ADC (BIDAUD *et al.* 2001), puis validée par Bidaud et Cheype (*in* CHEYPE 2014), présente de grandes similitudes avec *C. salicinus* et avec certaines récoltes de *C. subtribulosus* ou *C. subcoronatus*, mais elle semblait s'individualiser par son écologie particulière. Il est cependant intéressant de noter que, d'une part, si l'holotype de *C. helianthemorum* ainsi qu'une des deux récoltes alpines citée dans l'ADC ont bien été récoltés parmi les hélianthèmes, la seconde récolte mentionnée par BIDAUD *et al.* (2001) fructifiait comme *C. salicinus* au voisinage de *Dryas octopetala* et de divers *Salix* spp. alpins, sans mention d'hélianthèmes (bien que ces derniers aient pu passer inaperçus). D'autre part, les quatre récoltes de *C. subcoronatus*, séquencées et publiées par LIIMATAINEN et AINSWORTH (2018) ont toutes été trouvées parmi *Helianthemum nummularium*. On peut se demander si ces auteurs avaient connaissance de l'existence de *C. helianthemorum* lorsqu'ils ont choisi de rebaptiser *C. subcoronatus* leurs récoltes initialement nommées *C. roseipes* (nom déjà appliqué à diverses récoltes de prairies à hélianthèmes ; BARDEN *et al.* 2007) ou s'ils se sont juste basés sur les résultats de leur séquençage. Quoiqu'il en soit, l'ensemble de ces observations suggéraient que *C. helianthemorum* puisse en réalité ne représenter qu'un écotype particulier de *C. subtribulosus*, associé aux hélianthèmes. Par ailleurs, les *Helianthemum* sont déjà signalés pour héberger un cortège fongique ectomycorhizien diversifié mais non spécifique (MOREAU 2002 ; HENRICI 2003, 2010 ; BARDEN *et al.* 2007 ; MOINGEON *et al.* 2015 ; VIZZINI *et al.* 2016 ; etc.), jouant un rôle d'hôte secondaire pour de nombreuses espèces. La spécificité d'un cortinaire pour ces plantes figurerait comme une exception notable au sein de cette communauté plutôt opportuniste vis-à-vis de l'hôte.

Une telle hypothèse nécessitait d'être testée, ce que nous avons fait en séquençant l'holotype de *C. helianthemorum*. La séquence obtenue, 100 % identique à celle de PAM16082309, a confirmé nos suspicions et ajoute un synonyme de plus à *C. subtribulosus* (Fig. 1). On note au passage que, bien que présentant les deux mêmes hétérozygoties aux positions 134 et 564, ces deux séquences n'apparaissent pas groupées sur la Fig. 1, illustrant l'incapacité des algorithmes d'analyse phylogénétique

à correctement traiter ces séquences hétérozygotiques. Dans l'analyse en inférence bayésienne (non montrée), le clade « alpino-estonien » inclut les deux séquences de *C. helianthemorum*.

Les limites un peu floues du concept d'espèce de *C. subturibulosus*

À l'inverse du clade « alpino-estonien » décrit ci-dessus, les trois seules récoltes actuellement séquencées de *C. bombycinus* forment un clade fortement soutenu en relation de paraphylie (maximum de vraisemblance, Fig. 1) ou de monophylie réciproque (inférence Bayésienne, non montrée) avec les séquences de *C. subturibulosus*. Trois substitutions et un indel distinguent les deux groupes de séquences, sans trace de flux de gènes identifiée en l'état actuel de l'échantillonnage. D'un point de vue strictement phylogénétique, *C. bombycinus* semble donc représenter une espèce distincte de *C. subturibulosus*. SUÁREZ-SANTIAGO *et al.* (2009) avaient connaissance de ces différences de séquence entre les deux taxa mais, considérant la faible distance phylogénétique et la nature variable des critères macromorphologiques les séparant (odeur, abondance du voile), ils attribuèrent à *C. bombycinus* le rang variétal. En l'absence de matériel supplémentaire appartenant à ce clade et n'ayant pas personnellement l'expérience de *C. bombycinus*, nous ne pouvons nous prononcer quant à la pertinence de ce choix taxinomique. Nous pouvons cependant remarquer que l'extraordinaire plasticité écologique, morphologique et organoleptique de *C. subturibulosus* révélée par le présent travail, définit un profil d'espèce très large incluant l'actuel concept de *C. bombycinus*. Des récoltes additionnelles de ce taxon ainsi qu'une étude comparative soignée seront nécessaires pour mettre en évidence la présence (ou pas) de caractères morpho-anatomiques différentiels qui auraient échappé à SUÁREZ-SANTIAGO *et al.* (2009).

Deux séquences américaines figurent aussi dans le clade inclusif de *C. subturibulosus*, en relation de paraphylie avec les séquences européennes (Fig. 1 pour l'analyse en maximum de vraisemblance et non montrée en inférence bayésienne). Aucune description de la récolte de Floride n'est disponible et la séquence costaricienne est issue d'une mycorhize de chêne ; il est donc bien difficile de se faire une idée de ce taxon du Nouveau Monde. Cependant, au moins cinq substitutions et un indel fixés distinguent les séquences américaines de celles d'Europe, ce qui, combiné à la biogéographie, soutiendrait plutôt un traitement taxinomique au rang d'espèce pour le taxon américain.

À propos des espèces voisines de *C. subturibulosus*

Dans le protologue, F. Trescol indique que l'espèce la plus proche de *C. subturibulosus* est *C. turibulosus* (*inde nomen*), les principales différences résidant dans l'ornementation du pied (anneau blanc), l'odeur (de bois de cèdre ou d'encens) et la couleur de la chair (brunâtre) ainsi que la forme des spores (oblongues, en « rouleau ») (KIZLIK et TRESOL 1991). Si l'identité phylogénétique d'*Hydrocybe turibulosa* (*in* HORAK 1971) reste à élucider, l'interprétation de ce taxon par les auteurs ultérieurs est partiellement résolue. Pour BON (1986), l'espèce est un synonyme prioritaire de *C. scriptor*, taxon décrit des épicéas par Kühner en 1961, mais seulement validé en 1989. Or, la séquence du type de *C. scriptor*, maintenant publiée, est identique à celle des types de *C. ionosmus* et de *C. boreasensis*, représentant l'unique espèce d'une section *Ionosmi* bien distincte de la section *Bombycini* (LIIMATAINEN *et al.* 2020 et Fig. 1). Pour les auteurs de l'ADC, *C. turibulosus* est un taxon des conifères comme des feuillus, voisin mais distinct de *C. scriptor* (BIDAUD *et al.* 2010). Le séquençage des récoltes publiées dans la Pars XIX a révélé que *C. turibulosus* sensu BIDAUD *et al.* (2010) = *C. glaphurus* (sect. *Tortuosi*) et que *C. scriptor* sensu BIDAUD *et al.* (2010) = *C. hircinosmus* (sect. *Tortuosi*) *pro parte* et *C. reffectus* (sect. *Bicolores*) *pro parte* (LIIMATAINEN *et al.* 2017 et Fig. 1). Compte tenu de l'écologie ilicicole mentionnée par F. Trescol pour *C. turibulosus*, il est probable que celui-ci se référerait en fait à *C. glaphurus*, pouvant effectivement fréquenter les yeuseraies méditerranéennes.

De nombreuses autres espèces ont été comparées à *C. subturibulosus* dans la diagnose originale de Kizlik & Trescol ou dans celles des synonymes ultérieurs : *C. basiroseus* f. *subacaulis*, *C. carminipes*, *C. erythrinus*, *C. fusisporus*, *C. petroselineus*, *C. roseipes*, *C. sacchariosmus*, *C. subpulchripes*, *C. vernus*... La plupart de ces noms ont depuis été phylogénétiquement positionnés dans le sous-genre *Telamonia*, à distance de la sect. *Bombycini* et sont donc taxinomiquement distincts de *C. subturibulosus* (GARNICA *et al.* 2016 ; LIIMATAINEN *et al.* 2020 ; KOKKONEN 2020). Le cas de *C. roseipes* mérite cependant un traitement particulier car ce binôme de Velenovský, diversement interprété depuis sa création en 1921, serait largement prioritaire sur *C. subturibulosus* si la preuve de la conspécificité des deux espèces venait à être apportée. C'est d'ailleurs sous le nom de *C. roseipes* que BARDEN (2007) puis LIIMATAINEN et AINSWORTH (2018) avaient initialement identifié leurs récoltes des hélianthèmes, avant de privilégier, pour ces derniers auteurs, le nom de *C. subcoronatus*, dont l'identité phylogénétique présentait le mérite d'être élucidée. On ne voit cependant pas très bien sur quelles bases indiscutables la synonymie de *C. roseipes* avec *C. subturibulosus* pourrait être démontrée, la plupart des types du mycologue tchèque étant conservés dans du formol, rendant leur ADN inaccessible aux techniques de séquençage actuelles. Une future « Illumina-tion » peut-être ?

TAXINOMIE

Cortinarius subturibulosus Kizlik et Trescol

Doc. mycol., XXI (83): 41 (1991) [MB#354948]

≡ *Cortinarius decipiens* var. *subturibulosus* (Kizlik et Trescol) A. Ortega et Mahiques, *Doc. mycol.*, XXV (98-100): 301 (1995) [MB#414554]

= *Cortinarius subcoronatus* Bidaud in Bidaud *et al.*, *Atl. Cortin.*, XI: 576 (2001) [MB#374694]

= *Cortinarius urdaibaiensis* Fern.-Sas., *Butll. Soc. Micol. Valenciana*, 8: 95 (2003) [MB#536891]

= *Cortinarius salicinus* Bidaud et Carteret in Bidaud *et al.*, *Atl. Cortin.*, XX: 1888 (2014) [MB#810659]

= *Cortinarius helianthemorum* Bidaud et Cheype in Cheype, *Bull. mycol. bot. Dauphiné-Savoie*, 214: 16 (2014) [MB#809644]

? = *Cortinarius bombycinus* Mahiques et Burguete, *Butll. Soc. Micol. Valenciana*, 6: 245 (2001) [MB#308287]

? = *Cortinarius subturibulosus* var. *bombycinus* (Mahiques et Burguete) Suárez-Santiago et A. Ortega in Suárez-Santiago *et al.*, *Mycol. Res.*, 113 (10): 1085 (2009) [MB#515204]

Descriptions : KIZLIK et TRESCOL (1991), p. 41 ; BIDAUD *et al.* (2001), f. 505 (*C. subcoronatus*) ; SUÁREZ-SANTIAGO *et al.* (2009), p. 1085-1086 ; BIDAUD *et al.* (2014), f. 1416 (*C. salicinus*) ; CHEYPE (2014), p. 18 (*C. helianthemorum*).

Illustrations : BIDAUD *et al.* (2001), pl. 320 (*C. subcoronatus*) ; FERNÁNDEZ SASÍA (2003), p. 161 (*C. urdaibaiensis*) ; CHEYPE (2014), p. 17 (*C. helianthemorum*) ; BIDAUD *et al.* (2014), pl. 958 (*C. salicinus*) ; LIIMATAINEN et AINSWORTH (2018), p. 132 (*C. subcoronatus*) ;

<http://www.centrodeestudiosmicologicosasturianos.org/?p=459> ; cette étude, Fig. 2.

Matériel étudié : FRANCE. Drôme, Grignan, *Quercus ilex* sur sol calcaire, 26 Déc. 2018, A. Bidaud, AB 18-12-231, ITS GenBank MW931734 ; Gard, Lézan, le Dèvès, sous *Quercus ilex* et *Pinus halepensis*, 4 Déc. 1983, S. Kizlik, 8-83-104/MPU310805 (holotype de *C. subturibulosus*, MPU), ITS GenBank MW931733 ; Haute-Savoie, Passy, près de la piste de karting, prairie rase à *Helianthemum nummularium*, 26 Oct. 2013, J.-L. Cheype, JLC 131026-04 (holotype de *C. helianthemorum*, PC), ITS GenBank MW931736 ; Hérault, Mas-de-Londres, sous *Quercus ilex* sur sol calcaire, 1^{er} Nov. 2010, J.-M. Bellanger, JMB2010110114, ITS GenBank MW931731 ; Isère,

Vézéronce-Curtin, jardin d'A. Bidaud, sous *Abies nordmanniana* avec *Helianthemum nummularium* sur socle calcaire, 27 Nov. 2018, A. Bidaud, AB 18-11-192, ITS GenBank MW931737 ;



Photographie : André Bidaud (B, D, F), Jean-Michel Bellanger (A, C), Pierre-Arthur Moreau (E)

Fig. 2 — *Cortinarius subturibulosus* in situ

Photographies de six récoltes confirmées de *C. subturibulosus*, d'origines diverses. **A**-coll. JMB2011112638, *Quercus* et *Pinus* calcicoles thermophiles ; **B**-coll. AB 18-12-231, *Quercus* calcicoles thermophiles ; **C**-coll. JMB2010110114, *Quercus* calcicoles thermophiles ; **D**-coll. AB 09-11-515, *Quercus* calcicoles thermophiles ; **E**-coll. PAM16082309, *Helianthemum* calcicoles subalpins ; **F**-coll. AB 18-11-192, *Helianthemum nummularium* planitiaies.

Savoie, Peisey-Nancroix, route du lac de la Plagne (GR5), parmi *Dryas octopetala*, *Helianthemum nummularium*, *Salix retusa*, *Salix reticulata* et *Polygonum viviparum*, alt. 2050 m, 25 Août 2018, F. Armada, FA 4335, ITS GenBank MW931735 ; Bonneval-sur-Arc, près du refuge des Évettes, parmi *Salix retusa*, alt. 2400 m, 31 Août 1996, M. Chiaffi, AB 96-08-35 (décrit sous *C. salicinus* in Bidaud *et al.* 2014), ITS GenBank MW931730 ; Bourg-Saint-Maurice, Les Chapieux, prairie subalpine à *Helianthemum nummularium*, 23 Août 2016, M. Durand & P.-A. Moreau, PAM16082309, ITS GenBank MW931732 ; Vaucluse, Cadenet, La Royère, sous *Quercus ilex*, *Quercus pubescens* et *Pinus halepensis* sur sol calcaire, 26 Nov. 2011, J.-M. Bellanger, JMB2011112638, ITS GenBank MW931729. ITALIE. Toscane, Camaione, Villa le Pianore, sous *Quercus ilex* acidiphiles, 21 Nov. 2009, A. Bidaud, AB 09-11-515, ITS GenBank MW931738.

Notes : Dans ses limites phylogénétiquement révisées ici, *C. subturibulosus* apparaît nettement plus polymorphe et ubiquiste que ne le suggère la diagnose originale. Si les récoltes extra-méditerranéennes ne sont pas distinguables des autres d'un point de vue phylogénétique, il demeure que, dans la limite du matériel actuellement séquencé, les basidiomes de plus grande taille, les plus sombres, les plus fortement voilés et ceux qui sont nettement odorants semblent se trouver sous chênes thermophiles de l'aire méditerranéenne. Ces critères ne sont cependant pas suffisamment constants ni toujours associés pour justifier la création de taxa infraspécifiques caractérisant des écotypes méditerranéen, alpin ou associé aux hélianthèmes par exemple. La coloration lilacine ou bleutée en surface du stipe ainsi que dans les lames s'avère aussi très inconstante, quelle que soit la station. La teinte pourprée de la chair du stipe, au moins dans sa partie supérieure, associée au blanc argenté brillant du stipe représentent en revanche des caractères macromorphologiques fiables pour reconnaître cette espèce, tout comme ses spores elliptiques fortement ornées et plutôt grandes pour le sous-genre (atteignant ou dépassant 9 µm en moyenne et jusqu'à 11 µm de longueur).

CONCLUSION

Que les défenseurs du rail pardonnent la parabole qui suit, aucun des auteurs du présent travail n'est rémunéré par l'industrie automobile ni ne soutient l'artificialisation des sols.

Le séquençage « à haut débit » des types tel que pratiqué récemment dans « Mission Impossible » (LIIMATAINEN *et al.* 2020) est aux milliers de noms publiés dans le sous-genre *Telamonina* ce qu'est une autoroute française pour les 36 000 communes du pays : rapide, sûre, confortable mais aussi payante et chaque bourgade n'a pas son échangeur. Par conséquent, il faut parfois emprunter les nationales et les départementales (la taxinomie) sur plusieurs kilomètres avant d'arriver à destination (l'espèce), ce qui a son charme mais comporte un risque non nul de se perdre en chemin. Obtenir une séquence de l'holotype de *Cortinarius subturibulosus* par la technique Illumina, c'est un peu bâtir un échangeur autoroutier en marbre de Carrare taillé au laser parce qu'aucune entreprise du BTP n'y était parvenue auparavant. La métaphore s'arrête là quant aux conséquences taxinomiques de ce succès technique mais il est clair que, de même qu'un pays aura toujours besoin de son réseau routier secondaire pour desservir ses plus petits villages, les révisions phylogénétiques à large spectre, indispensables pour mailler le territoire taxinomique global, nécessiteront encore longtemps d'être complétées et affinées pour atteindre un degré de résolution satisfaisant. Alors, longue vie aux départementales !

REMERCIEMENTS

Nous tenons avant tout à remercier Caroline Loup et Marie-Jo Mauruc (MPU) pour la localisation et la mise à disposition de l'holotype de *C. subturibulosus*. L'extraction de l'ADN de cet échantillon et la préparation des amplicons ont été effectuées sur la plate-forme GEMEX du CEFÉ (dir. Marie-Pierre Dubois) et leur séquençage a été réalisé sur la plate-forme GENSEQ du labex CEMEB de Montpellier (dir. Erick Desmarais). La récolte FA 4335 de François Armada a été séquencée dans le cadre d'un financement de l'INPN octroyé en 2020 pour l'actualisation des connaissances sur la fonge alpine (portage FMBDS, prés. Yves Courtieu). La séquence de la récolte espagnole ERD-7390 nous a été aimablement communiquée par Enrique Rubio Domínguez.

Nous dédions ce travail à la mémoire de Serge Kizlik (1936-2015) et Fernand Trescol (1925-1993), codécouvreurs de *Cortinarius subturibulosus* et inoubliables serviteurs de la mycologie méditerranéenne.

Bibliographie

- BARDEN, N. 2007 — *Helianthemum* grasslands of the Peak District and their possible mycorrhizal associates. *Field Mycology*, 8(4): 119–126. doi.org/10.1016/S1468-1641(10)60384-2.
- BIDAUD, A., P. MOËNNE-LOCCOZ, P. REUMAUX, X. CARTERET et G. EYSSARTIER. 2001 — *Atlas des Cortinaires*. Pars XI. F-Marlioz, Éd. Fédération mycologique Dauphiné-Savoie.
- BIDAUD, A., P. MOËNNE-LOCCOZ, P. REUMAUX et X. CARTERET. 2010 — *Atlas des Cortinaires*. Pars XIX. F-Marlioz, Éd. Fédération mycologique Dauphiné-Savoie.
- BIDAUD, A., J.-M. BELLANGER, X. CARTERET, P. REUMAUX et P. MOËNNE-LOCCOZ. 2014 — *Atlas des Cortinaires*. Pars XXII. F-Marlioz, Éd. Fédération mycologique Dauphiné-Savoie.
- BIDAUD, A., M. LOIZIDES, F. ARMADA, J. D. REYES, X. CARTERET, G. CORRIOL, G. CONSIGLIO, P. REUMAUX et J.-M. BELLANGER. 2021 — *Cortinarius* subgen. *Leprocye* in Europe: expanded Sanger and Next Generation Sequencing unveil unexpected diversity in the Mediterranean. *Persoonia*, 46: 188–215.
- DEREEPER, A., V. GUIGNON, G. BLANC, S. AUDIC, S. BUFFET, F. CHEVENET, J.-F. DUFAYARD, S. GUINDON, V. LEFORT, M. LESCOT, J.-M. CLAVERIE et O. GASCUEL. 2008 — Phylogeny.fr: robust phylogenetic analysis for the non-specialist. *Nucleic Acids Research*, 36: W465–W469. doi: 10.1093/nar/gkn180
- EDGAR, R. C. 2004 — MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32(5): 1792–1797.
- ÉPINAT, C., S. KIZLIK et F. TRESOL. 1993 — *Cortinarius subturibulosus* Kizlik et Trescol. *Bulletin semestriel de la Fédération des Associations mycologiques méditerranéennes*, 3(1): 24–25.
- FERNÁNDEZ SASIA, R. 2003 — Propuesta de dos nuevas especies pertenecientes al género *Cortinarius* (Pers.) Gray descritos en el norte peninsular. *Butlletí Societat micològica valenciana*, 8: 89–102.
- GARDES, M. et T.-D. BRUNS. 1993 — ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes. Application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology*, 2: 113–118. doi: 10.1111/j.1365-294X.1993.tb00005.x
- GARNICA, S., M. E. SCHÖN, K. ABARENKOV, K. RIESS, K. LIIMATAINEN, T. NISKANEN, B. DIMA., K. SOOP, T. G. FRÖSLEV, T. S. JEPPESEN, U. PEINTNER, R. KUHNERT-FINKERNAGEL, T. E. BRANDRUD, G. SAAR, B. OERTEL et J. F. AMMIRATI. 2016 — Determining threshold values for barcoding fungi: lessons from *Cortinarius* (Basidiomycota), a highly diverse and widespread ectomycorrhizal genus. *FEMS Microbiology Ecology*, 92(4): 1–16. doi.org/10.1093/femsec/fiw045
- GUINDON, S., F. LETHIEC, P. DUROUX et O. GASCUEL. 2010 — PHYML Online - a web server for fast maximum likelihood-based phylogenetic inference. *Nucleic Acids Research* 33 (Web Server issue): W557–559.
- HENRICI, A. 2003 — Notes and records: mycorrhizals with *Helianthemum*. *Field Mycology*, 4(1): 29–31.
- HENRICI, A. 2010 — Notes and records: *Helianthemum* associates. *Field Mycology*, 11(4): 141–143.
- KIZLIK, S. et F. TRESOL. 1991 — *Cortinarius subturibulosus* sp. nov. *Documents mycologiques*, XXI(83): 41–42.

- KOKKONEN, K. 2020 — Diversity of boreal small species of *Cortinarius* subgenus *Telamonia* with *Salix. Karstenia*, 58(1): 60–117.
- KÜHNER, R. 1961 — Notes descriptives sur les agarics de France I: *Cortinarius* (suite). *Bulletin mensuel de la Société linnéenne de Lyon*, 30(3): 88–101.
- KÜHNER, R. 1989 — Validation de quelques taxons. *Documents mycologiques*, XX(77): 92.
- LIIMATAINEN, K., X. CARTERET, B. DIMA, I. KYTÖVUORI, A. BIDAUD, P. REUMAUX, T. NISKANEN, J. F. AMMIRATI et J.-M. BELLANGER. 2017 — *Cortinarius* section *Bicolores* and section *Saturnini* (Basidiomycota, Agaricales), a morphogenetic overview of European and North American species. *Persoonia*, 39: 175–200.
- LIIMATAINEN, K. et A. M. AINSWORTH. 2018 — Fifteen *Cortinarius* species associated with *Helianthemum* in Great Britain: results of a DNA-based analysis. *Field Mycology*, 19(4): 119–135. doi:10.1016/j.fl.dmyc.2018.10.006
- LIIMATAINEN, K., T. NISKANEN, B. DIMA, J. F. AMMIRATI, P. M. KIRK et I. KYTÖVUORI. 2020 — Mission impossible completed: unlocking the nomenclature of the largest and most complicated subgenus of *Cortinarius*, *Telamonia*. *Fungal Diversity*. doi.org/10.1007/s13225-020-00459-1
- MAHIQUES, R. et A. BURGUETE. 2001 — *Cortinarius bombycinus* sp. nov., a new species of subgenus *Telamonia*, section *Sericeocybe*, developped under *Cistus* spp. in *Quercus ilex* forest. *Butlleti Societat micològica valenciana*, 6: 245–248.
- MOINGEON, S., J.-M. MOINGEON et G. MOYNE. 2015 — La pelouse à hélianthème d’Ouhans (Doubs) : mise en lumière de la diversité fongique (1^{re} partie). *Bulletin mycologique et botanique Dauphiné-Savoie*, 217: 37–53.
- MOREAU, P.-A. 2002 — Dans l’herbe, les hélianthèmes. *Bulletin mycologique et botanique Dauphiné-Savoie*, 166: 5–37.
- NILSSON, R. H., K.-H. LARSSON, A. F. S. TAYLOR, J. BENGSSON-PALME, T. S. JEPPESEN, D. SCHIGEL, P. KENNEDY, K. PICARD, F. O. GLÖCKNER, L. TEDERSOO, I. SAAR, U. KÖLJALG et K. ABARENKOV. 2018 — The UNITE database for molecular identification of fungi: handling dark taxa and parallel taxonomic classifications. *Nucleic Acids Research*, DOI: 10.1093/nar/gky1022
- ORTEGA, A. et R. MAHIQUES. 1995 — Some interesting species of the genus *Cortinarius* Fr. in Andalusia (Spain), part 2. *Documents mycologiques*, XXV(98-100): 295–304.
- RONQUIST, F. et J. P. HUELSENBECK. 2003 — MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19: 1572–1574.
- SUÁREZ-SANTIAGO, V. N., A. ORTEGA, U. PEINTNER et I. LÓPEZ-FLORES. 2009 — Study on *Cortinarius* subgenus *Telamonia* section *Hydrocybe* in Europe, with especial emphasis on Mediterranean taxa. *Mycological Research*, 113(10): 1070–1090. doi.org/10.1016/j.mycres.2009.07.006
- WHITE, T.-J., T.-D. BRUNS, S. LEE et J. TAYLOR. 1990 — Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: PCR Protocols: a guide to methods and applications. (Innis, M.A., Gelfand, D.H., Sninsky, J.J., White, T.J., eds). Academic Press, New York, USA, p. 315–322.

Cortinarius maginensis **nueva especie de la sección *Bovini* del área Mediterránea**

JUAN DE DIOS REYES * & ANTONIO MATEOS**

recibido el 16 de abril de 2021

Resumen

Se describe una nueva especie Subg. *Telamonia*, sección *Bovini*, *Cortinarius maginensis* J. D. Reyes & A. Mateos sp. nov., asociada a formaciones esclerófilas de *Quercus ilex* ssp. *rotundifolia* en suelo calcáreo, del área mediterránea de la Península Ibérica. Para su estudio se han combinado los análisis convencionales, macro, micromorfológicos y macroquímicos, con los estudios moleculares y filogenéticos basados en el análisis de las secuencias ITS. Para facilitar la identificación de esta especie se aporta una clave en la que se incluyen otros taxones de la sección *Bovini*, bien delimitada por LIIMATAINEN y col. (2020).

Résumé

Une nouvelle espèce Subg. *Telamonia*, section *Bovini*, *Cortinarius maginensis* J. D. Reyes & A. Mateos sp. nov., associé à des formations sclérophylles de *Quercus ilex* ssp. *rotundifolia* en sol calcaire, de la zone méditerranéenne de la péninsule ibérique. Pour son étude, des analyses conventionnelles, macro, micromorphologiques et macrochimiques ont été combinées avec des études moléculaires et phylogénétiques basées sur l'analyse de séquences ITS. Pour faciliter l'identification de cette espèce, une clé est proposée qui inclut d'autres taxons de la section *Bovini*, bien délimité par LIIMATAINEN et al. (2020).

Zusammenfassung

Wir beschreiben die neue Art *Cortinarius maginensis* J. D. Reyes & A. Mateos sp. nov. aus dem Subg. *Telamonia*, Sektion *Bovini*. Die Art ist mit der hartlaubigen *Quercus ilex* ssp. *rotundifolia* assoziiert und kommt auf kalkhaltigen Böden der Iberischen Halbinsel vor. Für die Abgrenzung der Art wurden konventionelle makro- und mikromorphologische Methoden mit der Analyse von ITS-Sequenzen und der Phylogenie kombiniert. Um eine Identifizierung der neuen Art zu erleichtern, wurde ein Schlüssel erarbeitet, der auch andere Taxa aus der von LIIMATAINEN et al. (2020) gut abgegrenzten Sektion *Bovini* enthält.

Riassunto

Una nuova specie Subg. *Telamonia*, sezione *Bovini*, *Cortinarius maginensis* J. D. Reyes & A. Mateos sp. nov., associato a formazioni sclerofille di *Quercus ilex* ssp. *rotundifolia* in suolo calcareo, dell'area mediterranea della penisola iberica. Per il suo studio, analisi convenzionali, macro, micromorfologiche e macrochimiche sono state combinate con studi molecolari e filogenetici basati sull'analisi di sequenze ITS. Per facilitare l'identificazione di questa specie, viene fornita una chiave che include altri taxa della sezione *Bovini*, ben delimitati da LIIMATAINEN et al. (2020).

* Juan de Dios Reyes, Paseo Virgen de Linarejos 6, E-23700 Linares juandedioscortinarius@gmail.com

** Antonio Mateos, Sagitario 14, E- 10001 Cáceres amateosiz1@gmail.com

Summary

We describe the new species *Cortinarius maginensis* J. D. Reyes & A. Mateos sp. nov. from subg. *Telamonia*, sect. *Bovini*. The species is associated with the sclerophyllous *Quercus ilex* ssp. *rotundifolia* and occurs on calcareous soils of the Iberian Peninsula. For the determination of the new species conventional macro- and micromorphological methods were combined with the analysis of ITS sequences and phylogeny. In order to facilitate the identification a key is presented, that also includes other taxa of sect. *Bovini*, which is well delimited by LIIMATAINEN et al. (2020).

Palabras clave • Mots-clés • Schlüsselwörter • Parole chiave • Key words: *Agaricales*, *Bovini*, ITS, Península Ibérica, *Telamonia*, *C. maginensis*, sp. nov.

Introducción

La mayoría de las especies del amplio Género *Cortinarius* (Pers.) Gray pertenecen al subgénero *Telamonia* (Fr.) Trog, que se caracteriza por presentar los basidiomas tanto el píleo como el estípite secos y generalmente de colores pardo o pardo rojizos, siendo excepcionales los colores rojo-anaranjados, azulados o blanquecinos. La identificación y caracterización de los taxones que lo componen es sumamente complejo siguiendo los criterios tradicionales, macroscópicos y micromorfológicos, pues las diferencias en la mayoría de los casos son mínimas e incluso se solapan, lo que ha dado lugar a diferentes interpretaciones y a una situación caótica desde el punto de vista taxonómico y nomenclatural.

Con la incorporación de las técnicas moleculares a los estudios taxonómicos, la secuenciación de la región ITS del ADN ribosómico (código de barras fúngico (SCHOCH y col., 2012; GARNICA y col., 2016), y la elaboración de filogenias a partir de las secuencias obtenidas de diferentes procedencias, se facilita la delimitación de los diferentes taxones, máxime con la incorporación de los tipos o neotipos a las bases de datos públicas, GenBank o UNITE. Hasta ahora sólo se habían publicado estudios filogenéticos basados en Secciones: *Brunnei* Melot (NISKANEN y col., 2009), *Hydrocybe* (Fr. ex Rabenh.) Gillot & Lucand (SUÁREZ-SANTIAGO y col., 2009) *Armillati* M. M. Moser (NISKANEN y col., 2011), *Bovini* M. M. Moser (NISKANEN y col., 2013), *Colymbadini* Melot/ *Cinnabarini* Melot *Uracei*/Melot (AMMIRATI y col., 2017; DIMA y col., 2014), *Disjungendi* Kytöv., Liimat., Niskanen & Ammirati (LIIMATAINEN y col., 2015), *Saturnini* Moënné-Locc. & Reumaux/ *Bicolores* (M. M. Moser) Melot (LIIMATAINEN y col., 2017).

Un estudio general del subgénero (LIIMATAINEN y col., 2020), incluye la subdivisión de secciones y subsecciones, lo que indiscutiblemente ha venido a clarificar la posición taxonómica de los diferentes taxones que componen el subgénero *Telamonia*.

El presente trabajo aborda el estudio de una nueva especie de la secc. *Bovini*, recolectada bajo *Quercus ilex* en el Sureste de la Península Ibérica, primeramente con un estudio tradicional macroscópico, micromorfológico y macroquímico, y posteriormente realizamos un estudio filogenético de las secuencias obtenidas (ITS) de cada una de las colecciones.

Material y Métodos

Las colecciones estudiadas se han examinado macroscópicamente y microscópicamente en fresco. El estudio microscópico se ha realizado utilizando la técnica de campo claro con un microscopio Leitz Ortholux II triocular. La observación y medición de las esporas se ha realizado en agua para la observación en fresco de restos de cortina y ápice del estípite, con objetivos de 16x, 25x, 40x, y de inmersión a 1000x. Se han estudiado un mínimo de 30 esporas de cada ejemplar, obteniendo los valores máximos y mínimos de longitud y anchura, calculando los valores medios (Av) y el co-

eficiente Q (L/w) con la ayuda del programa Piximètre v.5.9 (HENRIOT Y CHEYPE, 2017). El estudio microscópico del material de herbario se ha realizado en primer lugar rehidratando en KOH (3%) y utilizando como medio de tinción Rojo Congo amoniacal. Para las reacciones macroquímicas se ha utilizado KOH (20%), Fenol-Anilina y tintura de Guayaco. El material estudiado se encuentra depositado en el herbario de la Junta de Andalucía, JA y en el herbario particular de Juan de Dios Reyes García JDRG. Para el estudio sistemático se ha seguido a BRANDRUD y col. (1989) y KNUDSEN y VESTERHOLT (2008), y para el nomenclatural a MycoBank (<http://www.mycobank.org/>)

Extracción del ADN, amplificación, secuenciación y análisis filogenéticos

El ADN total se ha extraído de ejemplares secos procedentes de herbario, usando una modificación del protocolo de MURRAY y THOMPSON (1980). La amplificación PCR de la región ITS del rADN se ha llevado a cabo con los cebadores Primers ITS1F e ITS4 (WHITE y col., 1990; GARDES y BRUNS, 1993). El programa de amplificación consistió en un inicio en caliente a 95°C de 5 min., seguido de 35 ciclos de 45, 30 y 45 seg a 94°C, 54°C y 72°C, respectivamente, con una fase final de elongación de 72°C durante 10 min. Los resultados fueron probados en un gel de agarosa, y las reacciones positivas fueron purificadas y secuenciadas con el iniciador ITS4. Para evitar posibles errores de lectura, los cromatogramas originales fueron chequeados usando Bioedit (HALL T. A., 1999) y las secuencias fueron ensambladas en Mega5 (TAMURA, K. y col., 2011). El número de acceso de GenBank para las nuevas secuencias obtenidas se encuentran en la Tabla 1 de este trabajo.

Mediante BLAST (ALTSCHUL y col., 1990) se realizaron consultas a bases públicas GenBank y UNITE para comprobar la identidad de las nuevas secuencias ITS y descartar posibles contaminaciones de otros hongos. A partir de los resultados del *blastn*, las secuencias de otras especies de *Telamonia* que por su proximidad pudieran ser parecidas o similares a las colecciones descritas en este estudio, junto con las nuevas secuencias obtenidas, forman el conjunto de secuencias del estudio filogenético de este trabajo. De entre todas las secuencias que aparecen en GenBank, se ha priorizado las correspondientes al holotipo sobre las otras colecciones. El total de secuencias estudiadas asciende a 31

Cortinarius infractus (Pers: Fr.) Fr., se ha designado como grupo externo.

El alineamiento se realizó en Muscle v.3.6 (EDGAR, 2004), y su edición manual se realizó en Bioedit v. 7.0.9. (HALL, 1999) y consistió en rellenar con «N» los extremos con *gaps*. Para la eliminación de las zonas ambiguas del alineamiento original se utilizó el software Gblocks v. 0.9b (CASTRESANA, 2000), implementando los parámetros menos estrictos, pero permitiendo *gaps* en el 50% de las secuencias. JModeltest v.2.1.4 (DARRIBA y col., 2012) se ha usado para seleccionar el mejor modelo de sustitución de nucleótidos, usando el análisis Akaike Information Criterion (AIC, AKAIKE, 1974). El modelo GTR+I+G ha sido seleccionado para ambas regiones.

Los análisis de máxima verosimilitud (ML) e inferencia bayesiana (BI) fueron realizados utilizando RAxML-HPC2 implementada en la plataforma virtual CIPRES (MILLER y col., 2002; STAMAKIS, 2006; STAMAKIS y col., 2008). El apoyo de los nodos estadísticos en los análisis de ML se infirió de 1000 réplicas de bootstrap. Los árboles filogenéticos se dibujaron con FigTree 1.4 (disponible en <http://tree.bio.ed.ac.uk/> / software / figtree /), y finalmente adaptado en Adobe Illustrator CS5 (Figura 1).

Resultados y discusión

De las colecciones a estudiar, JDRG-11120606, JDRG-10120801 y JDRG22121601 se generan tres nuevas secuencias, que se comparan con otras 28 colecciones de Genbank (Tabla 1), de las que el 73% corresponden con secuencias de material holotipo. Después de la edición manual, el alineamiento original constaba de 686 bases de los que 153 eran variables y 108 parsimoniosamente informativas. Para la eliminación de zonas ambiguas, este alineamiento original fue optimizado en GBlocks con los parámetros menos restrictivos:

Mínimo nº de secuencias para una posición conservada 17; mínimo nº de secuencias para una posición flanco 27; máximo nº de posiciones contiguas no conservadas 8; mínima longitud de un bloque 2; permitiendo 50% de posiciones Gap.

Una vez optimizado en GBlocks, en 34 bloques seleccionados, el alineamiento se redujo a 500 posiciones, de las cuales 381 conservadas, 119 variables, 88 parsimoniosamente informativas, y 31 singletons.

Tras la comparativa de las muestras extraídas de GenBank, se concluye que existen unas diferencias notables con respecto a las especies de la secc. *Bovini* más próximas. Con respecto a *C. iunii*, la más próxima genéticamente, especie recientemente descrita por BALLARÀ y col. (2017) bajo *Pinus*, existe una similitud del 91,26% con una diferencia de 23 nucleótidos. Otra especie de la misma sección, *C. subbulliardiodes*, presenta una similitud del 90,19% con diferencias de 26 bases y 1 índels. *C. sordescens* y *C. terribilis* comparten hábitat, pero presentan carpóforos de mayor tamaño, diferencias microscópicas, y se separan en 25 y 29 nucleótidos respectivamente. *C. privignatus* presente esporas subglobosas y diferencias en 23 bases y 1 índels. Otras secuencias de especies de la secc. *Bovini*, M. M. Moser (NISKANEN y col., 2013; LIIMATAINEN y col., 2020), reflejan mayores diferencias en las regiones ITS además de presentarse en ambientes ecológicos muy diferentes, asociadas a *Piceas* del norte de Europa.

Tabla 1. Cuadro resumen con los taxones cuyas secuencias han sido estudiadas en el presente trabajo, aportando cuando está disponible información sobre hábitat y localidad, código del recolector o herbario, y el código de GenBank para la secuencias ITS. Las colecciones estudiadas en el presente trabajo, así como el código GenBank de las secuencias ITS generadas de las mismas, van en negrita.

1	<i>C. aleuriodor T</i>		FR	R. Henry 1692	MT934859
2	<i>C. anisatus T</i>	<i>Picea abies</i> , suelo calcareo	SE	CFP1200	NR131788.1
3	<i>C. anisochrous T</i>		EST	IK: 01-030	NR131823
4	<i>C. anthracinicolor T</i>	<i>Picea/Populus/Betula</i>	Fr	PC3881	MT934876.1
5	<i>C. bovarius T</i>	<i>Picea abies</i>	USA	Nisk 11-188	NR131830
6	<i>C. bovinaster T</i>		FI	H: 6031551	NR131820
7	<i>C. bovinatus T</i>	<i>Picea abies</i> , <i>Betula/P. tremula</i>	FI	H:6000849	NR131821
8	<i>C. bovinus T</i>	<i>Picea</i> , <i>Tilia</i>	FI	IK: 04-038	NR120189
9	<i>C. bubulus T</i>	<i>Picea/Fagus</i>	AUS	IB 86/172	DQ139983
10	<i>C. diffamatus T</i>		FR	P.C. 2493876	
11	<i>C. eldoradoensis T</i>	<i>Pinus ponderosa</i>	USA	<USA-CA>:1861350	NR157882
12	<i>C. fuscobovinaster</i>	<i>Coníferas</i>	SE	IK 07-1468	JX407318
13	<i>C. fuscobovinus T</i>	<i>Picea/Pinus/Betula/Populus</i>	FI	H 6001110	NR131824
14	<i>C. iunii T</i>	<i>Pinus silvestris</i>	ES	JB-6989/10	MF000335.1
15	<i>C. neofurvolaeus</i>		FI	IK:94-570	DQ140003
16	<i>C. oulankaensis T</i>	<i>Picea abies</i>	FI	NisK 05-169	NR131822
17	<i>C. privignatus</i>	<i>Picea abies</i>	SE	Sst16-037	MF139757
18	<i>C. pseudobulbosus T</i>		FR	XC 2010-101	NR171142
19	<i>C. repertus</i>		SE	CFP1240	MT935380.1
20	<i>C. sordescens T</i>		FR	R. Henry 1687	MT935439
21	<i>C. subbrunneoideus T</i>	<i>Abies/Pinus/Betula/Populus</i>	FI	H 6001085	NR131880
22	<i>C. subbulliardiodes T</i>		FR	R.Henry 2476	MT935467
23	<i>C. subfirmus T</i>	<i>Q. ilex</i> y <i>Buxus sempervirens</i> suelo calcareo	FR	AB 08-10-363	KX964580
24	<i>C. terribilis</i>		FR	P.C 5268	MT935546
25	<i>C. torvoides</i>		Fr	PML1739	MH784667.1
26	<i>C. turgidulus T</i>		FR	P.C.:5333	NR171161
27	<i>C. wahkiacus T</i>	<i>Quercus garryana</i>	USA	1860208	NR153062
28	<i>C. sordidemaculatus T</i>	<i>Coníferas</i>	Haut Doubs, Fr.	PC:0088382	NR157860
29	<i>C. maginensis</i>	<i>Quercus ilex</i>	Jaén/E	JDRG-10120801	MW752901
30	<i>C. maginensis</i>	<i>Quercus ilex</i>	Jaén/E	JDRG-22121601	MW752902
31	<i>C. maginensis</i>	<i>Quercus ilex</i>	Jaén/E	JDRG-11120606	MW832382

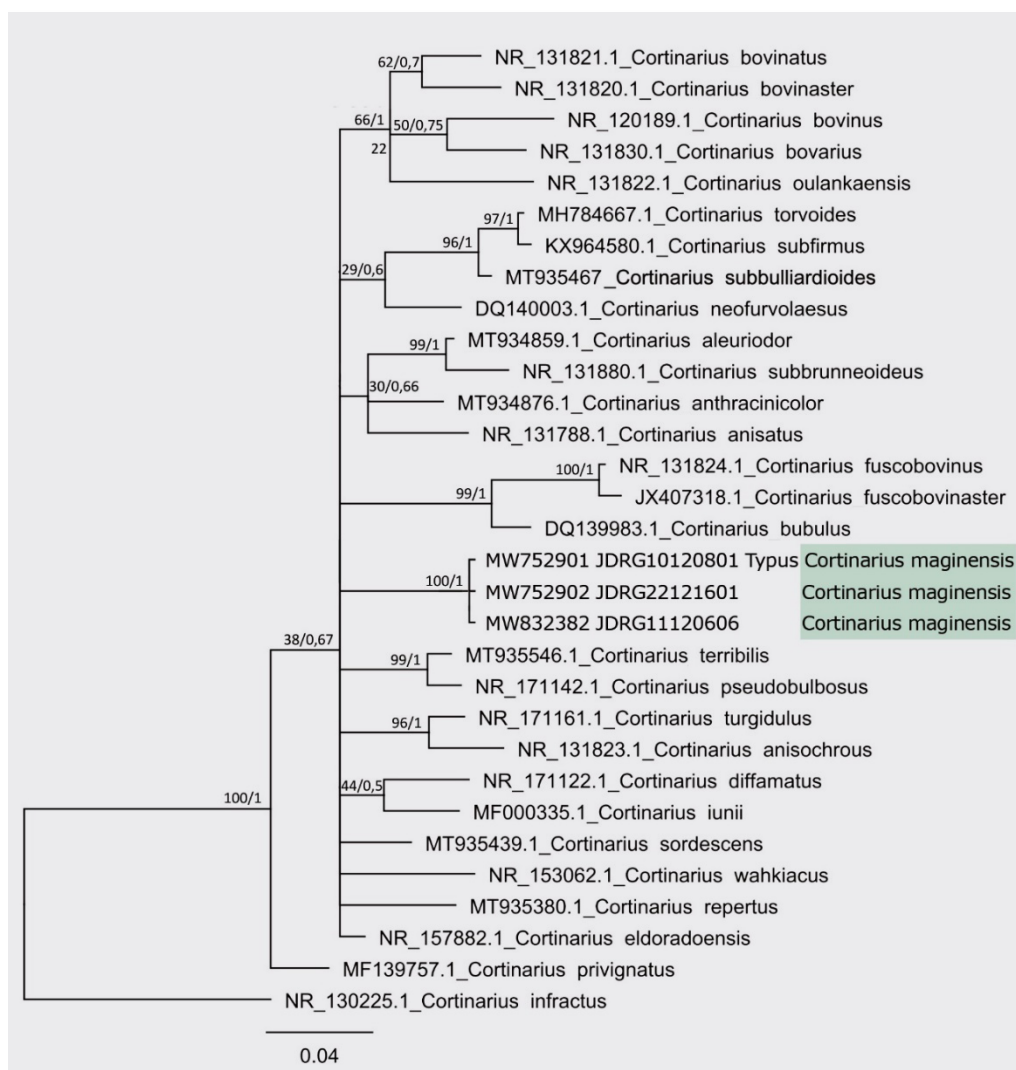


Fig. 1 — Árbol filogenético inferido por Máxima Verosimilitud (ML) en RAxML.

Estudio taxonómico

Cortinarius maginensis J. D. Reyes & A. Mateos, sp. nov.

Fig. 2–5

Código Mycobank: MB839007

Código GenBank ITS: MW752901

Subgén. *Telamonia* (Fr.) Trog, secc. *Bovini* M. M. Moser emend. Liimat., Niskanen & Kytöv.

Etimología: El epíteto «*maginensis*» hace referencia a P. N. Sierra Mágina donde se recolectó esta especie por primera vez.

Holotipus: (hic designatus): Hispania, Jaén, Cambil, Sendero de Gíbralberca, 1200 m s.p.m., sub *Quercus ilex* in humus calcareus, 10-12-2008, leg. J. D. Reyes. Holotypus in herbario JA-9577, conservatur, GenBank: MW752901. **Isotipus** in herbario JDRG-10120801 conservatur.

Descriptio: *Basidiomata parva, gregaria vel caespitosa, aspecto fusco sordescente, subvaginato velo universale albo in base stipitis praedita. Pileus 25-40 (45) mm latus obtuse convexus vel plano-convexus, umbone obtuso et margo flexuoso, inflexo, lobato-sinuoso, dein inciso. Indumentum siccum, sericeum, parum hygrophanum, nitens; reliquiis albidis veli universalis ad marginem praeditus. Lamellae 4-5 mm latae, sinuato-adnatae brunneo-fulvae; acies concolor. Stipes 35-50 x 4-6 mm, ad basim paulatim claviformis (8 mm). Caro in pileo brunneo-fulva, griseo-brunnea apice stipitis. Odor raphanicus. Sapor subnullus. Sporae ovoellipticae vel subamygdaliformes, (9,2) 10,1-10,2-10,3 (11,2) x (5,6) 6,1-6,2 (6,7) μm , $Q = (1,5) 1,6-1,7 (1,8)$. Sub *Quercus ilex* in solo calcareo.*

Basidiomas de pequeño tamaño (Fig. 2–4), de gregarios a cespitosos, oscureciendo y tomando un aspecto general sordesciente en la madurez, conservando una banda blanca de velo en la base del estípite característica.

Píleo de 25–40 (45) mm, convexo a plano convexo con amplio mamelón obtuso, aplanándose más tarde, con el margen flexuoso e incurvado, lobado-sinuoso, finalmente inciso. Cutícula seca, de aspecto brillante satinado, poco higrófana, fibrillosa a partir del centro, con restos de velo blanco más abundantes hacia la periferia que al desaparecer dejan ver un color pardo rojizo oscuro.

Láminas 4–5 mm de ancho, sinuadas-adnadas, de color pardo a pardo rojizo oscuro, con lámelas; arista del mismo color.

Estípite de 35–50 x 4–6 mm, firme y cilíndrico, claviforme subbulboso hacia la base (8 mm), cubierta de una banda de velo blanco ascendente hasta el tercio inferior. Superficie fibrillosa, con fibrillas blanquecinas sobre fondo pardo rojizo.

Carne pardo rojiza en el píleo, aclarándose a tonos pardo grisáceos hacia el ápice del estípite, y pardo rojiza más clara hacia la base, blanda, 4–6 mm hacia el centro del píleo. Olor ligeramente rafanoide y sabor banal.

Reacciones macroquímicas: KOH pardo ahumado en cutícula.

Esporas ovoelípticas a subamigdaliformes, con ornamentación formada por verrugas medianas, aisladas, algo más prominentes hacia el ápice, con la apícula doblada y prominente. Tamaño esporal de (9,2) 10,1–10,2–10,3 (11,2) x (5,6) 6,1–6,2–6,7 μm ; $Q = (1,5) 1,6-1,7 (1,8)$; $V_m = 199 \mu\text{m}^3$ (Fig. 5).

Basidios tetraspóricos, de 30–40 x 7–9 μm .

Arista fértil, con células claviformes banales de 7–9 μm .

Epicutis compuesta de hifas estrechas, de 6–8 μm , ensanchándose hacia las capas más bajas, hasta 20–25 μm en el subcutis; fibulas presentes en todo el carpóforo.

Material estudiado: España: Jaén, Cambil, Gíbralberca, Alt. 1200 m s.n.m. numerosos ejemplares cespitosos bajo *Quercus ilex* en terreno calcáreo, 11-12-2006, leg. J. D. Reyes, JDRG-11120606. Código GenBank: MW832382. *Ibid.* 10-12-2008 de forma más gregaria y extendida,

leg. J. D. Reyes, JDRG10120801 (Holotipo). Código GenBank: MW752901. *Ibid.* 22-12-2016, con crecimiento cespitoso numerosos ejemplares, leg. J. D. Reyes, JDRG22121601. Código GenBank: MW752902

CLAVE DE LAS ESPECIES DE LA SECCIÓN BOVINI MÁS PRÓXIMAS

- 1 a Anchura de las esporas mayor de 5,5 μm 2
- 1 b Anchura de las esporas inferior a 5,5 μm 8
- 1 c Esporas subglobosas, 6,5–8 $\times$ 5–6,5 μm *C. privignatus* Soop

- 2 a Especies asociadas a *Piceas* del Norte de Europa 3
- 2 b Especies asociadas a *Quercus* del área Mediterránea 4

- 3 a Especie de anchas esporas (6–7 μm)..... *C. fuscobovinus* Kytöv., Niskanen & Liimat.
- 3 b Especies con esporas más estrechas (5,5–6,5 μm)..... 7

- 4 a Esporas fuertemente verrugosas de 12–12,5 $\times$ 6,5–7,5 μm *C. terribilis* Reumaux
- 4 b Esporas más estrechas < 6,5 μm 5

- 5 a Especie muy higrófana, con deshidratación concéntrica y zona anular manifiesta, al menos en los jóvenes ejemplares. Bajo *Quercus ilex*, y también bajo *Pinus nigra* en suelo calcáreo..... *C. subbulliardoides* Rob. Henry
- 5 b Especies menos higrófanos, asociadas a *Quercus ilex* en terreno calcáreo 6

- 6 a Especies de pequeña a mediana talla *C. maginensis* J. D. Reyes & A. Mateos, sp. nov.
- 6 b Especie de gran talla, compacta, de aspecto gris sucio, ennegreciendo radialmente por presencia de necropigmento en la subcutis..... *C. sordescens* Henry

- 7 a Especie con píleo pardo rojizo oscuro, deshidratándose con el centro ocráceo pálido y pardo rojizo hacia el margen, con esporas fuertemente ornamentadas y ápice abovedado, de hasta 6,5 μm de anchura..... *C. bovinus* Fr.
- 7 b Esporas fuertemente ornamentadas, amigdaliformes, de ápice agudo *C. bovinatus* Kytöv., Liimat., Niskanen & H. Lindstr.
- 7 c Especie con esporas >10,5 μm de longitud, menos ornamentadas , esbelta, con el estípite de hasta 10 mm de ancho..... *C. bovinaster* Niskanen, Kytöv. & Liimat.
- 7 d Especie más grande, con estípite de hasta 15 mm de ancho; esporas < 10 μm de longitud, asociada a píceas del Norte de Europa *C. anisochrous* Kytöv., Liimat., Niskanen & H. Lindstr.

- 8 a Especies asociadas a *Picea* , de olor agradable anisado, y color pardo claro a anaranjado *C. anisatus* H. Lindstr., Kytöv. & Niskanen
- 8 b Especies asociadas a *Pinus* 9

- 9 a Especie que fructifica en primavera, de hábitat meridional, bajo *Pinus nigra* en suelo calcáreo, maciza, con estípite de hasta 30 mm de anchura, de colores pardo rojizos..... *C. iunii* Ballarà, E. Suárez, Mahiques & Garrido-Benavent
- 9 b Especie de fructificación otoñal, más esbelta, con estípite hasta 12 mm de anchura, de tonos más oscuros, de hábitat más septentrional, bajo *Pinus* en terrenos áridos y arenosos *C. neofurvolaeus* Kytöv., Niskanen, Liimat. & H. Lindstr.



Foto: J. D. Reyes

Fig. 2 — *Cortinarius maginensis*
(holotipo JA-9577; código GenBank: MW752901)



Foto: J. D. Reyes

Fig. 3 — *Cortinarius maginensis*
(JDRG-22121601; código GenBank: MW752902)



Foto: J. D. Reyes

Fig. 4 — *Cortinarius maginensis*
(JDRG-11120606; código GenBank: MW832382)

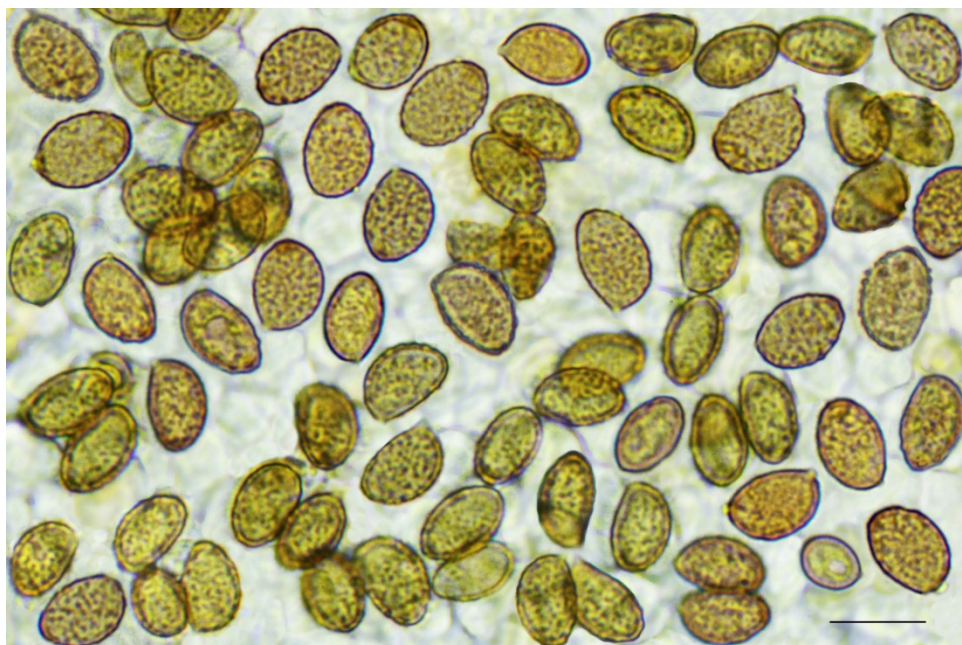


Foto: A. Mateos

Fig. 5 — *Cortinarius maginensis*. Esporas.
(JA-9577; código GenBank MW752901). Escala: 10 μ m

Agradecimientos

A Bálint Dima por su información y comparación con su base de datos, y a R. Mahiques por la revisión general del texto. Un reconocimiento especial a Luis Quijada en la confección del árbol filogenético, y a Pablo Alvarado por la diligencia en los trabajos de secuenciación.

Bibliografía

- AKAIKE (1974) — A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control AC*, 19: 716–723.
- ALTSCHUL, S. F., W. GISH, W. MILLER, E. W. MYERS & D. J. LIPMAN (1990) — Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215: 403–410.
- AMMIRATI, J. F., T. NISKANEN, K. LIIMATAINEN, D. BOJANTCHEV, U. PEINTNER, R. KUHNERT-FINKERNAGEL & C. CRIPPS (2017) — Spring and early summer species of *Cortinarius*, subgenus *Telamonia*, section *Colymbadini* and *Flavobasilis*, in the mountains of western North America. *Mycologia* 109 (3): 443–458.
- BRANDRUD, T. E., H. LINDSTRÖM, H. MARKLUND, J. MELOT & S. MUSKOS (1989) — *Cortinarius*, *Flora Fotografica* Vol. I. *Cortinarius* HB. Matfors. Suecia.
- CASTRESANA, J. (2000) — Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. *Molecular Biology and Evolution* 17: 540–577.
- DARRIBA, D., G. L. TABOADA, R. DOALLO & D. POSADA (2012) — JModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9: 772.
- DIMA, B., K. LIIMATAINEN, T. NISKANEN, I. KYTÖVUORI & D. BOJANTCHEV (2014) — Two new species of *Cortinarius*, subgenus *Telamonia*, sections *Colymbadini* and *Uracei*, from Europe. *Mycological Progress*, 13: 867–879.
- EDGAR, R. C. (2004) — MUSCLE : a multiple sequence alignment method with reduced time space complexity. *BMC Bioinformatics* 5, 113.
- GARDES, M. & T. D. BRUNS (1993) — ITS primers with enhanced specificity for Basidiomycetes—application to the identification of mycorrhizae and rust. *Molecular Ecology*, 2, p. 113–118.
- GARNICA, S., M. E. SCHÖN, K. ABARENKOV, K. RIESS, K. LIIMATAINEN, T. NISKANEN, B. DIMA, K. SOOP, T. G. FRØSLEV, T. S. JEPPESEN, U. PEINTNER, R. KUHNERT-FINKERNAGEL, T. E. BRANDRUD, G. SAAR, B. OERTEL, & J. F. AMMIRATI (2016) — Determining threshold values for barcoding fungi; lessons from *Cortinarius* (Basidiomycota), a highly diverse and widespread ectomycorrhizal genus. *FEMS Microbiology Ecology*, 92: fiw045.
- HALL, T. A. (1999) — *Bioedit*: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic acids symposium series* (Vol. 41, Nº 41, pp. 95–98).
- HENRIOT, A. & J. L. CHEIPE (2017) — *Piximètre: La mesure de dimensions sur images*. <http://piximetre.fr/>.
- KNUDSEN, H. & J. VESTERHOLT (2008) — *Funga Nordica. Agaricoid, boletoid, and cyphelloid genera*. Nordsvamp, Copenhagen. 965 págs.
- LIIMATAINEN, K., T. NISKANEN, J. F. AMMIRATI, I. KYTÖVUORI & B. DIMA (2015) — *Cortinarius*, subgenus *Telamonia*, section *Disjungendi*, cryptic species in North America and Europe. *Mycological Progress*, 14: 2016.
- LIIMATAINEN, K., X. CARTERET, B. DIMA, I. KYTÖVUORI, A. BIDAUD, P. REUMAUX, T. NISKANEN, J. F. AMMIRATI & J. M. BELLANGER (2017) — *Cortinarius* section *Bicolores* and section *Saturnini* (Basidiomycota, Agaricales), a morphogenetic overview of European and North American species. *Persoonia* 39: 175–200.
- LIIMATAINEN, K., T. NISKANEN, B. DIMA, J. F. AMMIRATI, P. M. KIRK & I. KYTÖVUORI (2020) — Mission impossible completed: unlocking the nomenclature of the largest and most complicated subgenus of *Cortinarius*, *Telamonia*. *Fungal Diversity* (2020).
- MILLER, M. A., W. PFEIFFER & T. SCHWARTZ (2010) — Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. *Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE)*: 1–8.
- MURRAY, M. G. & W. F. THOMPSON (1980) — Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic*

- Acids Research*, 8 (19), p. 4321–4325.
- NISKANEN, T., I. KYTÖVUORI & K. LIIMATAINEN (2009) — *Cortinarius* section *Brunnei* in North Europe (Basidiomycota, Agaricales) in North Europe. *Mycol. Res.* 113: 182–206.
- NISKANEN, T., I. KYTÖVUORI & K. LIIMATAINEN (2011) — *Cortinarius* section *Armillati* in North Europe. *Mycologia* 103(5): 1080–1101.
- NISKANEN, T., I. KYTÖVUORI, K. LIIMATAINEN & H. LINDSTRÖM (2013) — The species of *Cortinarius*, section *Bovini*, associated with conifers in northern Europe. *Mycologia* 105 (4): 977–993.
- SCHOCH, C. L., K. A. SEIFERT, A. HUHDORF, V. ROBERT, J. L. SPOUGE, C. A. LEVESQUE, W. CHEN & FUNGAL BARCODING CONSORTIUM (2012) — Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 109: 6241–6246.
- SUÁREZ-SANTIAGO, V. N., A. ORTEGA, U. PEINTNER & I. LÓPEZ-FLORES (2009) — Study on *Cortinarius* subgenus *Telamonia* section *Hydrocybe* in Europe, with special emphasis on Mediterranean taxa. *Mycol. Res.* 113: 1070–1090.
- TAMURA, K., D. PETERSON, N. PETERSON, G. STECHER, M. NEI & S. KUMAR (2011) — MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28: 2731–2739.
- WHITE, T. J., T. BRUNNS, S. LEE & J. TAYLOR (1990) — Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In : Michael A. J., D. H. Gelfand, J. J. Sninsky, T. J. White (eds) PCR protocols: a guide to the methods and applications. *Academic Press*. New York. pp 315–322.

Osservazioni su *Cortinarius tiliae*

ALESSANDRO FELLIN*, ENRICO ERCOLE** & RENATO JONNY FERRARI***

Ricevuto il 1 luglio 2021

Riassunto

Viene presentato e commentato *Cortinarius tiliae* in base a due raccolte effettuate in Trentino Alto Adige (Italia). Questa specie estremamente rara appare non solo inedita per la micoflora italiana ma costituisce anche la prima segnalazione documentata nei paesi dell'Europa sud-occidentale. La descrizione della specie in argomento sarà accompagnata dal raffronto con i taxa maggiormente affini e la presentazione completata dai dati derivanti dall'analisi molecolare.

Résumé

On présente et on commente *Cortinarius tiliae* sur la base de deux récoltes effectuées dans le Trentin Haut Adige (Italie). Cette espèce n'est pas seulement extrêmement rare pour la mycoflore italienne. Elle représente aussi la première attestation en bonne et due forme de sa présence dans les pays du sud-ouest de l'Europe. La description de *Cortinarius tiliae* est accompagnée d'une comparaison avec les taxons les plus semblables et sa présentation est complétée par les données de l'analyse moléculaire.

Zusammenfassung

Cortinarius tiliae wird anhand zweier Funde aus dem Trentino in Südtirol (Italien) vorgestellt und kommentiert. Diese Art ist nicht nur für die italienische Mykoflora äusserst selten. Sie stellt auch den ersten dokumentierten Nachweis in den Ländern Südwesteuropas dar. Die Beschreibung von *Cortinarius tiliae* wird von einem Vergleich mit ähnlichsten Taxa begleitet und die Präsentation durch die Daten aus der molekularen Analyse ergänzt.

RESUMEN

Se presenta y comenta el *Cortinarius tiliae* en base a dos muestras recolectadas en Trentino Alto Adige (Italia). Esta especie, extremadamente rara, aparece no solo inédita para la micoflora italiana, sino que constituye la primera cita para los países de la Europa sudoccidental. La descripción de esta especie se acompañará de la comparación con los taxones más similares, así como de los datos que derivan del análisis molecular.

Abstract

Cortinarius tiliae is presented and commented on the basis of two findings from Trentino, South Tyrol, Alto Adige (Italy). This extremely rare species is reported for the first time for the

* Alessandro Fellin, via G. Canestrini 10/b, 38028 Novella (TN), Italy; fellin6384@yahoo.it

** Enrico Ercole, via Murazzano 11, 10141 Torino (TO), Italy; ercole.enrico@gmail.com

*** Renato Jonny Ferrari, Santo Stefano 46, 39030 San Lorenzo di Sebato (BZ), Italy; maserati92@hotmail.it

Italian mycoflora. It also represents the first documented finding for South-western Europe. The description of *Cortinarius tiliae* is accompanied by a comparison with the most similar taxa and the presentation is supplemented by the data from the molecular analysis.

Parole chiave • Mots clés • Schlüsselwörter • Palabras clave • Key words: *Cortinarius*, *C. tiliae*, *C. osloensis*, provincia di Trento.

Introduzione

Cortinarius tiliae rappresenta un taxon con un'ecologia assai particolare e selettiva, infatti la distribuzione di tale specie strettamente calcicola segue quella di *Tilia cordata* Mill. alla quale risulta legato in simbiosi micorrizica (BRANDRUD, 1996; BRANDRUD, 2015). Attualmente le sporadiche e rare segnalazioni documentate di *C. tiliae* riguardano esclusivamente il territorio sud-orientale della Norvegia (Oslofjord area.), sito contraddistinto dalla presenza frammentaria e ormai «relittuale» di foreste vetuste di *Tilia cordata* (BRANDRUD, 1999; BRANDRUD, 2015; BRANDRUD et al., 2019). Tale essenza arborea, assai diffusa nel panorama europeo nel periodo post-glaciazione (CHYTRÝ & ŠÁDLÓ, 1997), ha subito nel tempo una riduzione del proprio areale di distribuzione a scapito di essenze arboree più competitive quali *Fagus sylvatica* L. e *Carpinus betulus* L. Tale declino, attualmente ancora in corso (BRANDRUD et al., 2011), sta minacciando ulteriormente questi habitat nei confronti dei quali sono state messe in atto misure di conservazione e tutela (BRANDRUD, 2015).

Ad oggi le formazioni a taglio risultano assai circoscritte, frammentarie e allo stesso tempo anche le cenosi fungine legate in simbiosi ad esse risultano confinate in quelle nicchie ecologiche non occupate da piante più competitive (BRANDRUD, 2015; CHYTRÝ & ŠÁDLÓ, 1997). In Italia e, in particolare in Trentino Alto-Adige, l'associazione vegetazionale degli acero-tiglieti comprende complessi di vegetazione di tipo azonale, miste tra loro in varia proporzione, con carattere frammentario e specializzato, la cui affermazione dipende dallo stabilirsi di un insieme di situazioni favorevoli a livello stazionale (ODASSO et al., 2018). Di regola gli acero-tiglieti comprendono formazioni a latifoglie nobili caratterizzate da esigenze elevate sotto il profilo trofico-ambientale con espressioni più articolate da ricondurre alle stazioni calde, da mesiche ad umide dell'orizzonte collinare, di area meso-esalpica (ODASSO et al., 2018). Nella località «Portolo» di Masi di Vigo, sito della val di Non (Italia-Provincia di Trento) con connotati ecologici simili a quelli sopraccitati e frequentato nel periodo autunnale data la ricchezza di specie Phlegmacioidi ivi presenti, ci è stato possibile documentare la presenza di *C. tiliae*. Circostanza altrettanto fortuita ha voluto che, nella stessa stazione di crescita e a distanza di pochi giorni, fosse rinvenuto anche *C. osloensis* specie altrettanto rara caratterizzata dalle medesime esigenze ecologiche al pari di *C. tiliae*. Nel presente contributo avremo modo di presentare tale specie sia sotto il profilo morfologico nonché ecologico e la descrizione sarà accompagnata da un raffronto morfologico e molecolare con le specie più similari.

Materiali e metodi

I basidiomi sono stati fotografati in habitat tramite l'ausilio di una fotocamera Nikon D80, munita di obiettivo AF Micro nikkor 60 mm. La descrizione macroscopica è stata effettuata su esemplari freschi appena raccolti. Per l'analisi microscopica ci siamo avvalsi dei 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 Axiolab con fotocamera Optikam 4083-B5. Le analisi microscopiche

sono state eseguite sia su materiale fresco che 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 e KOH al 2 % per la misurazione delle spore. La misurazione delle spore è stata condotta utilizzando le spore da sporata o quelle depositate nella parte alta del gambo tenendo conto ai fini statistici di un set minimo di spore pari a 50 unità. Le dimensioni sporali riportate, derivate dall'analisi condotta sulle due raccolte effettuate, 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. I campioni secchi sono stati depositati presso l'erbario personale di Alessandro Fellin (abbreviazione A.F. 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). La sequenza è stata depositata in GenBank (www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank) e il numero di accesso è riportato nella Fig. 5.

Analisi filogenetica

La sequenza ITS ottenuta è stata controllata e assemblata utilizzando Geneious R11.1.5 (<https://www.geneious.com>). Per il dataset delle analisi filogenetiche le sequenze di *Cortinarius* simili sono state scelte in base ai risultati di BLAST (ALTSCHUL et al., 1990) e dei lavori di SCHMIDT-STOHN et al., 2020 e ricavate dai database pubblici GenBank (www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/) e UNITE (<http://unite.ut.ee/>). L'allineamento delle sequenze è stato effettuato con il software MAFFT v.7 (KATO et al., 2013) ed editato manualmente con MEGA 7 (KUMAR et al., 2016). L'analisi filogenetica è stata svolta tramite il metodo Maximum Likelihood (ML). *Cortinarius pini* (NR 130244) e *Cortinarius flavivelatus* (NR 130294) sono stati utilizzati come outgroup seguendo SCHMIDT-STOHN et al., 2020. L'analisi di Maximum Likelihood è stata condotta con l'utilizzo del software RAXML-NG v. 1.0.1 (KOZLOV et al., 2019), utilizzando il parametro GTRGAMMA e 1000 repliche di bootstrap (FELSENSTEIN, 1985) per la validazione statistica dei nodi dell'albero. I valori di supporto dei nodi (bootstrap -MLB-) e la nostra sequenza con il relativo numero di accesso sono visualizzati sull'albero filogenetico (Fig. 5).

Cortinarius tiliae Brandrud 1996

Edinb. J. Bot. 53 (3): 358 (1996).

Fig. 1–5

Cappello: 4–8 cm, emisferico, poi convesso, fino a depresso negli esemplari adulti; umbone largamente ottuso con depressione periumbonale talvolta presente; colorazioni da giallo ocracee a bruno-ocracee; superficie leggermente viscida, distintamente fibrillosa; presenza di fibrille più scure rispetto al colore di fondo e disposte in senso radiale; centro cappello con aspetto talvolta tomentoso e con colorazioni più scure rispetto al margine; margine cappello tendenzialmente involuto nei giovani esemplari con colorazioni più chiare fino a grigio-biancastre. Velo universale presente, mediamente sviluppato, fibrilloso o con aspetto micaceo, sotto forma di residui biancastri o ocracei localizzati principalmente verso il margine pileico.

Gambo: (4) 5–8 (8.5) × 1–2 cm, slanciato, cilindraceo o con base clavata (× –3 cm), grigiastro in alto, decorato verso la base da residui velari bruno-ocracei scarsamente abbozzati disposti a bande o cercini.

Carne: per lo più biancastra con debole sfumatura bluastra in alto nei giovanissimi esemplari.

Lamelle: L= 55–85, adnato-smarginate, fitte, grigio-bluastrre con netta sfumatura bluastra concentrata verso il filo lamellare. Filo lamellare fimbriato.

Odori: trascurabili.

Reazioni macrochimiche: KOH al 30 % reazione brunastra nella carne.



Foto: Alessandro Fellin

Fig. 1 — *Cortinarius tiliae* in habitat



Foto: Alessandro Fellin

Fig. 2 — *Cortinarius tiliae* in habitat

Habitat e raccolte studiate: ITALIA, 25/X/2019, Masi di Vigo (Tn), località «Portolo»: bosco misto con *Fagus sylvatica* L., *Tilia cordata* Mill. e *Corylus avellana* L.; ibidem 26/X/2019 leg & det A. Fellin (raccolte depositate presso l'erbario personale rispettivamente con i numeri AF-248-2019 e AF-250-2019). Le due raccolte in oggetto sono state effettuate su substrato calcareo in presenza di abbondante lettiera e terreno sciolto superficialmente. Il sito in questione è stato sottoposto qualche anno prima a un intervento selvicolturale di diradamento a carico delle latifoglie e appare anche “disturbato” in seguito ai costanti piccoli franamenti di materiale sciolto e instabilizzato favoriti dall’acclività del pendio nonché dall’attività erosiva delle acque lungo i principali canali di deflusso delle stesse.

Descrizione microscopica della raccolta:

Spore: (8.7) 9.2–9.7–10.2 (11.1) × (5.3) 5.5–5.7–5.9 (6.3) μm . Q = (1.55) 1.61–1.70–1.79 (1.94), da ellittiche ad amigdaliformi, con un profilo sporale prevalentemente amigdaliforme, distintamente verrucose; apice più o meno subconico. Profilo ornamentale costituito da verruche non particolarmente prominenti ma dense, generalmente isolate, sporadicamente catenulate o confluenti in brevi creste; plaga soprailare scarsamente differenziata.

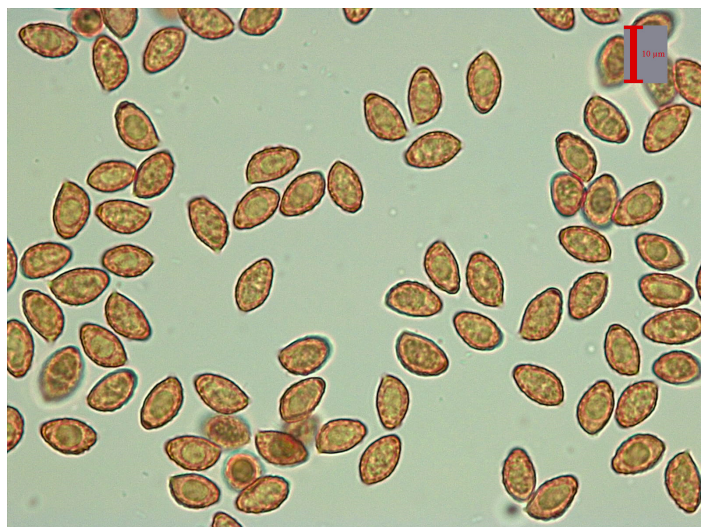
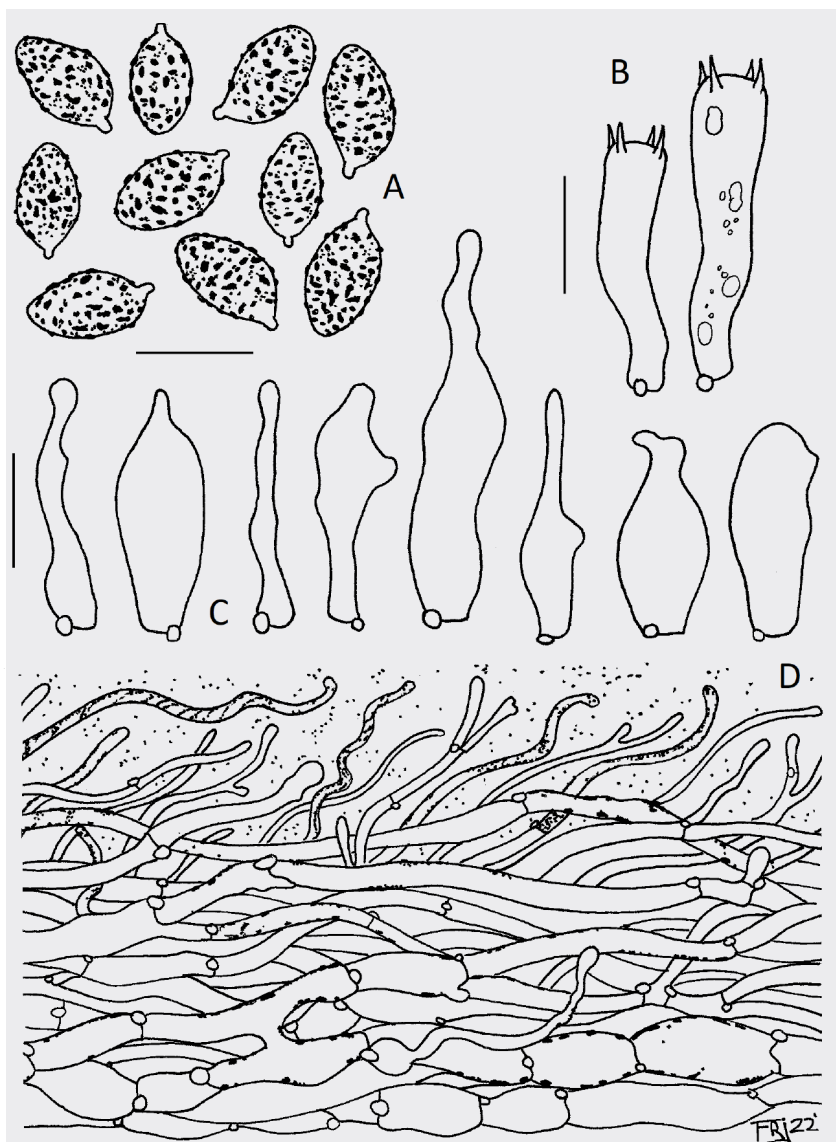


Foto: Alessandro Fellin

Fig. 3 — *Cortinarius tiliae* Spore. Barra =10 μm

Cuticola: pileipellis di tipo duplex. Epicute sottile, scarsamente sviluppata, con ife cilindracee, larghe 3–10 μm , articoli terminali da arrotondati-attenuati fino a subcapitulati; ife da subparallele a sinuose con alcuni elementi emergenti, da ialine a finemente incrostate di pigmento giallastro anche sotto forma di zebbrature; sporadica presenza di inclusioni giallo oro rifrangenti. Ipoderma differenziato, di tipo cellulare, con elementi rigonfi (sub)isodiametrici o allungati larghi fino a 25–30 μm ; pigmento piuttosto evidente di tipo parietale giallo-brunastro. Pigmentazione prevalentemente concentrata nella parte superiore dell’ipoderma o nello strato di transizione tra epicute e ipoderma. Sporadica presenza nell’ipoderma e nella trama di ife gloeoplere a contenuto rifrangente in KOH.



Disegno: Renato Jonny Ferrari

Fig. 4 — *Cortinarius tiliae*

A: Spore, B: Basidi, C: Cellule terminali, D: Cuticola. Barra = 10 μ m

Basidi: 26–37 $\times$ 7–10 μ m, tetrasporici, clavati, talvolta con restringimento mediano e sovente piegati alla base. Sporadica presenza di pigmento intracellulare giallastro.

Cellule marginali: 18–40 $\times$ 5–17 μ m, piuttosto numerose e intercalate ai basidi, da cilindrico-clavate a lageniformi, semplici, talvolta con setto trasversale mediano e articolo terminale clavato ($\times$ 15–20 μ m), raramente articolate in 2/3 elementi sovrapposti.

Giunti a fibbia: presenti in tutti i tessuti.

Discussione

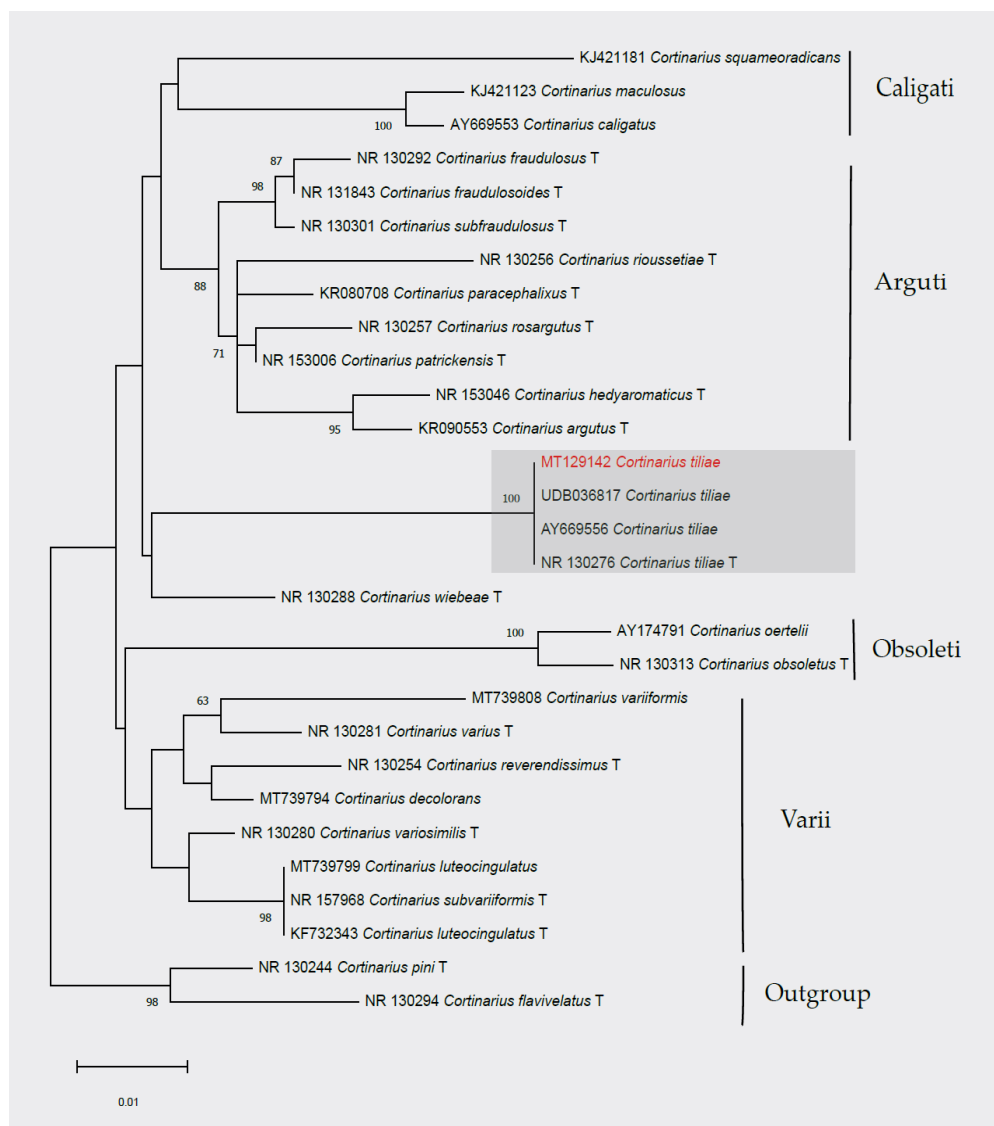
Il primo incontro avvenuto con questo *Phlegmacium* ci ha permesso agevolmente di attribuirlo alla sez. *Phlegmacium* (Fr.) Gillot & Lucand in virtù delle colorazioni ocraceo-giallognole, il colore grigio-lilacino delle lamelle e il velo piuttosto abbondante che lascia talvolta residui evidenti sul gambo (BRANDRUD, 1996). Il rinvenimento fortuito di numerosi esemplari in varie condizioni di sviluppo ben caratterizzati morfoanatomicamente per via del pileo distintamente fibrilloso, il velo ocraceo residuale abbozzato verso la base del gambo, unitamente allo studio dei caratteri microscopici ci permetteva di giungere, in accordo con la descrizione originale (BRANDRUD, 1996), a *Cortinarius tiliae* Brandr. Le due raccolte effettuate in corrispondenza di alcune piante di tiglio e nocciolo in un bosco misto su terreno calcareo quindi in linea con i dati ecologici disponibili in letteratura riportati per tale specie e la successiva analisi genetica, confermavano a pieno titolo la determinazione preliminare abbozzata già in habitat. Seguendo BRANDRUD (1996) la sez. *Phlegmacium* circoscrive tradizionalmente taxa phlegmacioidi ben caratterizzati macroscopicamente ma anche ecologicamente data la specificità con la quale le varie specie risultano associate alle diverse essenze arboree, ma la cui posizione sistematica in letteratura non risulta ben definita variando in base allo schema di classificazione proposto dai micologi del passato (MOSE, 1960, 1983, 1986; MOËNNE-LOCCOZ et al., 1990-2001). I vari taxa della sez. *Phlegmacium* (sensu BRANDRUD 1996) appaiono vicini morfologicamente a quelle rientranti nella sez. *Phlegmacioides* (Fr.: Fr.) Brandrud, Lindström & Melot, i quali però differiscono per la pigmentazione bluastra più sostenuta nei giovani esemplari concentrata a livello di velo e margine pileico, la diversa struttura microscopica della cuticola di tipo «simplex» e una reazione agli alcali ben più marcata (BRANDRUD, 1996; SCHMIDT-STOHN et al., 2020). *C. tiliae*, inserito da BRANDRUD in *Cortinarius* sect. *Phlegmacium* subsect. *Triumphantes* Mos. ex Moënné-Locc. & Reumaux, si caratterizza macroscopicamente per il cappello distintamente fibrilloso dotato di colorazioni che spaziano dal giallo ocraceo all'ocra-brunastro, il velo universale bianco/ocraceo che lascia residui velari con aspetto fibrilloso o micaceo al margine del cappello nonché sul gambo e le lamelle tipicamente grigio-violacee. Sul piano microscopico completano la caratterizzazione della specie le spore tendenzialmente amigdaliformi, densamente verrucose dotate di dimensioni $8.5-10 \times 4.5-5.5$ micron e la conformazione della pileipellis di tipo «duplex» con una epicutis di ife cilindracee talvolta incrostate immerse in una matrice gelatinosa e un ipoderma ben differenziato con elementi rigonfi addensati in una matrice brunastra. (BRANDRUD, 1996). Le nostre raccolte di *C. tiliae* risultano nel complesso ben corrispondenti sul piano macroscopico nonché ecologico con la descrizione originale fornita per tale specie (Fig. 1-2). Microscopicamente rileviamo nelle nostre due raccolte spore con valori in larghezza leggermente superiori (Fig. 3) rispetto alle misure riportate da BRANDRUD (1996) inoltre segnaliamo un filo lamellare parzialmente sterile data la presenza piuttosto diffusa di cellule marginali da cilindrico-clavate a lageniformi intercalate ai basidi (Fig. 4). La specie più vicina a *C. tiliae*, almeno macroscopicamente, risultano essere:

- *C. variiformis* Malençon: entità intesa in senso allargato da BRANDRUD (1990-2018) e ritenuta sinonimo prioritario di *C. luteocingulatus* Bidaud & Fillion. Dai recenti studi molecolari *C. variiformis* risulta però un taxon ben differenziato geneticamente con ecologia tipicamente xerofila che lo vede relegato nei boschi a dominanza di *Cistus* dell'areale mediterraneo (SCHMIDT-STOHN et al., 2020). Risulta differenziabile macroscopicamente per la taglia superiore, il cappello non fibrilloso, le lamelle di un color lilla più persistente e il diverso quadro microscopico.
- *C. luteocingulatus* Bidaud & Fillion: se da un lato tale taxon per i nordici rientra nella circoscrizione di *C. variiformis*, per i micologi della scuola francese appare un'entità distinta fra il resto ricombinata più recentemente al rango varietale come *C. variiformis* var. *luteocingulatus* (Bidaud & Fillion, 1992) Bidaud A. Di fatto le intuizioni dei micologi francesi risultano confermate dall'analisi molecolare dalla quale *C. luteocingulatus*

appare un'entità con un distinto profilo genetico, un'ecologia preferenziale nei boschi termofili di *Quercus* sp. (SCHMIDT-STOHN et al., 2020). Macroscopicamente il portamento più slanciato e la taglia inferiore lo differenziano da *C. variiformis*. Rispetto a *C. tiliae*, oltre alle differenze di natura ecologica, troviamo spore di maggiori dimensioni, un cappello che solo raramente appare fibrilloso e una reazione macrochimica positiva al Lugol che sembrerebbe costituire ulteriore carattere discriminante rispetto ai taxa vicini.

- *C. reverendissimus* Bidaud, Moëgne-Locc. & Reumaux: specie piuttosto rara distribuita nelle foreste a dominanza di *Abies* con portamento più massiccio e taglia maggiore caratterizzata macroscopicamente per la presenza di un velo biancastro piuttosto abbondante tendente a discolorire su tinte ocracee, il cappello glabro o finemente fibrilloso e la reazione giallastra al KOH nella carne. Le spore inoltre appaiono di dimensione superiore.
- *C. pini* Brandrud: entità vicina sotto il profilo morfologico a *C. tiliae* per via del cappello distintamente fibrilloso. In questa specie però il velo appare scarsamente sviluppato, le spore risultano più larghe e diversa appare la conformazione dell'epicutis. Questi elementi, unitamente alla diversa ecologia che vede tale specie associata a *Pinus sylvestris*, permettono una chiara differenziazione delle due entità.
- *C. obsoletus* Kühner: seppure simile a *C. tiliae* in virtù delle colorazioni del cappello e delle lamelle, appare in base alla diagnosi originale specie distinta dotata di cappello non fibrilloso, velo generale biancastro e spore di dimensione nettamente superiore.

Se da un punto di vista morfologico nonché ecologico le numerose entità appartenenti alla sez. *Phlegmacium* sensu BRANDRUD (1996) risultano ben caratterizzate e accumulate da tratti morfo-anatomici comuni o parzialmente sovrapponibili, in una prospettiva filogenetica i rapporti filietici all'interno di questo raggruppamento piuttosto ampio appaiono più complessi e attualmente non del tutto risolti (SCHMIDT-STOHN et al., 2020). Infatti le analisi filogenetiche disponibili sembrano contemplare una possibile affinità in seno alle varie entità della sez. *Phlegmacium* secondo BRANDRUD (1996), ma la posizione filogenetica dei vari taxa appare non costante e la risoluzione dei rapporti filietici legata al numero di marcatori molecolari coinvolti nell'analisi o all'ampiezza del dataset oggetto di studio (LIIMATAINEN et al., 2014; GARNICA et al., 2016; SOOP et al., 2019). Dalla più recente analisi multigenica su larga scala di SOOP et al., 2019 traspare la correlazione delle entità della sez. *Phlegmacium* sensu BRANDRUD (1996) e la loro distribuzione su varie linee evolutive formanti i cladi *Obsoleti*, *Varii*, *Arguti*, *Caligati* i quali mostrano a loro volta un'incerta affinità sia con le linee evolutive minori di *C. tiliae*, *C. wiebeae* e *C. pini*, sia con il gruppo *C. populinus*, *C. saginus* e *C. norrlandicus* (LIIMATAINEN et al., 2014; GARNICA et al., 2016; SOOP et al., 2019; SCHMIDT-STOHN et al., 2020). Attualmente queste tre ultime entità appaiono filogeneticamente inserite nella sez. *Phlegmacium* (Fr.) Gillot & Lucand., tipificata da *C. saginus* (Fr.) Fr., la quale raggruppa taxa distribuiti nell'emisfero boreale contraddistinti da un velo generale piuttosto sviluppato giallo-brunastro (SOOP et al., 2019), la cui presenza appare un possibile adattamento a condizioni ambientali tipicamente xeriche (BRANDRUD, 1996). La sequenza ITS di *C. tiliae* prodotta in questo studio risulta identica alle altre quattro sequenze già depositate con tale assegnazione tassonomica, e derivanti da materiale erborizzato in Norvegia. Queste sequenze costituiscono una linea evolutiva distinta formante un clade ben supportato statisticamente (MLB 100 %). Dall'albero filogenetico prodotto (Fig. 5), in accordo con quello multi-marcatore di SOOP et al. (2019) e SCHMIDT-STOHN et al. (2020), sembra essere confermata la possibile affinità di *C. tiliae* con i taxa inseriti nel clade *Varii*, *Arguti*, *Obsoleti*, *Caligati* e la linea autonoma di *C. wiebeae*, ma i rapporti filietici tra questi diversi cladi non sono fortemente supportati dal punto di vista statistico. L'affinità di *C. tiliae* con la specie americana *C. wiebeae* Thiers & A. H. Smith troverebbe inoltre scarsa corrispondenza sul piano morfologico. Dalla lettura della diagnosi originale infatti scaturisce l'identità di una specie a crescita ipogea con connotati morfologici ben distinti da *C. tiliae* a partire dalle colorazioni biancastre del cappello, le lamelle nel giovane color nocciola («.....*Pileus* 6-13



Filogramma: A. Fellin & E. Ercole

Fig. 5 — Filogramma basato sull'analisi di massima verosimiglianza (RA×ML) di sequenze ITS con in evidenza le relazioni filogenetiche tra *C. tiliae* e i taxa dei cladi più affini. Sull'albero sono riportati i valori di MLB ≥ 60 % mentre la lettera T contrassegna la sequenza olotipica. La nuova sequenza derivante dalla raccolta italiana è evidenziata in rosso con il relativo numero di accesso Genbank. Le sequenze di *Cortinarius pini* e *Cortinarius flavivelatus* sono state scelte come outgroup.

em latus, siccus, albus, convexus demum planus, lamellae ferruginosae...») e il velo membranoso ben sviluppato che collega il margine pileico allo stipite. Non trascurabili anche le differenze microscopiche con profilo e dimensioni sporali devianti rispetto a *C. tiliae* e un'ecologia che vede *C. wiebeae* occupare una nicchia ecologica ben distinta (THIERS & SMITH, 1969). Cercando comunque di mettere in luce i connotati d'insieme dei cladi posizionati su linee autonome rispetto a *C. tiliae*, possiamo riassumere quanto segue: il clade *Varii*, ben supportato dai dati molecolari ed elevato al rango di sottosezione (SOOP et al., 2019), circoscrive sette entità di cui sei presenti in Europa le quali, pur esibendo una certa sovrapposizione di caratteri morfologici con i taxa del clade *Obsoleti*, se ne discostano per via della struttura della cuticola pileica, la maggiore persistenza di toni violetti nelle lamelle e la reazione positiva giallastra agli alcali (SCHMIDT-STOHN et al., 2020). Il clade *Arguti* ospita entità diffuse negli ambienti di latifolia e conifere dell'emisfero boreale, a crescita cespitosa con colorazioni chiare, lamelle piuttosto fitte, cappello chiaro o solo leggermente imbrunente con l'età e gambo sovente attenuato verso il basso (SOOP et al., 2019; GARNICA et al., 2005) mentre i membri del clade *Caligati* risultano morfologicamente vicini a quelli rientranti nel clade *Arguti* anch'essi a crescita cespitosa distribuiti nelle foreste di Fagaceae e dotati di velo piuttosto pronunciato. Al di là di queste considerazioni generali, auspichiamo una prosecuzione dello studio dei vari taxa a livello mondiale e un ulteriore approfondimento delle analisi filogenetiche in modo tale che, in base a un approccio di studio di tipo integrato, la comprensione delle dinamiche evolutive in seno alla sez. *Phlegmacium* risulti più chiara.

Ringraziamenti

Un ringraziamento particolare al Gruppo Micologico «G. Bresadola» val di Sole (Trentino Alto Adige-Italia) per il costante supporto.

Bibliografia

- ALTSCHUL, S. F., W. GISH, W. MILLER, E. W. MYERS & D. J. LIPMAN (1990) — Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215 (3):403-410. [https://dx.doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://dx.doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2).
- BRANDRUD, T. E., H. LINDSTRÖM, H. MARKLUND, J. MELOT & S. MUSKOS (1989-2018) — *Cortinarius Flora Photographica*. I–V. Cortinarius HB, Sweden.
- BRANDRUD, T. E. (1996) — *Cortinarius* subgenus *Phlegmacium* Section *Phlegmacium* in Europe. Descriptive part. *Edinburgh Journal of Botany*.
- BRANDRUD, T. E. (1999) — *Cortinarius* subgenus *Phlegmacium* species associated with *Tilia cordata* (and *Corylus avellana*) in SE Norway: A relictual element? *Journ. J.E.C.* 1: 83-88.
- BRANDRUD, T. E., O. HANSEN, A. SVERDRUP-THYGESON & F. ØDEGAARD (2011) — *Kalklindeskog – et hotspot-habitat*. Sluttrapport under ARKO-prosjektets periode II. [English summary]. NINA Rapport 711. 50 s.
- BRANDRUD, T. E. (2015) — *Cortinarius osloensis*. The IUCN Red List of Threatened Species 2015: e.T76196620A76196690. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2015-4.RLTS.T76196620A76196690.en>.
- BRANDRUD, T. E., G. SCHMIDT-STOHN & B. DIMA (2019) — *Cortinarius hildegardiae* and *C. mariekristinae* spp. nov., two new species in the phlegmacioid clade *Humolentes* (sect. *Calochroi* s. l.). *Sydowia* 71: 0115-0127. <https://doi.org/10.12905/0380.sydowia71-2019-0115>.
- CHYTRÝ, M. & J. SÁDLO (1997) — *Tilia* dominated calcicolous forests in the Czech Republic from a Central European perspective. *Annali di Botanica* 55: 105–126.
- FELSENSTEIN, J. (1985) — Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39(4): 783–791. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1985.tb00420.x>.
- GARDES, M. & T. D. BRUNS (1993) — ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology* 2: 113-118.

- GARNICA, S., M. WEISS & B. OERTEL et al. (2005) — A framework for a phylogenetic classification in the genus *Cortinarius* (*Basidiomycota*, *Agaricales*) derived from morphological and molecular data. *Canadian Journal of Botany* 83: 1457–1477.
- GARNICA, S., M. E. SCHÖN & K. ABARENKOV et al. (2016) — Determining threshold values for barcoding fungi : lessons from *Cortinarius* (*Basidiomycota*), a highly diverse and widespread ectomycorrhizal genus. *FEMS Microbiology Ecology* 92(4): fiw045. doi: <https://doi.org/10.1093/femsec/fiw045>.
- HARRY, D., H. THIERS & A. H. SMITH (1969) — Hypogeous *Cortinarii*, *Mycologia*, 61 : 3, 526–536, <https://doi.org/10.1080/00275514.1969.12018766>
- KATO, K. & D. M. STANDLEY (2013) — MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution* 30(4): 772–780. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
- KOZLOV, A. M., D. DARRIBA, T. FLOURI, B. MOREL & A. STAMATAKIS (2019) — RA × ML-NG: A fast, scalable, and user-friendly tool for maximum likelihood phylogenetic inference. *Bioinformatics*, 35 (21): 4453–4455. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz305>.
- KUMAR, S., G. STECHER & K. TAMURA (2016) — MEGA 7 : Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33(7): 1870–1874.
- LIIMATAINEN, K., T. NISKANEN & B. DIMA et al. (2014) — The largest type study of *Phlegmacium* (*Cortinarius*) into the DNA era. *Persoonia* 33: 98–140.
- MOËNNE-LOCCOZ, P., P. REUMAUX & A. BIDAUD (1990–2001) — *Atlas des Cortinaires* 1–11. Annency: Editions Federation mycologique Daupiné-Savoie.
- MOSER, M. (1960) — *Die Gattung Phlegmacium (Schleimkopfe)*. Die Pilze Mitteleuropa, Bd. IV. Bad Heilbrunn: J. Klinkhardt. 440 p.
- MOSER, M. (1983) — *Die Rohrlinge und Blatterpilze*. 5th ed. In: Gams H., ed. *Kleine Kryptogamenflora*, Band II b/2. Stuttgart, New York: G. Fischer. 532 p.
- MOSER, M. (1986) — *Cortinarius and Dermocybe*. In: Singer R., ed. *The Agaricales in modern taxonomy*. 4th ed. Koenigstein, Germany: Koeltz Scientific Books. p 618–656.
- ODASSO, M., M. MIORI & C. GANDOLFO (2018) — *I tipi forestali del Trentino: descrizione e aspetti dinamici*. Trento: Provincia autonoma di Trento. Servizio foreste e fauna, 138 p.
- SCHMIDT-STOHN, G., G. SAAR, K. SOOP, T. E. BRANDUD & B. DIMA (2020) — *Cortinarius* subgenus *Phlegmacium* subsection *Varii* in Europe. *Journ. J.E.C.*: 2749.
- SOOP, K., B. DIMA, J. A. COOPER, D. PARK & B. OERTEL (2019) — A phylogenetic approach to a global supraspecific taxonomy of *Cortinarius* (*Agaricales*) with an emphasis on the southern mycota. *Persoonia*. 42: 261–290.
- VIZZINI, A., M. GELARDI, L. PERRONE, M. CONTU, T.-H. LI, M. ZHANG & W.-Y. XLIA (2014) — A new collection of *Chlorophyllum hortense* (*Agaricaceae*, *Agaricales*) from south-eastern China : molecular confirmation and morphological notes. *Rivista Micologica Romana* 91 (1): 3–19.
- WHITE, T. J., T. D. BRUNS, S. LEE & J. TAYLOR (1990) — *Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics*. In: Innis M. A., D. Gelfand, J. Sninsky & T. White (eds.) *PCR Protocols, a guide to methods and applications*. Academic. Orlando: 315–322.

***Cortinarius* subgènere *Telamonia* secció *Scobinaceiformes* a Europa**

JOSEP BALLARÀ*, RAFAEL MAHIQUES** & ISAAC GARRIDO-BENAVENT***

Rebut el 3 julio de 2021

Resum

Amb aquest article definim la taxonomia i la filogènia de la secció *Scobinaceiformes*, **sect. nov.** (*Cortinarius*, subgènere *Telamonia*), secció que ens sembla delimitada pels caràcters morfològics i, sobretot, per les dades moleculars. En aquesta secció incloem d'inici 6 tàxons, d'ells, tres nous, *C. hispanicus*, **sp. nov.**, *C. leucoscobinaceus*, **sp. nov.** i *C. denigratoides*, **sp. nov.** i d'altres tres ja coneguts, *C. belleri*, *C. denigratus* i *C. scobinaceus*, la majoria europeus, tot i que de ben segur altres tàxons podran incloure's-hi en un futur. Es proposa també aquí un epítip per al *C. scobinaceus*.

Résumé

Cet article traite de la phylogénie et de la taxonomie de la section *Scobinaceiformes*, **sect. nov.** (*Cortinarius*, sous-genre *Telamonia*), que l'on considère bien délimitée par des caractères morphologiques et, surtout, par des données moléculaires. Dans cette section sont identifiées pour le moment six taxons espèces: dont trois sont nouvelles espèces que nous proposons ici, *C. hispanicus*, **sp. nov.**, *C. leucoscobinaceus*, **sp. nov.** and et *C. denigratoides*, **sp. nov.** et trois autres déjà connus, *C. belleri*, *C. denigratus* and *C. scobinaceus*. Toutefois, d'autres taxons y seront prochainement ajoutés en un futur. Un épitype est également proposé pour *C. scobinaceus*.

Zusammenfassung

Wir präsentieren die Taxonomie und Phylogenie der neuen Sektion *Scobinaceiformes*, **sect. nov.** (*Cortinarius*, Untergattung *Telamonia*), eine Gruppe von Arten, die wir durch ihre morphologischen Merkmale und insbesondere durch die molekularen Daten für gut abgegrenzt halten. In diese Sektion schließen wir 6 Arten ein, von denen wir drei hier als neue Arten beschreiben: *C. hispanicus*, **sp. nov.**, *C. leucoscobinaceus*, **sp. nov.** und *C. denigratoides*, **sp. nov.**. Die anderen drei Arten *C. belleri*, *C. denigratus* und *C. scobinaceus* sind schon bekannt und sind mehrheitlich europäisch. Weitere Arten werden sicherlich in naher Zukunft in dieser Sektion hinzukommen. Für *C. scobinaceus* wird hier ein Epitypus vorgeschlagen.

Resumen

Presentamos la taxonomía y la filogenia de la nueva sección *Scobinaceiformes*, **sect. nov.** (*Cortinarius*, subgénero *Telamonia*), sección que consideramos bien delimitada por sus caracteres morfológicos y sobre todo por sus datos moleculares. En esta sección incluimos de entrada

* Josep Ballarà, Tossalet de les Forques, 44. E-08600 Berga. ibcortinarius@telefonica.net

** Rafael Mahiques, Dr. Climent, 26. E-46837 Quatretonda. rmahiquessan@gmail.com

*** Isaac Garrido-Benavent, Departament de Botànica i Geologia, Facultat de Ciències Biològiques, Universitat de València, C/ Doctor Moliner 50, E-46100 Burjassot. Isaac.Garrido@uv.es

6 especies, tres de las cuales son nuevas propuestas que hacemos aquí, *C. hispanicus*, **sp. nov.**, *C. leucoscobinaceus*, **sp. nov.** y *C. denigratoides*, **sp. nov.**, las otras tres ya conocidas, *C. belleri*, *C. denigratus* y *C. scobinaceus*, la mayoría europeas. Con toda seguridad otras especies tendrán cabida, en un futuro próximo, en esta sección. Se propone aquí el epítipo del *C. scobinaceus*.

Riassunto

Presentiamo la tassonomia e la filogenesi della nuova sezione *Scobinaceiformes*, **sect. nov.** (*Cortinarius*, sottogenere *Telamonina*), sezione che riteniamo ben delimitata dai suoi caratteri morfologici e soprattutto dai suoi dati molecolari. In questa sezione includiamo 6 specie, tre delle quali sono nuove proposte che facciamo qui, *C. hispanicus*, **sp. nov.**, *C. leucoscobinaceus*, **sp. nov.** e *C. denigratoides*, **sp. nov.**, gli altri tre già noti, *C. belleri*, *C. denigratus* e *C. scobinaceus*, la maggioranza europea. Altre specie avranno sicuramente un posto in questa sezione nel prossimo futuro. L'epitipo di *C. scobinaceus* è qui proposto.

Summary

The taxonomy and phylogeny of *Cortinarius* sect. *Scobinaceiformes* (*Cortinarius* subgen. *Telamonina*) are presented. This section is well circumscribed by morphological features and also at the phylogenetic level. We identify six species in this section, three of which are proposed as new for science: *C. hispanicus*, **sp. nov.**, *C. leucoscobinaceus*, **sp. nov.** and *C. denigratoides*, **sp. nov.** The other three taxa are *C. belleri*, *C. denigratus* and *C. scobinaceus*. An epitype is proposed for *C. scobinaceus*. More species are expected to be included within this section in the future.

Paraules clau • Mots clés • Schlüsselwörter • Parole chiave • Palabras clave • Key words: *Agaricales*, *Cistus*, *Cortinariaceae*, Iberian Peninsula, nrITS, phylogeny, systematics.

Introducció

Cortinarius subgènere *Telamonina* (Fr.) Trog engloba un grup molt ric en espècies, i degut a la relativa uniformitat i certa monotonia dels seus caràcters i coloracions macroscòpiques, llur diferenciació, divisió i classificació es fa molt difícil, alhora insegura (e.g. GARRIDO-BENAVENT i col·l., 2014, 2016; BRANDRUD i col·l., 2017). Moltes de les espècies friesianes i d'altres autors clàssics de *Telamonina* s.l. han estat diversament interpretades després de la seva primera descripció, ja fós per la simplicitat d'aquella, o per l'evolució i plagi en el temps de la iconografia original, esdevenint amb els anys un veritable garbuig i trencaclosques taxonòmic-nomenclatural, que encara tenim. En el darrer macrotreball d'aquest subgènere (LIIMATAINEN i col·l., 2020) s'aporten nous holotips que permeten un enquadrament de molts tàxons fins aleshores dispersos, dins de seccions filogenètiques, treball que utilitzarem a l'hora de fixar les seccions ADN de diversos tàxons que anirem comparant amb els que ocupen el present treball.

En els darrers anys, la millora i universalització de les tècniques de seqüenciació de l'ADN i l'elaboració de filogènies del marcador nrITS de l'ADN ribosòmic (codi de barres fúngic, SCHOCH i col·l., 2012; GARNICA i col·l., 2016) ha afavorit la delimitació d'espècies de *Telamonina* s.l. a partir de múltiples estudis i treballs, i l'ampliació de mostres dipositades en bases de dades públiques, algunes d'elles holotips o neotips, permetent una comparativa més objectiva entre espècies de diverses procedències.

Ens ocupa el cas d'una petita telamònia, abundant en primavera a tota la Península Ibèrica, sota pins (*Pinus*), alhora amb una cutícula feltrada i unes espores boletoides, que tradicionalment ha estat coneguda com *C. impolitus*, sense convicció. Aquesta suma de caràcters ens feien pensar també en el multipolifacètic *C. diasemospermus*, en *C. scobinaceus*, i amb tàxons d'altres seccions com *C. heterosporus* i *C. fusisporus*, però ajudats per la seqüenciació de llurs regions nrITS, pel coneixement de la seqüència tipus de *C. impolitus* Kauffman (LIIMATAINEN i col·l., 2020), ens

adonem que, a banda ser del tot diferents, també la *Cortinarius* secció *Flexipedes*, on s'encaixa *C. impolitus*, queda allunyada del nostre taxó, en un clade indeterminat fins ara, del qual ens adonem que engloba *C. scobinaceus* Malençon & Bertault, i altres tres taxons que podem definir com a nous, la qual cosa fa que també proposem la definició d'una nova secció per encabir-los, ben suportada alhora per la macroscopia i microscopia i pels resultats de l'estudi filogenètic.

Per les petites mesures d'aquests tàxons i llurs afinitats macroscòpiques i microscòpiques, fins fa poc classificades, sinonimitzades i separades únicament amb l'ajut de la taxonomia, i vistes les disbauxes de les mostres ja seqüenciades, no podem donar cap valor a les múltiples comparatives esdevingudes a la literatura fins fa poc, al no estar suportades filogenèticament. I les mostres que ho aniran estant, animar tothom a intentar conèixer i diferenciar macroscòpicament els tàxons d'aquesta nova secció.

Material I Metodologia

Les col·leccions estudiades han estat examinades macroscòpicament a partir de material fresc i, més tard, completades amb material d'herbari, rehidratat amb NH_4OH al 1% un mínim de 5 minuts. L'estudi microscòpic s'ha dut a terme mitjançant un microscopi NACHET amb òptica de camp clar i de contrast d'interferència diferencial (DIC). L'observació i medicació esporal s'ha realitzat emprant aigua destilada i objectius de 20x, 40x, 60x i d'immersió en oli a 1000x, mesurant un mínim de 30 espores en cada anàlisi, calculant a continuació els valors mitjà, mínim, màxim i el quocient de la longitud per l'amplada ($Q = L/l$). Per las descripcions dels colors hem seguit a SÉGUY (1936), que abreviem 'Ség'. Els materials estudiats estan dipositats als herbaris personals de J. Ballarà (JB), RM. Dähncke (RMD), L. Sánchez (LSS), E. Suárez (H.H.T.S.G.), R. Mahiques (MES), JL. Cheype (CJL), MÀ. Pérez-de-Gregorio (PG), i a l'herbari oficial de la Universitat de València (VAL_Myco).

Extracció, amplificació, seqüenciació de l'ADN, i anàlisi filogenètic

Els diferents passos emprats per l'extracció, amplificació i seqüenciació de l'ADN ja queden especificades en GARRIDO-BENAVENT i col·l. (2016). Els codis de GenBank de les seqüències obtingudes *de novo* en aquest estudi es troben a la Taula 1.

Els electroferogrames es varen comprovar, ensamblar i editar emprant SeqManII v. 5.07 (DNASar Inc.). En primer lloc, varen realitzar-se recerques mitjançant l'algoritme *blastn* als efectes de comprovar la identitat de les noves seqüències nrITS a les bases de dades GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), BOLD (<https://www.boldsystems.org/index.php>) i UNITE (<https://unite.ut.ee/>) i també per descartar la possibilitat de contaminació per altres fongs. A continuació, es va construir el joc de dades moleculars mitjançant la combinació de las seqüències obtingudes a partir dels resultats de *blastn* i les seqüències d'altres taxons telamònia que, de resultes de la seva morfologia semblant, podrien haver estat confoses amb les col·leccions descrites en aquest treball. També tenirem en compte taxons pertanyents a diverses seccions que hi apareixen a la filogènia recentment publicada per LIIMATAINEN i col·l. (2020). Hem prioritzat les seqüències obtingudes a partir de materials que corresponen a un holotip per sobre de la resta de col·leccions. Per a arrelar l'arbre, les espècies *Cortinarius neosanguineus* Ammirati, Liimat. & Niskanen i *C. phoeniceus* (Bull.) R. Maire foren designades com grup extern (*outgroup*). El conjunt de dades completes suma 48 seqüències (Taula 1).

L'alineament es realitzà seguint a BALLARÀ i col·l. (2019). Del resultat se'n distingiren dues particions: la conformada per les subregions nrITS1 i nrITS2, i la 5.8S. Per a inferir el model de substitució nucleotídica òptim per a cadascuna d'elles s'usà el programa PartitionFinder v.1.1.1 (LANFEAR i col·l., 2012) considerant un model amb les longituds de branca lligades i el Criteri d'In-

formació Bayesiana (BIC). El resultat suggerí l'ús del model de substitució *HKY+G* per a la partició nrITS1+2, i el *JC* per a la 5.8S. A continuació, s'implementà una anàlisi Bayesiana a MrBayes v. 3.2.6 al portal virtual CIPRES Science Gateway (MILLER i col·l., 2010; RONQUIST i col·l., 2012). Es corregueren dos anàlisis paral·leles amb quatre cadenes durant 1×10^7 generacions, emprant un arbre inicial aleatori, amb una temperatura per defecte de 0.2 i mostrejant cada 100 passos. Es descartà el 25 % inicial de les dades recopilades, i l'arbre filogenètic consens, amb les corresponents probabilitats posteriors (PP), fou calculat a partir de la resta de dades. Valors d'*Average Standard Deviation of Split Frequencies* (ASDSF) inferiors a 0.01 i de *Potential Scale Reduction Factor* (PSRF) apropant-se a 1.000 foren considerats bons indicadors de la convergència de les cadenes. Darrerament, es dugué a terme una anàlisi filogenètica de màxima versemblança (de l'anglès *Maximum Likelihood*, o ML) mitjançant la versió *on-line* de RAXML-HPC2, que també es troba disponible a CIPRES Science Gateway (STAMATAKIS, 2006; STAMATAKIS i col·l., 2008). El recolzament dels nodes va ser avaluat mitjançant 1000 pseudorèpliques de *bootstrap* (BS). Els arbres filogenètics resultants d'ambdós metodologies d'inferència filogenètica es dibuixaren amb el programa FigTree v. 1.4 (disponible a <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>).

Taula 1. Llistat dels tàxons incorporats a l'estudi filogenètic d'aquest treball, afegint-hi informació sobre l'hàbitat i la localitat prospectada, el codi del recol·lector i/o de l'herbari i el codi de GenBank per la seqüència nrITS. Els espècimens estudiats en aquest treball, així com els codis GenBank de llurs seqüències, estan assenyalats amb negreta. S'assenyalen les mostres corresponents a l'holotip (T), epitips (E), neotip (N) i paratip (P). La informació no disponible s'indica mitjançant N/A. El codi dels països prové de www.country-code.cl/es/.

Espècie	Hàbitat	Localitat (País)	Codi recol·lecció i/o herbari	Codi nrITS GenBank / Unite
<i>Cortinarius andreae</i>	N/A	SE	H. Lindstrom CFP1309	NR_171310
<i>C. belleri</i>	N/A	ES	TUB-011895	AY669685
<i>C. belleri</i>	<i>Cistus salviifolius</i>	ES: La Selva, Blanes	LSS_20171206-7 (VAL_Myco 1647)	MZ474817
<i>C. belleri</i>	<i>Cistus salviifolius</i>	ES: La Selva, Blanes	JB-10375-19 (VAL_Myco 1648)	MZ474818
<i>C. belleri</i>	<i>Cistus monspeliensis</i> i <i>Cistus salviifolius</i>	ES: Maresme, Sant Vicenç de Montalt	JB-8270-14 (VAL_Myco 1649)	MZ474819
<i>C. castaneus</i> (N)	N/A	FR	PC: PML275	MT934954
<i>C. decipiens</i> (N)	N/A	FR: Haute-Savoie	PML366	FN428988
<i>C. decipientoides</i> (T)	N/A	FR	G:367	NR_171321
<i>C. denigratoides</i> (T)	<i>Pinus sylvestris</i>	ES: Cerdanya, Bellver, Nas	JB-8802-16 (VAL_Myco 1650)	MZ474820

Èspècie	Hàbitat	Localitat (País)	Codi recol·lecció i/o herbari	Codi nrITS GenBank / Unite
<i>C. denigratoides</i> (P)	<i>Pinus sylvestris</i>	ES: Cerdanya, Bellver, Olià	JB-8806-16 (VAL_Myco 1651)	MZ474821
<i>C. denigratoides</i>	<i>Pinus pinea</i> , <i>Quercus suber</i> , vora <i>Cistus salviifolius</i>	ES: Maresme, Sant Vicenç de Montalt, Font d'en Grau	LSS_20170406-1	MZ474822
<i>C. denigratoides</i>	Fogueres en bosc de <i>Pinus sylvestris</i>	ES: Terol, Alcalà de la Selva	HHTSG-1128 (VAL_Myco 1652)	MZ474823
<i>C. denigratus</i> (T)	<i>Quercus garryana</i> , <i>Pinus ponderosa</i> , <i>Pseudotsuga menziesii</i>	CA, British Columbia, Salt Spring Island	WTU: M. Beug 02MWB043014	KU041734
<i>C. denigratus</i>	N/A	US	WTU: OC2090812-03	MT935005
<i>C. desertorum</i> (T)	N/A	CZ	PRM:154750	NR_171322
<i>C. diasemospermus</i>	N/A	PL	IK-00239	KX355531
<i>C. diasemospermus</i> var. <i>leptospermus</i> (T)	N/A	SE	S: H. Lindstrom CFP513	MT935010
<i>C. flexipes</i> (T)	N/A	SE	S: H. Lindstrom CFP802	MT935061
<i>C. flexibilifolius</i> (T)	N/A	FR	PC:2003-58	MT935058
<i>C. fulvescens</i>	N/A	CA,	F-17227	GQ159815
<i>C. fusisporus</i> var. <i>olivaceodepressus</i> (T)	N/A	FR	PC:860	NR_171126
<i>C. hemitrichoides</i> (T)	N/A	FR	PC:2157	MT935112
<i>C. heterosporus</i> (T)	N/A	DE	S:F14370	NR_172334
<i>C. hispanicus</i> (T)	<i>Pinus sylvestris</i>	ES: Osca, Jaca, Refugio Mirador Peña Oroel	JB-6985-10 (VAL_Myco 1653)	MZ474824
<i>C. hispanicus</i>	<i>Pinus sylvestris</i>	ES: Terol, Orihuela del Tremedal	MES-4431 (VAL_Myco 1654)	MZ474825
<i>C. hispanicus</i>	<i>Pinus sylvestris</i>	ES: Conca, Tragacete, Rio Cuervo	JB-9409-18 (VAL_Myco 1655)	MZ474826
<i>C. hispanicus</i>	<i>Pinus sylvestris</i>	ES: Conca, Valdemeca, Sierra Valdemeca	JB-9417-18 (VAL_Myco 1656)	MZ474827
<i>C. hispanicus</i>	<i>Pinus sylvestris</i>	ES: Madrid, El Paular, Mirador Robledos	AH-30964	MZ474828
<i>C. hispanicus</i>	<i>Dryas octopetala</i>	ES: Berguedà, Saldes, Serra d'Encija	JB-7510-10	MZ474829
<i>C. impolitus</i> (T)	N/A	US: Michigan	MICH:10366	NR_170848
<i>C. leucoscobinaceus</i> (T)	<i>Cistus salviifolius</i> , <i>Quercus ilex</i> i <i>Q. suber</i>	ES: Maresme, Dosrius	JB-8264-14 (VAL_Myco 1657)	MZ474830

Espècie	Hàbitat	Localitat (País)	Codi recol·lecció i/o herbari	Codi nrITS GenBank / Unite
<i>C. leucoscobinaceus</i>	<i>Cistus salviifolius</i> , <i>C. monspeliensis</i> i <i>Quercus ilex</i>	ES: Maresme, Sant Vicenç de Montalt	JB-10363-19 (VAL_Myco 1658)	MZ474831
<i>C. megacystidiosus</i> (T)	N/A	FR	PC:2009-81	NR_171134
<i>C. neosanguineus</i> (T)	<i>Pseudotsuga menziesii</i> i <i>Tsuga heterophylla</i>	US	H:TN09-130	NR_120149
<i>C. paleaceus</i>	N/A	DK: Gribskov	KF02-28	AJ889974
<i>C. phoeniceus</i> (E)	Bosc de pi en substrat arenós	SE	S:CFP742	NR_157868
<i>C. pinisquamulosus</i> (T)	Bosc de pi en substrat arenós	FI: Koillismaa, Kuusamo, Oulanka biological station	H:6029807	NR_170028
<i>C. roseobrunneus</i> (T)	<i>Quercus</i> sp.	FR: Yvelines, Forêt de Rambouillet	PC: 4707	MT935384
<i>C. scobinaceus</i> (E)	<i>Cistus salviifolius</i>	FR: Vaucluse, Rustrel	CJL081021-03	MZ474832
<i>C. scobinaceus</i>	<i>Cistus monspeliensis</i>	ES: Alt Empordà, Palau-Saverdera	PG081205	MZ474833
<i>C. scobinaceus</i>	<i>Cistus symphytifolius</i>	ES: Illes Canàries, La Palma, Cumbre Vieja	RMD-2833	MZ474834
<i>C. scobinaceus</i>	<i>Cistus laurifolius</i>	ES: Terol, Bronchaes-Orihuela del Tremedal, El Estepar	HHTSG-1139B	MZ474835
<i>C. semivestitus</i>	N/A	US: Washington	H: T. Niskanen 09-121	MT935430
<i>Cortinarius</i> sp.	N/A	CA	UBC: F17230, OC158	GQ159818
<i>Cortinarius</i> aff. <i>belleri</i>	N/A	CA	MLB-2010p	HQ604734
Environmental sample	N/A	IT	N/A	UDB0757596
Environmental sample	<i>Cistus laurifolius</i>	PT	SB1-2cI	HQ625460
Environmental sample	Ectomicorriza de <i>Pinus</i>	N/A	R46	JQ975959

Resultats I Discussió

Estudi molecular

Per a aquest estudi es generaren 19 noves seqüències de nrITS a partir de recol·leccions iberoinsulars. L'alineament generat amb MAFFT constava de 636 caràcters, 113 dels quals eren variables i 87 informatius de parsimònia. A l'anàlisi de MrBayes s'obteniren valors d'*Average Estimated Sample Sizes* (ESS) ben per damunt de 200. L'anàlisi ML va donar com a resultat un arbre filogenètic òptim amb un valor associat de $Ln = -1963.789205$. No s'observà cap conflicte, recolzat estadísticament, entre les topologies obtingudes amb les diferents aproximacions filogenètiques i l'arbre obtingut amb MrBayes es presenta en la Figura 1.

El recolzament estadístic que reberen els clades que configuren les diverses seccions de telamònies segons LIIMATAINEN i col·l. (2020) fou, en general, alt en qualsevol de les dues aproximacions d'inferència filogenètica. N'és el cas de les *Cortinarius* seccions *Megaspori*, *Heterospori*, *Flexipedes*, *Flexibilifolii*, *Sporagniti* i *Castanei*. L'anàlisi Bayesiana recuperarà un clade amb un valor de PP= 1 que inclogué les 19 mostres estudiades en aquest treball, que és el que en aquest treball definim com una nova secció dins *Cortinarius* subgènere *Telamonia* (veure apartat Taxonomia). Al contrari, el valor de *bootstrap* per al mateix clade fou menor al 70%. Així mateix, l'anàlisi Bayesiana recuperarà la nova secció com a germana d'un clade amb tres taxons, dos d'ells configurant la *Cortinarius* secció *Megaspori* i l'altre *C. roseobrunneus* Carteret, amb un valor de PP= 0.98. Aquet

Dins la nova secció de telamònies que proposem, s'inclouen dos espècimens de *C. denigratus* Ammirati, Beug, Niskanen, Liimat. & O. Ceska, un d'ells corresponent al material tipus (KU041734) que, juntament amb una mostra identificada com a *C. fulvescens* Fr. (GQ159815), formen un clade amb alt recolzament (PP=1; BS: 99%). Proper a aquest clade també es troba *Cortinarius belleri* M. M. Moser (AY669685), tot i que aquesta mostra no es correspon amb la del material tipus. D'altra banda, i el que és més important, en aquesta nova secció s'hi troben diversos clades addicionals amb un recolzament elevat per part dels dos mètodes d'inferència filogenètica. Tres d'aquests clades estan configurats per un grapat de col·leccions que es descriuran amb nous epítets específics en aquest treball (veure apartat Taxonomia).

Taxonomia

Cortinarius* secció *Scobinaceiformes* Ballarà, Mahiques i Garrido-Benavent, *sect. nov.

Mycobank: MB840303.

Diagnosis. *Species subgeneris Telamoniae, ex parva magnitudine, brunneis coloribus, velo copioso, sporis boletoidis satis magnis, odore exiguo, habitat praesertim sclerophylo mediterraneo, plerumque in solo acido vel exalcareo. Illae glomeratae sunt eodem clado phylogenetico, ope loco nrITS.*

Typus: *Cortinarius hispanicus* Ballarà, Mahiques & Garrido-Benavent (descriu al present treball/*described in this work*).

Etimologia: «*Scobinaceiformes*» fa referència a que les espècies incloses en aquest grup mostren uns trets comuns que les fan assemblar-se a una espècie ben coneguda als indrets mediterranis, *Cortinarius scobinaceus* Malençon & Bertault.

Característiques essencials de la secció: Petites telamònies brunenques, sovint amb abundant vel general en forma de flocs o fibril·lacions radials sobre el pèu, espores d'allargades a boletoides, hàbitat prioritari primaveral o hivernal, amb substrat acidòfil, i amb hostes diversos, sobretot *Pinus* i *Cistus*.

Altres tàxons englobats dins aquesta secció:

Cortinarius belleri M. M. Moser

Cortinarius denigratoides Ballarà, Mahiques i Garrido-Benavent (descriu al present treball)

Cortinarius denigratus Ammirati, Beug, Niskanen, Liimat. & O. Ceska

Cortinarius leucoscobinaceus Ballarà, Mahiques i Garrido-Benavent (descriu al present treball)

Cortinarius scobinaceus Malençon & Bertault

MycoBank: MB840299. **GenBank nrITS:** MZ474824.

Cortinarius subgènere *Telamonia* secció *Scobinaceiformes*.

Holotypus (here designated): SPAIN, ARAGÓN, Osca, Jaca, Refugio Mirador Peña Oroel, 42° 32' 54" N, 0° 37' 07" W, 1100 m asl, in a neutrophylous *Pinus sylvestris* forest, 08.05.2010, *leg.* J. Ballarà JB-6985-10 (VAL_Myco 1653).

Diagnosis. Basidiocarps small. Pilei 10–30 (40) mm wide, hemispherical at first, umbonate, slightly umbonate when mature; margin incurved, lobed and lacerate with veil remnants; surface hygrophanous, black-brown to brownish, gradually more red-brown, with an abundant whitish veil remains. Lamellae moderately dense, broad, red-brown to orange-brown, edges a little paler. Stipe 20–40 (50) mm long, 2–4 (6) mm thick, cylindrical; surface pale brown, with scarce whitish universal veil, visible at the bottom. Context pale beige, smell slight. Macrochemical reactions: blackish reaction with KOH. Basidiospores elongated, with dimensions of (8) 9.5–10.2–11 (12) × (4.25) 4.5–4.8–5.25 (5.5) µm, subcylindrical, outline fusiform-amygdaliform, Q= (1.7) 1.9–2.1–2.2 (2.3), with medium-sized and dense verrucae. Growing in mountain and subalpine *Pinus sylvestris* neutrophilous or acidophilous forests.

Etimologia: L'epítet «*hispanicus*» es refereix a «Hispania», que és el nom que els Romans donaren a la Península Ibèrica rere la seua arribada i conquesta parcial.

Iconografia: Figures 2–6.

Estudi macroscòpic. Basidiomes gregaris, de mida petita. Pileu de 10–30 (40) mm de diàmetre, inicialment hemisfèrics, umbonats, amb umbó ample, obtús, baix; marge involut, a la fi estès, lobulat i lacerat amb l'edat, amb restes evidents de vel blanquinós; cutícula higròfana, amb tonalitats brunenques, bru rogenc, finalment fortament necropigmentada (Ség. 701-703-708), assecant en tonalitats beix-brunenques, més o menys pàl·lides, i en alguns exemplars traces verdoses a l'umbó. Làmines poc denses, amples, amb lamèl·lules, uncinades, amb una depressió forta, de color inicial ocre brunenc, bru mitjà, bru rogenc (Ség. 193-162-702), a la fi bru fosc, i l'aresta finament serrada, lleugerament més pàl·lida. Estipit cilíndric, llarg, de 2–5 × 30–60 mm, de color bru-beig pàl·lid, amb franges velars blanquinoses, fugaces amb l'edat, disposades a la part baixa. Carn escassa, fibrosa, de color bru beix pàl·lid arreu; sabor suau i olor lleugera, suau o una mica acidulada. *Exsiccata* de color bru rogenc fosc.

Reaccions químiques: fort enfosquiment amb KOH en totes les seves parts, sobretot a la cutícula.

Estudi microscòpic. Basidiòspores de mida mitjana, (8) 9.5–10.2–11 (12) × (4.25) 4.5–4.8–5.25 (5.5) µm, Q= (1.7) 1.9–2.1–2.2 (2.3), llargament subcilíndriques amb extrems més o menys aguts en vista frontal, fusiformes-amigdaloides de perfil, amb apícul més o menys prominent i amb depressió apical evident, de amb ornamentació bastant densa, crostosa, berrugues mitjanes, mig altes, dibuixant un marge lleugerament dentat. Basidis tetraspòrics, de 25–34 × 7–10 µm. Aresta subfèrtil, configurada per abundants cèl·lules marginals cilíndriques-claviformes, de 15–30 × 8–10 µm. Epicutis format per un tramet d'hifes fibul·líferes primes de 3–6 µm d'amplada, amb pigment incrustant brunenc, subcutis poc diferenciat, que progressivament es van eixamplant fins 10–15 µm, amb pigmentació parietal i citoplasmàtica suau, beix brunenca.

Hàbitat: generalment primaveral, en boscos altimontans de *Pinus* i terreny sobretot àcid, encara que sembla adaptar-se també a terrenys més neutròfils. Una col·lecció de finals d'estiu, en estatge alpi i enmig de *Dryas octopetala* i terreny calcari en seria un cas extrem, a dia d'avui.

Material estudiat addicional: ESPANYA: MADRID, El Paular, Mirador de los Robledos, sota *Pinus sylvestris* en sòl àcid, 27.04.1988, *leg.* F. Esteve-Raventós (AH-30694); ARAGÓ, Conca, Tragacete, naixement del riu Cuervo, bosc de *Pinus sylvestris* sobre substrat calcari, 40° 25' 19" N, 1° 53' 48" O, 1460 msnm, 19.05.2018, *leg.* J. Ballarà JB-9409-18 i R. Mahiques (VAL_Myco 1655); Valdemeca, Serra Valdemeca, sota *Pinus sylvestris*, en terreny àcid, 40° 11' 05" N, 1° 45'

60'' O, 1622 msnm, 20.05.2018, *leg.* J. Ballarà JB-9417-18 i R. Mahiques (VAL_Myco 1656); Terol, Orihuela del Tremedal, bosc de *Pinus sylvestris* amb estrat arbustiu de *Quercus pyrenaica*, en sòl àcid, 40° 32' 37'' N, 1° 38' 31'' O, 1450 msnm, 20.05.2011, *leg.* E. Suárez, J. Ballarà i R. Mahiques MES-4431 (VAL_Myco 1654); CATALUNYA, Barcelona, Berguedà, Serra d'Encija, sota la Creu de Ferro, enmig d'un tapís de driades (*Dryas octopetala*), en terreny calcari, 42° 11' 00'' N, 1° 46' 22'' E, 2220 msnm, 26.09.2010, *leg.* J. Ballarà JB-7510-10.

Estudi molecular: La seqüència nrITS obtinguda de la col·lecció tipus, coincideix amb la d'altres cinc mostres hispàniques. Pròxim al clade que configura *C. hispanicus*, trobem dues seqüències de dos cortinaris que no foren inicialment identificats sota un epítet específic concret: l'espècimen la seqüència nrITS del qual és GQ159818 provinent de la Columbia Britànica, a l'Amèrica del Nord, i un altre espècimen, amb seqüència amb codi de GenBank HQ604734, també de la costa oest de l'Amèrica del Nord i que, segons les metadades enregistrades junt a la seqüència, fou inicialment identificat com a *Cortinarius* aff. *belleri*. Caldria estudiar-ne les mostres original per determinar si aquestes americanes s'ajusten al concepte de la nova espècie *C. hispanicus* o representen una nova espècie.

Discussió taxonòmica: Disposem de bastant material iberoinsular recol·lectat aquests darrers anys, sub. nom. *C. impolitus* Kauffman, epítet utilitzat últimament, sobretot des dels treballs de CONTU i LA ROCCA (1999), ORTEGA i col·l. (2006) i BALLARÀ i col·l. (2007), a l'època anterior a l'anàlisi filogenètic, i que s'ha anat utilitzant fins avui; semblava que era una classificació agafada amb pinces, a l'associar-se una espècie típicament primaveral amb un epítet americà, però de l'estudi microscòpic del tipus per ORTEGA i col·l. (2006) s'havia corroborat aquesta sinonímia, com també la que consideraren MOSER i AMMIRATI (1996) amb *C. incisus* (Fr.) ss. Moser, en base a estudiar el tipus de Kauffman amb 2 mostres representatives de l'epítet de MOSER. Creiem que tàxons tant petits, tots ells amb espores allargades i presència de vel, sense ajuda de l'ADN, les possibles diferenciacions macro i microscòpiques resulten banals i insuficients per separar-los amb certesa, cosa que no pot descartar-se de la comparativa *impolitus-incisus* esmentada, sense el seu estudi filogenètic.

És en aquest punt del coneixement, classificació, diferenciació basada en els nrITS, en el qual sabem que el veritable *C. impolitus* Kauffman podem considerar-lo sinònim prioritari de *C. diasemospermus* Lamoure i d'altres epítets posteriors com *C. ammophilus* Pearson, *C. pertristis* Favre, *C. desertorum* (Velen.) Garnier, entre altres, i enquadrant-se en *Cortinarius* secció *Flexipedes* (LIIMATAINEN i col·l., 2020). Aquesta sinonímia no és del tot compartida per KOKKONEN (2020), en base a múltiples seqüències de *C. diasemospermus*, que semblen marcar quatre branques d'allò més properes, i perquè la seqüència del tipus de *C. diasemospermus* és molt curta, i podria obviar-se'n informació; de totes formes ja les engloba en una «coll. *diasemospermus*».

Temps enrera, cercant el tipus de *C. impolitus*, a l'abast solament de personal universitari, professionals o no, com tants d'altres, sí que poguerem obtenir algunes mostres de l'herbari de Montreal classificades i emmagatzemades com a *C. impolitus* Kauffman, i provinents d'indrets propers al tipus de la zona atlàntica del Canadà i dels Estats Units d'Amèrica. Totes cinc mostres tenien en comú un tamany petit i unes espores allargades: un cop seqüenciades, tres de les mostres resultaren ser *C. diasemospermus* Lamoure, a l'igual que el tipus de Kauffman, una quarta mostra s'alineà amb *C. fusisporus* segons AY254877 i una cinquena mostra, la de mida més gran, és diferent i a hores d'ara considerada encara *Cortinarius* sp. Aquest conjunt aleatori creiem també ajuda a confirmar l'autoria de *C. impolitus* Kauffman i es veu que el material iberoinsular és diferenciat d'aquell.

Cortinarius impolitus Kauffman seria el sinònim prioritari de *C. diasemospermus* Lamoure i d'una colla d'epítets posteriors. Repetim que la seqüència nrITS del tipus de *C. diasemospermus* és molt curta, la qual cosa permet alinear solament les bases disponibles, i pot deixar un dubte raonable sobre si les bases que desconeixem l'haurien pogut separar. Podem afegir en base d'estudis propis no publicats, que *C. diasemospermus* sembla un taxó abundant i amplament distribuït, i recordant les paraules de M. BON tot elaborant treballs d'estatge alpi, «un taxó 0–2400 mts.».

El resum telegràfic que ORTEGA i col·l. (2006) feien per enquadrar aquell *impolitus*, com «espècie caracteritzada pel seu creixement sota coníferes de muntanya, primaverl, amb espores estretes, amigdaliformes, algunes boletoides, aquestes amb una Q superior a 2 unitats», veiem que pot aplicar-se tant per *C. hispanicus* com per *C. denigratoides*, d'aquest darrer en parlarem a continuació. En la comparativa tradicional esmerçada per ORTEGA i col·l. (2006), *C. helobius* Romagn. se'n separa per ser més esbelt, làmines més separades, estípit amb la base una mica eixamplada, coloracions bru grogues, espores més amples i de Q menor, i hàbitat de turberes o boscos de ribera (ROMAGNESI, 1952: 59; BRANDRUD i col·l., 1994: C43; BIDAUD i col·l., 1991: f. 124). Si a falta de neotip considerem la posició de les seqüències de GenBank dominants de *C. helobius*, veiem que aquest taxó queda inscrit dins *Cortinarius* secció *Verni* Kytöv., Niskanen & Liimat. *Cortinarius romagnesi* Rob. Henry, de tamany, forma i característiques macroscòpiques semblants a l'anterior, presenta unes espores amb ornamentació més fina i un hàbitat particular, sobre zones cremades, en terreny silícic (ROMAGNESI, 1952: 60, SUÁREZ in BALLARÀ i col·l., 2009: 92). La mostra que *sub. nom. C. romagnesi* va estudiar ORTEGA i col·l. (2006) l'hem pogut seqüenciar, i s'alinea en el taxó que més endavant anomenarem *C. denigratoides*. A falta d'un holotip de *C. romagnesi* ens queda un petit marge de dubte del que podria ser aquell, val a dir que el gènere *Cortinarius* és micorízic, un hàbitat piròfil no li sembla encaixar de cap manera, en pugués ser una descripció parcial o una situació de reservori d'humitat independentment dels arbres micorízogens propers. *Cortinarius robertii* Moënné-Locc. i Reumaux, subordinat segons estudis filogenètics a *C. castaneus* (Bull.) Fr., presenta unes làmines pàl·lides, ocràcies, estípit cilíndric o lleugerament claviforme, carn rosa suau, espores el·líptiques i hàbitat restringit a boscos de ribera, sota *Populus* sp. (MOËNNE-LOCCOZ i col·l., 1990: f. 43); amb la seqüenciació queda allunyat i enquadrat dins *Cortinarius* secció *Castanei*. *Cortinarius andreae* H. Lindstr., presenta coloracions bru-grogues saturades, estípit més o menys atenuat i amb necropigments, olor de fusta de cedre, espores petites, quasi llises (LINDSTRÖM i col·l., 1999) i, junt amb *C. lux-nymphae*, se'ls troba dins *C. secció Sporagniti*.

Comparant amb altres cortinaris amb espores boletoides, es diferencia de *C. aureifolius* Peck i *C. arcanus* G. Moreno, Heykoop i E. Horak, per tenir aquests uns basidiomes de mida clarament superior, colors clarament groguosos o daurats i espores boletoides més allargades. El primer d'ells, enquadrat entorn *Cortinarius* secció *Flexibilifolii* arriba a quocients màxims de $Q = 3.7$, mentre que el camaleònic *C. arcanus*, filogenèticament més llunyà, s'enquadra dins el subgènere *Dermocybe* (MORENO, *com. pers.*). *Cortinarius heterosporus* Bres. in Henning (?= *C. fusisporus* Kühner), amb làmines ocràcies, estípit fusoïde, espores molt estretes, de $(7) 7.5\text{--}10.5 \times 2.5\text{--}3.75 \mu\text{m}$ i hàbitat en boscos sorrencs de *Pinus* sp., avui dia s'enquadra dins *Cortinarius* secció *Heterospori* (veure'n discussió a JACOBSSON i col·l., 2020). *Cortinarius cystidifer* (Velen.) Reumaux presenta unes espores grans, de $10.5\text{--}12.5\text{--}(13.5) \times (5)5.5\text{--}7 \mu\text{m}$, olor de iode i fructificació estiuenca, en terrenys sorrencs prop de *Populus alba*; sobretot per la mida i forma de les espores, pensem pugués tractar-se de *C. diasemospermus* Lamoure, segons REUMAUX (1985). Les espores de *C. cucumisporus* M. M. Moser no són boletoides, el seu hàbitat pot ser alpi, associat a *Salix* i la seva seqüència nrITS diferenciada (veure discussió a ARNOLDS i col·l., 1995). *Cortinarius semivestitus* M. M. Moser, pot assemblar-se-li, però el vel és brunenc, espores més estretes, aresta laminar fèril i l'hàbitat alpi, associat amb *Salix* sp. (CONTU i LA ROCCA, 1999: 11) i la seva seqüència nrITS diferenciada. *Cortinarius scobinaceus* Malençon i Bertault, amb el vel tant o més abundant, el port menor, les espores més grans, sobretot més llargues, hàbitat particular

associat amb *Cistus* sp. (VILA i PÉREZ-DE-GREGORIO in BALLARÀ i col·l., 2009: 107), i la seqüència nrITS diferent.

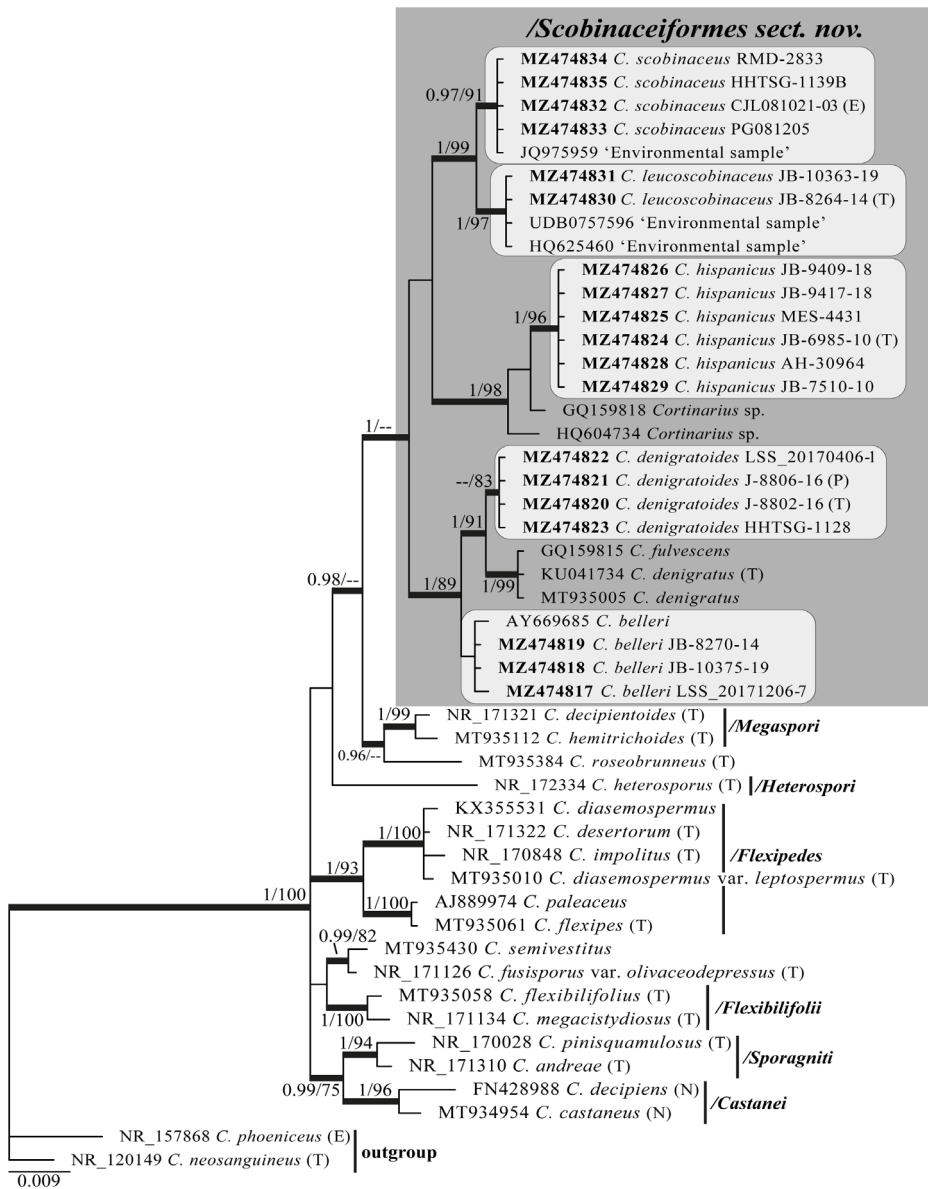


Figura 1. Arbre filogenètic inferit per inferència Bayesiana en MrBayes mostrant les relacions evolutives entre membres de la nova secció *Cortinarius* subgènere *Telamonia* secció *Scobinaceiformes* i espècies que pertanyen a altres seccions. Les branques amb un recolzament estadístic alt (probabilitats posteriors, PP $\geq$ 0.95; *bootstrap*, BS $\geq$ 70%) presenten un gruix superior a la resta. La procedència dels tàxons estudiats s'indica entre parèntesi (H, holotip; N, neotip; E, epítip). Figura: I. Garrido-Benavent.



Foto: Josep Ballarà

Figura 2 — *Cortinarius hispanicus* (Holotip JB-6985-10; codi GenBank nrITS: MZ474824)



Foto: Josep Ballarà

Figura 3 — *Cortinarius hispanicus* (Holotip JB-6985-10; codi GenBank nrITS: MZ474824)



Foto: Josep Ballarà

Figura 4 — *Cortinarius hispanicus* (JB-9409-18; codi GenBank nrITS: MZ474826)



Foto: R. Mahiques

Figura 5 — *Cortinarius hispanicus* (MES-4431; codi GenBank nrITS: MZ474825)

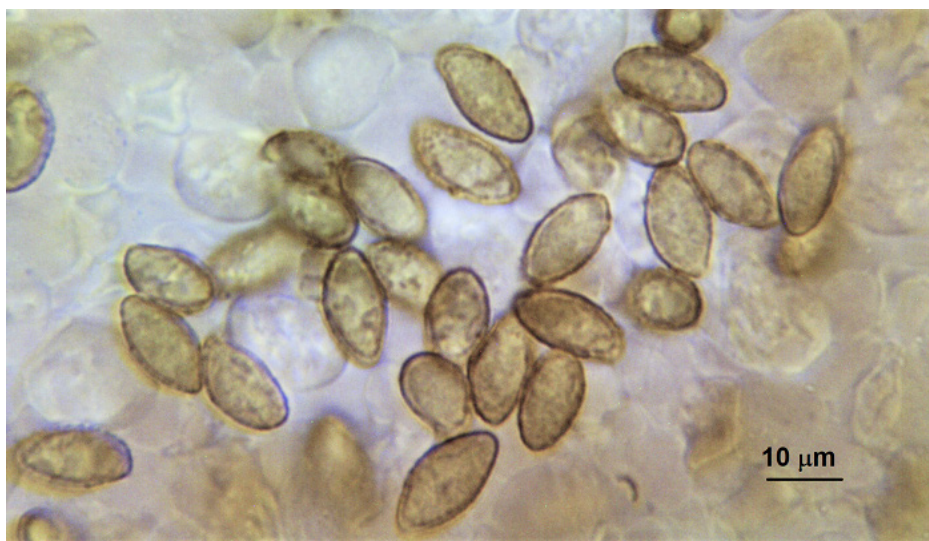


Foto: Josep Ballarà

Figura 6 — *Cortinarius hispanicus*

Detall de les espores (Holotip JB-6985-10; codi GenBank nrITS: MZ474824)

Cortinarius denigratoides* Ballarà, Mahiques i Garrido-Benavent *sp. nov.

Fig. 7-11

MycoBank: MB840300. **GenBank nrITS:** MZ474820.

Cortinarius subgènere *Telamonia* secció *Scobinaceiformes*.

Holotypus (here designated): SPAIN, CATALUNYA, Lleida, Bellver de Cerdanya, in the outskirts of Nas, 42° 21' 06" N, 1° 44' 42" E, 1180 m asl, in a siliceous *Pinus sylvestris* forest, 21.05.2016, *leg.* J. Ballarà JB-8802-16 (VAL_Myco 1650).

Diagnosis. Basidiomata small. Pilei 10–25 (30) mm wide, hemispherical at first, umbonate, umbo acute, low, persistent; margin incurved, lobed and lacerate; surface hygrophanous, black-brown to brownish, gradually pale red-brown, with fine whitish veil remains. Lamellae sparsely dense, brownish to beige-brown, edges of the same color. Stipe 20–40 (50) mm long, 1.5–2.5 (3) mm thick, cylindrical, empty; surface pale brown, ochre at the apex, with a whitish universal veil visible at the bottom. Context pale beige; smell absent. Necropigments present in all parts with age. Macrochemical reactions: blackish reaction with KOH. Basidiospores (9.5) 10.5–11.3–12 (13.5) × (4.75) 5–5.6–6 (6.5) μm, Q= (1.8) 1.9–2.05–2.20 (2.30), elongated, fusiform-amygdaliform, with little-medium sized and dense verrucae. Growing in mountain *Pinus sylvestris* acidophilus forests.

Etimologia: L'epítet "*denigratoides*" indica similitut o proximitat a l'espècie *Cortinarius denigratus* Ammirati, Beug, Niskanen, Liimat. & O. Ceska.

Iconografia: Figures 7–11.

Estudi macroscòpic. Basidiomes gregaris, de mida petita. Pileu de 10–25 (30) mm de diàmetre, inicialment hemisfèrics, umbonats, amb umbó ample, obtús, persistent; marge involut, aviat estès, lobulat i lacerat amb fines restes, evidents, de vel blanquinós; cutícula higròfana, aviat seca, amb tonalitats brunenques, bru negroses en estat hidratat, més pàl·lides, bru ocràcies a l'anar secant, ho fa concèntricament des de la vora; presents fines restes velars, blanquinoses, teranyinoses. Làmines poc denses, amples, amb lamel·lules, uncinades, amb una depressió variable, de

color inicial ocre brunenc, bru mitjà, a la fi bru fosc, i l'aresta sencera, lleugerament més pàl·lida. Estípit cilíndric, llarg, de 1.5–2.5 (3) × 20–40 (50) mm, de color bru-beig pàl·lid, amb franges velars blanquinoses a l'apex i restes a la part baixa. Carn escassa, fibrosa, de color bru beix pàl·lid arreu; sabor suau i olor suau. Presència de necropigments a totes les parts del carpòfor. *Exsiccata* de color bru rogenc fosc.

Reaccions químiques: enfosquiment amb KOH en totes les seves parts, sobretot a la cutícula.

Estudi microscòpic. Basidiòspores de mida mitjana, (9.5) 10.5–11.3–12 (13.5) × (4.75) 5–5.6–6 (6.5) µm, Q= (1.8) 1.9–2.05–2.2 (2.3), llargament fusiformes, amb extrems més o menys aguts en vista frontal, fusiformes-amigdaloides de perfil, amb apícul més o menys prominent i amb depressió apical evident, de amb ornamentació bastant densa, crostosa, berrugues mitjanes, baixes, dibuixant un marge quasi llis. Basidis tetraspòrics, de 30–40 × 8–11 µm. Aresta fèrtil, amb presència de cèl·lules marginals més o menys allargades, cilíndriques o claviformes, de 18–28 × 8–10 µm. Epicutis format per un tramet d'hifes fibul·líferes primes, de fins a 6 µm.; subcutis poc diferenciat, que progressivament es van eixamplant fins a 20–25 µm. d'amplada, amb presència de pigmentació parietal brunenca.

Hàbitat: espècie primaveral, en boscos subalpins de *Pinus sylvestris*, en terreny àcid.

Material estudiat addicional: ESPANYA, CATALUNYA, Lleida, Cerdanya, entorns del poble d'Olià, bosc de *Pinus sylvestris*, en terreny àcid, 42° 21' 13" N, 1° 44' 15" E, 1120 msnm, 21.05.2016, leg. S. Gibert & J. Ballarà JB-8806-16 (VAL_Myco 1651); Barcelona, Maresme, Sant Vicenç de Montalt, Font d'en Grau, bosc de *Pinus pinea* i *Quercus suber*, amb *Cistus salvifolius* propers, en sòl arenós, 41° 35' 20" N, 2° 29' 54" E, 300 msnm, 06.04.2017, leg. J. Martín i L. Sánchez LSS_20170406-1; ARAGÓ, Terol, Alcalá de la Selva, en fogueres en bosc de *Pinus sylvestris*, 40° 23' 28" N, 1° 36' 11" O, 1464 msnm, 23.04.2004, leg. E. Suárez H.H.T.S.G.-1128 (VAL_Myco 1652).

Estudi molecular: La seqüència nrITS de la col·lecció tipus, coincideix amb la d'altres tres mostres hispàniques, una de les quals fou inicialment classificada com a *Cortinarius romagnesianii*, a l'haver estat trobada sobre restes de carbó. *Cortinarius denigratoides* se'n separa per quatre bases a més d'un *indel* de tres bases. El clade on s'ubiquen aquestes mostres només rep el recolzament estadístic de *bootstrap* (BS= 83%), mentre que les PP foren menors a 0.95.

Discussió taxonòmica: Taxó petit, ens consta trobat fins ara la solament a la primavera, que en el moment de la recol·lecció ens va semblar diferent de *C. hispanicus*, sobretot per tractar-se d'uns exemplars més estilitzats i pàl·lids, i la presència de fines restes velars floccoses, poc evidents. L'abundància de restes velars sembla aleatòria, doncs en els exemplars de muntanya les restes floccoses al píleu són febles, i les restes velars a l'estípit són evidents, mentre que les mostres de bosc mediterrani, presenten un vel floccós més abundant al píleu, i els estípits sense zones anulars, la qual cosa fa pensar que si el substracte de fructificació és alt i atapeït, potser el vel queda més circumscrit al píleu. Per l'hàbitat primaveral, pH àcid i espores allargades sí que s'acosta a *C. hispanicus*, però la seqüenciació dels nrITS els separa en 12 bases i sis posicions *indel*, distància constant entre dues branques homògenes. El *blastn* ens reporta a una espècie americana recentment descrita, *C. denigratus* Ammirati, Beug, Niskanen, Liimat. i O. Ceska, amb força afinitats amb el taxó que presentem, i de la qual es disposa de la seqüència de l'holotip per comparar. La descripció justa de l'holotip, la procedència del continent americà, els arbres micorízics diferents, la manca d'altres materials europeus comparables i la uniformitat dels nostres materials europeus vers el material original, ens els fa considerar propers a *C. denigratus*, i pertanyents a la mateixa *Cortinarius* secció *Scobinaceiformes*.



Foto: Josep Ballarà

Figura 7 — *Cortinarius denigratoides*
(Holotip JB-8802-16; codi GenBank nrITS: MZ474820)



Foto: Josep Ballarà

Figura 8 — *Cortinarius denigratoides*
(Paratip JB-8806-16; codi GenBank nrITS: MZ474821)



Foto: L. Sánchez

Figura 9 — *Cortinarius denigratoides* (LSS_20170406-1)



Foto: L. Sánchez

Figura 10 — *Cortinarius denigratoides* Detall espores (LSS_20170406-1)

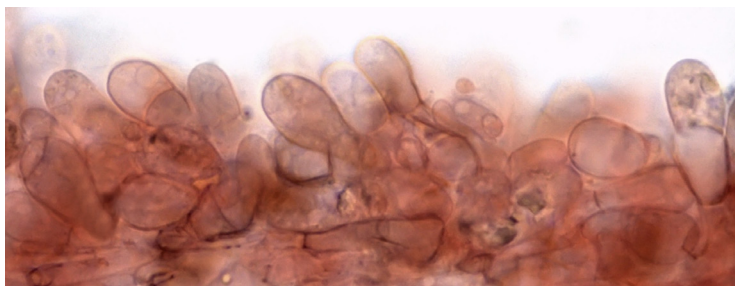


Foto: L. Sánchez

Figura 11 — *Cortinarius denigratoides*
Cèl·lules marginals de l'aresta laminar (LSS_20170406-1)

Mycobank: MB840301. **GenBank nrITS:** MZ474830.

Cortinarius subgènere *Telamonia* secció *Scobinaceiformes*

Holotypus (here designated): SPAIN, CATALUNYA, Barcelona, Maresme, Dosrius, in a siliceous *Cistus salviifolius* meadow, somewhat caespitose, 41° 37' 11" N, 2° 24' 08" E, 280 m asl, 04.01.2014, *leg.* J. Ballarà JB-8264-14 (VAL_Myco 1657).

Diagnosis: Basidiomata small. Pilei 10–15 (20) mm wide, hemispherical at first, sometimes scarcely umbonate, with a low and acute umbo, or finally depressed; margin lobed and lacerate; matte, felted, surface brownish to violet-brown, with abundant whitish veil remnants; necropigments present. Lamellae distant, wide, uncinat, subdecurrent, violet-brown with paler edges. Stipe 15–30 (35) mm long, 1–2 (2.5) mm thick, cylindrical, empty; surface violet-brown, fibrillous, with whitish universal veil visible at the bottom. Context hygrophanous, violet brownish; smell absent. Necropigments present in all parts of basidiomata with age. Macrochemical reactions: blackish reaction with KOH. Basidiospores (10) 11–12.2–14 (15) × (4.75) 5–5.8–6.5 (7) µm, Q= (1.9) 2–2.25–2.45 (2.55), elongated, fusiform-amygdaliform, with little sized and dense verrucae. Growing in Mediterranean acidophilus *Cistus salviifolius* meadows.

Etimologia: L'epítet «*leucoscobinaceus*» indica que l'espècie és semblant a *Cortinarius scobinaceus* Malençon & Bertault però, a diferència d'aquest últim, amb un vel blanquinós (no ocraci).

Iconografia: Figures 12–15.

Estudi macroscòpic. Basidiomes gregaris, de mida petita. Píleu de 10–30 (40) mm de diàmetre, inicialment hemisfèrics, umbonats, sovint amb umbó ample, obtús, baix o absent; marge involut, a la fi estès, lobulat i lacerat amb l'edat, amb restes evidents de vel blanquinós; cutícula higròfana, amb tonalitats brunenques, bru rogenc, finalment fortament necropigmentada, assecant en tonalitats beix-brunenques més pàl·lides. Làmines poc denses, amples, amb lamèl·lules, uncinades o subdecurrents, de color inicial bru-rogenc fosc, bru-terra fosc, amb l'aresta finament serrada i lleugerament més pàl·lida. Estípit cilíndric, o una mica atenuat a la base, llarg, prim, de 1–2 (2.5) × 15–30 (35) mm, de color beix pàl·lid, beix-rogenc amb la manipulació, amb abundants restes velars teranyiformes blanquinoses, fugaces amb l'edat, més visibles al tenyir-se amb les espores madures. Carn escassa, fibrosa, de color bru beix pàl·lid arreu; sabor i olor suaus. *Exsiccata* de color bru rogenc molt fosc.

Reaccions químiques: fort enfosquiment amb KOH a totes les seves parts.

Estudi microscòpic. Basidiòspores de mida gran, (10) 11–12.2–14 (15) × (4.75) 5–5.8–6.5 (7) µm, Q= (1.9) 2–2.25–2.45 (2.6), llargament subcilíndriques amb extrems més o menys aguts en vista frontal, fusiformes-amigdaloides de perfil, amb apícul més o menys visible i amb forta depressió apical, amb ornamentació bastant densa, finament crostosa, berrugues poc altes, dibuixant un marge pràcticament llis. Basidis tetraspòrics, de 28–40 × 8–10 µm. Aresta subfètil, configurada per grans cèl·lules marginals cilíndriques-claviformes, de 18–25 × 7–10 µm. Epicutis format per un tramet d'hifes fibul·líferes primes, de 3–6 µm d'amplada, amb pigment incrustant beix, brunenc, subcutis poc diferenciàt, eixamplant-se progressivament fins a 20–25 µm, amb pigmentació parietal suau, beix ocràcia.

Hàbitat: de finals de tardor, inicis hivern, en praderies de màquia mediterrània obertes, amb abundància de *Cistus salviifolius*, pH àcid i temperatures suaus.

Material estudiat addicional: ESPANYA, CATALUNYA, Barcelona, Maresme, Sant Vicenç de Montalt, prats silícics i sorrencs amb *Cistus salviifolius* i *C. monspeliensis*, propers a *Quercus ilex* i *Q. suber*, 41° 37' 11" N, 2° 24' 08" E, 330 msnm, 23.11.2019, *leg.* J. Ballarà JB-10363-19 (VAL_Myco 1658).

Estudi molecular: La branca de *C. leucoscobinaceus*, amb dues mostres iberoinsulars, una d'elles el tipus, s'alinea amb la mostra de GenBank HQ625460, la qual es corresponen amb una mostra ambiental (*Environmental sample*) obtinguda a partir de sòl associat a una ectomicorriza de *Cistus laurifolius*, a Portugal. La segona mostra ambiental, amb codi UDB0757596 prové d'Itàlia. La seqüència nrITS de *C. leucoscobinaceus* difereix de la de *C. scobinaceus* en quatre bases i un *indel* també de quatre bases.

Discussió taxonòmica: Inicialment, sense la informació proveïda a l'estudi filogenètic, aquests espècimens foren classificats com *C. scobinaceus* Malençon & Bertault pels següents caràcters: la mida petita, el pèileu decorat amb abundants restes velars floccoses, les espores llargament el·líptiques amb Q entorn 2 i l'hàbitat hivernal entre *Cistus* en terreny àcid. Vista la diferenciació donada per l'ADN, en cap cas excepcional però sí consolidada, ens adonem que, a diferència d'altres tàxons on és molt difícil desbrossar espècies macroscòpicament, aquí és possible, doncs el vel general de *C. leucoscobinaceus* és clarament blanquinós, mentre que en aquell és ocraci, i que les espores són tant o més grans i llargues, arribant a $Q=2.6$. Aquesta espècie també queda ben enquadrada a *Cortinarius* secció *Scobinaceiformes*.



Foto: Josep Ballarà

Figura 12 — *Cortinarius leucoscobinaceus*
(Holotip JB-8264-14; codi GenBank nrITS: MZ474830)



Foto: Josep Ballarà

Figura 13 — *Cortinarius leuoscobinaceus*
(Holotip JB-8264-14; codi GenBank nrITS: MZ474830)

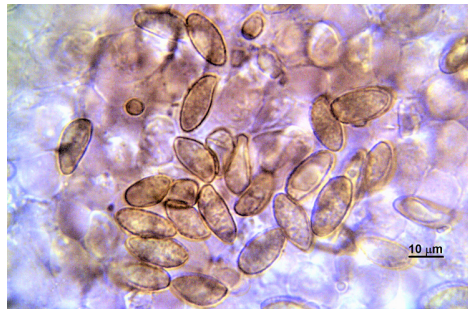


Foto: Josep Ballarà

Figura 14 — *Cortinarius leuoscobinaceus*
(Holotip JB-8264-14; codi GenBank nrITS: MZ474830)

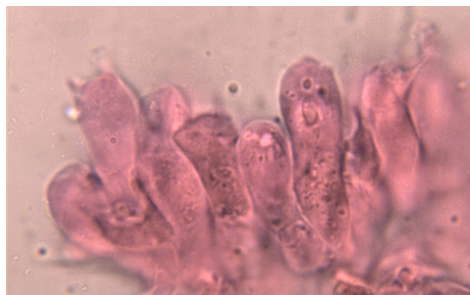


Foto: Josep Ballarà

Figura 15 — *Cortinarius leuoscobinaceus*
(Holotip JB-8264-14; codi GenBank nrITS: MZ474830)

Cortinarius scobinaceus Malençon & Bertault

Fig. 16, 17

Flore des Champignons Supérieurs du Maroc 1: 541, 1970. [MB312131].

Epitypus (here designated): CJL081021-03, FRANCE, Rustrel (Vaucluse), in the ocher quarries, under *Cistus salviifolius*, 43.919476, 5.485675, 450 m a.s.l., 21.10.2008, leg. J.-L. Cheype, epitype Nr. CJL 081021-03.

Mycobank Typification number: MBT10001888.

GenBank: MZ474832.

Description: BIDAUD i col·l. (2010): Pl. 797, f. 1116.

Iconografia: Figures 16–17.

De les múltiples descripcions i classificacions d'aquest petit tàxon, considerant com venim dient que, tant per hàbit com per forma esporal, que ha estat una espècie diversament interpretada, i intentant ser fidels a la descripció original de MALENÇON i BERTAULT (1970), volem epitipificar la col·lecció CJL0811021-03 de l'Atlas des Cortinaires (BIDAUD i col·l., 2010), a l'haver estat seqüenciada i sortir en la branca homogènia de les mostres que considerem representatives; de totes les mostres, considerem que aquesta està ben descrita i iconografiada i forma part d'una publicació ben coneguda. Queda així fixat seqüencialment aquest taxó, permetent d'aquesta manera separar d'una vegada per totes les espècies semblants però diferents a nivell filogenètic, i intentar conèixer-les i definir-les totes elles.

Parlem d'epitipificació, en cap cas neotipificació, doncs encara existeix mostra física del tipus a l'herbari Malençon de la Universitat de Montpellier, tot i que es tracta de material molt escàs i en molt mal estat, cosa que a nosaltres ens ha impossibilitat totalment poder-ne amplificar la regió nrITS.



Foto: Josep Ballarà

Figura 16 — *Cortinarius scobinaceus* (JB-8275-14)

Material estudiat: ESPANYA, ARAGÓ, Terol, Bronchales-Orihuela del Tremedal, El Estepar, comunitats de *Cistus laurifolius*, 40° 31' 54" N, 1° 36' 32" O, 1450 msnm, 11.06.2018, leg. E. Suárez H.H.T.S.G.-1139B; CATALUNYA, Girona, Alt Empordà, Palau-Saverdera, comunitats de *C. monspeliensis*, 42° 18' 48" N, 3° 08' 51" O, 80 msnm, 08.12.2005, leg. M. À. Pérez-de-Gregorio PG-081205; ILLES CANÀRIES, La Palma, Cumbre Vieja, sota *Cistus symphytifolius*, de forma gregària o cepitosa, 28° 34' 14" N, 17° 51' 37" O, 1200 msnm, 01.12.2008, leg. R. M. Dähncke RMD-2833.



Foto: Josep Ballarà

Figura 17 — *Cortinarius scobinaceus* (JB-10399-19)

Cortinarius belleri M. M. Moser

Mycologia Helvetica 1: 4, 1983 [MB107868].

Iconografia: Figura 18.

Fig. 18

Cortinarius belleri és un altre taxó pertanyent a aquesta nova secció, i evolutivament més proper a *C. denigratus* i *C. denigratoides*. També ha estat interpretat i sinonimitzat diversament, però com ja van poder comprovar CONTU i col·l. (1986), aquesta espècie estava directament associada a les cistàcies, i ben present als hàbitats mediterranis, tot i que va ser descrita a les cistàcies atlàniques. No podem confrontar les mostres seqüenciades amb el tipus de *BELLER sub. nom. C. longisporus*, holotip precursor de *C. belleri*, desconeixem si ha pogut ser seqüenciat, però si prenem la mostra AY669685, corresponent a TUB-011895, que ja ha estat usada i pot considerar-se com a representativa d'aquell, les diverses mostres que disposem de la costa mediterrània espanyola, coincideixem amb aquella. Conegudes per les nostres contrades com a *C. cistohelvelloides* pels treballs de ORTEGA i col·l. (2006) i BALLARÀ i col·l. (2007), i a falta de poder comprovar també la seqüència d'aquest taxó de M. BON, des d'ara aconsellarem de nomenar *C. belleri* M. M. Moser a la petita telamònia que fructifica de forma abundant sota cistàcies a finals de tardor o hivern, acompanyant sempre a *C. scobinaceus* i *C. leucoscobinaceus* (Figura 19), però més higròfana,

menys velada i de mida més gran. Per tant i en conclusió, si els resultats de la nostra investigació sobre les mostres de *C. cistohevelloides* del sud d'Europa s'alineen amb la seqüència AY669685 de la mostra TUB-011895 de GARNICA i col·l. (2005), com aquesta respon al nom de *C. belleri* i aquest té preferència nomenclatural sobre el *C. cistohevelloides*, aquest darrer passaria a ser un sinònim posterior del *C. belleri*, com es pot comprovar a l'arbre que aportem.

Material estudiat: ESPANYA, CATALUNYA, Girona, La Selva, Blanes, comunitats de *Cistus salviifolius*, 41° 43' 17" N, 2° 43' 18" E, 50 msnm, 06.04.2017, leg. L. Sánchez LSS_20171206-7 (VAL_Myco 1647); *ibidem*, 41° 43' 17" N, 2° 43' 18" E, 50 msnm, 06.12.2019, leg. J. Ballarà JB-10375-19 (VAL_Myco 1648); Barcelona, Maresme, Sant Vicenç de Montalt, comunitats de *C. monspeliensis* i *C. salviifolius*, 41° 35' 20" N, 2° 29' 54" E, 330 msnm, 04.01.2014, leg. J. Ballarà JB-8270-14 (VAL_Myco 1649).



Foto: Josep Ballarà

Figura 18 — *Cortinarius belleri*
(JB-10375-19; codi GenBank nrITS: MZ474818)



Foto: Josep Ballarà

Figura 19 — Cistàcies silicícoles mediterrànies,
hàbitat de *C. belleri*, *C. leucoscobinaceus* i *C. Scobinaceus*

AGRAÏMENTS

Als company LEANDRO SÀNCHEZ per la cessió de material i l'elaboració de la part microscòpica; a ROSE MARIE DÄHNCKE, ELEAZAR SUÁREZ i MIQUEL ÀNGEL PÉREZ-DE-GREGORIO pel material compartit per a seqüenciar; a ANDRÉ BIDAUD i JEAN-MICHEL BELLANGER per la seva valuosa informació tant de mostres com de procediment. També volem agrair a JEAN-LOUIS CHEYPE l'acceptació a compartir la seva mostra de *C. scobinaceus*; a RAYMOND ARCHAMBAULT, curàtor del Jardí Botànic de Montreal, Canadà, per l'enviament de mostres dipositades com *C. impolitus* Kauffman; i, finalment, a GABRIEL MORENO per les informacions referents a l'holotip de *Cortinarius arcanus*.

Bibliografia

- ARNOLDS, E. & Th. W. KUYPER (1995) — Some rare and interesting *Cortinarius* species associated with *Salix repens*. - *Beih. Sydowia* X: 5-27.
- BALLARÀ, J., J. A. CADIÑANOS AGUIRRE, J. C. CAMPOS, F. ESTEVE-RAVENTÓS, R. FERNÁNDEZ SASIA, C. GUTIÉRREZ, J. HERNANZ, R. MAHIQUES, G. MORENO, A. ORTEGA, F. PALAZÓN, J. DE D. REYES & J. VILA (2007) — *Cortinarius* Ibero-insulares -1-. *Fungi non Delineati*. Pars XLI-XLII. Edizioni Candusso, Alassio (SV).
- BALLARÀ, J., J. A. CADIÑANOS AGUIRRE, J. C. CAMPOS, F. ESTEVE-RAVENTÓS, R. FERNÁNDEZ SASIA, C. GUTIÉRREZ, R. MAHIQUES, A. MATEOS, G. MORENO, A. ORTEGA, F. PALAZÓN, A. PÉREZ, M. À. PÉREZ-DE-GREGORIO, J. DE D. REYES, E. SUÁREZ, V. N. SUÁREZ SANTIAGO & J. VILA (2009) — *Cortinarius* Ibero-insulares -2-. *Fungi non Delineati* Pars XLVIII-XLIX. 248 pp. Edizioni Candusso, Alassio (SV).

- BALLARÀ, J., R. MAHIQUES & I. GARRIDO-BENAVENT (2019) — Alguns cortinaris interessants del catàleg iberoinsular (I). *Journal des J.E.C.* 21: 55-69.
- BIDAUD, A., R. HENRY, P. MOËNNE-LOCCOZ & P. REUMAUX (1991) — *Atlas des Cortinaires*. Pars III. *Les Tueurs*. Ed. Féd. Mycol. Dauphiné-Savoie. Annecy.
- BIDAUD, A., P. MOËNNE-LOCCOZ, P. REUMAUX & X. CARTERET (2010) — *Atlas des Cortinaires*. Pars XIX. Ed. Féd. Mycol. Dauphiné-Savoie. Marlioz.
- BRANDRUD, T. E., B. DIMA, K. LIIMATAINEN & T. NISKANEN (2017) — Telamonioïd *Cortinarius* species of the *C. puellaris* group from calcareous *Tilia* forests. *Sydowia*, 69: 37–45.
- BRANDRUD, T. E., H. LINDSTRÖM, H. MARKLUND, J. MELOT & S. MUSKOS, (1994) — *Cortinarius Flora Photographica*. Vol. III. English version. *Cortinarius* HB.Matfors. Sweden.
- CONTU, M. & C. LAVORATO (1986) — *Cortinarius belleri* Moser. Bolletino Gruppo Micologico G. Bresadola. Trento, XXIX 1-2: 94-97.
- CONTU, M. & S. LA ROCCA (1999) — *Fungi non delineati*, Pars IX. *Entità micologiche rare o interessanti dalla zona mediterranea insulare italiana*. 48 pp. Mykoflora. I-Alassio- (SV).
- GARNICA, S., M. WEIB, B. OERTEL & F. OBERWINKLER (2005) — A framework for a phylogenetic classification in the genus *Cortinarius* (Basidiomycota, Agaricales) derived from morphological and molecular data. *Canadian journal of botany* 83: 1457-1477.
- GARNICA, S., M. E. SCHÖN, K. ABARENKOV & COL·L. (2016): Determining threshold values for barcoding fungi: lessons from *Cortinarius* (Basidiomycota), a highly diverse and widespread ectomycorrhizal genus. *FEMS Microbiology Ecology*, 92: fiw045.
- GARRIDO-BENAVENT, I., J. BALLARÀ & R. MAHIQUES (2014) — *Cortinarius cadi-aguirrei*, un nou tàxon de la secció *Fulvescentes* Melot. *Journal des J.E.C.*, 16: 24–34.
- GARRIDO-BENAVENT, I., J. BALLARÀ & R. MAHIQUES (2016) — Dos nuevas especies de *Cortinarius*, subgénero *Telamonia*, del Parque Natural del Cadi-Moixeró (noreste de la Península Ibérica), basadas en caracteres morfológicos y moleculares. *Journal des J.E.C.*, 18: 66–85.
- JACOBSSON, S. & K. SOOP (2000) — A review of *cortinari* with boletoid spores. *Journal des J.E.C.* 2: 40-60.
- KATOH, K., K. MISAWA, K. I. KUMA & T. MIYATA (2002) — MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. *Nucleic Acids Research*, 30: 3059–3066.
- KOKKONEN, K. (2020) — Diversity of boreal salix species of *Cortinarius* subgenus *Telamonia* with *Salix*. *Karstenia* 58: 60-117. doi:10.29204/ka.2020.489
- LANFEAR, R., B. CALCOTT, S. Y. W. HO & S. GUINDON (2012) — PartitionFinder: combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution* 29: 1695–1701.
- LIIMATAINEN, K., T. NISKANEN, B. DIMA, J. F. AMMIRATI, P. M. KIRK & I. KYTÖVUORI (2020) — Mission impossible completed: unlocking the nomenclature of the largest and most complicated subgenus of *Cortinarius*, *Telamonia*. *Fungal Diversity*, 104: 291–331. <https://doi.org/10.1007/s13225-020-00459-1>
- LINDSTRÖM, H. & K. SOOP (1999) — Quelques petits *Telamonia* calciphiles. *Journal des J.E.C.*, 1: 40-60.
- MALENÇON, G. & R. BERTAULT (1970) — *Flore des Champignons supérieurs du Maroc*. Tome I. Faculté Sciences. Rabat. Maroc.
- MILLER, M. A, W. PFEIFFER & T. SCHWARTZ (2010) — Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. En: *Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE)*: 1–8. New Orleans.
- MOËNNE-LOCCOZ, P., P. REUMAUX & R. HENRY (1990) — *Atlas des Cortinaires*. Pars I. Ed. Fed. Mycol. Dauphiné-Savoie. Annecy-Seynod. France.

- MOSER M. M. & J. F. AMMIRATI (1996) — Studies in North American Cortinariid II. Interesting and new species collected in the North Cascade Mountains, Washington. *Mycotaxon* LVIII: 387-412.
- ORTEGA, A., F. ESTEVE-RAVENTÓS & F. BRUNO NAVARRO (2006) — A re-evaluation of the *Cortinarius scobinaceus* and *Cortinarius impolitus* complex in the Mediterranean area. *Mycologia*, 98(4): 650-658.
- REUMAUX, P. (1985) — Cortinariomania (Première série). *Agarica* 6 (12): 259-280.
- ROMAGNESI, H. (1952) — Deux nouveaux Cortinaires du sous-genre *Hydrocybe*. *Bull. Soc. Nat. Oyonnax* 6: 59-63.
- RONQUIST, F., M. TESLENKO, P. VAN DER MARK & COL-L. (2012) — MrBayes 3.2: Efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61: 539-542.
- SCHOCH, C. L., K. A. SEIFERT, A. HUHNDOFF & COL-L. (2012) — Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 109: 6241-6246.
- SÉGUY, E. (1936) — *Code universel des couleurs*. Paul Lechevalier, Paris. 68 p. +55 pl. en couleurs.
- STAMATAKIS, A. (2006) — RAxML-VI-HPC: Maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models. *Bioinformatics*, 22: 2688-2690.
- STAMATAKIS, A., P. HOOVER & J. ROUGEMONT (2008) — A fast bootstrapping algorithm for the RAxML web-servers. *Systematic Biology*, 57: 758-771.

Erhard Ludwig, Pilzkompodium Band 4 Ergänzungen und Korrigenda

GÜNTER SAAR* & GEERT SCHMIDT-STOHN**

eingegangen am 2. Mai 2021

In Band 4 des Pilzkompodiums von Erhard Ludwig wurden erstmals in dieser Reihe Cortinarien dargestellt. Für die Untergattung *Phlegmacium* haben die Autoren dieses Beitrages dabei mitgewirkt, dass die für die Publikation vorgesehenen Kollektionen sequenziert wurden. Die Ergebnisse dieser Analysen sind bei Ludwig bei den einzelnen Arten unter «Herb. Nr.» angegeben.

Leider ergab die Sequenzierung bei etwa der Hälfte der Kollektionen kein aussagekräftiges Resultat, weil die Exsikkate teilweise in einem schlechten Zustand waren. Diese Kollektionen konnte Erhard Ludwig also nur mit der herkömmlichen Literatur bestimmen. Die Autoren haben diese Bestimmungen mit aktuellen Ergebnissen molekulargenetischer Untersuchungen, die Ludwig noch nicht zur Verfügung standen, abgeglichen und möchten die Ergebnisse den Nutzern des Pilzkompodiums als Kommentare und Namensvorschläge für kritische Arten zur Verfügung stellen. Es handelt sich hier um Einschätzungen der Autoren, nicht um die Ergebnisse erneuter Sequenzierungen der Kollektionen von E. Ludwig.

Kommentare zu einzelnen Arten (in der Reihenfolge der Tafeln)

Tafel 854, 136.3 — *C. glaucescens*: fraglich, möglicherweise auch *C. alcalinophilus*. *C. glaucescens* ist nach unserer Kenntnis ein submediterraner Eichenbegleiter, für den allerdings die negative KOH- Reaktion spricht.

Tafel 858, 136.8.B — *C. sulfurinus* var. *fageticola*: Es handelt sich hier wohl um *C. sulfurinus*, da die ITS-Sequenzen der Funde unter *Fagus* identisch mit der von Funden aus dem Nadelwald sind.

Tafel 860, 136.11 — *C. odorifer*: Diese Kollektion wurde nicht sequenziert. Daher kommt theoretisch auch noch *C. odorifer* var. *luteolus* in Frage. Die Unterscheidung der beiden Taxa beruht überwiegend auf der An-/Abwesenheit von Blau- bzw. Grüntönen in den Fruchtkörpern, was bei *Cortinarius*-Arten nicht immer ein sicheres Merkmal ist.

Tafel 866, 136.19 — *C. cedretorum*: **136.19.A** stellt auf Grund der großen Sporen und des Standorts unter *Fagus* *C. elegantissimus* dar. **136.19.B** ist sehr wahrscheinlich der echte *C. cedretorum*. Dieser hat kleinere Sporen (ca. 12–14 x 7–8 µm) und wächst unter Nadelbäumen (*Abies*, *Cedrus*, *Picea*, *Pinus*).

Tafeln 867 und 868, 136.20 — *C. cedretorum* var. *suberetorum*: der aktuelle Name dieser Art ist *C. bergeronii*. Leider besteht immer noch große Verwirrung um den Namen *C. cedretorum*. Molekulargenetisch lassen sich die beiden Arten (*C. bergeronii* und *C. cedretorum*) klar trennen,

* Günter Saar, Dammenmühle 7, D-77933 Lahr-Sulz, saar.guenter@t-online.de

** Geert Schmidt-Stohn, Burgstr. 25, D-29553 Bienenbüttel; geert.schmidt-stohn@t-online.de

makroskopisch jedoch können sie sich zum Verwechseln ähnlich sehen. Allerdings gibt bereits der Standort einen Hinweis: *C. bergeronii* ist eine submediterrane Art unter *Fagus* und *Quercus*, kommt z. B. aber auch in Buchenwäldern Schleswig-Holsteins vor, während *C. cedretorum* in Symbiose mit Nadelbäumen wächst. Als weitere Verwechslungsart kommt *C. elegantissimus* in Frage. Diese Art ist ein *Fagus*-Begleiter. Am sichersten ist die Trennung anhand der Sporengrößen: *C. elegantissimus* hat Sporen von ca. 12–15 x 8–9,5 µm, *C. cedretorum* von 12–14 x 7–8 µm und *C. bergeronii* von 9–11 x 5,5–7 µm.

Tafel 872, 136.27 — *C. barrentium*: *C. barrentium* ist ein montaner *Abies*-Begleiter. Der Fund von Ludwig läßt sich auf Grund des Standorts und der Sporen eher als *C. moenne-loccozii* oder *C. caeruleo-ochrascens* interpretieren.

Tafel 877, 136.37 — *C. camptoros*: diese Art ist ein montaner *Abies*-Begleiter, daher ist Fund 136.37.A als korrekt benannt anzusehen. 136.37.B stellt eine nah verwandte, neu zu beschreibende Art aus dem Verwandtschaftskreis von *C. camptoros* dar (nach dem Standort, wegen der Farben und der deutlichen Velum-patches auf dem Hut könnte es sich um *C. violaceoserrulatus* nom. prov., im Druck, handeln).

Tafel 878, 136.39.A-B — *C. viridicoeruleus*: aufgrund fehlender Sequenzierung sind die Funde nicht sicher zuzuordnen. Die Artengruppe um *C. viridicoeruleus* umfasst nach neueren Untersuchungen mehrere Arten. Bei den hier dargestellten Kollektionen handelt es sich wahrscheinlich nicht um *C. viridicoeruleus* s. str., sondern möglicherweise um *C. marklundii* nom. prov., im Druck. Ein Aufsatz über die Sekt. *Camptori* ist in Vorbereitung.

Tafel 880, 136.43 — *C. haasii*: wie Ludwig auf S. 626 des Textbandes schreibt, stellt dieser Fund nach Sequenzierung *C. argenteolilacinus* dar (er hatte bei Vorliegen dieses Ergebnisses wohl die Tafel nicht mehr ändern können). *C. haasii* ist eine Art der Sektion *Calochroi* und hat subzitriiforme Sporen.

Tafel 884, 136.48 — *C. pistorius*: E. Ludwig übernimmt hier weitestgehend die Informationen und das Aquarell aus der Monographie von Moser (Die Gattung *Phlegmacium*). Allerdings gibt es bisher zu diesem Namen keine Sequenz bzw. neuere Funde, die auf diese Art gedeutet werden können. Möglicherweise stellt der Mosersche-Fund eine noch nicht beschriebene Art dar. Diese ringförmigen, sporenbesetzten Cortinareste am Stiel stellen nach unserer Einschätzung kein spezifisches Artmerkmal dar, sondern können bei vielen Arten auftreten.

Tafel 888, 136.52 — *C. nymphaecolor*: Nach Sequenzanalyse stellt dieser Fund *C. molochinus*, die Schwesterart von *C. nymphaecolor*, dar. Vor Ort in Urbino war die Kollektion als *C. nymphaecolor* angesprochen worden, was durch die spätere Sequenzierung widerlegt wurde. Das Ergebnis wurde wohl irrtümlich von E. Ludwig nicht übernommen oder war ihm nicht bekannt.

Tafel 889, 136.54 — *C. cisticola*: Dieser Name ist unsicher und da dieser Fund nicht sequenziert wurde, kommen hier mehrere Arten aus der Sektion *Calochroi* infrage.

Tafeln 890 und 891, 136.56 — *C. aleuriosmus*: Alle hier vorgestellten Funde zeigen die Art *C. caroviolaceus*, wie auch die Sequenzierung zeigte. *C. aleuriosmus* ist eine andere Art, die erst wenige Male nördlich der Alpen gefunden werden konnte, und die stark zitriiforme Sporen sowie einen starken Mehlgeruch (ähnlich *Calocybe gambosa*) hat.

Tafel 895, 136.64 — *C. boudieri*: Dieser hier vorgestellte Buchenbegleiter läßt sich auf *C. subalbescens* Reumaux deuten (eine endgültige nomenklatorische Klärung steht noch aus). In der Funga Nordica steht diese Art noch als *C. foetens* M. M. Moser, welche jedoch eine eigenständige Nadelwaldart ist.

Tafel 898, 136.69 — *C. argillopallidus* und **Tafel 900, 136.73** — *C. lutulentus*: Ludwig übernimmt weitestgehend die Informationen und die Aquarelle aus der *Phlegmacium*-Monographie von Moser. Allerdings gibt es bisher zu diesen Namen keine Sequenz bzw. neuere Funde, die auf diese Arten gedeutet werden können. Welche heute akzeptierte Art gemeint war, bleibt spekulativ.

Tafel 901, 136.75 — *C. leochrous*: Aufgrund der kleinen, kaum ornamentierten Sporen und der bitteren Geschmackskomponente handelt es sich sehr wahrscheinlich um *C. olidoamarus*.

Tafel 910, 136.91 — *C. humolens*: Name unsicher. Die Sektion *Humolentes* umfasst mehrere einander sehr ähnliche Arten. Ohne molekulargenetische Untersuchung kommen noch andere Arten wie *C. lavandulochlorus* oder *C. hildegardiae* infrage (BRANDRUD et al., 2019).

Tafel 911, 136.94 — *C. stjernegaardii*: Es handelt sich eher um *C. nanceiensis*. *C. stjernegaardii* ist ein reiner *Tilia*-Begleiter, der bislang außer am Oslo-Fjord nur am Kaiserstuhl, auch unter *Tilia*, gefunden wurde.

Tafel 914, 136.100 — *C. amigochrous*: Wahrscheinlich falscher Name. *C. amigochrous* ist eine Art aus der Sektion *Phlegmacioides* (*Variecolores*). Wegen der auf der Tafel deutlich sichtbaren Fleischverfärbung handelt es sich aber eher um eine Art aus der Sektion *Cyanites*.

Tafel 915, 136.102 — *C. paracephalixus*: Nach neueren Erkenntnissen gibt es hier 2 verwandte Arten unter *Populus*. Dieser hier vorgestellte Fund stellt *C. rioussetiae* dar.

Tafel 918, 136.110B — *C. infractus* fm. *subhygrophanus*: nach Sequenzierung handelt es sich um *C. infracti-obscurus* nom. prov., im Druck (*Myc. Progress*).

Tafel 921, 136.116 — *C. pseudoanomalus*: Wegen fehlender Sequenzanalyse nicht eindeutig zuzuordnen, möglicherweise nur ein *C. serarius*. Ohne Sequenzierung sollte heute keine neue *Cortinarius*-Art mehr beschrieben werden.

Tafel 930, 136.124 — *C. spadiceus* Wegen der gelben KOH-Reaktion im Fleisch eindeutig ein Vertreter der Sektion *Phlegmacioides*, wegen der großen Sporen möglicherweise *C. myrtilliphilus*.

Tafel 936, 136.137 — *C. badiolatus*: Die starken Brauntöne der Fruchtkörper in Kombination mit einer starken KOH-Reaktion sowie der Standort weisen in Richtung *C. chromatophilus*. Nach sequenzanalytischer Untersuchung des Typus von *C. badiolatus* ist dieser Name ein Synonym zu *C. durus*.

Schlussbemerkung und Ausblick

Trotz dieser teils kritischen Anmerkungen muss betont werden, dass Erhard Ludwig mit der Publikation seiner *Phlegmacium*-Aquarelle ein wichtiger Beitrag zur Kenntnis dieser Untergattung von *Cortinarius* gelungen ist. Diese Darstellungen entstanden über viele Jahre hinweg größtenteils auf Tagungen und suchen in der modernen *Cortinarius*-Literatur ihresgleichen. Und dass es bei einer so schwierigen Gattung, deren Taxonomie noch immer stark im Fluss ist, auch zu gelegentlichen Fehlbenennungen kommen kann, ist kaum verwunderlich. Die Exsikkate hat E. Ludwig in der Botanischen Staatssammlung München hinterlegt, so dass diejenigen Exsikkate, bei denen noch keine Sequenzierung gelang, mit moderneren Methoden nachuntersucht werden könnten. Dies wäre dem Werk von E. Ludwig und den Besitzern/Anwendern des Bandes zu wünschen.

Erhard Ludwig hat natürlich nicht nur Phlegmacien aquarelliert und untersucht, sondern hat auch eine große Zahl von Tafeln und Beschreibungen von Arten der Untergattung *Telamonia* s. l. hinterlassen. Auch hier hatte er noch zu seinen Lebzeiten Sequenzierungen veranlasst, deren Ergebnisse den Autoren dieses Beitrages bekannt sind und zur Verfügung stehen. Eine Publikation dieser Tafeln mit den zugehörigen Beschreibungen ist geplant (pers. Mitt. M. Schmidt, Berlin) und lässt sich hoffentlich bald realisieren.

Literatur

- BRANDRUD, T. E., G. SCHMIDT-STOHN & B. DIMA (2019) — *Cortinarius hildegardiae* and *C. mariekristinae* spp. nov., two new species in the phlegmacioid clade *Humolentes* (sect. *Calochroi* s. l.). *Sydowia* 71: 115-127.
- KNUDSEN, H. & J. VESTERHOLT (2012) — *Funga Nordica*. Nordsvamp, Copenhagen.
- LUDWIG, E. (2017) — *Pilzkompendium* Bd. 4, Berlin, Fungicon-Verlag.
- MOSER, M. M. (1961) — *Die Gattung Phlegmacium (Schleimköpfe)*. Die Pilze Mitteleuropas Bd. IV. J. Klinkhardt, Bad Heilbrunn.

**Benvenuti in Italia
Bienvenue en Italie
Willkommen in Italien
Bienvenidos a Italia
Welcome to Italy**



**Convegno 09.10.-15.10.2022
Congrès du 09.10. au 15.10.2022
Tagung 09.10.-15.10.2022
Congresso 09.10.-15.10.2022
Congress 09-10 to 15-10-2022**

**Per ben due anni di fila è stato annullato il congresso annuale delle JEC,
che avrebbe dovuto svolgersi a Ruffré. Siamo fiduciosi che nel 2022
possa definitivamente svolgersi.**

**Le congrès annuel des J.E.C. qui aurait dû avoir lieu à Ruffré a déjà été annulé deux fois.
Nous partons du principe qu'il pourra définitivement avoir lieu à Ruffré en 2022.**

**Zweimal ist der Jahreskongress der J.E.C., der in Ruffré hätte stattfinden sollen, abgesagt
worden. Wir gehen nun davon aus, dass er definitiv 2022 in Ruffré stattfinden kann.**

**El congreso anual de las J.E.C., que tenía que haber tenido lugar en Ruffré,
ha sido cancelado dos veces. Tenemos la esperanza que pueda celebrarse definitivamente
en Ruffré en 2022.**

**The annual congress of the J.E.C., which should have taken place in Ruffré, has been
canceled twice. Now we assume that the congress can definitely be held in 2022.**



Benvenuti al 38° Convegno J.E.C. che si terrà a Ruffré in Alta Val di Non, Italia

**Il Convegno J.E.C. 2022 sarà organizzato a Ruffré, in Alta Val di Non, nella Regione Trentino
- Alto Adige. La sede del convegno sarà l'Hotel Waldheim, situato in un bellissimo ambiente**

montano immerso nel bosco. Le nostre escursioni si effettueranno in località facili da raggiungere ed in boschi ad alta biodiversità. I terreni sono quasi totalmente calcarei e la tipologia forestale è molto variegata: visiteremo boschi subalpini di abete rosso e larice, boschi montani di abete rosso, abete bianco e faggio, boschi di fascia collinare con faggio, carpino e quercia, boschi ripariali. La scelta delle escursioni sarà effettuata in sintonia con la situazione climatica del periodo. Sarà anche organizzato un ricco programma culturale per gli accompagnatori. Il Gruppo di Bolzano e il Gruppo Val di Sole dell'Associazione Micologica Bresadola (AMB) organizzeranno al meglio queste giornate e vi invitano a partecipare numerosi.

Bienvenue aux 38^{es} Journées européennes du Cortinaire à Ruffrè **Alta Val di Non, Italie**

Le congrès aura lieu à Ruffrè, dans le haut Val di Non, dans la région du Trentin-Haut-Adige. Le siège du congrès sera l'Hotel Waldheim, qui se trouve dans un environnement montagnard merveilleux au cœur d'un bois. Les excursions que nous ferons seront dans des lieux faciles à rejoindre et dans des bois à haute biodiversité. Les sols sont presque complètement calcaires et la typologie forestière est très diversifiée : nous visiterons des bois subalpins d'épicéa et mélèze, des bois montagnards d'épicéa, de sapin blanc et de hêtre, des bois dans l'étage collinéen de hêtre, charme et chêne, des bois proches des rivières. Le choix des excursions sera effectué en fonction de la situation climatique de la période. Un vaste programme culturel sera organisé pour les accompagnateurs. L'association mycologique Bresadola groupe de Bolzano et le groupe mycologique Val di Sole organiseront ces journées au mieux et vous invitent à participer nombreux.

Herzlich willkommen zum 38. J.E.C.-Kongress in Ruffrè **Hohes Nonstal, Italien**

Der Kongress der J.E.C. 2022 wird in Ruffrè, im Nonstal, in der Region Trentino-Südtirol, organisiert. Der Kongress findet im Hotel Waldheim statt, das in einer wunderschönen, von Wäldern umgebenen Berglandschaft liegt. Unsere Exkursionen werden an leicht zugänglichen Orten und in Wäldern mit hoher Artenvielfalt stattfinden. Die Böden sind fast vollständig kalkhaltig, und die Waldtypen sind sehr vielfältig: Wir besuchen subalpine Wälder mit Fichten und Lärchen, Bergnadelwälder, Weißtannen- und Buchenwälder, Kollinwälder mit Buchen, Hainbuchen und Eichen, Auwälder. Die Exkursionen werden je nach Wetterlage entschieden. Für Begleitpersonen wird es auch ein reichhaltiges Kulturprogramm geben. Die Ortsgruppen Bolzano-Bozen und Sulzberg (Val di Sole) des Mykologischen Vereines Bresadola werden diese Tage auf bestmögliche Weise organisieren und laden Sie herzlich zur Teilnahme ein.

Bienvenidos/as al 38 Congreso de las J.E.C. en Ruffrè – Alta Val di Non, Italia

El Congreso J.E.C. 2022 se organizará en Ruffrè, en Alta Val di Non, en la Región del Trentino - Alto Adige. La sede del Congreso será el Hotel Waldheim, situado en un hermoso entorno de montaña, rodeado de bosques. Nuestras excursiones tendrán lugar en zonas de fácil acceso y en bosques de gran biodiversidad. Los suelos son mayoritariamente calcáreos y el tipo de bosque es muy variado: visitaremos bosques subalpinos de abeto y alerce, bosques montanos de abeto, abeto plateado y haya, bosques de ladera con haya, carpe y roble y bosques de repoblación. Las excursiones se decidirán conforme a la situación climática del periodo. Paralelamente, también habrá un variado programa cultural para los acompañantes. El Grupo de Bolzano y el Grupo Val di Sole, de la Asociación Micológica Bresadola (AMB) organizarán estas jornadas de la mejor manera posible y les invitan cordialmente a participar.



Welcome to the 38th J.E.C. Congress held in Ruffrè – High Non Valley, Italy

The J.E.C. 2022 Congress will be organized in Ruffrè, in the Non Valley, in the region of Trentino-South Tyrol. The congress will be held at Hotel Waldheim, situated in a beautiful mountain environment surrounded by woods. Our excursions will take place in easy-to-reach places and in forests with high biodiversity. The soils are almost totally calcareous and the forest type is very varied: we will visit subalpine forests of spruce and larch, mountain forests of spruce, silver fir and beech, hillside forests with beech, hornbeam and oak, riparian forests. The excursions will be decided according to the weather of the period. There will also be a rich cultural program for accompanying people. The mycological associations Gruppo di Bolzano and Gruppo Val di Sole dell'Associazione Micologica Bresadola (AMB) will organize these days in the best possible way and warmly invite you to participate.

Abbildungsverzeichnis der Gattung *Cortinarius*

GÜNTER SAAR*

eingegangen am 2. Mai 2021

Die ab 2022 auf der JEC-Webseite aufrufbare Übersicht «Cortinarien-Abbildungsverzeichnis» listet die in Europa nach meinem Wissen molekulargenetisch nachgewiesenen sowie darüber hinaus die mehrheitlich akzeptierten Arten mit ihren jeweiligen Literatur-Angaben auf. Als Grundlage dazu dient überwiegend auf Molekulargenetik basierende Literatur nach der Jahrtausendwende (siehe Literaturverzeichnis) und erhebt von daher keinen Anspruch auf Vollständigkeit. Deren Artauffassung wird weitestgehend übernommen, in wenigen Fällen jedoch nach detaillierter Prüfung neu konzipiert.

Die Tabelle gliedert sich in 8 Spalten. Von links nach rechts findet man neben der laufenden Nummer den aktuell nach dem Index Fungorum gültigen Namen sowie die Angabe, auf welchen Typus sich diese Art begründet. Dann folgt die Angabe, in welcher Sektion diese Art aktuell untergebracht ist (SOOP 2019, NISKANEN 2014, 2020), anschließend Angaben zum Standort, gefolgt von auffälligen Eigenschaften. Dabei bedeutet z.B. «Sporen groß»: Länge über 10 µm, «Sporen klein»: Länge unter 9 µm. In der siebten Spalte findet man – im Gegensatz zu dem ähnlich lautenden Werk von Bollmann/Gminder/Reil von 2002 – nur Verweise auf Abbildungen/Beschreibungen von molekulargenetisch gesicherten Aufsammlungen. In der achten und letzten Spalte weisen die Angaben unter «möglicherweise korrekte Bestimmung» auf diejenigen Abbildungen hin, auf denen Arten mit recht klaren Merkmalen zu sehen sind und die von daher auch ohne sequenzanalytischen Nachweis mit vertretbarer Sicherheit bestimmt sind. Als Beispiele seien hier *C. elegantissimus* (Laubwald, positive Laugenreaktion, sehr große Sporen), *C. praestans* (sehr große Fruchtkörper, Standort im Kalk-Laubwald) oder *C. armillatus* (rotes Velum und Standort bei Birke) aufgeführt. Hier habe ich bewusst keine Abbildungen aufgenommen, die nach heutigem Wissensstand einen Restzweifel an der Artbestimmung erkennen lassen.

Zeilen in Kursivschrift weisen auf ein Taxon mit kritischem Artstatus hin, das sich nur durch wenige Basenpaare von der Schwesterart unterscheidet, aber kaum ökologische oder morphologische Unterschiede aufweist und von daher möglicherweise in die Synonymie fallen wird.

Mit dieser Übersicht soll dem Suchenden nach Durchlauf von Bestimmungsschlüsseln die Möglichkeit an die Hand gegeben werden, einen Vergleich seines Fundes mit einer abgesicherten Kollektion durchführen zu können. Die Tabelle soll in etwa jährlichem Rhythmus nach Stand der molekulargenetischen Erkenntnisse aktualisiert werden.

Die Gattung *Cortinarius* bleibt auch nach molekulargenetischer Aufarbeitung schwierig in der Artbestimmung und wird das auch noch einige Jahre bleiben. Leider fehlt aktuell ein umfassender Bestimmungsschlüssel, der die vielen Ergebnisse molekulargenetischer Untersuchungen eingearbeitet hätte. In vielen Fällen, speziell in der Untergattung *Telamonia*, wird man bei der Bestimmung seines Fundes bei einem Aggregat mehrerer (semi)kryptischer Arten landen. Die genaue Determinierung wird dann ohne Molekularanalyse nicht möglich sein.

* Günter Saar, Dammenmühle 7, D-77933 Lahr-Sulz, saar.guenter@t-online.de

Rückmeldungen und Fragen, Hinweise und Kritik sind sehr erwünscht und bitte an folgende E-Mail-Adresse zu richten: saar.guenter@t-online.de

Für wertvolle Diskussion und Kommentare danke ich recht herzlich Bernd Oertel (Alfter), Matthias Dondl (München), Gunnar Hensel (Merseburg), Geert Schmidt-Stohn (Bienenbüttel), Uwe Winkler (Konstanz) und ganz besonders Jesko Kleine (Leipzig), der mit akribischer Geduld und seiner Fachkompetenz sowohl im Artverständnis als auch bei nomenklatorischen und taxonomischen Fragen dazu beigetragen hat, dass dieses Abbildungsverzeichnis ohne grobe Fehler seinen Dienst versehen wird.

Index des illustrations du genre *Cortinarius*

GÜNTER SAAR

Reçu le 2 mai 2021

(Traduction de Jean Rovéa)

Le tableau intitulé «Index des illustrations des cortinaires» qui sera consultable à partir de 2022 sur le site des JEC liste les espèces qui, autant que je sache, sont attestées en Europe par la génétique moléculaire, ainsi que celles qui sont majoritairement admises, avec les données bibliographiques correspondantes. Ce travail s'appuie principalement sur la littérature d'après le changement de millénaire basée sur la génétique moléculaire (voir la bibliographie) et ne prétend donc pas à l'exhaustivité. On reprend dans une large mesure la conception d'espèce de cette littérature, mais dans quelques cas on la modifie après une étude détaillée.

Le tableau comporte 8 colonnes. De gauche à droite on trouve à côté du numéro d'ordre le nom actuellement valide d'après l'Index Fungorum ainsi que l'indication du type sur lequel l'espèce se fonde. Puis vient l'indication de la section dans laquelle l'espèce est actuellement rangée (SOOP 2019, NISKANEN 2014, 2020), puis des indications sur l'habitat, suivies de caractères remarquables. Par exemple, « grandes spores » signifie alors longueur supérieure à 10 µm, « petites spores » longueur inférieure à 9 µm. Dans la septième colonne, on trouve seulement – contrairement à ce qui se passe dans l'ouvrage homonyme de Bollmann/Gminder/Reil de 2002 – des renvois à des illustrations ou descriptions de récoltes validées par la génétique moléculaire. Dans la huitième et dernière colonne, les mentions « détermination possiblement correcte » renvoient aux illustrations montrant des espèces présentant des caractères très clairs et qui sont donc déterminées avec certitude sans recours à un séquençage. Comme exemples, citons ici *C. elegantissimus* (sous feuillus, réaction positive aux bases, très grandes spores), *C. praestans* (très gros carpophores, sous feuillus calcicoles) ou *C. armillatus* (Voile rouge, habitat sous bouleau). Je n'ai volontairement pas retenu ici d'illustrations qui, d'après l'état actuel des connaissances, laissent subsister un doute sur la détermination de l'espèce.

Les lignes en italique renvoient à un taxon de statut spécifique critique, qui ne se distingue de l'espèce sœur que par quelques bases constitutives, mais présente à peine de rares différences écologiques ou morphologiques et peut donc tomber en synonymie.

Après avoir parcouru les clés de détermination, le chercheur doit trouver dans ce tableau la possibilité de procéder à une comparaison de sa trouvaille avec une récolte confirmée. Il est prévu d'actualiser le tableau d'après les apports de la génétique moléculaire sur un rythme à peu près annuel.

Même après son traitement par la génétique moléculaire, la détermination des espèces du genre *Cortinarius* reste difficile et le sera encore pendant quelques années. Malheureusement, il manque actuellement une clé de détermination générale qui aurait intégré les nombreux résultats des recherches de génétique moléculaire. Dans de nombreux cas, particulièrement dans le sous-genre *Telamonia*, on aboutira, en voulant déterminer sa récolte, à un agrégat de plusieurs espèces (semi) cryptiques. La détermination exacte ne sera alors plus possible sans analyse moléculaire.

Vos réactions, questions, suggestions et critiques sont vivement souhaitées. Prière de les envoyer à l'adresse suivante : saar.guenter@t-online.de

Pour leurs précieuses discussions et leurs commentaires, je remercie très vivement Bernd Oertel (Alfter), Matthias Dondl (München), Gunnar Hensel (Merseburg), Geert Schmidt-Stohn (Bienenbüttel), Uwe Winkler (Konstanz) et tout particulièrement Jesko Kleine (Leipzig), qui, grâce à sa patience et sa minutie, sa compétence aussi bien en matière d'espèces que de questions nomenclaturales et taxinomiques, aura permis que cet index d'illustrations remplisse sa fonction sans erreurs grossières.

Demande d'adhésion aux Journées européennes du Cortinaire

Je soussigné demande mon admission aux « Journées européennes du Cortinaire »

Date d'admission souhaitée

☐ 1er janvier 20....

Association/Institut

Nom

Prénom

Date de naissance

Profession

Adresse

Code postal et ville

Pays

Téléphone

Télécopie

Courrier électronique

Le àSignature :

Envoyer ce formulaire à: Oswald Rohner, P.O. Box 450, CH-8840 Einsiedeln

Antrag auf Mitgliedschaft in der Vereinigung Journées européennes du Cortinaire

Ich beantrage hiermit die Mitgliedschaft in der Vereinigung « Journées européennes du Cortinaire »

Datum des gewünschten Mitgliedschaftsbeginns: ☐ 1. Jan. 20....

Vereinigung/Institut

Name

Vorname

Geburtsdatum

Beruf

Adresse

Postleitzahl/Ort

Land

Telephon

Telefax

E-mail-Adresse

.....
Ort

.....
Datum

.....
Unterschrift

Bitte senden an Oswald Rohner, P.O. Box 450, CH-8840 Einsiedeln

Domanda di adesione come Socio all'Associazione Journées européennes du Cortinaire

Chiedo di essere iscritto come Socio all'Associazione « Journées européennes du Cortinaire »

Data inizio iscrizione: ☐ 1° Gen. 20....

Associazione/Istituto

Nome

Cognome

Data di nascita

Professione

Indirizzo

Codice postale/Luogo

Stato

Telefono

Telefax

Indirizzo E-mail

.....
Luogo

.....
Data

.....
Firma

Prego inviare a Oswald Rohner, P.O. Box 450, CH-8840 Einsiedeln

Petición de adhesión como socio de la Asociación “Journées européennes du Cortinaire”

Pido ser inscrito como socio de la Asociación « Journées européennes du Cortinaire »

Fecha inicial de inscripción:

☐ 1º Enero 20.....

Asociación/Instituto

Nombre

Apellidos

Fecha de nacimiento

Profesión

Dirección

Código postal/Ciudad

País

Teléfono

Fax

Dirección E-mail

.....
Ciudad

.....
Fecha

.....
Firma

Ruego enviar a Oswald Rohner, P.O. Box 450, CH-8840 Einsiedeln

Application for Membership in the Association Journées européennes du Cortinaire

Herewith I apply for membership in the Association « Journées européennes du Cortinaire »

Date of the desired membership beginning: ☐ 1st Jan. 20....

Association / institute

Name

First name

Date of Birth

Profession

Address

Postal Code / City

Country

Telephone

Fax

E-mail

.....		
Place	Date	Signature

Please send to Oswald Rohner, P.O. Box 450, CH-8840 Einsiedeln

Païement de la cotisation annuelle aux J.E.C. : Recommandations importantes

Wichtige Hinweise zur Bezahlung des J.E.C.-Jahresbeitrages

Raccomandazioni per il pagamento della quota associativa annuale J.E.C.

Pago de la cotización anual a las J.E.C. : Recomendaciones importantes

Important payment information for the annual J.E.C.-membership-fee



La cotisation annuelle de 2019, 2020 et 2021 s'élève à € 40,00 (CHF 45.00) pour un adhérent individuel. Dans le cas d'une adhésion de couple, la cotisation annuelle pour 2019, 2020 et 2021 est de € 60,00 (CHF 65.00), mais ne donne droit qu'à un exemplaire du *Journal des J.E.C.*



Der Jahresbeitrag für 2019, 2020 und 2021 beträgt für ein Einzelmitglied je € 40,00 (je CHF 45.00). Bei einer Zweier-Mitgliedschaft beträgt der Jahresbeitrag für 2019, 2020 und 2021 je € 60,00 (je CHF 65.00), aber mit nur einem *Journal des J.E.C.*



La quota associativa per l'anno 2019, 2020 e 2021 ammonta a 40,00 € (CHF 45.00) per una adesione individuale. Nel caso dell'adesione di una coppia, la quota associativa per il 2019, 2020 e il 2021 è di 60,00 (CHF 65,00), ma dà diritto ad un solo esemplare del *Journal des J.E.C.*



La cuota asociativa para los años 2019, 2020 y 2021 sube a un total de 40,00 € (CHF 45.00) para un solo miembro. Caso de ser dos miembros con derecho a un solo ejemplar del *Journal des J.E.C.*, sube a 60,00 € (CHF 65.00).



The annual fee 2019, 2020 and 2021 for a single membership is € 40,00 (CHF 45.00) and € 60,00 (CHF 65.00) for a double membership with only one copy of the journal.

Païements/Zahlungen/pagamenti/pagos en/payments en/in EUROS	
Journées Européennes du Cortinaire J.E.C. , 27, rue du Commandant François, F-67100 Strasbourg	
IBAN (code internat. banque/ internat. Bankverb./coord. bancaire internaz./código de la cuenta banc. intern./international bank account details)	CH52 0078 4289 3155 7200 2
BIC (SWIFT-Code)	KBTGCH22
Clearing-No.	784
Thurgauer Kantonalbank, Frauenfelderstrasse 2, CH-8555 Müllheim Dorf	

Païements/Zahlungen/pagamenti/pagos en/payments en/in CHF	
Journées Européennes du Cortinaire J.E.C. , 27, rue du Commandant François, F-67100 Strasbourg	
IBAN (code internat. banque/ internat. Bankverb./coord. bancaire internaz./código de la cuenta banc. intern./international bank account details)	CH79 0078 4289 3155 7200 1
BIC (SWIFT-Code)	KBTGCH22
Clearing-Nr.	784
Thurgauer Kantonalbank, Frauenfelderstrasse 2, CH-8555 Müllheim Dorf	

Sommaire – Inhaltsverzeichnis

page/Seite

J.-M. BELLANGER, A. BIDAUD & P.-A. MOREAU	<i>Cortinarius subturibulosus</i> : « Illumina »-tion d'un champignon de l'adaptation	3
J. DE DIOS REYES & A. MATEOS	<i>Cortinarius maginensis</i> , nueva especie de la sección <i>Bovini</i> del área Mediterránea	16
A. FELLIN, E. ERCOLE & R. J. FERRARI	Osservazioni su <i>Cortinarius tiliae</i>	28
J. BALLARÀ, R. MAHIQUES & I. GARRIDO-BENAVENT	<i>Cortinarius</i> subgènere <i>Telamonia</i> secció <i>Scobinaceiformes</i> a Europa	39
G. SAAR & G. SCHMIDT-STOHN	Erhard Ludwig, Pilzkompedium Band 4 Ergänzungen und Korrigenda	65
C. ROSSI	Benvenuti in Italia al Convegno 2022 Bienvenue en Italie pour le congrès de 2022 Willkommen in Italien zum Kongress 2022 Bienvenidos a Italia para el congreso de 2022 Welcome to Italy for the 2022 Congress	69

INFORMATIONS/INFORMATIONEN

G. SAAR	Abbildungsverzeichnis der Gattung <i>Cortinarius</i>	72
G. SAAR	Index des illustrations du genre <i>Cortinarius</i>	73
	Demande d'adhésion aux J.E.C.	75
	Antrag auf Mitgliedschaft in der J.E.C.	76
	Demanda di adesione come Socio all'Associazione J.E.C.	77
	Petición de adhesión socio des la Asociación Journées européennes du Cortinaire	78
	Application for Membership in the Association Journées européennes du Cortinaire	79
	Paiement de la cotisation annuelle aux J.E.C. recommandations importantes	81
	Wichtige Hinweise zur Bezahlung des J.E.C.-Jahresbeitrages	81
	Raccomandazioni importanti per il pagamento della quota associativa J.E.C. annuale	81
	Pago de la cotización anual a las J.E.C.: Recomendaciones importantes	81
	Important payment information for the annual J.E.C.-membership-fee	81

Gesamtherstellung: Dipdruck Brunico
Imprimé en Italie 2021
© Association des Journées européennes du Cortinaire