

CONFEDERATIONIS EUROPAEAE MYCOLOGIAE MEDITERRANEENSIS

2021



Éds. C.E.M.M. 2021

Associazione micologica
Tartufi & Tartufai del Pollino e delle Serre



XXVII Giornate Micologiche C.E.M.M.

Marina di Sibari (Cs) - 6/12 ottobre 2019

Éditions de la Confédération Européenne de Mycologie Méditerranéenne
60 Bd Risso, F-06300 Nice (France)

Annales Confederationis Europaeae Mycologiae Mediterraneensis 2019 (2021)
Dépot légal de l'Internet

ISBN 978- 2-9539393-2-3

REFERENZE FOTOGRAFICHE

- Pagg. copertina, retro copertina, 18, 24, 25, 30, 31, 36, 37, 42, 43, 46, 47, 52, 53, 58, 59, 62: Antonio De Marco
- Pagg. 12, 13, 15, 23, 29, 35, 38, 41, 45, 51, 54, 56, 57: Andrea Vacchiano
- Pagg. 20, 22, 26, 28, 32, 34, 40: Gilberto Peroni

ELABORAZIONE DEI TESTI

- Antonio De Marco, Andrea Vacchiano, Mario Galima, Giovanni Amato, Domenico Martire

REVISIONE SCIENTIFICA E DEI TESTI

- Alessandra Zambonelli, Federico Puliga, Antonio De Marco, Andrea Vacchiano

GRAPHIC DESIGN E IMPAGINAZIONE

- Ivana Pugliese

Indice

Minerva Club Resort & SPA	6
Prefazione del Presidente MARIO GALIMA	7
Programma complessivo delle attività	9
Conferenze e convegni	11
Parco Nazionale del Pollino	12
Itinerari	18
1. COLLE MARCIONE - PIANO RATTO	20
2. FIUMARELLA DI ROSSALE	26
3. CAMPIGLIONE - BOSCO DI DONNA CALDA	32
4. PIANO DI CAMPOLONGO	38
5. CASTAGNETO DI MORMANNO	44
6. MONTE CERVIERO - BOSCO CARDONE	48
7. PIANO DI NOVACCO/PIANO DI MASISTRO	54
8. VALLE DEL SERRAPOTOMO	60
Elenco delle specie epigee trovate	63
Aurelia PAZ CONDE , Claude LAVOISE , Pascal CHAUTRAND , Monica SLAVOVA , Marco MORARA , Alessandra ZAMBONELLI Recoleciones de hongos hipogeos efectuadas durante XXVII Giornate Micologiche CEMM (2019)	71
Relazioni scientifiche	77
Vladimir ANTONIN Phylogeny of the genus <i>Gymnopus</i> s.l. (Basidiomycota) with an emphasis to European taxa	78
Mirco IOTTI Passato, presente e futuro della tassonomia e sistematica fungina con esempi relativi al genere <i>Tuber</i>	84
Domizia DONNINI , Giorgio MAROZZI , Leonardo BACIARELLI FALINI La tartuficoltura in Italia: le piante tartufigene	100
Alessandra ZAMBONELLI , Federico PULIGA Tartufi nel mondo, uso in cucina e coltivazione	108

Marco LEONARDI	
Frugando negli erbari: come i metodi molecolari applicati a vecchi campioni possono permettere di risolvere questioni tassonomico-sistematiche	117
Hana ŠEVČIKOVA	
European <i>Pluteus</i> , old forgotten names and new species	125
Federazioni associate C.E.M.M.	126

Minerva Club Resort Golf & Spa
Località Salicetta - Marina di Sibari (Cs)
sito web: www.minervclubresort.it



Prefazione del Presidente Mario Galima

Cari amici,

siamo stati davvero onorati della presenza di tutti voi, in occasione dell'importante edizione internazionale delle "XXVII Giornate Micologiche C.E.M.M. e XXII Seminario U.M.I." (-CEMM Confederazione Europea di Micologia Mediterranea -UMI Unione Micologica Italiana) che si sono tenute dal 6 al 12 ottobre 2019 nel territorio calabro lucano del Parco Nazionale del Pollino.

Location di residenza della manifestazione è stata il Minerva Club Resort Golf di Sibari e, realizzata, come co-evento, dall'Associazione "Tartufi e Tartufai del Pollino e delle Serre" e dell'Ente Parco Nazionale del Pollino.

All'evento si sono iscritti in 130 tra micologi e tanti appassionati, provenienti da diverse nazioni europee (Italia, Repubblica Ceca, Bulgaria, Spagna, Francia, Norvegia Portogallo, Belgio) che hanno studiato, con grande dedizione ed estrema professionalità, le specie fungine presenti nel nostro Parco, sia epigee che ipogee. Sono intervenuti alle conferenze scientifiche, organizzate durante tutte le giornate della manifestazione, oltre 10 ricercatori tra i quali si annoverano alcuni tra i maggiori esperti e studiosi europei nell'ambito micologico, agricolo e della tartuficoltura, della botanica e delle scienze dell'alimentazione. E' stata, in effetti, presente l'élite della micologia europea.

Gente che, venuta forse anche con qualche pregiudizio sulla Calabria, ha apprezzato la nostra proverbiale accoglienza, la nostra famosa e millenaria ospitalità, l'impegno organizzativo. Il "nostro" Pollino, nelle due versioni Calabria e Lucana, ha fatto il resto con la sua bellezza, riconosciuta da tutti i partecipanti con un entusiasmo, che magari per noi che abitiamo in luogo è scontata in quantofruitori di questa meraviglia quotidianamente. La sua biodiversità, così ricca, è stata in grado di far dimenticare agli ospiti eventuali altre carenze.

La mia gratitudine, quella del direttivo e di tutti i soci va, innanzitutto a tutti i partecipanti.

Un ringraziamento è doveroso nei confronti di: prof.ssa Alessandra Zambonelli, presidente C.E.M.M. e U.M.I., che ha voluto credere in noi affidandoci l'organizzazione della manifestazione; on. Domenico Pappaterra, presidente dell'Ente Parco Nazionale del Pollino che, elevando a co-evento del Parco le Giornate C.E.M.M., ne ha sancito l'importanza. L'evento è stato realizzato con il contributo economico dell'Ente Parco.

In particolare, la mia riconoscenza va al vicepresidente Giovanni Amato, a tutto il direttivo, ai tanti soci presenti, al Comitato Scientifico e a quello Organizzativo. Ringraziamenti sentiti vanno va al socio Mimmo Martire che ha curato, con estrema competenza, tutti gli aspetti funzionali legati alla progettazione e alla realizzazione di prodotti di grafica, design e sito web. Hanno, inoltre, validamente contribuito alla riuscita dell'evento: CAI di Castrovillari (Cs), Soccorso Alpino e Speleologico Calabria, Istituto IIS-IPSA-ITI "Aletti" di Trebisacce (Cs), Carabinieri Forestali, Guide del Parco del Pollino, Associazione Pollino Trail.

Un pensiero particolare alle maestranze del Minerva Resort e agli sponsor commerciali.

Sperando di rivedervi presto sulle montagne del Pollino,
un fraterno abbraccio.
Presidente Mario Galima

Programma complessivo delle attività

DOMENICA 6 OTTOBRE 2019

- 14:00/18:00 arrivo dei partecipanti e sistemazione
- 18:00/19:00 cocktail di benvenuto, presentazione dell'evento e del Parco Nazionale del Pollino
- 21:00/22:00 presentazione degli itinerari

LUNEDI' 7 OTTOBRE 2019

- 08:00/13:00 escursioni micologiche a scelta tra 8 percorsi disponibili;
gita turistica: borghi di Civita, Morano Calabro e Castrovillari
- 15:00/17:00 identificazione delle specie
- 17:00/18:00 descrizione pubblica delle specie più interessanti
- 18:00/18:30 conferenza Prof. Mirco Iotti: *"The phylogenetic cl*
- 21:00/22:00 consiglio di Amministrazione della CEMM

MARTEDI' 8 OTTOBRE 2019

- 08:00/13:00 escursioni micologiche a scelta tra 8 percorsi disponibili;
gita turistica: Cerchiara di Calabria (Grotta delle Ninfe Lusiadi – Santuario di S.Maria delle Armi)
- 15:00/17:00 identificazione delle specie
- 17:00/18:00 descrizione pubblica delle specie più interessanti
- 21:00/22:00 Assemblea generale della CEMM

MERCOLEDI' 9 OTTOBRE 2019

- 08:00/13:00 escursioni micologiche a scelta tra 8 percorsi disponibili;
gita turistica: CASTELLI FEDERICIANI: Roseto C.S., Rocca Imperiale
- 15:00/17:00 identificazione delle specie
- 17:00/18:30 descrizione pubblica delle specie più interessanti

GIOVEDI' 10 OTTOBRE 2019

08:00/16:00 gita a Matera

VENERDI' 11 OTTOBRE 2019

08:00/13:00 escursioni micologiche a scelta tra 8 percorsi disponibili;
gita turistica: Rossano Calabro - Museo diocesano e del Codex Codex
Purpureus Rossanensis
15:00/17:00 identificazione delle specie
17:00/18:00 descrizione pubblica delle specie più interessanti
20:00/24:00 cena di Gala

DOMENICA 12 OTTOBRE 2019

08:00/15:00 partenze

Conferenze e convegni

LUNEDI' 7 OTTOBRE 2019

- 18:00/18:30 Prof. Mirco Iotti: *"The phylogenetic classification of the fungi, where are we going to?"*
- 18:30/19:00 Dott.ssa Rosa Tomasello sulla Tossicologia Fungina: *"Fungal toxicology: Le nuove sindromi da intossicazione da funghi"*

MARTEDI' 8 OTTOBRE 2019

- 18:00/18:30 Prof. Vladimír Antonín: *"Phylogeny of the genus Gymnopus s.l. with an emphasis to European taxa"*

MERCOLEDI' 9 OTTOBRE 2019

- 18:30/19:00 Dott.ssa Domizia Donnini e Dott.Leonardo Baciarelli Falini: *"Truffle cultivation in Italy"*
- 21:00/21:30 Prof.ssa Alessandra Zambonelli: *"Truffle cultivation in the world"*

GIOVEDI' 10 OTTOBRE 2019

- 18:00/18:30 Dott. Marco Leonardi: *"Digging in the herbaria: how molecular tools allow us to assess"*
- 21:00/21:30 Dott.ssa Hana Ševčíková: *"European Pluteus – new species and old forgotten"*

VENERDI' 11 OTTOBRE 2019

- 18:00/18:30 Dott.ssa Monica Slavova: *"I Balcani nascondono ipogei sconosciuti?"*
- 18:30/19:00 Prof. Marco Morara e Prof.ssa Aurelia Paz Conde: *"Alla scoperta dei funghi ipogei"*



PARCO NAZIONALE DEL POLLINO

a cura di: dott. Andrea Vacchiano

Guida Ufficiale del Parco Nazionale del Pollino



Canyon del torrente Raganello

Il **Parco Nazionale del Pollino**, istituito nel 1993, interessa una vasta area dell'Appennino Meridionale, al confine tra la Calabria e la Basilicata guadagnandosi il titolo di parco nazionale più ampio d'Italia. Interessa due Regioni, tre Province (Matera, Potenza e Cosenza) e ben 56 Comuni con un'area complessiva di oltre 192.000 ha. Un mosaico estremamente complesso e articolato, che comprende cime oltre i 2.000 metri di quota, estesi boschi, canyon, vallate, pianori di alta quota, aree rurali, borghi fino ad arrivare a pochi chilometri di distanza dalle due coste, ionica e tirrenica.

Il massiccio da cui trae il nome il Parco, è quello del Pollino, che deriva dal latino "*Mons Apollineus*", cioè Monte di Apollo. Secondo alcuni studiosi questa locuzione sta ad indicare le numerose erbe aromatiche e officinali che vi crescono, mentre altri propendono per una derivazione del nome dal latino "*pullus*", cioè giovane animale. Questo attestato dal fatto che già in epoca romana queste aree montane venivano utilizzate come pascoli per gli armenti.



Piani di Pollino

L'area del Parco, è contraddistinta da due Massicci di origine calcarea: il Massiccio del Pollino e quello del Pellegrino. A questi va aggiunto il Monte Alpi (1900 m), nel settore meridionale dell'Appennino Lucano, che si differenzia nettamente dal punto di vista geologico da tutte le altre montagne appenniniche.

Caratteristica comune dei principali rilievi è la loro maestosità, legata anche alle quote raggiunte dalle vette principali: **Serra Dolcedorme** (2267 m), **Monte Pollino** (2248 m), **Serra del Prete** (2181 m), **Serra delle Ciavole** (2127 m) e **Serra Crispo** (2053 m). Le montagne più alte di tutto l'Appennino Meridionale.

Elemento che contraddistingue l'intera area protetta, e simbolo del Parco stesso, è il **pino loricato** (*Pinus heldreichii* subsp. *Leucodermis*). Un pino dalla longevità e dalla notevole capacità di adattamento, tanto da vegetare senza difficoltà a quote superiori ai 2.000 metri superando quello che è il comune limite vegetazionale delle altre specie arboree locali. Proveniente dai Balcani, la specie si è adattata vicariandosi da quella originale a seguito dello scioglimento dei ghiacciai, isolandosi dalla zona est Europea. Il nome deriva dalla loro corteccia a squame, che ricorda l'antica corazza dei soldati romani chiamata proprio lorica, da cui hanno preso poi il nome questi alberi.

Tra questi esemplari, molti sono plurisecolari, come è stato definito dagli ultimi studi fatti dall'Ente Parco sulle popolazioni mature comprese tra Serra delle Ciavole e Serra Crispo la cui età media è stata stimata tra i 500 – 600 anni di età. In assoluto il pino più anziano è stato individuato su Serra delle Ciavole con una età di 1.230 anni e soprannominato **Italus**, dal nome del leggendario e antico re di una popolazione protostorica italiana, che avrebbe colonizzato l'attuale area della Basilicata e della Calabria ancor prima delle colonie della Magna Grecia. Con tale età riconosciuta, Italus diventa il pino più longevo d'Europa.



Pino loricato denominato Italus

Importanti sono i tanti riconoscimenti che il Parco Nazionale del Pollino può vantare ad oggi. Nel 2014 l'Ente Parco, con la collaborazione di Federparchi ha portato avanti e concluso il progetto per l'adesione alla *Carta Europea per il Turismo Sostenibile* (CETS), venendo premiato come Parco aderente alla Carta.

Nel 2015 è entrato a far parte dei **Geoparchi dell'UNESCO** riconoscendo ben 69 siti che compongono quelli di particolare valenza geologica e morfologica, riconosciuti come unici e di importanza e tutela tali da meritare l'appellativo di "patrimonio dell'umanità". E nel 2017 è stata riconosciuta la **Faggeta Vetusta di Cozzo Ferriero**, come Patrimonio UNESCO, in quanto sito riconosciuto nella *Rete delle Antiche Faggete Primordiali dei Carpazi e di altre Regioni d'Europa*.

Un patrimonio ricco di biodiversità grazie ai tanti habitat che l'area protetta contiene. In questi luoghi si sono rifugiate specie che oggi rendono il Pollino un vero scrigno naturalistico.

Tra le specie botaniche, che risultano essere oltre 2.000, notevoli sono: la genzianella del Pollino (*Gentianella crispata*) e la genzianella napoletana (*G. columnae*), la campanula del Pollino (*Campanula scheuchzeri* subsp. *pollinensis*), la Laurenzia di Bivona (*Solenopsis bivonae*), l'efedra dei Nebrodi (*Ephedra major*), il lino di Katia (*Linum katiae*), l'orchidea fantasma (*Epipogium aphyllum*) e l'ofride del Pollino (*Ophrys pollinensis*), senza dimenticare le peonie, sia pellegrina che mascula (*Paeonia peregrina* e *P. mascula*).

Per quanto riguarda la fauna, come per le specie botaniche, il Pollino ha rappresentato un areale di rifugio e di tutela che ne ha permesso la sopravvivenza.

Possiamo infatti ben citare la presenza storica del lupo (*Canis lupus italicus*) e della lontra (*Lutra lutra*), due mammiferi un tempo rarissimi che ora in maniera naturale, riprendono i loro territori. Ampio è anche il panorama delle specie appartenenti all'avifauna dal picchio nero (*Dryocopus martius*), ai grandi rapaci come l'aquila reale (*Aquila chrysaetos*), il gufo reale (*Bubo bubo*) e il grifone (*Gyps fulvus*), ma altrettanto importanti sono i recenti avvistamenti del capovaccaio (*Neophron percnopterus*). Il tutto in un grande elenco sempre in aggiornamento.

Ricco è anche il panorama dell'entomofauna che va dalla colorata ed affascinante *Rosalia alpina*, tipica delle faggete vetuste, ai più rari e particolari *Buprestis splendens*, fortemente legato ai pini loricati e all'*Osmoderma eremita*.

In un contesto naturalisticamente così importante, altrettanto rilevanti sono le specificità storico-culturali che vanno dai tanti borghi del circuito **“Borghi più belli d’Italia”** come Aieta, Buonvicino, Civita, Morano Calabro e Viggianello o quelli appartenenti al circuito **“Bandiera arancione del Touring Club Italiano”** come San Severino Lucano e Valsinni e nuovamente Civita e Morano Calabro.

Le testimonianze storiche si sviluppano dalla Preistoria con l’importantissima Grotta del Romito di Papisidero, fino alle dominazioni che si sono susseguite: Normanni, Svevi, Angioini, Aragonesi, Spagnoli e Borbone. Castelli, chiese, palazzi nobiliari, opere d’arte sono testimoni della storia di ogni località del Parco Nazionale. L’**Eparchia del Mercurion** e lo stanziamento dei tanti profughi albanesi nelle odierne comunità **Arbëreshë** arricchiscono la tradizione e la cultura locale.

Un territorio ricco di natura, storia, cultura e sapori. Meritevole di essere scoperto, vissuto e ricordato: il Parco Nazionale del Pollino.

ITINERARI

a cura di: Mario Galima, Giovanni Amato, Domenico Martire, Antonio De Marco
e Andrea Vacchiano



Pino Loricato

I micologi hanno raggiunto, con le proprie auto, le aree selezionate per gli itinerari e sono stati accompagnati dalle guide dell'Associazione organizzatrice. Per la partecipazione alle escursioni micologiche è stato necessario prenotare, entro la serata precedente, l'escursione più gradita per una migliore pianificazione.

Tutti gli itinerari sono stati individuati, con estremo impegno, da Mario Galima, Giovanni Amato, Antonio De Marco, Andrea Vacchiano e Domenico Martire che ha anche realizzato, in maniera accurata e dettagliata, le schede dei percorsi per le ricerche e gli studi delle XXVII Giornate Micologiche CEMM. Tre di questi (Bosco di Santa Venere, Parco della Cessuta, Petrosa) sono stati eliminati, in corso d'opera, per totale assenza fungina.

ITINERARIO 1

COLLE MARCIONE - PIANO RATTO

da 1229m a 1378m s.l.m. [39.873071, 16.282344]

IGM F221 I-SO (Frascineto) ANNO:1958

COMUNE DI FRASCINETO (CS)



Bosco della Fagosa

HABITAT

Esposizione nordest. Nel bosco della Fagosa si possono osservare esemplari di faggio (*Fagus sylvatica*) dall'habitus assai differenti: individui di piccole dimensioni e con la chioma espansa più a valle, dove il bosco è ancora rado; piante a gruppi polmonari; individui giovani in condominio assai fitto a poca distanza l'uno dall'altro; faggi con tronco colonnare, grigio lucido anche con notevole sviluppo in altezza, con piante distanziate tra di loro, grande chioma e notevole copertura del suolo sottostante; imponenti alberi centenari. A parte i margini delle radure più basse e della strada forestale, dove si possono trovare arbusti di rosa canina (*Rosa canina*), ginepro (*Juniperus communis*), acero (*Acer pseudoplatanus*), rovo (*Rubus ulmifolius*), sambuco lebbio (*Sambucus ebulus*), il sottobosco è assai scarso.

DISTANZA DAL PRIMO PUNTO DI RIFERIMENTO

9,1 km, 17 min. su strada asfaltata stretta di montagna priva di barriere +1,65 km, 30 min. passeggiata di montagna.

DIFFICOLTÀ

E (Escursionistico, facile) media difficoltà, adatto a chi è abituato a camminare.

INFORMAZIONI

Colle Marcione (1.227 m s.l.m.) località sita pochi chilometri sopra il borgo di Civita, rappresenta la più semplice via d'accesso al Pollino orientale. Punto panoramico da cui è possibile osservare guardando a Ovest **Serra Dolcedorme**, **Serra delle Ciavole** e **Serra di Crispo**, a Nord **Timpa di San Lorenzo**, a Est **Monte Sparviere** e a Sud-Est **Monte Sellaro**. Da qui partono numerosi percorsi escursionistici che conducono al **Piano di Ratto** (1.429 m s.l.m.). Parte iniziale del sentiero 941 che porta al **monte Manfriana**. Parte dell'itinerario si sviluppa all'interno del **bosco della Fagosa**, bosco puro di faggi (*Fagus sylvatica*) tra i più estesi del **Parco Nazionale del Pollino**. Copre l'**alta valle del Raganello** e si estende dai confini del comune di Civita fino a **Serra delle Ciavole**, interessando la fascia altimetrica che va dai 1200 ai 1900 m s.l.m.



Piano di Ratto dall'alto



Piano di Ratto

ERBE E PIANTE OFFICINALI



Carlina acanthifolia - Carlina zolfina



Stachys italica - Stregonia siciliana

SPECIE FUNGINE SOLITAMENTE PRESENTI IN QUESTO TERRITORIO

Hericium coralloides (Scop.:Fr.) Pers., *Rubroboletus legaliae* (Pilát & Dermek) Della Maggiora & Trassin., *Ramaria sanguinea* (Pers.) Quélet, *Boletus flavosanguineus* Lavorato & Simonini, *Poronia punctata* (L.) Fr., *Amanita caesarea* (Scop. : Fr.), *Boletus aereus* Bull. : Fr., *Cantharellus melanoxeros* Desmazières, *Boletus reticulatus* Schaeff.



Poronia punctata (L.) Fr.



Boletus flavosanguineus Lavorato - Simonini



Hericium coralloides (Scop.Fr.) Pers.



Cantharellus melanoxeros Desmazières

ITINERARIO 2

FIUMARELLA DI ROSSALE

da 1261 a 1227m s.l.m. [39.783344, 16.039839]

IGM F221 III-NO (Monte Palanuda) ANNO:1959

COMUNE DI SARACENA (CS)



Strada che porta alla Fiumarella di Rossale

HABITAT

Esposizione ovest-sudovest. L'ambiente circostante è coperto prevalentemente da faggi (*Fagus sylvatica*), la presenza del corso d'acqua determina la crescita di una folta varietà di piante erbacee e arbustive.

DISTANZA DAL PRIMO PUNTO DI RIFERIMENTO

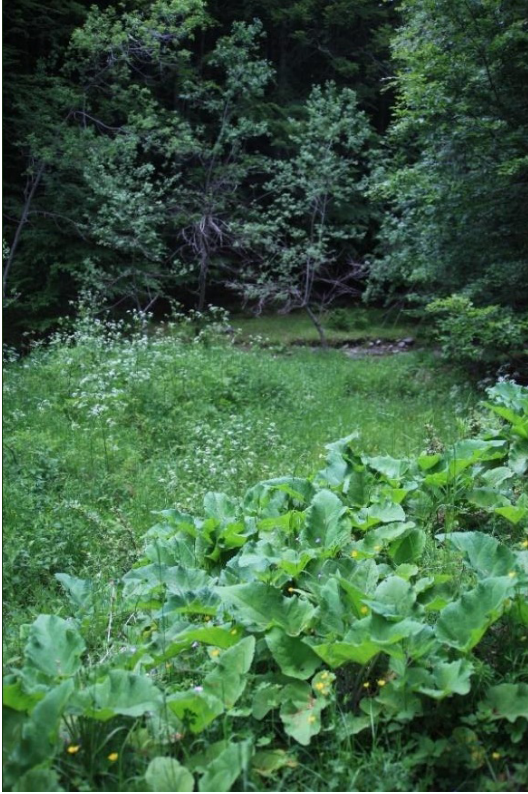
Totale 14,7 km, 25 min. di tratti di strada stretta di montagna così suddivisa: 7 km asfalto + 2 km sterrato + 3 km asfalto + 3 km sterrato.

DIFFICOLTÀ

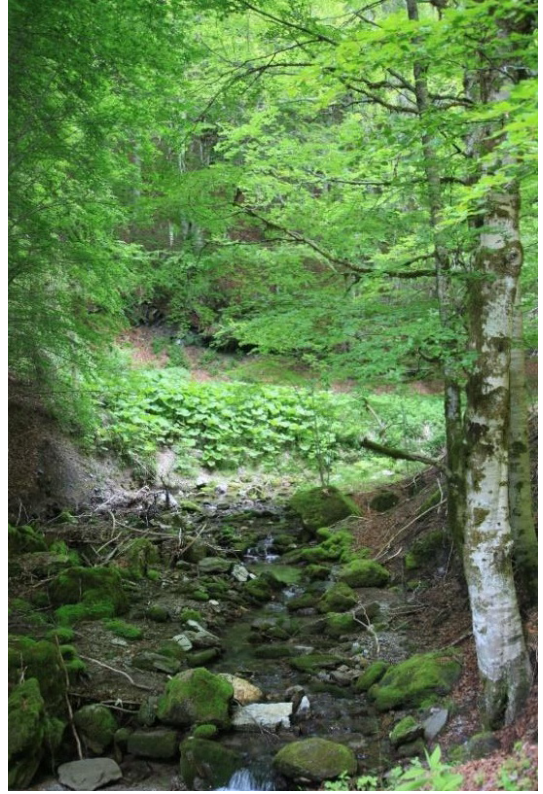
Il percorso non presenta particolari difficoltà ed è adatto a tutti. Tuttavia, per maggior cautela, occorre non allontanarsi molto dal sentiero principale che, scendendo progressivamente di quota, corre più o meno in parallelo con la **Fiumarella di Rossale** piccolo corso d'acqua che insieme alla **Fiumarella di Tavolara** sono i principali tributari del fiume Argentino insieme al quale determinano il particolare habitat della “**Riserva Naturale Valle del Fiume Argentino**”.

INFORMAZIONI

Ci troviamo nel gruppo montuoso dei **Monti d'Orsomarso - Cozzo del Pellegrino**, vera è propria area wilderness del **Parco Nazionale del Pollino**. L'inizio del percorso (cancello forestale) viene toccato dal **Sentiero Italia**, ovvero il sentiero segnato dal **CAI (Club Alpino Italiano)** e che collega tutte le regioni d'Italia. Siamo a 1300 m s.l.m., in un territorio ricoperto da una faggeta relativamente giovane, regno incontrastato del capriolo e del lupo. Lungo il corso d'acqua si potrebbe osservare anche la presenza della salamandra pezzata (*Salamandra salamandra*) e del gambero di fiume.



Fiumarella di Rossale



Fiumarella di Rossale



Fiumarella di Rossale

ERBE E PIANTE OFFICINALI



Sambucus nigra - Sambuco nero



Sambucus ebulus - Ebbio

SPECIE FUNGINE SOLITAMENTE PRESENTI IN QUESTO TERRITORIO

Phylloporus rhodoxanthus (Schw.:Fr.), *Strobilomyces strobilaceus* (Scop.: Fr.) Berkeley, *Marasmius alliaceus* (Jacquin: Fr.) Fr., *Gyroporus cyanescens* (Bull.) Quélet, *Scutigera pes-caprae* (Pers. : Fr.) Bondartsev & Singer, *Craterellus cornucopioides* (L.) Pers. *Pseudocraterellus undulatus* (Pers.: Fr.) S.Rauschert, *Phallus impudicus* L.



Phallus impudicus L



Phylloporus rhodoxanthus (Schw.Fr.)



Pseudocraterellus undulatus (Pers. Fr.) S.Rauschert



Strobilomyces strobilaceus (Scop. Fr.) Berkeley.

ITINERARIO 3

CAMPIGLIONE - BOSCO DI DONNA CALDA

da 1064m a 1124m s.l.m. [39.87687, 16.09819]
IGM F221 IV-SE (Morano Calabro) ANNO:1958

COMUNE DI MORANO CALABRO (CS)



HABITAT

Esposizione Ovest - Sud-Ovest. Il bosco è situato all'interno del vasto **altopiano di Campotenese** a 1.000 m s.l.m. Si tratta per la maggior parte di rimboschimento forestale, risalente agli anni '70, di pino nero (*Pinus nigra*), larice (*Larix decidua*), acero campestre (*Acer campestre*), castagno (*Castanea sativa*), ontano napoletano (*Alnus cordata*), ontano nero (*Alnus glutinosa*), carpino nero (*Ostrya carpinifolia*), carpino bianco (*Carpinus betulus*), acero (*Acer* sp.), abete bianco (*Abies alba*) e faggio (*Fagus sylvatica*).

DISTANZA DAL PRIMO PUNTO DI RIFERIMENTO

2,0 km, 7 min. su strada asfaltata stretta di montagna.

DIFFICOLTÀ

Il percorso è adatto a tutti e non presenta particolari difficoltà.

INFORMAZIONI

In merito alla fauna, vi è la presenza del lupo (*Canis lupus*), capriolo (*Capreolus capreolus*), cinghiale (*Sus scrofa*), gatto selvatico (*Felis silvestris*), aquila reale (*Aquila chrysaetos*), poiana (*Buteo buteo*), gheppio (*Falco tinnunculus*), faina (*Martes foina*), volpe (*Vulpes vulpes*), martora (*Martes martes*), sparviere (*Accipiter nisus*), colombaccio (*Columba palumbus*), ghiandaia (*Garrulus glandarius*). Dal punto base, dove si lasciano le auto, si prosegue lungo la sterrata fino ad arrivare all'inizio del bosco e per una lunghezza di circa 1,5 km. La strada sterrata divide in due il bosco i cui lati sono entrambi interessanti da un punto di vista micologico. Il **bosco Donna Calda**, località "Campiglioni", è situato nell'altopiano di Campotenese che divide il **Massiccio Centrale del Pollino** dal **Gruppo Montuoso dell'Orsomarso – Cozzo del Pellegrino**. Da un punto di vista storico, Campotenese è stata attraversata dalla Via Popilia–Annia, l'antica strada romana "Regio–Capuam" e, sempre Campotenese, è famosa per la battaglia combattuta tra l'esercito francese comandato dal generale Reynier e l'esercito borbonico comandato dal generale Damas il 9 marzo 1806.



Bosco e sterrato centrale



Campotenesse visto da Cozzo Vardo



Ingresso bosco

ERBE E PIANTE OFFICINALI



Centaureum erythraea - Centaurea minore



Verbascum thapsus - Verbasco

SPECIE FUNGINE SOLITAMENTE PRESENTI IN QUESTO TERRITORIO

Suillus viscidus (L.) Roussel, *Suillus grevillei* (Klotzsch) Singer, *Xerula pudens* (Pers.: Fr.) Singer., *Gomphidius glutinosus* (Fr.) Fr., *Lactarius deliciosus* (L.: Fr.) S.F. Gray, *Tricholoma terreum* (Schaeff.: Fr.) Kummer, *Hymenopellis radicata* (Relhan: Fr.) R.H. Petersen, *Ramaria botrytis* (Pers.: Fr.) Ricken.



Lactarius deliciosus (L. Fr.) Gray



Ramaria botrytis (Pers. Fr.) Ricken



Gomphidius glutinosus (Fr.) Fr.



Xerula pudens (Pers. Fr.).

ITINERARIO 4

PIANO DI CAMPOLONGO

da 1333m a 1372m s.l.m. [39.773581, 16.080504]
IGM F221 III-NO (Monte Palanuda) Anno:1959

COMUNE DI LUNGRO (CS)



HABITAT

Esposizione Sud-Sud Ovest; il bosco è situato a circa 1.350 m s.l.m. Si tratta per la maggior parte di Faggio (*Fagus sylvatica*) con diversi rimboschimenti forestali, risalenti agli anni '70, di pino nero (*Pinus nigra*), Pino loricato (*Pinus leucodermis*) Abete di Douglas (*Pseudotsuga menziesii*), abete bianco (*Abies alba*), ontano napoletano (*Alnus cordata*), ontano nero (*Alnus glutinosa*).

DISTANZA DAL PRIMO PUNTO DI RIFERIMENTO

10,0 km, 26 min. su strada asfaltata stretta di montagna priva di barriere.

DIFFICOLTÀ

Il sentiero non presenta particolari difficoltà. Dal punto dove si lasciano le auto, si prosegue al bordo della strada in prossimità di rimboschimenti e piante spontanee per lo più in piano.

INFORMAZIONI

In merito alla fauna, vi è la presenza del lupo (*Canis lupus*), capriolo (*Capreolus capreolus*), aquila reale (*Aquila chrysaetos*), poiana (*Buteo buteo*), gheppio (*Falco tinnunculus*), faina (*Martes foina*), martora (*Martes martes*), volpe (*Vulpes vulpes*), cinghiale (*Sus scrofa*); sparviere (*Accipiter nisus*), colombaccio (*Columba palumbus*), ghiandaia (*Garrulus glandarius*), scoiattolo (*Sciurus meridionalis*). Circondato da ampie zone boschive, in una zona periferica dell'altopiano è possibile trovare una sorgente d'acqua (**Fontana di Campolongo**). A più di una decina di chilometri, attraversando una strada sterrata, si arriva a **Piano di Novacco**, nel comune di Saracena; questa strada era utilizzata per il trasporto dei tronchi durante il disboscamento dei primi del 1900. Nei primi del '900 un'azienda tedesca, la Rüeping S.p.A. stipulò un contratto con il comune di Saracena per il taglio e lo sfruttamento delle risorse boschive. Successivamente altre zone furono interessate dalla ditta come gli spazi montani di Lungro, Firmo, San Donato di Ninea, San Sosti, Mormanno, Morano Calabro, Verbicaro. Oltre 600 persone lavorarono al disboscamento che durò fino agli anni '50 (zona di Palombaro - Saracena) e tuttavia,

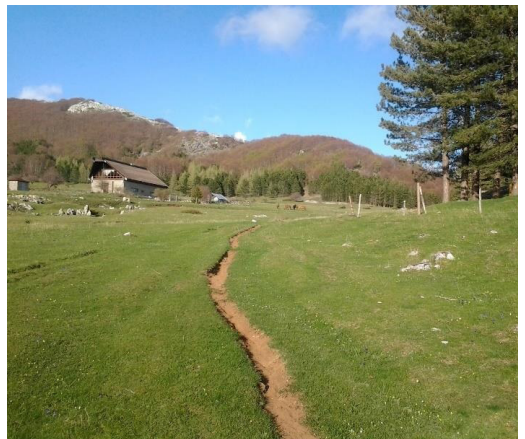
ancora oggi permangono alcune tracce del periodo: il rifugio Palmenta (distrutto da un incendio nel 2014), tracce di binari (sulla strada che conduce da **Piano Campolongo** a **Cardillo**) che collegavano Piano Novacco con Piano Campolongo e teleferiche che trasportavano i tronchi alla frazione di Zoccalia (Saracena) da Piano Campolongo.



Piano di Campolongo



Piano di Campolongo



Piano di Campolongo

ERBE E PIANTE OFFICINALI



Fragaria vesca - Fragola di bosco



Hepatica nobilis - Erba trinità

SPECIE FUNGINE SOLITAMENTE PRESENTI IN QUESTO TERRITORIO

Polyporus tuberaster (Jacq. Fr.) Fr., *Amanita strobiliformis* (Paulet ex Vittad.) Bertill., *Suillus granulatus* (L.: Fr.) Roussel, *Tremella mesenterica* Retz , *Boletus reticulatus* Schaeff., *Boletus edulis* Bull., *Lactarius salmonicolor* Heim & Leclair, *Mutinus caninus* (Huds.: Fr.) Fr., *Chroogomphus rutilus* (Fr.) Masee.



Polyporus tuberaster (Jacq. Fr.) Fr.



Mutinus caninus (Huds. Fr.) Fr.



Amanita strobiliformis (Paulet ex Vittad.) Bertill



Boletus edulis Bull.

ITINERARIO 5

CASTAGNETO DI MORMANNO

da 650 m a 700 m s.l.m.

IGM 533 II (Mormanno) Anno:1959

COMUNE DI MORMANNO (CS)



ERBE E PIANTE OFFICINALI



Malva sylvestris - Malva



Clematis vitalba - Vitalba

SPECIE FUNGINE SOLITAMENTE PRESENTI IN QUESTO TERRITORIO

Tra le specie micologiche presenti nella zona ricordiamo: *Gliophorus psittacinus* (Schaeff. : Fr.) Herink ; *Russula aurea* Pers.; *Xerula pudens* (Pers.) Singer; *Butyriboletus regius* (Krombh.) Arora & J.L. Frank; *Imperator luteocupreus* (Bertéa & Estadès) Assyov, Bellanger, Bertéa, Courtec., Koller, Loizides, G. Marques, J.A. Muñoz, N. Oppicelli, D. Puddu, F. Rich. & P.-A. Moreau; *Aureoboletus gentilis* (Quél.) Pouzar; *Amanita caesarea* (Scop. : Fr.) Pers.; *Grifola frondosa* (Dicks. : Fr.) S.F. Gray.



Butyriboletus regius (Krombh.) Arora _ J.L. Frank



Russula aurea Pers.



Gliophorus psittacinus (Schaeff. Fr.) Herink



Xerula melanotricha Dörfelt

ITINERARIO 6

MONTE CERVIERO - BOSCO CARDONE

da 710 m a 1400 m s.l.m.

IGM 533 II (Mormanno) Anno:1959

COMUNE DI MORMANNO (CS)



Monte Cerviero dall'alto

HABITAT

Eposizione Sud-Sud Ovest; il bosco è situato a circa 1.250 m s.l.m. Si tratta per la maggior parte di popolamenti di faggio (*Fagus sylvatica*) e castagno (*Castanea sativa*) con diversi rimboschimenti forestali, risalenti agli anni '70, prevalentemente di pino nero (*Pinus nigra*). Specie sporadiche sono l'ontano nero (*Alnus glutinosa*), l'acero di monte (*Acer pseudoplatanus*) e il ciliegio selvatico (*Prunus avium*).

DIFFICOLTÀ

Il sentiero non presenta particolari difficoltà. Dal punto dove si lasciano le auto, si procede sulla sterrata seguendo il percorso e avendo a lato a tratti alterni i rimboschimenti e i popolamenti naturali.

INFORMAZIONI

In merito alla fauna, vi è la presenza del lupo (*Canis lupus*), capriolo (*Capreolus capreolus italicus*), aquila reale (*Aquila chrysaetos*), poiana (*Buteo buteo*), gheppio (*Falco tinnunculus*), faina (*Martes foina*), martora (*Martes martes*), volpe (*Vulpes vulpes*), cinghiale (*Sus scrofa*); sparviere (*Accipiter nisus*), colombaccio (*Columba palumbus*), ghiandaia (*Garrulus glandarius*), scoiattolo (*Sciurus meridionalis*).

Un tempo zone dedicate al pascolo e alla coltivazione delle cerealicole e della patata queste zone, oggi sono aree trasformate in bosco. Mentre nel primo tratto predomina la faggeta, questa si alterna più volte a rimboschimenti di pino e successivamente a tratti di castagneto. L'itinerario permette di superare questi habitat molto diversificati e raggiungere un punto panoramico notevole sulla sua cima a 1.443 m di quota, che permette di osservare tutta l'ampia Valle del Mercure e l'Appennino Lucano. La particolarità di Monte Cerviero è quella di avere una geologia completamente difforme dal resto del Massiccio del Pollino, essendo presenti infatti rocce di tipo vulcanico con i caratteristici "pillow lava" i cuscinetti magmatici formatisi al di sotto del livello dell'acqua milioni di anni fa. Elemento caratteristico che si può incontrare lungo questo itinerario.



Monte Cerviero



Monte Cerviero

ERBE E PIANTE OFFICINALI



Anemone hortensis - Anemone stellata



Rosa canina - Rosa selvatica

SPECIE FUNGINE SOLITAMENTE PRESENTI IN QUESTO TERRITORIO

Tra le specie fungine presenti nella zona ricordiamo: *Boletus edulis* Bull.: Fr.; *Cantharellus ferruginascens* P.D. Orton; *Lactarius blennius* (Fr.) Fr.; *Amanita strobiliformis* (Paulet ex Vittad.) Bertill., *Suillus luteus* (L. : Fr.) Roussel ; *Lactarus deliciosus* (L. : Fr.) Gray; *Lepista nuda* (Bull.: Fr.) Cooke; *Macrolepiota procera* (Scop.: Fr.) Singer.



Amanita strobiliformis (Paulet ex Vittad.) Bertill.



Lepista nuda (Bull._ Fr.) Cooke



Boletus edulis Bull. Fr.



Suillus luteus (L. _ Fr.) Roussel.

ITINERARIO 7

PIANO DI MASISTRO/PIANO DI NOVACCO

da 1250 m a 1315 m s.l.m. [39.810241, 16.044136]

IGM F221 III-NO (Monte Palanuda) Anno:1959

COMUNE DI SARACENA (CS)



HABITAT

Entrambi sono ampi pianori carsici, tra i rilievi montuosi circostanti del Monte Palanuda e del Monte Caramolo, che interrompono la continuità del bosco di faggio (*Fagus sylvatica*).

DISTANZA DAL PRIMO PUNTO DI RIFERIMENTO

Totale: 2,5 Km, 8 min su strada asfaltata stretta di montagna.

DIFFICOLTA'

Il percorso è adatto a tutti e non presenta particolari difficoltà.

INFORMAZIONI

In merito alla fauna, vi è la presenza del lupo (*Canis lupus*), capriolo (*Capreolus capreolus*), aquila reale (*Aquila chrysaetos*), poiana (*Buteo buteo*), gheppio (*Falco tinnunculus*), faina (*Martes foina*), martora (*Martes martes*), volpe (*Vulpes vulpes*), cinghiale (*Sus scrofa*), sparviere (*Accipiter nisus*), colombaccio (*Columba palumbus*), ghiandaia (*Garrulus glandarius*), scoiattolo (*Sciurus meridionalis*). Il percorso tra Masistro e Novacco combacia sul percorso identificato dal Sentiero Italia, ricoprendo parte della tappa giornaliera. Piano di Novacco è stata sede e testimonianza del disboscamento a seguito dell'acquisto dei fitti boschi nei primi del '900, da parte di un'azienda tedesca, la Rüeping S.p.A. che stipulò un contratto con il comune di Saracena per il taglio e lo sfruttamento delle risorse boschive. Successivamente altre zone furono interessate dalla ditta come gli spazi montani di Lungro, Firmo, San Donato di Ninea, San Sosti, Mormanno, Morano Calabro, Verbicaro. Oltre 600 persone lavorarono al disboscamento che durò fino agli anni '50 (zona di Palombaro - Saracena) e tuttavia, ancora oggi permangono alcune tracce del periodo: diverse baracche distribuite tra i tanti pianori carsici, tracce di binari e traversine che collegavano Piano Novacco con Piano Campolongo, e teleferiche che trasportavano i tronchi fino alla frazione di Zoccalia (Saracena). Un luogo importante non solo dal punto di vista naturalistico ma anche per la moderna archeologia industriale e la storia più recente.



Faggeta di Novacco

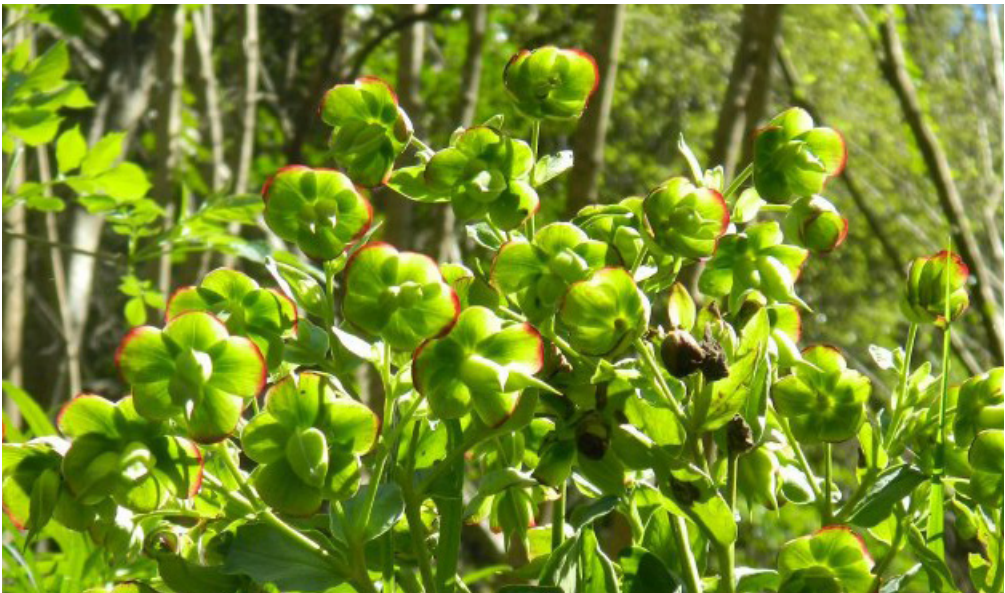


Faggeta di Masistro

ERBE E PIANTE OFFICINALI



Geranium versicolor



Helleborus foetidus

SPECIE FUNGINE SOLITAMENTE PRESENTI IN QUESTO TERRITORIO



Mucidula mucida (Schrad.) Pat.



Craterellus cornucopioides (L.) Pers.



Artomyces pyxidatus (Pers. _ Fr.) Julich



Neoboletus praestigiator (R. Schulz) Svetash., Gelardi, Simonini & Vizzin

ITINERARIO 8

VALLE DEL SERRAPOTAMO

da 250 m a 600 m s.l.m.

COMUNI DI CALVERA, CARBONE, FARDELLA E TEANA (PZ)



Tuber magnatum Picco

HABITAT

La Valle del Serrapotamo, nel versante lucano del Parco Nazionale del Pollino, è affiancata alla Valle del Sinni e si estende dal Monte Alpi a Senise dove, il torrente Serrapotamo, confluisce nel fiume Sinni. I territori compresi in questa vallata sono quelli di Teana, Calvera, Carbone e Fardella. Sono località attraversate da ruscelli che confluiscono nel Serrapotamo, che percorrono piani collinari e paesaggi agresti che si alternano a fitti boschi di quercia. Nella parte più a monte della vallata si trova il Bosco Vaccarizzo, di grande interesse botanico e scientifico; caratterizzato dall'associazione del faggio (*Fagus sylvatica*) e dell'abete bianco (*Abies alba*) di origine naturale. Nel bosco vegetano inoltre Ontano Napoletano (*Alnus cordata*), Acero campestre (*Acer campestre*), Cerro (*Quercus cerris*), Roverella (*Quercus pubescens*), agrifoglio (*Ilex aquifolium*) e numerose specie erbacee ed arbustive.

INFORMAZIONI

Le particolari condizioni microclimatiche del territorio Serrapotamo, caratterizzato da terreni umidi, freschi e sciolti lungo le vie dei fiumi e sulle golene, e da una altitudine dai 250 m a 600 m s.l.m., consente la presenza del tartufo bianco ed esalta la sua peculiare qualità. Esso si presenta globoso, con depressioni dovute alle condizioni del terreno. La superficie è liscia e appena vellutata, il colore varia dall'ocra. al crema scuro. Il colore della polpa interna (gleba) si diversifica dal bianco grigiastro al nocciola a seconda del grado di maturazione, del terreno e della pianta simbiote con sottili venature bianche. Il profumo è spiccato e aromatico, unico nel suo genere.

The image features two truffles. The upper one is dark, almost black, with a highly textured, bumpy surface. The lower one is lighter, brownish-tan, with a warty, irregular surface. They are set against a background of vibrant green moss and a single brown, dried leaf. A semi-transparent white banner is overlaid across the middle of the image, containing the title text.

**SPECIE EPIGEE ED IPOGEE
TROVATE**

Tuber aestivum Vittadini fo. *uncinatum* (Chatin) Montecchi & Borrelli

Elenco delle specie epigee trovate

a cura di Federico Puliga e Antonio De Marco

Elenco delle specie trovate in ordine alfabetico di genere e di specie, con indicazione dei relativi itinerari

LEGENDA

- 1 = Itinerario 1** (Colle Marcione - Piano Ratto) **2 = Itinerario 2** (Fiumarella di Rossale)
3 = Itinerario 3 (Campiglioni) **4 = Itinerario 4** (Piano di Campolongo)
5 = Itinerario 5 (Castagneto di Mormanno)
6 = Itinerario 6 (Monte Cerviero - Bosco Cardone)
7 = Itinerario 7 (Piani di Novacco/Masistro)

<i>Abortiporus biennis</i> (Bull.) Singer	3
<i>Agaricus sylvaticus</i> Schaeff.	2
<i>Amanita caesarea</i> (Scop.) Pers.	5
<i>Amanita citrina</i> Pers.	2, 3, 4, 5, 7
<i>Amanita magnivolvata</i> Aalto	5
<i>Amanita pantherina</i> (DC.) Krombh.	4, 5
<i>Amanita phalloides</i> (Vaill. ex Fr.) Link	5, 6
<i>Amanita rubescens</i> Pers.	2
<i>Apioperdon pyriforme</i> (Schaeff.) Vizzini	4
<i>Armillaria mellea</i> (Vahl) P. Kumm.	4, 5
<i>Auricularia auricula-judae</i> (Bull.) Quél.	2
<i>Auriscalpium vulgare</i> Gray	3
<i>Baeospora myosura</i> (Fr.) Singer	3, 4
<i>Bisporella citrina</i> (Batsch) Korf & S.E. Carp.	1, 2
<i>Bjerkandera adusta</i> (Willd.) P. Karst.	3
<i>Butyriboletus appendiculatus</i> (Schaeff.) D. Arora & J.L. Frank	1
<i>Cantharellus cibarius</i> Fr.	4
<i>Cantharellus ferruginascens</i> P.D. Orton	5, 6
<i>Cerioporus leptocephalus</i> (Jacq.) Zmitr.	6

<i>Cerioporus varius</i> (Pers.) Zmitr. & Kovalenko	3, 4
<i>Chroogomphus fulmineus</i> (R. Heim) Courtec.	3
<i>Chroogomphus helveticus</i> (Singer) M.M. Moser	3 (?), 4
<i>Chroogomphus rutilus</i> (Schaeff.) O.K. Mill.	3, 4
<i>Clavariadelphus pistillaris</i> (L.) Donk	3, 4
<i>Clavulina coralloides</i> (L.) J. Schröt.	2, 4, 5
<i>Clitocybe candida</i> Bres.	4
<i>Clitocybe collina</i> (Velen.) Klán	4
<i>Clitocybe costata</i> Kühner & Romagn.	1, 2, 4
<i>Clitocybe fragrans</i> (With.) P. Kumm.	4
<i>Clitocybe nebularis</i> (Batsch) P. Kumm.	4, 6, 7
<i>Clitocybe odora</i> (Bull.) P. Kumm.	2, 4, 5, 6, 7
<i>Clitocybe phaeophthalma</i> (Pers.) Kuyper	3, 4, 6
<i>Clitocybe phyllophila</i> (Pers.) P. Kumm.	3
<i>Clitocybe suaveolens</i> (Schumach.) P. Kumm.	4
<i>Clitopilus cystidiatus</i> Hauskn. & Noordel.	1, 3
<i>Clitopilus prunulus</i> (Scop.) P. Kumm.	3, 4, 6
<i>Coprinellus disseminatus</i> (Pers.) J.E. Lange	3
<i>Coprinopsis picacea</i> (Bull.) Redhead, Vilgalys & Moncalvo	7
<i>Coprinopsis romagnesia</i> (Singer) Redhead, Vilgalys & Moncalvo	6
<i>Coprinus comatus</i> (O.F. Müll.) Pers.	1, 3, 4, 7
<i>Coprinus lagopus</i> (Fr.) Fr.	3
<i>Cortinarius balteatus</i> Fr.	6
<i>Cortinarius barbarorum</i> Bidaud, Moëgne-Loecq. & Reumaux	2
<i>Cortinarius candelaris</i> Fr.	6
<i>Cortinarius cinnabarinus</i> Fr.	4
<i>Cortinarius elegantissimus</i> Rob. Henry	1, 6
<i>Cortinarius hinnuleus</i> Fr.	1, 6
<i>Cortinarius humicola</i> (Quél.) Maire	2
<i>Cortinarius lebretonii</i> Quél.	2
<i>Cortinarius magicus</i> Eichhorn	6
<i>Cortinarius ophiopus</i> Peck	2, 4, 6
<i>Cortinarius purpurascens</i> Fr.	2, 6

<i>Cortinarius splendens</i> Rob. Henry	4
<i>Cortinarius torvus</i> (Fr.) Fr.	2
<i>Cortinarius variicolor</i> (Pers.) Fr.	2, 6
<i>Craterellus cornucopioides</i> (L.) Pers.	2, 4
<i>Crepidotus cesatii</i> (Rabenh.) Sacc.	3
<i>Crucibulum laeve</i> (Huds.) Kambly	5
<i>Cyanoboletus pulverulentus</i> (Opat.) Gelardi, Vizzini & Simonini	4
<i>Cyathus striatus</i> (Huds.) Willd.	4
<i>Cystoderma carcharias</i> (Pers.) Fayod	4, 6
<i>Echinoderma asperum</i> (Pers.) Bon	4
<i>Entoloma euchroum</i> (Pers.) Donk	5
<i>Entoloma lividoalbum</i> (Kühner & Romagn.) Kubička	4
<i>Entoloma rhodopolium</i> (Fr.) P. Kumm.	1, 3, 5
<i>Fistulina hepatica</i> (Schaeff.) With.	5
<i>Galerina marginata</i> (Batsch) Kühner	4, 5, 6
<i>Ganoderma pfeifferi</i> Bres.	1
<i>Geastrum fimbriatum</i> Fr.	4, 6
<i>Geastrum triplex</i> Jungh.	4
<i>Gliophorus psittacinus</i> (Schaeff.) Herink	5
<i>Gomphidius glutinosus</i> (Schaeff.) Fr.	3
<i>Gymnopilus junonius</i> (Fr.) P.D. Orton	2, 6
<i>Gymnopus confluens</i> (Pers.) Antonín, Halling & Noordel.	3, 4
<i>Gymnopus dryophilus</i> (Bull.) Murrill	4
<i>Gymnopus hariolorum</i> (Bull.) Antonín, Halling & Noordel.	4
<i>Gymnopus peronatus</i> (Bolton) Gray	3
<i>Hebeloma crustuliniforme</i> (Bull.) Quél.	1, 6
<i>Hebeloma laterinum</i> (Batsch) Vesterh.	3
<i>Helvella crispa</i> (Scop.) Fr.	3
<i>Helvella elastica</i> Bull.	2
<i>Helvella lacunosa</i> Afzel.	6
<i>Hohenbuehelia serotina</i> (Pers.) Singer	3
<i>Hydnum rufescens</i> Pers.	4, 5
<i>Hygrocybe conica</i> (Schaeff.) P. Kumm.	5

<i>Hygrophorus chrysodon</i> (Batsch) Fr.	4, 6, 7
<i>Hygrophorus discoxanthus</i> (Fr.) Rea	1, 4
<i>Hygrophorus eburneus</i> (Bull.) Fr.	3, 4, 6
<i>Hygrophorus fagi</i> G. Becker & Bon	4
<i>Hygrophorus gliocyclus</i> Fr.	4
<i>Hygrophorus hypothejus</i> (Fr.) Fr.	4
<i>Hygrophorus poetarum</i> R. Heim	4
<i>Hymenopellis radicata</i> (Relhan) R.H. Petersen	3, 4, 5, 6, 7
<i>Hypholoma capnoides</i> (Fr.) P. Kumm.	5
<i>Hypholoma fasciculare</i> (Huds.) P. Kumm.	2, 3, 4, 6
<i>Hypholoma lateritium</i> (Schaeff.) P. Kumm.	5
<i>Infundibulicybe font-queri</i> (R. Heim) Bañares	4, 5
<i>Infundibulicybe gibba</i> (Pers.) Harmaja	5, 6
<i>Inocybe asterospora</i> Quél.	5
<i>Inocybe bongardii</i> (Weinm.) Quél.	4
<i>Inocybe geophylla</i> (Bull.) P. Kumm.	1, 3, 4, 5, 6
<i>Inocybe hirtella</i> Bres.	4
<i>Inocybe praetervisa</i> Quél.	5
<i>Inocybe pyriodora</i> (Pers.) P. Kumm.	4
<i>Inocybe squamata</i> J.E. Lange	4
<i>Kuehneromyces mutabilis</i> (Schaeff.) Singer & A.H. Sm.	4
<i>Laccaria amethystina</i> Cooke	3, 6
<i>Laccaria laccata</i> (Scop.) Cooke	4, 5
<i>Lactarius acerrimus</i> Britzelm.	6
<i>Lactarius blennius</i> (Fr.) Fr.	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7
<i>Lactarius chrysorrheus</i> Fr.	3
<i>Lactarius decipiens</i> Quél.	5
<i>Lactarius deliciosus</i> (L.) Gray	3
<i>Lactarius pallidus</i> Pers.	1, 6
<i>Lactarius quieticolor</i> Romagn.	5
<i>Lactarius rufus</i> (Scop.) Fr.	3, 4
<i>Lactarius salmonicolor</i> R. Heim & Leclair	4
<i>Lactarius sanguifluus</i> (Paulet) Fr.	3
<i>Lactarius serifluus</i> (DC.) Fr.	6
<i>Lentinus brumalis</i> (Pers.) Zmitr.	6

<i>Leotia lubrica</i> (Scop.) Pers.	4
<i>Lepiota castanea</i> Quél.	4
<i>Lepiota clypeolaria</i> (Bull.) P. Kumm.	3, 4
<i>Lepiota cortinarius</i> J.E. Lange	6
<i>Lepiota cristata</i> (Bolton) P. Kumm.	2, 3, 4, 5
<i>Lepiota erminea</i> (Fr.) P. Kumm.	4
<i>Lepiota magnispora</i> Murrill	4
<i>Lepiota oreadiformis</i> Velen.	4
<i>Lepista nuda</i> (Bull.) Cooke	5
<i>Lepista sordida</i> var. <i>lilacea</i> (Quél.) Bon	4
<i>Leucoagaricus badhamii</i> (Berk. & Broome) Singer	5 ?
<i>Leucoagaricus leucothites</i> (Vittad.) Wasser	4
<i>Leucoagaricus serenus</i> (Fr.) Bon & Boiffard	3
<i>Leucoagaricus subcretaceus</i> Bon	6
<i>Limacellopsis guttata</i> (Pers.) Zhu L. Yang, Q. Cai & Y.Y. Cui	3, 4
<i>Lycogala epidendrum</i> (J.C. Buxb. ex L.) Fr.	4
<i>Lycoperdon echinatum</i> Pers.	4
<i>Lycoperdon perlatum</i> Pers.	4, 7
<i>Lyophyllum decastes</i> (Fr.) Singer	6
<i>Macrolepiota excoriata</i> (Schaeff.) Wasser	4
<i>Macrolepiota fuliginosa</i> (Barla) Bon	4
<i>Macrolepiota mastoidea</i> (Fr.) Singer	1, 4
<i>Macrolepiota procera</i> (Scop.) Singer	4
<i>Marasmiellus peronatus</i> (Bolton) J.S. Oliveira	3
<i>Marasmius wynneae</i> Berk. & Broome	3, 4
<i>Melanoleuca melaleuca</i> (Pers.) Murrill	3
<i>Meripilus giganteus</i> (Pers.) P. Karst.	1
<i>Mucidula mucida</i> (Schrad.) Pat.	1, 7
<i>Mutinus caninus</i> (Huds.) Fr.	2, 3
<i>Mycena capillaripes</i> Peck	6
<i>Mycena crocata</i> (Schrad.) P. Kumm.	4
<i>Mycena diosma</i> Krieglst. & Schwöbel	3, 6
<i>Mycena epipterygia</i> (Scop.) Gray	4, 6
<i>Mycena fagetorum</i> (Fr.) Gillet	6

<i>Mycena galericulata</i> (Scop.) Gray	5
<i>Mycena galopus</i> (Pers.) P. Kumm.	4, 6
<i>Mycena inclinata</i> (Fr.) Quél.	4
<i>Mycena pelianthina</i> (Fr.) Quél.	3, 4, 6
<i>Mycena pura</i> var. <i>rosea</i> Gillet	4 ?
<i>Mycena pura</i> (Pers.) P. Kumm.	1, 4, 5, 7
<i>Mycena rosea</i> f. <i>rosea</i> Gramberg	2, 4, 5, 7
<i>Mycetinis alliaceus</i> (Jacq.) Earle ex A.W. Wilson & Desjardin	2, 4
<i>Mycetinis scorodonius</i> (Fr.) A.W. Wilson & Desjardin	4
<i>Oligoporus alni</i> (Niemelä & Vampola) Piątek	4
<i>Omphalotus olearius</i> (DC.) Singer	1
<i>Panaeolus papilionaceus</i> (Bull.) Quél.	1
<i>Panellus stipticus</i> (Bull.) P. Karst.	3
<i>Paralepista flaccida</i> (Sowerby) Vizzini	4, 5
<i>Paralepista gilva</i> (Pers.) Raithelh.	1
<i>Paxillus involutus</i> (Batsch) Fr.	6
<i>Phaeoclavulina curta</i> (Fr.) Giachini	5
<i>Phaeolepiota aurea</i> (Matt.) Maire	3, 6
<i>Phlebia tremellosa</i> (Schrad.) Nakasone & Burds.	3
<i>Pleurotus dryinus</i> (Pers.) P. Kumm.	3
<i>Pluteus cervinus</i> (Schaeff.) P. Kumm.	1, 6
<i>Pluteus romellii</i> (Britzelm.) Sacc.	5
<i>Polyporus tuberaster</i> (Jacq. ex Pers.) Fr.	4
<i>Postia fragilis</i> (Fr.) Jülich	5
<i>Postia tephroleuca</i> (Fr.) Jülich	5
<i>Protostropharia semiglobata</i> (Batsch) Redhead, Moncalvo & Vilgalys	1, 4
<i>Psilocybe semilanceata</i> (Fr.) P. Kumm.	1
<i>Psilocybe serbica</i> M.M. Moser & E. Horak	4
<i>Ramaria aurea</i> (Schaeff.) Quél.	4, 5
<i>Ramaria botrytis</i> (Pers.) Bourdot	5
<i>Rheubarbariboletus armeniacus</i> (Quél.) Vizzini, Simonini & Gelardi	4*
<i>Rhodocollybia butyracea</i> (Bull.) Lennox	4, 5

<i>Rhodophana nitellina</i> (Fr.) Papetti	4
<i>Rhytisma acerinum</i> (Pers.) Fr.	3
<i>Ripartites metrodii</i> Huijsman	4
<i>Russula anthracina</i> Romagn.	3
<i>Russula aurea</i> Pers.	5
<i>Russula cessans</i> A. Pearson	2
<i>Russula delica</i> Fr.	1, 3, 4
<i>Russula fellea</i> (Fr.) Fr.	5
<i>Russula fragilis</i> Fr.	5
<i>Russula grisea</i> Fr.	3, 6
<i>Russula insignis</i> Quél.	3
<i>Russula nobilis</i> Velen.	4, 6
<i>Russula persicina</i> Krombh.	4
<i>Russula raoultii</i> Quél.	6
<i>Russula risigallina</i> (Batsch) Sacc.	6
<i>Russula rosea</i> Pers.	3, 5
<i>Russula sanguinea</i> Fr.	4
<i>Russula sardonica</i> Fr.	3
<i>Russula solaris</i> Ferd. & Winge	4
<i>Russula sororia</i> (Fr.) Romell	6
<i>Russula veternosa</i> Fr.	4
<i>Schizopora paradoxa</i> (Schrad.) Donk	6
<i>Scleroderma citrinum</i> Pers.	4
<i>Scleroderma verrucosum</i> (Bull.) Pers.	5
<i>Skeletocutis nivea</i> (Jungh.) Jean Keller	1
<i>Stropharia aeruginosa</i> (Curtis) Quél.	4
<i>Stropharia caerulea</i> Kreisel	4
<i>Stropharia cyanea</i> Tuom.	1, 4
<i>Suillellus luridus</i> (Schaeff.) Murrill	3
<i>Suillellus mendax</i> (Simonini & Vizzini) Vizzini, Simonini & Gelardi	5
<i>Suillus granulatus</i> (L.) Roussel	4
<i>Suillus grevillei</i> (Klotzsch) Singer	3
<i>Suillus luteus</i> (L.) Roussel	4
<i>Suillus sibiricus</i> (Singer) Singer	3

<i>Suillus viscidus</i> (L.) Roussel	3
<i>Tapinella panuoides</i> (Fr.) E.-J. Gilbert	3
<i>Trametes gibbosa</i> (Pers.) Fr.	4
<i>Trametes pubescens</i> (Schumach.) Pilát	1
<i>Tricholoma acerbum</i> (Bull.) Quél.	1
<i>Tricholoma album</i> (Schaeff.) P. Kumm.	6
<i>Tricholoma atosquamosum</i> Sacc.	4
<i>Tricholoma aurantium</i> (Schaeff.) Ricken	4
<i>Tricholoma cedretorum</i> (Bon) A. Riva	4
<i>Tricholoma imbricatum</i> (Fr.) P. Kumm.	4, 5
<i>Tricholoma lascivum</i> (Fr.) Gillet	6
<i>Tricholoma orirubens</i> Quél.	3, 4
<i>Tricholoma saponaceum</i> (Fr.) P. Kumm.	4
<i>Tricholoma stiparophyllum</i> (N. Lund) P. Karst.	4, 6
<i>Tricholoma sulphureum</i> (Bull.) P. Kumm.	4, 5, 6
<i>Tricholoma terreum</i> (Schaeff.) P. Kumm.	3, 5, 6
<i>Tricholoma tridentinum</i> Singer	4
<i>Tricholomopsis decora</i> (Fr.) Singer	3, 5
<i>Tricholomopsis rutilans</i> (Schaeff.) Singer	3, 6
<i>Xerocomellus chrysenteron</i> (Bull.) Šutara	1, 2, 4, 5, 6
<i>Xerocomellus porosporus</i> (Imler ex Watling) Šutara	6
<i>Xerocomellus redeuilhii</i> A.F.S. Taylor, U. Eberh., Simonini, Gelardi & Vizzini	4
<i>Xerula pudens</i> (Pers.) Singer	5
<i>Xylaria hypoxylon</i> (L.) Grev	3
<i>Xylaria polymorpha</i> (Pers.) Grev.	3, 4

* breve sosta in bosco di querce e castagni

Recolecciones de hongos hipogeos efectuadas durante XXVII Giornate Micologiche CEMM (2019)

Aurelia Paz Conde^{1*}, Claude Lavoise², Pascal Chautrand³, Monica Slavova⁴, Marco Morara⁵, Alessandra Zambonelli⁶

¹Apdo. de correos n°6, 17455 Caldes de Malavella, Girona, Spain

²Apdo. de correos n°6, 17455 Caldes de Malavella, Girona, Spain

³62, Rue des Chênes, 17320, Marennes, France

⁴Krivolar 4, Losenetz, 1164 Sofia, Bulgaria

⁵Plazza Caduti di San Ruffillo, 10, 40141, Bologna, Italy

⁶Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agroalimentari, Università di Bologna, Via Fanin 44, 40127, Bologna, Italy

*Corresponding author e-mail: ita-paz@hotmail.com

Abstract

The list of hypogeous fungi found during the XXVII congress of CEMM (2019) is reported.

Resumen

Se presenta una lista de recolecciones de hongos hipogeos, efectuada en el transcurso de las XXVII jornadas Micología de la CEMM (2019).

Keywords

Taxonomía, Ascomycetaceae, Basidiomycetaceae, hongos hipogeos.

Las XXVII JORNADAS DE LA CEMM fueron organizadas por la Sociedad Tartufi e Tartufai del Pollino e delle Serre perteneciente a la Unión Micológica Italiana, del 6 al 12 octubre de 2019 en Marina di Sibari Cosenza, Calabria, Italia. Los autores del artículo realizaron inicialmente un trabajo de búsqueda y recolección gracias a la inestimable ayuda de sus perros: Skotty, Trufi, Lolo, Darius,

Goldie, Chicca y Lola. Una vez recolectado el material es fotografiado, realizado una primera determinación en las salas de trabajo de dichas jornadas y posteriormente secado y fichado en los herbarios personales.

A continuación, detallamos las especies recolectadas por día y lugar donde se efectuaron, en total se recolectaron 24 especies, esperamos poder continuar con la búsqueda de hongos hipogeos en dicho parque próximamente, proyecto que tuvo que ser pospuesto a causa de la pandemia sufrida en todo el mundo.

7-10-2019 ITINERARIO N. 7 **Parco Nazionale del Pollino, Piano di Novacco**, bosque de *Fagus sylvatica*.

Elaphomyces muricatus var. *muricatus* Fr., *Syst. mycol.* (Lundae) 3(1): 59 (1829).

Elaphomyces granulatus f. *granulatus* Fr., *Syst. mycol.* (Lundae) 3(1): 58 (1829).

Elaphomyces papillatus var. *papillatus* Vittad., *Monogr. Tuberc.* (Milano): 64 (1831).

Pachyphlodes citrina (Berk. & Broome) Doweld. (2013).

Tuber excavatum var. *excavatum* Vittad., *Monogr. Tuberc.* (Milano): 49 (1831).

Tuber bituminatum Berk. & Broome, *Ann. Mag. nat. Hist., Ser. 2* 7: 183 (1851)

Tuber mesentericum Vittad., *Monogr. Tuberc.* (Milano): 40 (1831).

Tuber ferrugineum Vittad., *Monogr. Tuberc.* (Milano): 46 (1831).

Tuber pustulatum M. Leonardi, A. Paz, G. Guevara & Pacioni, in Leonardi, Paz-Conde, Guevara, Salvi & Pacioni, *Mycologia* 111(4): 682 (2019).

Genea fageticola Konstantin., Cabero & Faust. García, in Alvarado, Cabero, Moreno, Bratek, Van Vooren, Kaounas, Konstantinidis, Agnello, Merényi & Smith, *Ascomycete.org* 6(3): 45 (2014).

Octaviania depauperata var. *depauperata* (Tul. & C. Tul.) J.M. Vidal, A. Paz & Lavoise, in Paz, Vidal, Lavoise & Moreau, *Boletín Micológico de FAMCAL*, Fed. Asoc. Micol. Cast. y León 9: 80 (2014). leg. Oden Ligabue.

Genea lespiaultii Corda, in Zobel, *Icon. fung.* (Prague) 6: 58 (1854). leg. Oden Ligabue.

Tuber foetidum Vittad., *Monogr. Tubercac.* (Milano): 41 (1831). leg. Oden Ligabue.

8-10-2019 Parco Nazionale del Pollino, bosque de *Fagus sylvatica* y *Corylus avellana*
Elaphomyces muricatus var. *muricatus* Fr., *Syst. mycol. (Lundae)* 3(1): 59 (1829).
Elaphomyces anthracinus f. *anthracinus* Vittad., *Monogr. Tubercac.* (Milano):
 66 (1831).

Tuber foetidum Vittad., *Monogr. Tubercac.* (Milano): 41 (1831).
Tuber ferrugineum Vittad., *Monogr. Tubercac.* (Milano): 46 (1831).
Tuber excavatum var. *excavatum* Vittad., *Monogr. Tubercac.* (Milano): 49 (1831).
Genea vagans Mattir., *Malpighia* 14: 247 (1900).
Balsamia polysperma Vittad., *Monogr. Tubercac.* (Milano): 31 (1831).

9-10-2019 ITINERARIO N.8 **Valle del Serrapotamo**, Carbone, bivio per Calvera,
 bosque de ribera.

Tuber magnatum Picco, *Melethemata inauguralia*: 79 (1788).
Tuber rufum var. *rufum* Picco, *Meleth. bot.*: 80 (1788)
Genea sp.

Lactarius populicola J.M. Vidal, Konstantin., Setkos & Slavova, in Vidal, Alvarado, Loizides, Konstantinidis, Chachuła, Mleczko, Moreno, Vizzini, Krakhmalnyi, Paz, Cabero, Kaounas, Slavova, Moreno-Arroyo & Llistosella, *Persoonia* 42: 147 (2019) (Fig.1 and 2).

10-10-2019 ITINERARIO N.3 **“Campiglioni” - Bosco di Donna Calda**
 1° lugar Bosco Donna Calda

Tuber bituminatum Berk. & Broome, *Ann. Mag. nat. Hist., Ser. 2* 7: 183 (1851).
Tuber pustulatum M. Leonardi, A. Paz, G. Guevara & Pacioni, in Leonardi, Paz-Conde, Guevara, Salvi & Pacioni, *Mycologia* 111(4): 682 (2019).
Stephensia bombycina (Vittad.) Tul. & C. Tul., *Fungi hypog.*: 129 (1851).

2° lugar Pavone

Fischerula macrospora Mattir., *Nuovo G. bot. ital.*, n.s. 34: 1348 (1928).

Tuber excavatum var. *excavatum* Vittad., *Monogr. Tuberac.* (Milano): 49 (1831).

Sclerogaster hysterangioides (Tul. & C. Tul.) Zeller & C.W. Dodge, *Ann. Mo. bot. Gdn* 22: 370 (1935).

Balsamia polysperma Vittad., *Monogr. Tuberac.* (Milano): 31 (1831).

3° lugar Campotenesse

Tuber excavatum var. *excavatum* Vittad., *Monogr. Tuberac.* (Milano): 49 (1831).

Genea vagans Mattir., *Malpighia* 14: 247 (1900).

Hymenogaster rehsteineri Bucholtz, *Hedwigia* 40: 318 (1901)

11-10-2019 Parco Nazionale del Pollino

Tuber fulgens Quél., *Grevillea* 8(no. 47): 116 (1880). leg. Matteo Peroni

Tuber foetidum Vittad., *Monogr. Tuberac.* (Milano): 41 (1831). leg. Matteo Peroni

Balsamia polysperma Vittad., *Monogr. Tuberac.* (Milano): 31 (1831).

Tuber bituminatum Berk. & Broome, *Ann. Mag. nat. Hist.*, Ser. 2 7: 183 (1851).

Tuber mesentericum Vittad., *Monogr. Tuberac.* (Milano): 40 (1831).

Tuber ferrugineum Vittad., *Monogr. Tuberac.* (Milano): 46 (1831).

Tuber foetidum Vittad., *Monogr. Tuberac.* (Milano): 41 (1831).

Elaphomyces anthracinus f. *anthracinus* Vittad., *Monogr. Tuberac.* (Milano): 66 (1831). leg. Luis Barrio

Tuber excavatum var. *excavatum* Vittad., *Monogr. Tuberac.* (Milano): 49 (1831). leg. Luis Barrio

Tuber excavatum var. *sulphureum* G. Rioussset & Rioussset, in Gross, *Docums Mycol.* 21(no. 81): 5 (1991).

Pachyphlodes citrina (Berk. & Broome) Doweld. (2013).

Agradecimientos

Domenico Pappaterra, presidente del “Parco Nazionale del Pollino”, Mario Galima, presidente Ass. Tartufi & Tartufai, y a todos los socios y colaboradores que hicieron posible estas jornadas. A Matteo Peroni, Luis Barrio de la Parte y Oden Ligabue por las donaciones de sus recolecciones.



Fig. 1 - *Lactarius populicola*

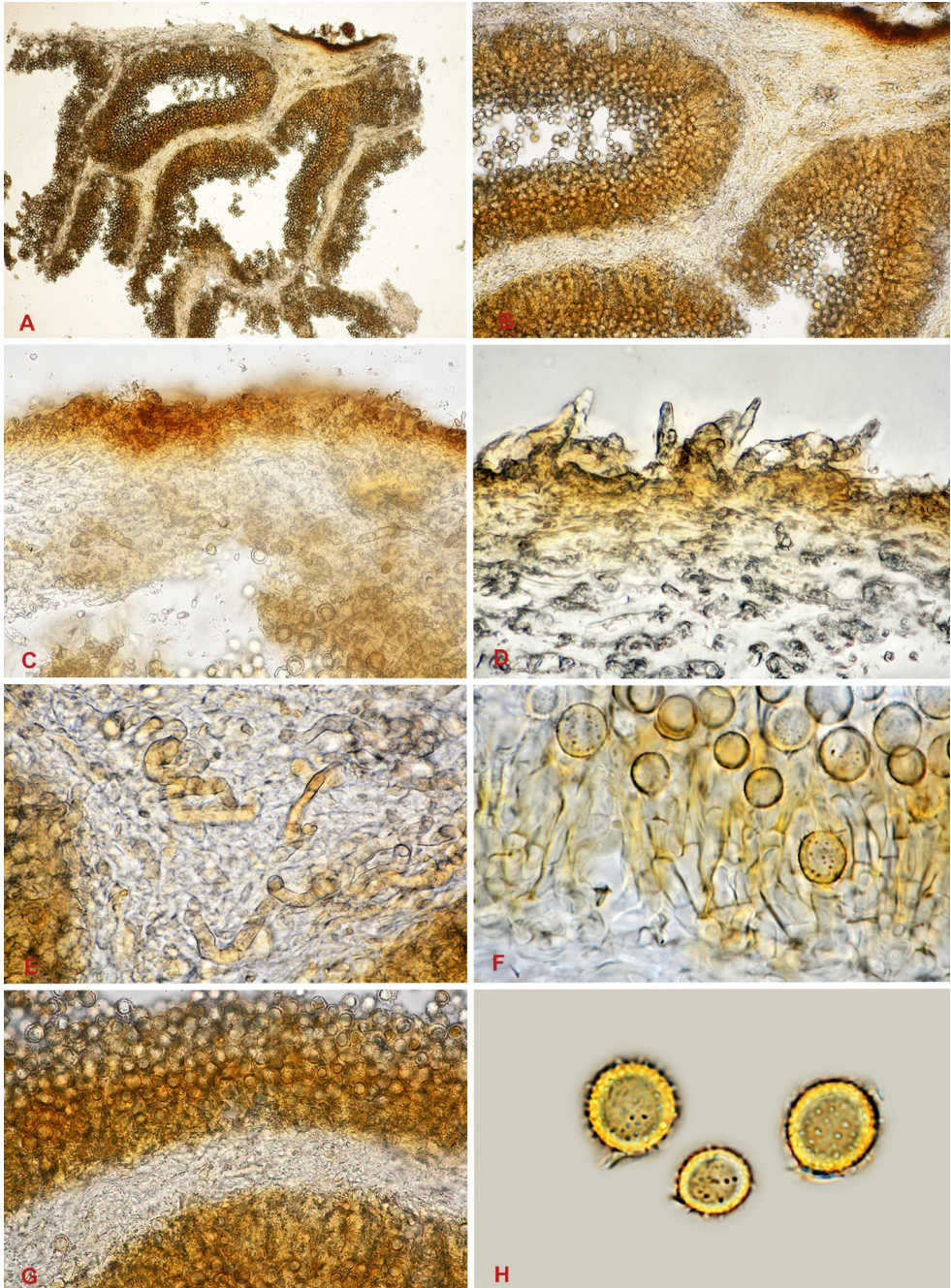


Fig. 2 - *Lactarius populicola*, A-B sección del peridio y gleba; E-G hifas de la trama de los alveolos en la gleba y parte del himenio; H esporas.

RELAZIONI SCIENTIFICHE



Colus hirudinosus Cavalier & Sèchier

Phylogeny of the genus *Gymnopus* s.l. (Basidiomycota) with an emphasis to European taxa

Vladimír Antonín

Moravian Museum, Dept. of Botany, Zelný trh 6, 659 37 Brno, Czech Republic

E-mail: vantonin@mzm.cz

Abstract

In this short review, the taxonomy of the European taxa genus *Gymnopus* s.l. on the basis of the recent phylogenetic studies is described.

Riassunto

In questa breve rassegna viene descritta la tassonomia dei taxa Europei del genere *Gymnopus* s.l. sulla base dei recenti studi filogenetici

Keywords

genus *Gymnopus* s.l., taxonomy

The wide use of the phylogeny methods changed our view on the systematics and taxonomy of fungi. The aim of this short lecture is briefly document the impact of these methods and efforts to select monophyletic clades on the agaric genus *Gymnopus*.

The name *Gymnopus* was used by Persoon (1801) for the first time. He used it on a sectional level with a very broad and unclear description. To the generic level, it was elevated by Roussel (1806). Since that time, it was mostly forgotten. More than 100 years later, W.A. Murrill used this name in various publications and described or combined tens of taxa in this genus between 1916 and 1945 (basic work, Murrill 1916).

However, regardless of the validly described genus *Rhodocollybia* Singer (Singer 1939), mostly the broad conception of *Collybia* (Fr.) Staude was still used (e.g. even also by Moser (1983) in his famous and widely used key).

However, several years earlier, Lennox (1979) already used division of *Collybia* genera into *Gymnopus*, *Rhodocollybia* and *Collybia* (as *Microcollybia* Lennox), probably for the first time in the recent literature. Halling (1983) reduced *Rhodocollybia* to the subgenus level. Antonín & Noordeloos (1997) based on macro- and micromorphological characters, proposed following dividing of the genus *Gymnopus*: sect. *Gymnopus*, sect. *Levipedes* (subsect. *Levipedes* and *Alkalivirentes*) and sect. *Vestipedes* (subsect. *Vestipedes* and *Impudicae*); they also accepted *Rhodocollybia* on the generic level. Several years later, in their significant paper, Moncalvo et al. (2002), included *Gymnopus* to the clade/omphalotaceae together with genera *Lentinula*, *Rhodocollybia*, *Marasmiellus*, *Micromphale*, *Setulipes* and *Marasmius* sect. *Alliacei* (recently the genus *Mycetinis* Earle). Wilson & Desjardin (2005) confirmed separate genera *Marasmiellus*, *Rhodocollybia* and *Gymnopus* (incl. *Micromphale* and *Setulipes*) within family *Omphalotaceae*. In the last monograph by Antonín & Noordeloos (2010), based on both morphological and basic phylogenetic data, following concept of *Gymnopus* was accepted: clade *Gymnopus*: sect. *Gymnopus*, sect. *Levipedes* (with subsect. *Levipedes* and *Alkalivirentes*) and sect. *Androsacei*, and clade *Marasmiellus*: sect. *Vestipedes* (with subsect. *Vestipedes* and *Impudicae*) within *Omphalotaceae*.

Already in the same year, Hughes et al. (2010) described the new monotypic genus *Connopus* R.H. Petersen, within *Gymnopus*, with the type species *C. acervatus* (Fr.) K.W. Hughes et al. Later, Sandoval-Leiva et al. (2016) established the new, again monotypic genus *Gymnopanella* Sand.-Leiva et al. with the type species: *G. nothofagi* Sand.-Leiva et al. from Chile.



Fig. 1- *Marasmiellus confluens*. Czech Republic, Staré Hamry – Jamník, 31 July 2011, photo V. Antonín.



Fig. 2- *Gymnopus dryophilus*. Czech Republic, Mokrý near Brno, Sivický les forest, 17 August 2006, photo V. Antonín.



Fig. 3 - *Gymnopus fusipes*. Czech Republic, Milovice, Milovická stráň Nature Reserve, 15 August 2010, photo V. Antonín.

The last distinct influence to the *Gymnopus* were the results by Oliveira et al. (2019). Based on a very large set of data, they singled out two new genera, *Pusillomyces* J.S. Oliveira (with the type species *P. manuripioides* J.S. Oliveira from Brazil) and *Paragymnopus* J.S. Oliveira (the type species *P. perforans* (Hoffm.) J.S. Oliveira). The latter genus is identical with *Gymnopus* sect. *Perforantia* (Singer) R.H. Petersen. The same authors Oliveira et al. (2019) phylogenetically confirmed the sect. *Vestipedes* species as members of the genus *Marasmiellus* Murrill and made several new combinations (also for European taxa). Petersen and Hughes (2020) described a new gymnopoid genus *Pseudomarasmium* R.H. Petersen & K.W. Hughes (type species *Pseudomarasmium pallidocephalus* known from the USA).

And what remained in *Gymnopus* s.str.? There still is a lot of species: sect. *Gymnopus* (type species *G. fusipes* (Bull.: Fr.) Gray), sect. *Androsacei* (type species *G. androsaceus* (L.: Fr.) J.L. Mata & R.H. Petersen), sect. *Levipedes* (type species

G. dryophilus (Bull.: Fr.) Murrill) and sect. *Impudicae* (type species *G. impudicus* (Fr.) Antonín et al.).

References

- ANTONÍN V, NOORDELOOS ME (1997). A monograph of *Marasmius*, *Collybia* and related genera in Europe. Part 2: *Collybia*, *Gymnopus*, *Rhodocollybia*, *Crinipellis*, *Chaetocalathus*, and additions to *Marasmiellus*. Libri Botanici 17: 1–256. Eching.
- ANTONÍN V, NOORDELOOS ME (2010). A monograph of marasmiod and collybioid fungi in Europe. Eching.
- HALLING RE (1983). The genus *Collybia* (Agaricales) in the northeastern United States and adjacent Canada. *Mycologia Memoir* 8: 1–148.
- HUGHES K., MATHER DA, PETERSEN RH (2010). A new genus to accomodate *Gymnopus acervatus*. *Mycologia* 102(6): 1463–1478.
- MONCALVO JM et al. (2002). One hundred and seventeen clades of euagarics. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 23: 357–400.
- MOSER M (1983). *Kleine Kryptogamenflora. Die Röhrlinge und Blätterpilze, IIB/2.* Stuttgart-New York.
- ROUSSEL HFA (1806). *Flore du Calvados et terrains adjacents, composée suivant la méthode de Jussieu.* Caen.
- PERSOON CH (1801). *Synopsis methodica fungorum*, Gottingae.
- MURRILL WA (1916). Agaricaceae Tribe Agariceae. *North American Flora*, New York, 9(5): 297–374.
- LENNOX J W (1979). Collybioid genera in the Pacific Northwest. *Mycotaxon* 9: 117–231.
- OLIVEIRA JJS, VARGAS-ISLA R, CABRAL TS, RODRIGUES DP, ISHIKAWA NK (2019). Progress on the phylogeny of the *Omphalotaceae*: *Gymnopus* s. str., *Marasmiellus* s. str., *Paragymnopus* gen. nov. and *Pusillomyces* gen. nov. *Mycological Progress* 18(5): 713–739.

- SANDOVAL-LEIVA PA, MCDONALD JV, THORN RG (2016). *Gymnopanella nothofagi*, a new genus and species of gymnopoid fungi (*Omphalotaceae*) from Chilean *Nothofagus* forest. *Mycologia* 108(4): 820-827.
- SINGER R (1939). Phylogenie und Taxonomie der Agaricales. *Schweizerische Zeitschrift für Pilzkunde* 17: 71-73.
- WILSON AW, DESJARDIN DE (2005). Phylogenetic relationships in the gymnopoid and marasmioid fungi (Basidiomycetes, euagaric clade). *Mycologia* 97(3): 667-679.

Passato, presente e futuro della tassonomia e sistematica fungina con esempi relativi al genere *Tuber*

Mirco Iotti

Dipartimento di medicina clinica, Sanità pubblica, Scienze della Vita e dell'Ambiente, via Vetoio, Coppito 1, 67100 L'Aquila.

E-mail: mirco.iotti@univaq.it

Abstract

The issues related to fungal taxonomy and systematics, with emphasis on the genus *Tuber*, are described.

Riassunto

Sono descritte le criticità legate alla tassonomia e sistematica fungina, con particolare riferimento alle specie del genere *Tuber*.

Keywords

Phylogenetic trees, ITS, truffle

Nel regno dei funghi sono state descritte circa 140.000 specie ma, recentemente, è stato stimato che il numero reale si aggiri approssimativamente intorno ai 3 milioni (Hawksworth and Lücking 2018). La specie è l'unità base della tassonomia ed alimenta da sempre un'intensa attività di delimitazione, riconoscimento e denominazione degli organismi viventi. L'attività tassonomica deve però fare i conti con il concetto stesso di specie e, nel caso dei funghi, con la complessità dei loro cicli biologici e la plasticità dei loro comportamenti alimentari e riproduttivi.

Non esiste un unico approccio universale per delimitare le specie ed oltre 30 diversi concetti di specie sono stati proposti per il raggruppamento degli organismi viventi (Wilkins 2018). Questi concetti prendono in considerazione diversi criteri fra i quali i più importanti sono l'isolamento riproduttivo, la diversità fenotipica e la monofilia (Lücking et al. 2020). Da un punto di vista biologico, l'isolamento riproduttivo ha un peso significativo nel definire il concetto di specie ma per molti funghi questa caratteristica è difficile da verificare sperimentalmente o da riprodurre in laboratorio. Inoltre, alcune specie fungine non manifestano la fase sessuale (funghi imperfetti) mentre in altri casi sono stati registrati eventi di ibridizzazione fra specie differenti (Feurtey e Stukenbrock 2018). Nei tartufi, specie strettamente eterotalliche (Murat et al. 2018), il processo di fertilizzazione rimane ancora un lato oscuro del loro ciclo biologico e non è mai stata osservata la formazione di gametangi in miceli allevati in vitro. Per tale motivo risulta impossibile eseguire prove di compatibilità sessuale fra ceppi differenti ed inoltre sono caratterizzati da meccanismi di incompatibilità vegetativa che rendono difficile anche la formazione di anastomosi fra ife di ceppi diversi (Iotti et al. 2012).

La variabilità fenotipica (morfologica) è molto più semplice, economica, rapida e tecnologicamente meno impegnativa da analizzare. Nel corso dei secoli questo tipo di criterio è stato l'unico ad essere applicato in ambito tassonomico per classificare gli organismi viventi ma presenta diversi svantaggi che si amplificano nel caso dei funghi. La corretta identificazione di una specie fungina spesso non è semplice come per altri organismi, quali piante ed animali, che hanno una maggior varietà di caratteri morfologici utili. I funghi formano generalmente strutture riproduttive gamiche molto semplici dotate di pochi caratteri tassonomici, che si riducono ulteriormente nelle strutture riproduttive agamiche (conidiofori). Inoltre, è quasi impossibile risalire ad una specie fungina dall'analisi delle sue strutture vegetative (miceli, micorrize, rizomorfe, sclerozi, ecc.). Oltre a queste difficoltà, il fenomeno della speciazione criptica, molto diffuso nel regno dei funghi, contribuisce a sottostimare il livello di diversità all'interno di un genere.

Infatti, accade spesso che due o più specie formatesi di recente da un comune antenato siano morfologicamente indistinguibili fra di loro ma ormai geneticamente isolate. Questa condizione è dovuta al fatto che la differenziazione morfologica fra gruppi d'individui di recente speciazione si realizza, generalmente, in tempi molto lunghi. All'interno del genere *Tuber*, diverse specie sono indicate col termine di "complesso di specie" proprio per indicare la presenza di specie criptiche. Fra queste possiamo citare *T. rufum*, *T. excavatum*, *T. mesentericum*, *T. indicum* (Benucci et al. 2016; Healy et al. 2016; Kinoshita et al. 2018; Puliga et al. 2020). Alcuni caratteri tassonomici sono invece fortemente influenzati dalle condizioni ambientali che determinano una gamma di variabilità intraspecifica per quel carattere che si sovrappone in parte o totalmente a quella esistente fra specie simili. In tal caso si può incorrere in una sovrastima della diversità all'interno di un genere fungino. La distinzione fra *T. aestivum* e *T. uncinatum* per anni si è basata su differenze morfologiche relative alle dimensioni delle verruche nel peridio, al colore della gleba e alle ornamentazioni sporiali, che sono probabilmente dovute alla diversa epoca di maturazione di questi tartufi ma è stato scientificamente dimostrato che si tratta di differenti morfotipi appartenenti alla stessa specie (Wedén et al. 2005).

A partire dalla fine degli anni 80, lo sviluppo delle tecniche di biologia molecolare applicate all'analisi del DNA hanno rappresentato una vera e propria rivoluzione nel campo della sistematica e della tassonomia fungina. I dati di sequenza del DNA rappresentano una fonte enorme di caratteri utili a fini diagnostici: decine o centinaia di milioni di nucleotidi che potenzialmente possono essere considerati singoli caratteri da confrontare per posizione nella catena di DNA e tipo (adenina, citosina, guanina, timina). Innanzitutto, l'analisi delle sequenze nucleotidiche ha permesso di dare un solo nome a molti funghi patogeni i cui anamorfi e telomorfi erano identificati con sistemi di classificazione differenti. Di conseguenza è stata eliminata la categoria sistematica dei Deuteromiceti che non aveva alcun fondamento evolutivo poiché in essa venivano raggruppati tutti i funghi di cui non si conosceva la forma riproduttiva gamica.

L'analisi del DNA è caratterizzata da un'elevata sensibilità, accuratezza e riproducibilità ed i risultati non sono influenzati dalla tipologia o dall'integrità della struttura fungina analizzata o dall'effetto del fattore ambiente. Inoltre, la diversità criptica (diversità genetica non supportata da diversità morfologica) può essere facilmente rilevata. L'approccio molecolare, comunque, non risolve tutti i problemi di delimitazione e riconoscimento delle specie. In molti casi risulta difficile identificare la specie con accuratezza e precisione per la mancanza di sequenze di DNA di riferimento o per la carenza di informazioni sulla reale variabilità genetica di uno specifico gruppo di funghi. Inoltre, la maggior parte delle sequenze depositate nelle banche dati derivano da campioni ambientali a cui non è stato associato un nome di una specie o di un genere (Fig. 1).

Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per Ident	Accession
→ Uncultured Tuber clone 3115A 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and inte	1195	1195	100%	0.0	100.00%	FJ210782.1
→ Uncultured Tuber clone 2007BFF7 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1157	1157	100%	0.0	98.92%	HQ204751.1
→ Uncultured fungus genomic DNA sequence containing 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene, clone F05_P_5_B	1157	1157	100%	0.0	98.92%	FN397419.1
● Tuber oligospermum voucher JS732014 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal	1146	1146	100%	0.0	98.61%	KX354290.1
● Tuber puberulum voucher JS742014 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1116	1116	100%	0.0	97.84%	KX354289.1
● Tuber oligospermum clone OI5 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and inte	1116	1116	97%	0.0	98.58%	AF106891.1
● Tuber borchii 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene (partial), isolate 02ROR	1114	1114	93%	0.0	99.83%	FM205494.1
● Tuber puberulum voucher 17116 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, internal transcribed spa	1096	1096	94%	0.0	98.86%	JF908746.1
→ Tuber sp. TG-2008 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene (partial), isolate XX14E	1092	1092	93%	0.0	99.17%	FM205701.1
● Tuber cf. melanosporum TG-2008 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene (partial), isolate 08MEL	1086	1086	93%	0.0	99.01%	FM205495.1
→ Tuber sp. TG-2008 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene (partial), isolate TUBsp/150208	1081	1081	93%	0.0	98.84%	FM205623.1
● Tuber puberulum 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene (partial), isolate 389	1081	1081	93%	0.0	98.84%	FM205643.1
● Tuber puberulum 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene (partial), isolate 389	1081	1081	93%	0.0	98.84%	FM205642.1
● Tuber oligospermum 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 28S rRNA gene (partial), isolate XX13	1081	1081	93%	0.0	98.85%	FM205683.1
● Tuber dryophilum isolate GB37 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and int	1075	1075	93%	0.0	98.68%	HM485354.1

Fig. 1 – Esempio di confronto fra una sequenza ITS1-5.8S-ITS2 di *T. dryophilum* e quelle depositate presso il database di GenBank. Nel riquadro rosso sono riportati i valori di similarità fra le sequenze come valore percentuale. Le frecce rosse indicano sequenze depositate relative a materiale fungino non identificato a livello specifico. I pallini colorati indicano sequenze depositate con nomi differenti per percentuali di similarità superiori al 98.5%

Attualmente sono circa 45.000 le sequenze di DNA associate a funghi identificati a livello di specie, ossia a circa il 30% delle specie conosciute, ma meno del 6% se consideriamo quelle stimate (Lücking et al. 2020). Una quota di queste sequenze è stata ottenuta da corpi fruttiferi erroneamente

identificati (Nilsson et al. 2006) in seguito a una scarsa familiarità nei confronti del gruppo di funghi analizzati o a un concetto tassonomico inappropriato degli stessi. A causa di questi aspetti è necessario fare un'attenta valutazione delle sequenze di riferimento disponibili nelle banche dati adottando opportuni criteri (Nilsson et al. 2012). Molti ricercatori stanno cercando di ovviare a questi problemi di scarsa qualità delle sequenze depositate creando dei database più dettagliati e affidabili, applicando soluzioni informatiche capaci di limitare gli errori di valutazione (Tedesoo et al. 2011; Nilsson et al. 2019). Mycobank ha creato database specifici per alcuni gruppi di funghi come ad esempio quelli del genere *Morchella* (<https://morchella.mycobank.org/>) mentre "NCBI taxonomy Database" ora include annotazioni dei campioni tipo con le relative sequenze di riferimento identificati con il codice NR_XXXXXX (Federhen 2015). Un'errata identificazione di una specie fungina può derivare anche da errori tecnici o contaminazioni ambientali che si verificano durante l'analisi molecolare e che non possono essere individuati fino alla fine del processo. Un ulteriore svantaggio è rappresentato dai costi di questo tipo di analisi e dal tipo di professionalità richiesta per effettuarla. In generale, comunque, i costi delle analisi molecolari si sono fortemente ridotti nel corso degli anni e molti laboratori le effettuano di routine e in tempi brevi. Il processo prevede l'estrazione di DNA da una matrice contenente il materiale fungino da identificare (corpo fruttifero, suolo, alimento, pianta o animale ospite, acqua, aria, manufatti, ecc.), un'amplificazione di una frazione del DNA estratto (PCR), il sequenziamento del DNA amplificato e il confronto della sequenza ottenuta con quelle depositate nei database genetici. Il processo si può accorciare, in alcuni casi, effettuando la PCR direttamente dal materiale fungino senza estrarne preventivamente il DNA (Iotti et al. 2006). La PCR diretta è stata applicata con successo per lo studio delle comunità fungine ectomicorriziche (Iotti et al. 2010; Leonardi et al. 2013), per l'identificazione di corpi fruttiferi e colture pure (Bonito 2009; Bonuso et al. 2006) o di patogeni fungini (Mari et al. 2012a,b).

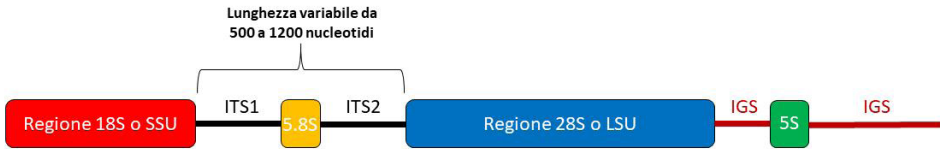


Fig. 2 – Schema di una unità di DNA ribosomiale fungino. I geni che costituiscono i ribosomi sono indicati da rettangoli colorati. Il gene 5S può essere assente in alcuni gruppi di funghi.

La delimitazione e il riconoscimento delle specie a livello molecolare si basano su due concetti fondamentali: DNA barcoding e monofilia. Il DNA barcoding sfrutta il principio dei codici a barre usati per identificare singoli prodotti commerciali. L'applicazione di tale principio in tassonomia molecolare prevede l'individuazione di una (o alcune) piccola regione del DNA (marcatori molecolari) all'interno del genoma, la cui sequenza nucleotidica sia in grado di identificare in modo univoco un organismo. Per quanto riguarda i funghi tale regione è stata individuata all'interno del DNA ribosomiale, a livello delle regioni ITS1 e ITS2 (spazi di trascrizione interna 1 e 2, Fig. 2). Il DNA ribosomiale ha il vantaggio di essere facilmente amplificabile tramite PCR perché presente in copie multiple all'interno di uno stesso nucleo. Inoltre, il tasso di variabilità varia fra i geni che lo compongono che possono essere differenzialmente analizzati a seconda che si desideri una risoluzione tassonomica a livello di ordine, famiglia, genere o specie. Le regioni ITS hanno una variabilità nucleotidica limitata (generalmente non più del 2-3%) fra individui della stessa specie ma più consistente fra individui di specie differenti. Una specie geneticamente molto eterogenea come *T. aestivum* ha una variabilità della regione ITS che non supera il 3.5% (Wedén 2004).

Il numero di sequenze ITS all'interno dei database genetici è molto superiore (almeno 10 volte) a quello di altri marcatori, offrendo una più ampia possibilità di confronto e facilità di delimitazione e riconoscimento di una specie fungina. Purtroppo, le regioni ITS non garantiscono una sufficiente risoluzione per separare alcune specie fungine, perlopiù microfunghi patogeni di piante ed animali (Lücking et al. 2020).

Il concetto di monofilia è fondamentale per la sistematica degli organismi. Un gruppo monofiletico è costituito dall'insieme dei taxa che derivano da un antenato comune e che condividono uno o più caratteri derivati (nuovi) ereditati dallo stesso antenato (sinamorfia). Il riconoscimento dei gruppi monofiletici è fondamentale per comprendere gli schemi ed i modelli evolutivi e, quindi, per delimitare accuratamente i taxa a vari livelli gerarchici fra cui la specie. L'insieme di tutte le ramificazioni delle linee evolutive che hanno originato gli attuali organismi viventi è denominata filogenesi, da cui si deduce la storia evolutiva, le parentele e la diversità dei vari gruppi monofiletici. Dal punto di vista grafico la filogenesi di un gruppo di organismi è rappresentato da un albero filogenetico; esso rappresenta solo un'ipotesi di parentele e discendenze dedotta dai dati che si hanno a disposizione in quel momento e non è una risposta definitiva. La struttura degli alberi filogenetici per uno specifico gruppo di funghi può variare nel tempo qualora nuovi dati si aggiungono a quelli precedenti. Un albero filogenetico è strutturato in (Fig. 3):

- branche, rappresentano le varie linee evolutive (ipotetici organismi estinti o viventi);
- punti di ramificazione (o nodi), rappresentano un evento di ramificazione dicotomica dalla quale si originano due (o più) nuove linee evolutive differenti; ogni branca che termina in un nodo è considerato come l'antenato comune da cui si sono originate le nuove linee evolutive;
- foglie, rappresentano le branche terminali, generalmente coincidenti con singole specie o gruppi di individui appartenenti ad una specie;
- radice (eventuale), antenato più recente, comune a tutti gli organismi presenti nell'albero.

Due specie sono imparentate più strettamente se hanno un antenato comune (nodo) più recente rispetto alle altre, ossia se hanno meno caratteri, morfologici o molecolari, divergenti. I dati molecolari si prestano bene a ricostruire la filogenesi dei funghi e quindi a delimitare le singole specie. Tramite la filogenesi molecolare si possono dedurre la possibile esistenza di condizioni di isolamento riproduttivo fra i gruppi monofiletici terminali di un albero. In ogni caso, si tratta di una deduzione che non identifica necessariamente la reale presenza di barriere riproduttive che impediscono lo scambio di materiale genetico fra tali gruppi. Essi potrebbero rappresentare popolazioni o ecotipi di una stessa specie di cui non si conoscono gli ibridi per insufficienza di campionamento o per isolamento ecologico temporaneo. L'analisi genetica di nuovi campioni potrebbe modificare la topologia dell'albero riunendo specie precedentemente delimitate o creandone delle nuove. Tutto ciò solleva la questione su quali limiti dobbiamo adottare nell'interpretazione del concetto di monofilia all'interno di un albero per delimitare una specie (es. in Fig. 3 una specie è rappresentata solo da A, da A e B o da A, B, C e D?)

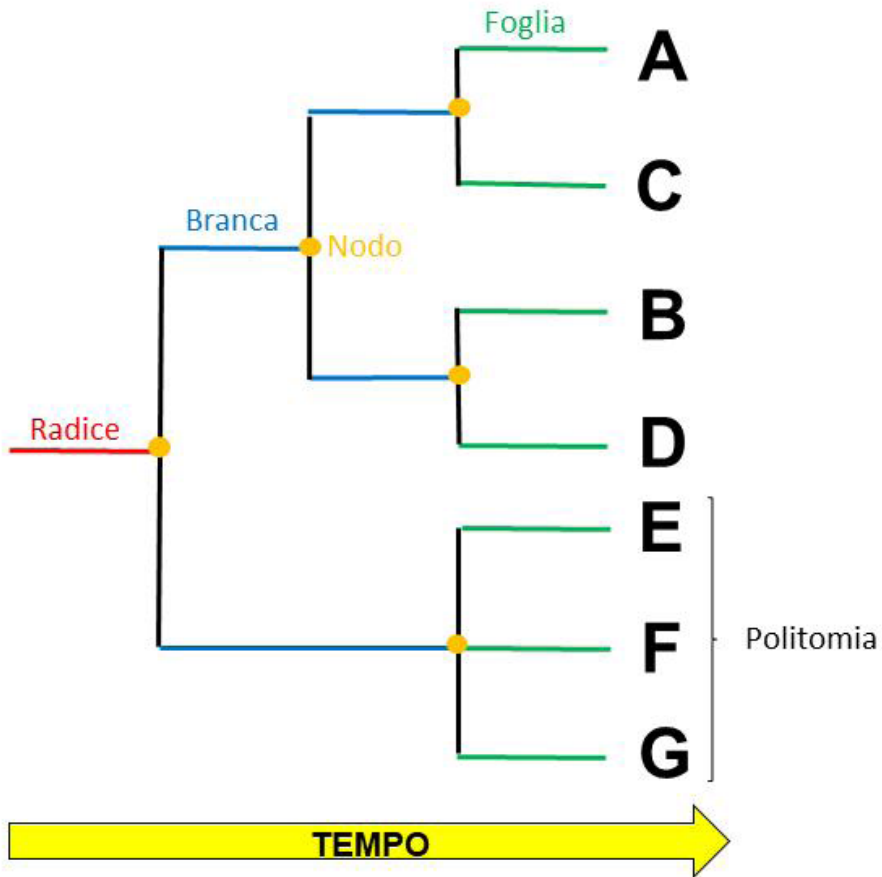


Fig. 3 - Schema di albero filogenetico comprensivo di radice (linea rossa), branche (linee azzurre), foglie (linee verdi) e nodi (punti gialli). La politomia rappresenta un nodo (antenato) da cui si originano tre o più linee evolutive (gruppi di organismi) e può essere il risultato di un'informazione genetica insufficiente per mancanza di dati (campioni).

L'analisi su vasta scala dei geni legati al riconoscimento sessuale dei funghi (mating type) potrebbe, in futuro, generare filogenesi più aderenti alle reali situazioni di isolamento riproduttivo fra funghi. Purtroppo, la caratterizzazione di questi geni è ancora nelle fasi iniziali. Ad esempio, su circa 200 specie stimate afferenti al genere *Tuber* (Bonito et al. 2010), i geni mating type sono stati caratterizzati solo in *T. magnatum*, *T. melanosporum*, *T. aestivum*, *T. indicum*, *T. borchii* (Rubini et al. 2011; Belfiori et al. 2013, 2016; Murat et al. 2018).

La costruzione di alberi filogenetici per delimitare le specie si possono anche generare con caratteri morfologici. Comunque, la valutazione di questi caratteri è critica poiché essi presentano una variabilità continua e parzialmente condivisa fra taxa strettamente imparentati e possono essere cambiati numerose volte nel tempo all'interno di una linea evolutiva. Ad esempio, *Tuber melosporum* inizialmente fu inserito nel genere *Picoa*, come *P. melospora* (Moreno et al. 2000), a causa dell'assenza delle ornamentazioni sporali ma dopo l'analisi dei dati molecolari è stato trasferito nel genere *Tuber* (Alvarado et al. 2012). L'assenza di ornamentazioni sporali in questa specie è dovuta ad una modificazione del carattere ancestrale per il genere *Tuber* (apomorfia) in cui sono presenti spore reticolate o spinose (Lancellotti e tal. 2016) ma un carattere ricorrente in molti generi nell'ordine delle Pezizales. Impiegando i caratteri morfologici per costruire un albero filogenetico potremmo quindi commettere errori nell'ordinare per importanza i diversi tipi di caratteri. Un semplice esempio di tale problematica è rappresentato in figura 4.

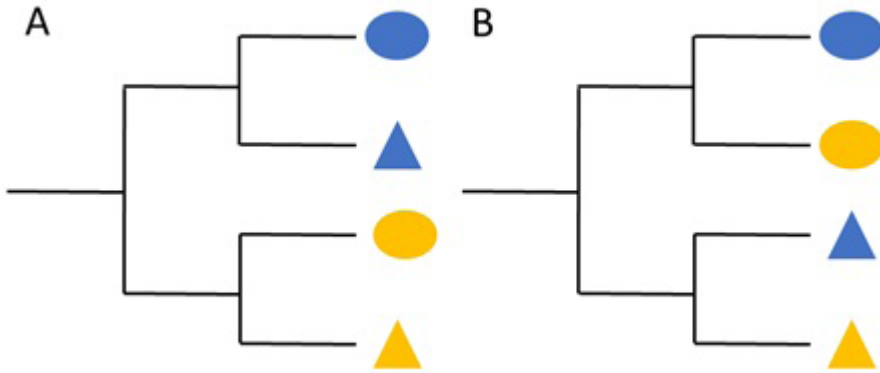


Fig. 4 – Schema di albero filogenetico costruito sulla morfologia di 4 organismi ipotetici che si differenziano per due soli caratteri: forma (ellittica e triangolare) e colore (giallo e azzurro). Nel caso A il primo evento di separazione ha riguardato il carattere colore mentre nel caso B la forma. Anche trattandosi di una semplice ricostruzione genealogica la distribuzione dei 4 organismi e quindi le loro parentele cambiano totalmente.

Conclusioni

La sfida futura nella sistematica dei funghi è l'applicazione di una "tassonomia integrata" che tende a combinare approcci differenti (molecolari, morfologici, biologici, ecologici, filogeografici, ecc.) che non entrano in competizione fra loro ma si integrano a vicenda. Il punto di partenza è rappresentato dalla valutazione della variabilità genetica dentro un gruppo di funghi, seguito dall'integrazione con dati ottenuti con altri approcci, primo fra i quali quello morfologico. In secondo luogo, poiché differenti gruppi di funghi si evolvono in modo differente i criteri di delimitazione delle specie che li compongono devono adattarsi di conseguenza, per ottenere una classificazione tassonomica più aderente alla realtà. Una volta delimitata una specie in modo robusto, è necessario individuare una serie di caratteri, molecolari (DNA barcoding) e morfologici, utili al suo riconoscimento universale.

Particolare attenzione dovrà essere posta alla conservazione dei nomi delle specie fungine con valore commerciale. Se le future analisi filogenetiche e l'applicazione delle priorità nomenclaturali previste dal Codice Internazionale di Nomenclatura Botanica dovessero mettere in discussione il nome di tali specie sarebbe opportuno avvalersi del principio del nomen conservandum per non creare problemi a livello legislativo e commerciale. In merito a ciò, alcuni tartufi pregiati nel futuro prossimo potrebbero essere suddivisi in due o più specie con nomi differenti creando dei problemi a livello della filiera commerciale. Questa situazione potrebbe verificarsi ad esempio per *T. mesentericum* o *T. brumale*. In tal caso la soluzione adottata per i porcini del gruppo edulis potrebbe rilevarsi soddisfacente sia dal punto di vista scientifico (mantenimento di nomi diversi per specie diverse) sia commerciale (nome comune per specie simili).

Bibliografia

- ALVARADO P, MORENO G, MANJÓN JL (2012). A new *Tuber* without spore ornamentation. *Tuber melosporum* comb. nov. Boletín de la Sociedad Micológica de Madrid 36:191-196.
- BELFIORI B, RICCIONI C, PAOLOCCI F, RUBINI A (2013). Mating type locus of Chinese black truffles reveals heterothallism and the presence of cryptic species within the *T. indicum* species complex. PLoS ONE 8(12):e82353.
- BELFIORI B, RICCIONI C, PAOLOCCI F, RUBINI A (2016). Characterization of the reproductive mode and life cycle of the whitish truffle *T. borchii*. Mycorrhiza 26:515-527. <https://doi.org/10.1007/s00572-016-0689-0>
- BENUCCI GMN, GÓGÁN CSORBAI A, BACIARELLI FALINI L, MAROZZI G, SURIANO E, SITTA N, DONNINI D (2016). Taxonomy, Biology and Ecology of *Tuber macrosporum* Vittad. and *Tuber mesentericum* Vittad. In: Zambonelli A, Iotti M, Murat C (eds) True Truffle (*Tuber* spp.) in
- BONITO G (2009). Fast DNA-based identification of the black truffle *Tuber melanosporum* with direct PCR and species-specific primers. FEMS Microbiology Letters 301(2):171-175.

- BONITO GM, GRYGANSKYI AP, TRAPPE JM, VILGALYS R (2010). A global meta-analysis of *Tuber* ITS rDNA sequences: species diversity, host associations and long-distance dispersal. *Mol Ecol* 19:4994-5008. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2010.04855.x>
- BONUSO E, IOTTI M, MACRÌ A, ZAMBONELLI A (2006). Approccio innovativo per l'identificazione molecolare dei funghi filamentosi. *Micologia Italiana* 35(3):32.
- FEDERHEN S (2015). Type material in the NCBI Taxonomy Database. *Nucleic Acids Research* 43(D1):D1086–D1098. <https://doi.org/10.1093/nar/gku1127>
- FEURTEY A, STUKENBROCK EH (2018). Interspecific gene exchange as a driver of adaptive evolution in fungi. *Annual Review of Microbiology* 72(1):377-398.
- HAWKSWORTH DL, LÜCKING R (2018). Fungal diversity revisited: 2.2 to 3.8 million species. In: Heitman J, Howlett BJ, Crous PW, Stukenbrock EH, James TY, Gow NAR (eds) *The Fungal Kingdom*. ASM Press, Washington, DC, pp. 79–95. <https://doi.org/10.1128/9781555819583.ch4>
- HEALY R, BONITO GM, SMITH ME (2016). A brief overview of the systematics, taxonomy, and ecology of the *Tuber rufum* clade. In: Zambonelli A, Iotti M, Murat C (eds) *True Truffle (Tuber spp.) in the World*, *Soil Biology* 47. Springer International Publishing, Cham, Switzerland, pp 125-136. https://doi.org/10.1007/978-3-319-31436-5_8
- IOTTI M, LANCELLOTTI E, HALL I, ZAMBONELLI A (2010). The ectomycorrhizal community in natural *Tuber borchii* grounds. *FEMS Microbiology Ecology* 72:250-260. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2010.00844>
- IOTTI M, RUBINI A, TISSERANT E, KHOLER A, PAOLOCCI F, ZAMBONELLI A (2012). Self/nonsel self recognition in *Tuber melanosporum* is not mediated by a heterokaryon incompatibility system. *Fungal Biology* 116(2):261-275. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2011.11.009>.
- IOTTI M, ZAMBONELLI A (2006.) A quick and precise technique for identifying ectomycorrhizas by PCR. *Mycological Research* 110(1):60-65. <https://doi.org/10.1016/j.mycres.2005.09.010>.

- KINOSHITA A, NARA K, SASAKI H, FENG B, OBASE K, YANG ZL, YAMANAKA T (2018) Using mating-type loci to improve taxonomy of the *Tuber indicum* complex, and discovery of a new species, *T. longispinosum*. PLoS ONE 13(3):e0193745. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0193745>
- LANCELLOTTI E, FANTINI P, IOTTI M, FRANCESCHINI A, ZAMBONELLI A (2016a). *Tuber melosporum* smooth spores: an anomalous feature in the genus *Tuber*. Mycologia 108:174-178. <https://doi.org/10.3852/15-080>
- LEONARDI M, IOTTI M, ODDIS M, LALLI G, PACIONI G, LEONARDI P, MACCHERINI S, PERINI C, SALERNI E, ZAMBONELLI A (2013). Assessment of ectomycorrhizal fungal communities in the natural habitats of *Tuber magnatum* (Ascomycota, Pezizales). Mycorrhiza 23:349–358. <https://doi.org/10.1007/s00572-012-0474-7>
- LÜCKING R, AIME MC, ROBBERTSE B, MILLER AN, ARIYAWANSA HA, AOKI T, CARDINALI G, CROUS PW, DRUZHININA IS, GEISER DM, HAWKSWORTH DL, HYDE KD, IRINYI L, JEEWON R, JOHNSTON PR, KIRK PM, MALOSSO E, MAY TW, MEYER W, ÖPIK M, ROBERT V, STADLER M, THINES M, VU D, YURKOV AM, ZHANG N, SCHOCH CL (2020). Unambiguous identification of fungi: where do we stand and how accurate and precise is fungal DNA barcoding? IMA Fungus 11:14. <https://doi.org/10.1186/s43008-020-00033-z>
- MARI M, GUIDARELLI M, MARTINI C, SPADONI A (2012a) First report of *Colletotrichum acutatum* causing bitter rot on apple in Italy. Plant Disease 96:144. <https://doi.org/10.1094/PDIS-06-11-0483>
- MARI M, MARTINI C, GUIDARELLI M, NERI F (2012b). Postharvest biocontrol of *Monilinia laxa*, *Monilinia fructicola* and *Monilinia fructigena* on stone fruit by two *Aureobasidium pullulans* strains. Biological Control 60(2):132-140. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2011.10.013>

- MURAT C, PAYEN T, NOEL B, KUO A, MORIN E, CHEN J, KOHLER A, KRIZSÁN K, BALESTRINI R, DA SILVA C, MONTANINI B, HAINAUT M, LEVATI E, BARRY BW, BELFIORI B, CICHOCKI N, CLUM A, DOCKTER RB, FAUCHERY L, GUY J, IOTTI M, RICCIONI C, RUBINI A, SITRIT Y, SPLIVALLO R, TRAEGER S, WANG M, ŽIFČÁKOVÁ L, WIPF D, ZAMBONELLI A, PAOLOCCIF, NOWROUSIAN M, OTTONELLO S, BALDRIANP, SPATAFORA JW, HENRISSAT B, NAGY LG, AURY JM, WINCKER P, GRIGORIEV IV, BONFANTE P, MARTIN FM (2018). Pezizomycetes genomes reveal the molecular basis of ectomycorrhizal truffle lifestyle. *Nat Ecol Evol* 2, 1956–1965.
<https://doi.org/10.1038/s41559-018-0710-4>
- MORENO G, DIEZ GJ, MANJON JL (2000). *Picoa melospora* sp. nov (Pezizales) from the Iberian Peninsula. *Bulletin Semestriel de la Fédération des Associations Mycologiques Méditerranéennes* 18:87-92.
- NILSSON RH, LARSSON KH, TAYLOR AFS, BENGTSSON-PALME J, JEPPESEN TS, SCHIGEL D, KENNEDY P, PICARD K, GLÖCKNER FO, TEDERSOO L, SAAR I, KÖLJALG U, ABARENKOV K (2019). The UNITE database for molecular identification of fungi: handling dark taxa and parallel taxonomic classifications. *Nucleic Acids Research* 47(D1):D259–D264.
<https://doi.org/10.1093/nar/gky1022>
- NILSSON RH, RYBERG M, KRISTIANSSON E, ABARENKOV K, LARSSON KH, KÖLJALG U (2006). Taxonomic reliability of DNA sequences in public sequence databases: a fungal perspective. *PloS One* 1(1):e59.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000059>
- NILSSON RH, TEDERSOO L, ABARENKOV K, RYBERG M, KRISTIANSSON E, HARTMANN M, SCHOCH CL, NYLANDER JAA, BERGSTEN J, PORTER TM, JUMPPONEN A, VAISHAMPAYAN P, OVASKAINEN O, HALLENBERG N, BENGTSSON-PALME J, ERIKSSON KM, LARSSON KH, LARSSON E, KÖLJALG U (2012) Five simple guidelines for establishing basic authenticity and reliability of newly generated fungal ITS sequences. *MycoKeys* 4:37-63. <https://doi.org/10.3897/mycokeys.4.3606>

-
- PULIGA F, ILLICE M, IOTTI M, BALDO D, ZAMBONELLI A (2020). *Tuber iranicum*, sp. nov., a truffle species belonging to the Excavatum clade. *Mycologia*. <https://doi.org/10.1080/00275514.2020.1783181>
- RUBINI A, BELFIORI B, RICCIONI C, TISSERANTE, ARCIONI S, MARTIN F, PAOLOCCI F (2011). Isolation and characterization of MAT genes in the symbiotic ascomycete *Tuber melanosporum*. *New Phytologist* 189(3):710-722. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2010.03492.x>
- TEDERSOO L, ABARENKOV K, NILSSON RH, SCHÜSSLER A, GRELET G-A, KOHOUT P, OJA J, BONITO M, VELDRE V, JAIRUS T, RYBERG M, LARSSON KH (2011). Tidying up international nucleotide sequence databases: ecological, geographical and sequence quality annotation of ITS sequences of mycorrhizal fungi. *PLoS ONE* 6(9): e24940. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024940>
- WEDÉN C (2004). Black truffles of Sweden: systematics, population studies, ecology and cultivation of *Tuber aestivum* syn. *T. uncinatum*. PhD thesis, Acta Universitatis Upsaliensis, Uppsala, Svezia.
- WEDÉN C, DANELL E, TIBELL L (2005). Species recognition in the truffle genus *Tuber*– the synonyms *Tuber aestivum* and *Tuber uncinatum*. *Environmental Microbiology* 7(10):1535-1546. <https://doi.org/10.1111/j.14622920.2005.00837.x>
- WILKINS JS (2018). *Species: The Evolution of the Idea*. CRC Press, Boca Raton, FL

La tartuficoltura in Italia: le piante tartufigene

Domizia Donnini*, Giorgio Marozzi, Leonardo Baciarelli Falini

Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali
Università degli Studi di Perugia, Borgo XX giugno, 74, 06121 Perugia

*Corresponding author e-mail: domizia.donnini@unipg.it

Abstract

Truffle cultivation consists in the planting and subsequent cultivation of mycorrhized plants with the species of truffle to cultivate. This cultivation, although still relatively young, is becoming more and more a valid alternative to traditional crops, especially to diversify the activity of the farm. The species of symbiont plants that can be used in truffle-growing are numerous, angiosperms but also gymnosperms. According to the ecological affinity of the symbiont plant and truffle pair, the combinations can be many, at least fifty, but only relatively few are those frequently required to nursery structures. At present only 4 Italian regions require nurseries to produce certified material (Umbria, Tuscany, Emilia Romagna, Marche), which is certainly still very limited and can easily generate doubts, but also lead to fraud in the product. Since for a successful cultivation it is necessary, even if not sufficient, to have plants with certain and quality mycorrhization, several certification methods have been developed at national level since the late 80s. The first method in 1987 was very laborious and little used, while the next one in 1995 is actually shared by more than 10 Italian regions and is still current. Compared to this, improvements have been proposed and in some cases made in the analysis and qualitative-quantitative evaluation of the plants themselves, in order to improve their quality. However, the good quality of the inoculated plants alone does

not guarantee the production of truffles, but it is undoubtedly a parameter to be taken into due consideration, among other things much better known and assessable than other more complex factors.

Riassunto

La tartuficoltura consiste nella piantagione e successiva coltivazione di piante micorrizzate con la specie di tartufo che si intende coltivare. Questa coltivazione, seppure ancora relativamente giovane, sta diventando sempre più una valida alternativa alle colture tradizionali, soprattutto per diversificare l'attività dell'azienda agraria. Le specie di piante simbionti che possono essere utilizzate in tartuficoltura sono numerose, angiosperme ma anche gimnosperme. In base all'affinità ecologica della coppia pianta simbionte e tartufo, le combinazioni possono essere molte, almeno una cinquantina, tuttavia solo relativamente poche sono quelle richieste di frequente alle strutture vivaistiche. Allo stato attuale soltanto 4 regioni italiane prevedono l'obbligo per i vivai di produrre materiale certificato (Umbria, Toscana, Emilia Romagna, Marche), certamente aspetto ancora molto limitato e che facilmente può generare dubbi, ma anche portare a frodi nel prodotto. Visto che per la buona riuscita della coltivazione è necessario, anche se non sufficiente, avere piante con micorrizzazione certa e di qualità, sono stati messi a punto diversi metodi di certificazione a livello nazionale a partire dalla fine degli anni 80. Il primo metodo nel 1987, risultato molto laborioso e poco utilizzato, mentre il successivo del 1995 è in realtà condiviso da oltre 10 regioni italiane e ancora attuale. Rispetto a questo sono stati proposti e in alcuni casi effettuati dei miglioramenti nelle analisi e nella valutazione quali-quantitativa delle piante stesse, allo scopo di migliorarne la qualità. Tuttavia, la buona qualità delle piantine inoculate da sola non garantisce la produzione dei tartufi, però indubbiamente è un parametro da tenere in debita considerazione, tra l'altro molto più noto e valutabile di altri fattori più complessi.

Keywords

truffle cultivation, host plants, assesement, certification.

La tartuficoltura consiste nella piantagione e successiva coltivazione di piante micorrizzate con la specie di tartufo che si intende coltivare. Questa coltivazione, seppure ancora relativamente giovane, sta diventando sempre più una valida alternativa alle colture tradizionali, soprattutto per diversificare l'attività dell'azienda agraria. Tuttavia, per la migliore riuscita devono essere soddisfatti alcuni determinanti fattori che riguardano: valutazione pedoclimatica del sito, caratteristiche stazionali (altitudine, esposizione, inclinazione), flora e vegetazione circostante e antecedenti colturali. La attenta valutazione di questi fattori consente di operare la più idonea scelta della combinazione di pianta simbiote e specie di tartufo da mettere a dimora, secondo la densità di impianto più opportuna, in base alla capacità di sviluppo della pianta, e ai dati stazionali e in coerenza con l'ecologia della specie di tartufo (Bencivenga e Baciarelli Falini 2012).

Le specie di piante simbiotici che possono essere utilizzate in tartuficoltura sono numerose, angiosperme ma anche gimnosperme. Nel primo caso per lo più alberi appartenenti al genere *Quercus* (*Quercus pubescens* Willd., *Q. cerris* L., *Q. ilex* L., *Q. robur* L.), seguito da *Corylus avellana* L., *Ostrya carpinifolia* Scop., *Carpinus betulus* L., *Tilia cordata* Mill. e da arbusti come *Cistus* sp.. Tra le gimnosperme ci sono: *Pinus pinea* L., *Pinus halepensis* L.. Tale variabilità specifica si integra con la variabilità del tartufo, dato che sono coltivabili le 9 entità regolate dalla norma in vigore (legge quadro 752/1985). In base all'affinità ecologica della coppia pianta simbiote e tartufo, le combinazioni possono essere molte, almeno una cinquantina, tuttavia solo relativamente poche sono quelle richieste di frequente alle strutture vivaistiche.

Controllo e Certificazione delle piante tartufigene

Allo stato attuale soltanto 4 regioni italiane prevedono l'obbligo per i vivai di produrre materiale certificato (Umbria, Toscana, Emilia Romagna, Marche), certamente aspetto ancora molto limitato e che facilmente può generare dubbi, ma anche portare a frodi nel prodotto. Infatti, questo aspetto è stato preso in debita considerazione anche dal Tavolo Tecnico del Tartufo istituito dal MIPAAF attraverso la redazione del Piano di Settore di Filiera del tartufo 2017-2020, che prevede la certificazione delle piante obbligatoria almeno in tutta Italia. Tale indicazione è stata ripresa per l'elaborazione della nuova norma quadro sul tartufo, ancora in fase di disegno di legge.

Visto che per la buona riuscita della coltivazione è necessario, anche se non sufficiente, avere piante con micorrizzazione certa e di qualità, sono stati messi a punto diversi metodi di certificazione a livello nazionale a partire dalla fine degli anni 80. Infatti, il primo fu coordinato dal Corpo Forestale dello Stato (Bencivenga et al. 1987), che incaricò alcuni studiosi di mettere a punto un metodo di analisi delle piante prodotte in vivaio. Tuttavia, forse proprio perché si trattava della prima esperienza, ne risultò un metodo molto laborioso e poco rispondente alle necessità di controllo, perciò raramente utilizzato. Successivamente, nel 1995, su incarico di 10 regioni italiane, un gruppo di esperti mette a punto un metodo di valutazione delle piante tartufigene, sempre su base morfologica, ma in questo caso speditivo e quindi applicabile (Govi et al. 1995). Il metodo prevede tre passaggi principali:

- 1 . Identificazione delle micorrize (attraverso la bibliografia specializzata)
- 2 . Valutazione del grado di micorrizzazione di singole piantine
- 3 . Valutazione del grado di micorrizzazione di un lotto di piante.

La pianta deve essere svasata e con molta cura e delicatezza privata del terreno e lavata nell'apparato radicale, dal quale attraverso una griglia vengono prelevate otto porzioni di radici (4 dal settore prossimale e 4 dal distale). Su queste porzioni si effettua un conteggio dei primi 50 apici distinguendo i tipi di micorrize presenti e calcolando successivamente la percentuale dei vari tipi. Per essere valida una pianta deve possedere il 30% di micorrize del tartufo inoculato, se ci sono altri funghi non devono superare il 15% e nel caso la differenza tra il valore del tartufo e quello degli altri funghi deve essere maggiore o uguale a 20. Naturalmente la pianta deve anche possedere un buono stato fitosanitario e uno sviluppo regolare tra apparato epigeo e ipogeo, entrambi tali da assicurare un buon attecchimento e un futuro accrescimento.

Per quanto riguarda la valutazione del grado di micorrizzazione di un lotto di piante, va prima definito il lotto omogeneo: composto di piante della stessa specie, inoculate nell'arco di 10 giorni (al massimo), utilizzando lo stesso inoculo di tartufo e allevate nelle medesime condizioni. Dal lotto vanno prelevate l'1% di piante, in lotti inferiori a 1000 piante ne vanno prelevate comunque 10, che vengono sottoposte all'analisi descritta in precedenza. Il lotto risulta valido se tutte presentano micorrize del tartufo inoculato e risultano idonee almeno l'80% di esse. I lotti certificati possono essere distribuiti per l'impianto durante l'autunno (periodo di controllo) o al massimo nella primavera successiva, in caso negativo trascorso un anno dal controllo andranno di nuovo sottoposti ad analisi.

Nel 2005 l'esperienza pluriennale di applicazione del metodo e l'elevato numero di piante analizzate ha permesso di introdurre modifiche (Donnini 2005) che hanno reso questo metodo più speditivo e preciso:

- nessun conteggio di apici, ma stima visiva dell'intero apparato radicale
- controllo della qualità dell'inoculo (controllo dei tartufi).

Il controllo può essere svolto solo da personale molto esperto. L'esperienza e la professionalità del personale (che si calibra periodicamente), in seguito alla difficoltà di utilizzo della griglia di prelievo e alla non applicabilità per alcune specie (es. *Quercus ilex* per apparato radicale spesso poco uniforme), consente di procedere alla valutazione della percentuale di micorrizzazione dell'intero apparato radicale, effettuando la conta di tutti gli apici solo in caso di contestazione.

Inoltre, visto il diffondersi delle tecniche sempre più all'avanguardia, dal 2007 nella Regione dell'Umbria viene introdotta l'analisi biomolecolare delle micorrize attraverso l'uso di marcatori molecolari specifici. In particolare, la norma regionale (art. 2, Reg. regionale 16.7.2007, n. 8) stabilisce che tutte le piante prodotte, commercializzate o comunque distribuite nel territorio regionale devono essere provviste del certificato di micorrizzazione, che attesti la specie di tartufo e l'idoneità ai fini della tartuficoltura.

In seguito all'esperienza accumulata negli anni dal gruppo di ricerca del prof. Mattia Bencivenga in questo settore, sulla base di dati di circa 5.000 piante tartufigene analizzate, nel 2013 durante il congresso di Teruel (Spagna) sono stati proposti nuovi parametri per un metodo rapido, standardizzato e riproducibile per la certificazione della qualità delle piante tartufigene (Donnini et al., 2014). Si tratta di una migliore definizione della qualità delle piante certificate: controllo di qualità dell'inoculo (spore mature e identificazione certa della specie per evitare la contaminazione con altri funghi); qualità della pianta simbiote (habitus, lignificazione, sanità e apparato radicale regolare); controllo della qualità delle piantine da inoculare mediante pre-screening per verificare l'assenza di funghi competitivi; analisi morfologica e biomolecolare per l'identificazione delle micorrize.

Per quanto riguarda la qualità delle piantine inoculate, si effettua la stima visuale del grado di micorrizzazione, osservando tutto l'apparato radicale (o conta dei primi 50 apici su 6 porzioni distali e 6 prossimali, cioè 600 apici).

La percentuale di *Tuber* deve essere maggiore o uguale a 30, con assenza di altre specie di *Tuber*, eventuali funghi concorrenti inferiori a 10% e differenza tra il valore del tartufo inoculato e gli eventuali funghi concorrenti deve essere maggiore o uguale a 30. L'analisi delle micorrize prevede metodo morfologico e biomolecolare. Riguardo i lotti di piante, devono essere omogenei (stessa specie, età, allevate nello stesso ambiente) ma composti da non più di 500 piante (in caso di problemi restano ferme un numero minore di piante); vanno prelevate l'1% più altre 5 piante con campionamento casuale; solo una pianta non valida è ammessa.

Considerazioni conclusive

La pianta tartufigena ha assunto fin dall'inizio un ruolo molto importante per la tartuficoltura, tuttavia già nel metodo di valutazione del 1995 compare questa dicitura: *“tali metodi di valutazione garantiscono la validità delle piante tartufigene, ma non la produzione in campo di tartufi”*. Infatti la buona qualità delle piantine inoculate da sola non garantisce la produzione dei tartufi, però indubbiamente è un parametro da tenere in debita considerazione, tra l'altro molto più noto e valutabile di altri fattori più complessi.

Quindi un metodo ideale deve essere preciso, ma di facile applicazione e rapido.

Bibliografia

- BENCIVENGA M, BACIARELLI FALINI L (2012). Manuale di Tartuficoltura – Esperienze di coltivazione dei Tartufi in Umbria – Regione Umbria, Università degli Studi di Perugia.
- BENCIVENGA, M, FERRARA AM, FONTANA A, GRANETTI B, GREGORI G, LO BUE G, PALENZONA M, REBAUDENGO E, TOCCI A, ZAMBONELLI A (1987). Valutazione dello stato di micorrizzazione in piantine tartufigene. Proposta di un metodo. Corpo Forestale dello Stato, Ministero Agricoltura e Foreste, Roma.

DONNINI D (2005). Controllo morfologico e certificazione delle piante micorrizate. Atti del Seminario sullo stato attuale della tartuficoltura italiana, Spoleto-Norcia, 21-22 febbraio 2004, 22-27.

GOVI G, BENCIVENGA M, PACIONI G, PALENZONA M, TOCCI A, ZAMBONELLI A (1995). Presentazione del metodo di valutazione delle piante micorrizate con funghi del gen. *Tuber* basato sulla caratterizzazione morfologica delle micorrize.

MIPAAF (2017-2020) Piano Nazionale della filiera del tartufo, MIPAAF, Roma

Tartufi nel mondo, uso in cucina e coltivazione

Alessandra Zambonelli* e Federico Puliga

Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-Alimentari, Viale G. Fanin 44, 40127, Bologna, Italy

*Corresponding author e-mail: alessandr.zambonelli@unibo.it

Abstract

The successful truffle cultivation in Europe, USA, China and in several countries of the southern hemisphere is reported. The truffle orchards in the most extreme climatic conditions were realized in Finland, China and South Africa.

Riassunto

Sono riportati i paesi in cui la tartuficoltura si sta diffondendo al di fuori dell'Europa ed in particolare nell'emisfero sud. In Cina, Sud Africa e Finlandia sono state realizzate nuove tartufaie in condizioni climatiche estreme.

Keywords

Tuber spp., cultivation, southern hemisphere, USA, China, Finland

I tartufi sono funghi ascomiceti ipogei appartenenti al genere *Tuber*. I loro ascomi sono di forma globosa più o meno regolare ed indeiscenti. Essi sono tutti dotati di un aroma, più o meno gradevole per l'uomo, capace di attirare molti animali selvatici che cibandosene, favoriscono la diffusione delle spore con le loro deiezioni (Zambonelli et al. 2017).

Sono inoltre tutti ectomicorrizici obbligati e per questo la loro coltivazione può essere effettuata solo in associazione con una pianta ospite (Bonito et al. 2013).

Seppure siano poche le specie europee conosciute ed apprezzate in tutto il mondo, il genere comprende circa 200 specie diverse distribuite in tutto l'emisfero nord (Bonito et al. 2010a). Le specie Europee più pregiate sono *Tuber magnatum* Picco (tartufo bianco pregiato), *Tuber melanosporum* Vittad. (tartufo nero pregiato), *Tuber borchii* Vittad. (tartufo bianchetto o marzuolo), *Tuber aestivum* Vittad. (Tartufo estivo o scorzone, anche nella sua forma *uncinatum*), *Tuber bumale* Vittad. (tartufo neo d'inverno anche nella sua forma *moschatum*), *Tuber mesentericum* Vittad. (tartufo nero ordinario) e *Tuber macrosporum* (tartufo nero liscio). Questi tartufi sono comunemente presenti in Italia e la loro raccolta e commercializzazione è regolamentata dalla Legge Nazionale 752/85. Alcune di queste specie quali *T. melanosporum*, *T. aestivum* e *T. borchii* sono state introdotte con la coltivazione in numerosi paesi extraeuropei ed anche nell'emisfero sud dove i tartufi sono pressoché assenti.

Le prime coltivazioni di *Tuber melanosporum* nell'emisfero sud sono state realizzate nella metà degli anni 80 in Nuova Zelanda e il primo ascoma è stato trovato nel 1993 a Gisborne. La coltivazione del tartufo in Australia è iniziata lo stesso anno e nel 1999 è stato trovato il primo tartufo in Tasmania (Australia). Allo stato attuale sono state realizzate più di 150 piccole tartufoie di *T. melanosporum* in Nuova Zelanda e più di 300 in Australia, generalmente di più grandi dimensioni (fino a 35 ha). Nel 2016 la produzione di tartufi neri pregiati in Australia è stata di 13 tonnellate, ma si stima che nei prossimi anni possa raggiungere e superare quella francese ed italiana. Più recentemente la tartuficoltura è stata introdotta con successo in Cile, Uruguay, Argentina e Sud Africa dove la prima produzione di tartufi è stata registrata rispettivamente nel 2009, 2014 e 2015. L'introduzione della tartuficoltura in questi paesi ha richiesto un'attenta analisi delle caratteristiche climatiche per individuare le aree più idonee (Hall et al. 2017, Zambonelli et al. 2015). Inoltre, nella maggior parte dei casi le tartufoie sono state realizzate su terreni originariamente acidi o sub-acidi per cui è stato necessario correggere il pH mediante massicci ammendamenti calcarei con un apporto di carbonato di calcio che ha superato le 120 ton/ha.

La scarsità od assenza in molte di queste aree di altre specie vegetali ectomicorriziche e la correzione del pH hanno limitato le contaminazioni in campo di funghi ectomicorrizici estranei che in Europa rappresentano uno dei maggiori problemi della tartuficoltura. Anche in questi Paesi vi sono, tuttavia, delle problematiche legate alle contaminazioni con *T. brumale* che è stato accidentalmente introdotto con l'inoculo. Mancando inoltre una tradizione nella raccolta del tartufo non vi sono cani adeguatamente addestrati (Fig. 1).



Fig. 1 – Raccolta dei tartufi in una tartufaia coltivata in Australia. Il cane guarda il tartuficoltore cercare i tartufi.

Uno dei risultati più sorprendenti è stato recentemente ottenuto in Sud Africa dove una tartufaia di 7,9 ha, realizzata nel 2009, su un terreno sabbioso e desertico ha iniziato a produrre nel 2018 (Fig. 2a e 2d). La tartufaia è situata a 1100 m s.l.m., con un clima caratterizzato da 1100 unità di freddo, piovosità annuale pari a 353 mm con piogge prevalentemente invernali. Il pH originale del terreno di questa tartufaia era 4,5 ed è stato portato a 7,9 mediante ripetuti e massicci ammendamenti calcarei. Inizialmente, erano stati piantate esclusivamente piantine di *Quercus robur* L. e *Cistus incanus* L.

La tartufaia è stata dotata di un impianto di irrigazione per micro aspersione e di sensori in grado di monitorare costantemente l'umidità del suolo che costituiva il fattore limitante alla coltura del tartufo (Fig. 2b). Per limitare la perdita d'acqua e mantenere elevato il pH del terreno sono inoltre state effettuate pacciamature con un ghiaino di carbonato di calcio attorno a ciascuna piantina per un'estensione di circa un metro (Fig. 2b). Inoltre, sono state regolarmente effettuate concimazioni con compost-tea per compensare la scarsità di nutrienti del terreno. Nonostante questi interventi molte piantine, in particolare quelle di *Q. robur*, aventi esigenze maggiori, sono morte e sono state quindi sostituite con altre piantine sia di *Q. robur* sia di *Quercus ilex* L., molto più idonea alle caratteristiche pedoclimatiche del luogo. Sorprendentemente, questa tartufaia dopo anni dall'impianto ha iniziato a produrre tartufi di ottima qualità (Fig. 2c e 2e).

Altre situazioni limite dove si sta cercando di introdurre la tartuficoltura sono rappresentate dalla Cina e dalla Finlandia. In Cina sono state messe a dimora tartufaie di *T. melanosporum* nell'area di Chuxiong, caratterizzata da un clima umido subtropicale (https://en.wikipedia.org/wiki/Chuxiong_City). In questa tartufaia invece che irrigare nel periodo estivo si è reso necessario rimuovere l'acqua in prossimità delle piantine mediante profondi fossi di drenaggio (Fig. 3a).



Fig. 2 – Tartufaia produttiva situata nel deserto Sud africano. (a) tartufaia a tre anni dall’impianto. (b) Pacciamatura ed impianto di irrigazione in una piantina di *Q. robur*. (c) Raccolta dei primi tartufi. (d) Particolare del terreno sabbioso della tartufaia. (e) tartufo nero raccolto nella tartufaia.

La Finlandia, invece rappresenta l’area più fredda dove si è coltivato il tartufo, caratterizzata da un clima boreale e con temperature invernali inferiori a $-30\text{ }^{\circ}\text{C}$. Per evitare danni da freddo alle giovani piantine inoculate con *T. aestivum* è stato necessario effettuare pacciamature durante l’inverno (Shamekh et al. 2014). Anche se l’interesse per la coltivazione è rivolto soprattutto ai tartufi europei vi sono altre specie di tartufi eduli che hanno un mercato nei paesi di origine e/o che vengono commercializzate in Europa, originando spesso frodi commerciali.

Senza alcun dubbio sia come entità delle produzioni e sia come importanza sul mercato internazionale, il primo posto spetta ai tartufi asiatici. *Tuber indicum* Cooke & Massee è un tartufo nero simile a *T. melanosporum* ampiamente raccolto in Cina. Nel suo Paese di origine, è per lo più utilizzato per la

preparazione di liquori pregiati al tartufo (Fig. 3b), per la preparazione di medicinali e solo raramente viene utilizzato in cucina. La maggior parte di questi tartufi sono esportati in Europa dove sono venduti e consumati al posto del simile, ma più costoso, tartufo nero pregiato. Questo tartufo è di qualità nettamente inferiore a *T. melanosporum*, non tanto per le sue caratteristiche organolettiche, che a maturità sono simili a quelle del tartufo nero pregiato, ma poiché è generalmente raccolto senza cane, zappando il terreno e pertanto per lo più immaturo. Sempre in Cina, sono presenti altre due specie di tartufo *Tuber sinoaestivum* J.P. Zhang & P.G. Liu, molto simile all'europeo *T. aestivum* (Zang et al. 2012, Zambonelli et al. 2012) e *Tuber panzhihuanense* X.J. Deng & Y. Wang simile a *T. borchii* (Deng et al. 2013). Questi due tartufi sono più rari di *T. indicum* e *T. himalayense*, raggiungono prezzi sul mercato Cinese che talora superano quelli delle specie europee a cui somigliano e pertanto non vengono esportati. In Cina oltre ai tartufi europei si sta cercando di coltivare anche i tartufi autoctoni la cui produzione, a causa dell'eccessiva raccolta, come metodi peraltro distruttivi, si sta depauperando.

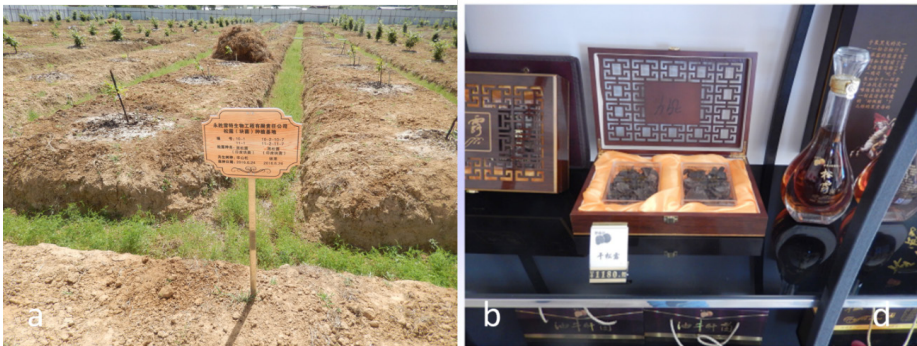


Fig. 3 – (a) Tartufaia di Chuxiong in Cina con profondi fossi per il drenaggio delle acque. (b) Preziosissime grappe Cinesi al tartufo (*Tuber indicum*).

Anche nell'America del nord, Stati Uniti e Canada oltre ai pregiati tartufi europei, sia importati dall'Europa e sia, seppure in minima parte, coltivati localmente, vengono raccolte e consumate specie di tartufi autoctoni. In particolare, si sta cercando di valorizzare *Tuber oregonense* Trappe, Bonito & P. Rawl. e *Tuber gibbosum* Harkn (Fig. 4a e 4b) due bianchetti simili a *T. borchii* e *T. dryophilum* rispettivamente (Bonito et al. 2010a). A tal fine, ogni anno in Oregon viene organizzato l'Oregon truffle festival in cui vengono preparati dai migliori chef piatti a base di questi tartufi ed altre specie di ascomiceti ipogei locali quali *Leucangium carthusianum* (Tul. & C. Tul.) Paol. e *Kalapuya brunnea* M.J. Trappe, Trappe & Bonito (Lefevre 2012). Un altro tartufo commercializzato ed apprezzato negli Stati Uniti è *Tuber lyonii* Butters che geneticamente risulta affine a *T. rufum* (Healy et al. 2016).



Fig. 4 – Funghi ipogei pregiati dell'Oregon: (a) *Tuber oregonense* (b) *Tuber gibbosum* (c) *Leucangium carthusianum* (e) *Kalapuya brunnea*

Conclusioni

Da queste poche righe emerge come i tartufi abbiano valicato i confini europei e come la loro coltivazione stia sempre più diffondendosi anche in aree apparentemente non vocate. Inoltre, il genere *Tuber* comprende un vasto numero di specie, molte delle quali edibili e di buona qualità in gran parte sconosciute nel mondo della ristorazione.

Bibliografia

- BONITO GM, GRYGANSKYI AP, TRAPPE JM, VILGALYS R (2010a). A global meta-analysis of *Tuber* ITS rDNA sequences: species diversity, host associations and long-distance dispersal. *Molecular Ecology* 19(22):4994–5008. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2010.04855.x>
- BONITO GM, TRAPPE JM, RAWLINSON P, VILGALYS R (2010b). Improved resolution of major clades within *Tuber* and taxonomy of species within the *Tuber gibbosum* complex. *Mycologia* 102(5):1042-1057. <https://doi.org/10.3852/09-213>
- BONITO GM, SMITH ME, NOWAK M, HEALY RA, ET AL. (2013). Historical biogeography and diversification of truffles in the Tuberales and their newly identified southern hemisphere sister lineage. *PLoS ONE* 8: e52765. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0052765>
- DENG J, LIU PG, LIU CY, WANG Y (2013). A new white truffle species, *Tuber panzhihuanense* from China. *Mycological Progress* 12, 557–561. <https://doi.org/10.1007/s11557-012-0862-6>
- HALL I, FITZPATRICK N, MIROS P, ZAMBONELLI A (2017). Counter-season cultivation of truffles in the Southern Hemisphere: an update. *Italian Journal of Mycology* 46: 21-36. <https://doi.org/10.6092/issn.2531-7342/6794>
- HEALY RA, BONITO GM, SMITH ME (2016). A brief overview of systematics, taxonomy and ecology of the *Tuber rufum* clade. In: True truffle (*Tuber* spp.) in the world (Zambonelli A, Iotti M, Murat C eds). *Soil Biology* 47: 125–136. https://doi.org/10.1007/978-3-319-31436-5_8

- LEFEVRE C (2012). Native and cultivated truffles of North America. In: Edible ectomycorrhizal mushrooms, current knowledge and future prospects. (Zambonelli A, Bonito GM eds). Cham, Switzerland: Springer International Publishing. *Soil Biology* 34: 209–226.
https://doi.org/10.1007/978-3-642-33823-6_12
- SHAMEKH S, GREBENC T, LEISOLA M, TURUNEN O (2014). The cultivation of oak seedlings inoculated with *Tuber aestivum* Vittad. in the boreal region of Finland. *Mycological Progress* 13: 373–380.
<https://doi.org/10.1007/s11557-013-0923-5>
- WANG Y (2012). Truffle cultivation in China. In: Edible ectomycorrhizal mushrooms, current knowledge and future prospects. (Zambonelli A, Bonito GM eds). Cham, Switzerland: Springer International Publishing. *Soil Biology* 34:227–240.
https://doi.org/10.1007/978-3-642-33823-6_13
- ZAMBONELLI A, IOTTI M, HALL I (2015). Current status of truffle cultivation: recent results and future perspectives. *Italian Journal of Mycology*, 44(1), 31-40. <https://doi.org/10.6092/issn.2465-311X/5593>
- ZAMBONELLI A, IOTTI M, PIATTONI F (2012) Chinese *Tuber aestivum* sensu lato in Europe. *OpenMycolJ*6:22–26. <https://doi.org/10.2174/1874437001206010022>
- ZAMBONELLI A, ORI F, HALL IR (2017). Mycophagy and Spore Dispersal by Vertebrates. In: Dighton J., White J.F. (eds). *The Fungal Community: Its Organization and Role in the Ecosystem*, Fourth Edition. CRC Press, Taylor & Francis Group pp. 347-358.
- ZHANG JP , LIU PG, CHEN J (2012). *Tuber sinoaestivum* sp. nov., an edible truffle from southwestern China *Mycotaxon*, 122:73-82.
<https://doi.org/10.5248/122.73>

Frugando negli erbari: come i metodi molecolari applicati a vecchi campioni possono permettere di risolvere questioni tassonomico-sistematiche

Marco Leonardi

Sezione di Scienze Ambientali del Dipartimento di Medicina clinica, sanità pubblica, scienze della vita e dell'ambiente, Università degli studi dell'Aquila, via Vetoio snc loc. Coppito, 67100 L'Aquila, Italy

E-mail: marco.leonardi@univaq.it

Abstract

This work presents our experiences collected by analyzing fungal samples preserved in various international herbaria, comparing the morphological analyzes, supported by the authors' original descriptions, with the new investigation techniques based on molecular markers. Critical issues are raised confronting the two approaches, also considering problems due to sample conservation methodologies. Our data confirm that the use of new molecular methodologies is a powerful tool for resolving taxonomic-systematic issues. However they highlight the importance to always accompany molecular analyses with morphological investigations.

Riassunto

Questo lavoro presenta le esperienze raccolte analizzando campioni fungini preservati in diversi erbari internazionali, mettendo a confronto le analisi morfologiche, supportate dalle relative descrizioni originali degli autori, con le nuove tecniche d'indagine basate sui marcatori molecolari. Vengono così confermati dati e sollevate criticità rispetto ai due tipi di approcci, considerando anche problematiche legate alle metodologie di conservazione.

Dalle osservazioni e dai dati acquisiti, emerge come in generale l'utilizzo delle nuove metodologie si confermi come uno strumento potente per dirimere questioni tassonomico-sistematico talvolta anche complicate, ma mettono in evidenza ancora una volta limiti, il principale dei quali è che non si può prescindere da un'accurata analisi "classica" basata su consolidati approcci d'indagine morfologica.

Keywords

herbaria, molecular tools, systematic, old specimens

Dagli albori delle civiltà l'uomo ha osservato gli esseri viventi inizialmente spinto dalla curiosità e dalla necessità di saperli riconoscere perché utili o pericolosi, condividendo queste conoscenze tra le comunità in cui viveva o con quelle con cui era a contatto. Le prime rudimentali forme di classificazione erano infatti spinte da criteri diretti ad individuare la commestibilità, la tossicità, la possibilità di addomesticazione o il potenziale utilizzo, in particolare per le piante per via delle loro riconosciute proprietà farmacologiche e terapeutiche. Già dalle civiltà classiche ci fu un interesse a descriverne non solo i dettagli anatomici ma anche le fasi dei cicli biologici, pratica che sopravvisse nei secoli e si affinò sempre di più. Nel medioevo e nel successivo periodo rinascimentale, furono pubblicati, sotto forma di libri, i primi erbari, rappresentazioni grafiche associate a descrizioni, spesso arricchiti da figure miniate che riproducevano graficamente le piante e dove venivano fantasiosamente "fuse" quelle che erano riconosciute come le principali caratteristiche, virtù e/o pericoli oltre che a fornire, sotto forma di paesaggio, quelli che erano le caratteristiche degli ambienti di crescita. Bisogna però arrivare alla seconda metà del XVII secolo per avere i primi prototipi di quelli che sarebbero stati poi gli erbari moderni, vale a dire delle collezioni di campioni prelevati dall'ambiente, opportunamente preservati e composti in fogli, con la funzione di mettere a disposizione degli specialisti, esemplari di riferimento per ciascuna delle specie riconosciute, studiate e catalogate.

L'introduzione della nomenclatura binomia da parte del botanico svizzero Gaspard Bauhin ripresa e resa poi universale nell'opera omnia "*Systema Naturae*" di Carl von Linné ne sancì di fatto l'ingresso nella rivoluzione scientifica illuminista. Le classificazioni non solo divennero una mera raccolta di campioni biologici, ma con l'introduzione della tassonomia e successivamente della sistematica, vale a dire lo studio delle relazioni tra i viventi, accrebbero il loro valore scientifico che culminò con l'integrazione successiva delle nuove teorie evoluzionistiche proposte da Charles Darwin, Alfred Russel Wallace e Jean-Baptiste de Lamarck. Gli erbari moderni si mostrarono quindi degli strumenti indispensabili per lo studio delle specie e delle relazioni esistenti tra queste e l'ambiente. Forniscono infatti informazioni circa la scoperta e/o la conferma dell'identità di una specie permettendone la descrizione di nuove, fare confronti con campioni raccolti e catalogati in passato, nel fornire dati relativi alle presenze e le distribuzioni delle specie negli ambienti e nei territori, offrire supporto a studi di tipo floristico oltre che come depositari di nuove raccolte e quindi nuovi dati.

I funghi furono tradizionalmente inseriti nel regno vegetale come tallofite arcaiche non fotosintetizzanti ma sappiamo ormai da tempo che trattasi di un regno distinto. Alla stregua degli altri viventi, anche per i funghi furono create delle raccolte con campioni opportunamente preparati per la conservazione in erbario.

Attualmente gli erbari micologici sono distribuiti in tutto il mondo presso musei, istituti di ricerca ed università. Ne esistono esempi mirabili quali il "*Fungarium*" del Royal Botanic Garden di Kew (<https://youtu.be/ewFT8iZUQ84>).

Il padre putativo della moderna micologia fu lo svedese Elias Magnus Fries, che con la sua opera "*Systema mycologicum*" dettò i canoni, ancora ampiamente utilizzati, per la classificazione sistematica dei macromiceti.

Molto più recentemente e precisamente nella seconda metà del 1980, una scoperta, in realtà una grande intuizione che metteva insieme conoscenze acquisite sulla natura del DNA, delle informazioni geniche e sulle tecniche per potere analizzare il materiale genetico, fu l'invenzione del metodo della reazione a catena della polimerasi (PCR) ad opera di Kary B. Mullis (Mullis & Faloona 1987). Questa permise per la prima volta di poter indagare la materia intima dell'informazione genetica, fornendo un nuovo e potente strumento d'indagine sulla natura delle specie e delle loro relazioni con le altre. Per la prima volta si poteva studiare in maniera efficace e funzionale oltre che il fenotipo, vale a dire come le specie si presentano in relazione all'ambiente di crescita, rispetto a quanto è "scritto" nel loro corredo genetico, vale dire il genotipo; il tutto inoltre partendo da minime quantità di campione biologico. Fu l'inizio di una nuova rivoluzione che interessa ad oggi vari campi dello scibile umano riguardante la biologia.

Nel corso degli anni questo approccio ha subito notevoli cambiamenti e soprattutto, grazie alla messa a punto di tecnologie, metodi, nuovi strumenti e sistemi analitici, di poter essere fruibile ed utilizzabile per la gran parte della comunità scientifica. Fra gli aspetti di maggiore interesse per l'indagine sulla natura delle specie, la scelta di opportuni marcatori molecolari, vale a dire sequenze geniche caratterizzate da polimorfismi nella sequenza nucleotidica, conservati tra le specie e minimamente variabili all'interno delle stesse, di facile riproducibilità ed economicamente sostenibili oltre che ad essere altamente informativi. Fra questi un'intuizione illuminante fu quella dello studioso canadese Paul D.N. Hebert, e cioè quella di usare marcatori molecolari specie-specifici per l'identificazione di identità biologiche alla stregua dei codici a barre utilizzati per riconoscere, tracciare e catalogare prodotti di qualsiasi natura che troviamo nei supermercati. L'utilizzo del DNA barcoding riguarda tutti gli organismi e chiaramente per ciascun gruppo sistematico è stato scelto un opportuno marcatore molecolare; nel caso dei funghi la sequenza genica scelta come marcatore "DNA barcode" è quella ITS, vale a dire quella degli spaziatori interni trascritti della regione genica nucleare codificante per l'RNA ribosomiale.

Il primo esempio dell'utilizzo di questi marcatori su materiali d'erbario presentati in questa comunicazione riguarda *Tuber mesentericum* Vittad. Si tratta di un tartufo distribuito in gran parte d'Europa, ma in particolare nel sud della penisola italiana, il quale a fronte di un'omogeneità di caratteri morfologici, mostra una spiccata variabilità nella sequenza genica, tanto che gli specialisti preferiscono parlare di complesso di specie. Il problema nasce dal fatto che non esiste un vero olotipo per questa specie e l'erbario vittadiniano risulta disperso e con molta probabilità distrutto. Per ovviare all'inconveniente, ci si è messi in cerca di campioni autentici in diversi erbari europei, con la finalità di analizzarli anche dal punto di vista molecolare. Purtroppo, ci si è trovati spesso di fronte a campioni deteriorati, mal conservati, "inquinati" da muffe o conservati mediante utilizzo di preservanti chimici, quali sali mercuriali o arsenicali, che ne compromettono irrimediabilmente l'amplificazione mediante PCR per lo studio del DNA. Inoltre, per campioni con un'età superiore a 150 anni, il DNA subisce un naturale degrado e quindi, ove possibile, si riescono ad amplificare piccole porzioni della lunghezza massima pari a 300-350 paia di basi. Per ovviare a questo limite e massimizzare l'efficacia dell'analisi, considerando anche la quantità minima di campione disponibile, si è provveduto al disegno di primers specie specifici all'interno della regione target. Questo ha permesso di avere una sequenza sufficientemente informativa di circa 347 paia di basi da un campione di *Tuber mesentericum* donato da Vittadini al collega Broome e conservato oggi presso l'erbario di Kew. La costruzione di primers specie specifici ha permesso d'indagare sul resto del complesso "*mesentericum*" e pertanto sono stati utilizzati per risolvere controversie legate alla presenza di specie affini non chiaramente distinguibili, come ad esempio *Tuber bituminatum* Berk. & Broome. L'analisi dei campioni tipici ha confermato l'esistenza di un'entità distinta molecolarmente ma nel foglio d'erbario contenente i tre esemplari, l'olotipo ed un altro campione sono risultati essere *T. bituminatum* mentre il terzo appartenere a *T. mesentericum* ss. Questo conferma come pure tra gli autori della specie, ci fossero molti problemi d'interpretazioni dei dati morfologici per via della loro omogeneità come si diceva, mentre invece l'analisi molecolare ne ha rivelato le differenze. I risultati di questa indagine sono stati presentati al

18th Congress of European Mycologist tenutosi a Varsavia-Białowieża (Polonia) nel 2019 e la loro pubblicazione è in corso.

Qualcosa di analogo è capitato durante lo studio per la revisione delle sezioni *Sinapizantia* e *Velutipes* del genere *Hebeloma*, pubblicata da Grilli et al. 2016.

Nel corso dell'analisi dei campioni tipici, ed in particolare *Hebeloma quercetorum* Quadraccia, l'olotipo [RO 1218 LQ] conservato a Roma e l'isotipo [K(M)20803] a Kew hanno mostrato come questa raccolta contiene più di un taxon ed in particolare l'olotipo e l'isotipo includono campioni ascrivibili a tre taxa distinti. In dettaglio l'olotipo contiene due elementi, *H. quercetorum* s.s. e un'altra specie appartenente alla sottosezione Clepsydroida (*H. cavipes*, GenBank accession number KT225477). L'isotipo di Kew rappresenta invece un terzo taxon, descritto poi come nuova specie in questo lavoro come *H. celatum*. Anche in questo caso si dimostra come siano potenti questi strumenti. Non sempre però i risultati sono quelli sperati anzi, la maggior parte delle volte si fallisce soprattutto perché i campioni si presentano in condizioni pessime di conservazione o perché si sono usate sostanze conservanti che inibiscono la polimerasi, enzima necessario per l'amplificazione del DNA. Il caso qui riportato riguarda uno studio fatto anche questo su un tartufo, *Tuber malacodermum* Fischer, pubblicato da Leonardi et al. 2019. Malgrado la quantità questa volta sufficiente per procedere ad un'estrazione classica degli acidi nucleici, la natura della soluzione preservante ha fatto sì che tutti i tentativi di amplificazione fallissero. Si deve sottolineare come questi problemi sorgano soprattutto con le collezioni più antiche, in quanto più recentemente, grazie alla conoscenza di queste problematiche, i campioni vengono preparati molto bene, venendo essiccati a basse temperature, talvolta liofilizzati e/o preservati in alcool di alto grado (>70° volumetrici) in assenza però di sostanze denaturanti, così da preservare anche la struttura del DNA. L'ultimo esempio presentato è relativo alla sezione *Edules* del genere *Boletus*. In uno studio pubblicato da Leonardi et al. 2005 è stato possibile mettere in evidenza come l'analisi molecolare possa far emergere delle curiosità in ambito

anche intraspecifico. In dettaglio, l'analisi della regione ITS portò ad evidenziare popolazioni di questo marcatore nell'ambito non solo della stessa specie ma anche dello stesso individuo. L'analisi critica della sequenza ha portato poi in seguito oltre a risolvere dei problemi metodologici ma soprattutto a dare un giusto "peso" a questi caratteri così da limitare possibili confusioni e interpretazioni errate. Uno dei principali problemi legati all'utilizzo di questi moderni strumenti d'indagine è quello di considerarli come la panacea per derimere questioni tassonomiche e sistematiche, prescindendo completamente da un'accurata analisi, morfologica, sia macro che micro, ecologica e ove possibile, fisiologica. Nel corso dei primi anni del secolo, le banche dati internazionali dove vengono depositate le sequenze geniche relative a tutti i viventi, furono di fatto infarcite di errate o fuorvianti informazioni la maggior parte delle quali generate da una mancata accurata corrispondenza tra la sequenza e la specie da cui proveniva. Questo ha portato nel tempo non solo a denunciare questo stato di cose a tutta la comunità scientifica internazionale richiedendo maggiore responsabilità nella pubblicazione di questi dati ma soprattutto ha stimolato le banche dati a dotarsi di strumenti di controllo sempre più stringenti in modo da ridurre al minimo questi rischi (Bidartondo et al. 2008; Hoffstetter et al. 2019). Quanto qui riportato è solo una dimostrazione di come gli strumenti molecolari offrano un potente mezzo d'indagine per lo studio della biodiversità ma viene ribadito anche come lo studio classico della morfologia sia altrettanto fondamentale e l'importanza della sinergia dei due approcci. In ultimo si vuole ancora una volta sottolineare come gli erbari e più in generale le collezioni rappresentino non solo un considerevole scrigno di storia, scienze ed anche arte, ma a dispetto del trascorrere del tempo sono ancora una fonte moderna ed inestimabile di dati per la conoscenza e la conservazione della biodiversità.

Bibliografia

BIDARTONDO M I (2008). Preserving accuracy in GenBank. *Science*. 319. <https://doi.org/10.1126/science.319.5870.1616a>

GRILLI E, HENRY J, BEKER H J, EBERHARDT U, SCHÜTZ N, LEONARDI M, VIZZINI A (2016). Unexpected species diversity and contrasting evolutionary hypotheses in *Hebeloma* (Agaricales) sections *Sinapizantia* and *Velutipes* in Europe. *Mycological Progress* 15: 5. <https://doi.org/10.1007/s11557-015-1148-6>

HOFSTETTER V, BUYCK B, EYSSARTIER G ET AL. (2019). The unbearable lightness of sequenced-based identification. *Fungal Diversity* 96: 243–284. <https://doi.org/10.1007/s13225-019-00428-3>

LEONARDI M., PAZ-CONDE A., GUEVARA G., SALVI D., PACIONI G. (2019). Two new species of *Tuber* previously reported as *Tuber malacodermum*, *Mycologia*, 111: 676-689. <https://doi.org/10.1080/00275514.2019.1603777>

LEONARDI M, PAOLOCCI F, RUBINI A, SIMONINI G.P, PACIONI G (2005). Assessment of inter- and intra-specific variability in the main species of *Boletus edulis* complex by ITS analysis, *FEMS Microbiology Letters* 243: 411–416. <https://doi.org/10.1016/j.femsle.2005.01.003>

MULLIS KM, FALOONA FA (1987). Specific synthesis of DNA in vitro via polymerase-catalysed chain reaction. *Methods in Enzymology* 155: 335-350. [https://doi.org/10.1016/0076-6879\(87\)55023-6](https://doi.org/10.1016/0076-6879(87)55023-6)

European *Pluteus*, old forgotten names and new species

Hana Ševčíkova

Department of Botany, Moravian Museum, Zelný trh 6, CZ - 659 37 Brno, Czech Republic

E-mail: hanas@uw.edu

Abstract

The lecture introduced the genus *Pluteus*, its most important features and all sections. The recently described species *P. leucoborealis* Justo, E.F. Malysheva, Bulyonk. & Minnis, which was recently found in Slovakia and identified by the author of the lecture, was selected for presentation from the *Pluteus* section. Identity of *Pluteus luteus* (Redhead & B. Liu) Redhead (section *Hispidoderma*) was revealed. The major attention was focused on the *Celluloderma* section. The new species *Pluteus floccipes* Ševčíková & Borovička, *Pluteus keselakii* Ševčíková, P.-A. Moreau & Borovička, and a new variety *Pluteus romellii* var. *luteoalbus* Ševčíková & Borovička, were discussed. The poor known old taxa *Pluteus melanodon* Sacc., *Pluteus laevis* Velen., *Pluteus spinosae* Velen., *Pluteus suzae* Velen., *Pluteus terrestris* Velen., *Pluteus sternbergii* Velen., *Pluteus mammifer* Romagn. and *Pluteus brunneoater* Wichanský were reminded. The North American species *Pluteus rugosidiscus* Murrill was reported from Europe, Slovakia and Italy.



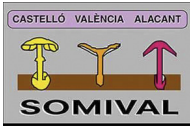
F.A.M.M. (Fédération des Associations Mycologiques Méditerranéennes)
Muséum d'Histoire Naturelle
60, Bd Jean Risse - F - 06300 NICE (France)



S.C.M. (Societat Catalana de Micologia)
Carrer de la Marina 94, 1er. 4ª
E - 08018 BARCELONA (España)



U.M.I. (Unione Micologica Italiana)
Università degli Studi di Bologna Dipartimento di Scienze Agrarie Sezione di
Patologia Vegetale - Centro di Micologia - Viale Giuseppe Fanin 46 - I - 40127
BOLOGNA (Italia)



SOMIVAL (Societat Micològica Valenciana)
Corredors, 6 - E - 46003 VALENCIA (España)



G.M.G. (Grupo Mixológico Galego "Luis Freire")
Calle San Francisco 31 - E - 36200 VIGO (España)



A PANTORRA (Associação Micologica "A. Pantorra")
Apartado 11 - P - 5200-999 MOGADOURO (Portugal)



A.B.M.J. (Asociación Botánica y Micológica de Jaén)
Calle La Pandera, 8 - E - 23160 LOS VILARES (Jaén) (España)



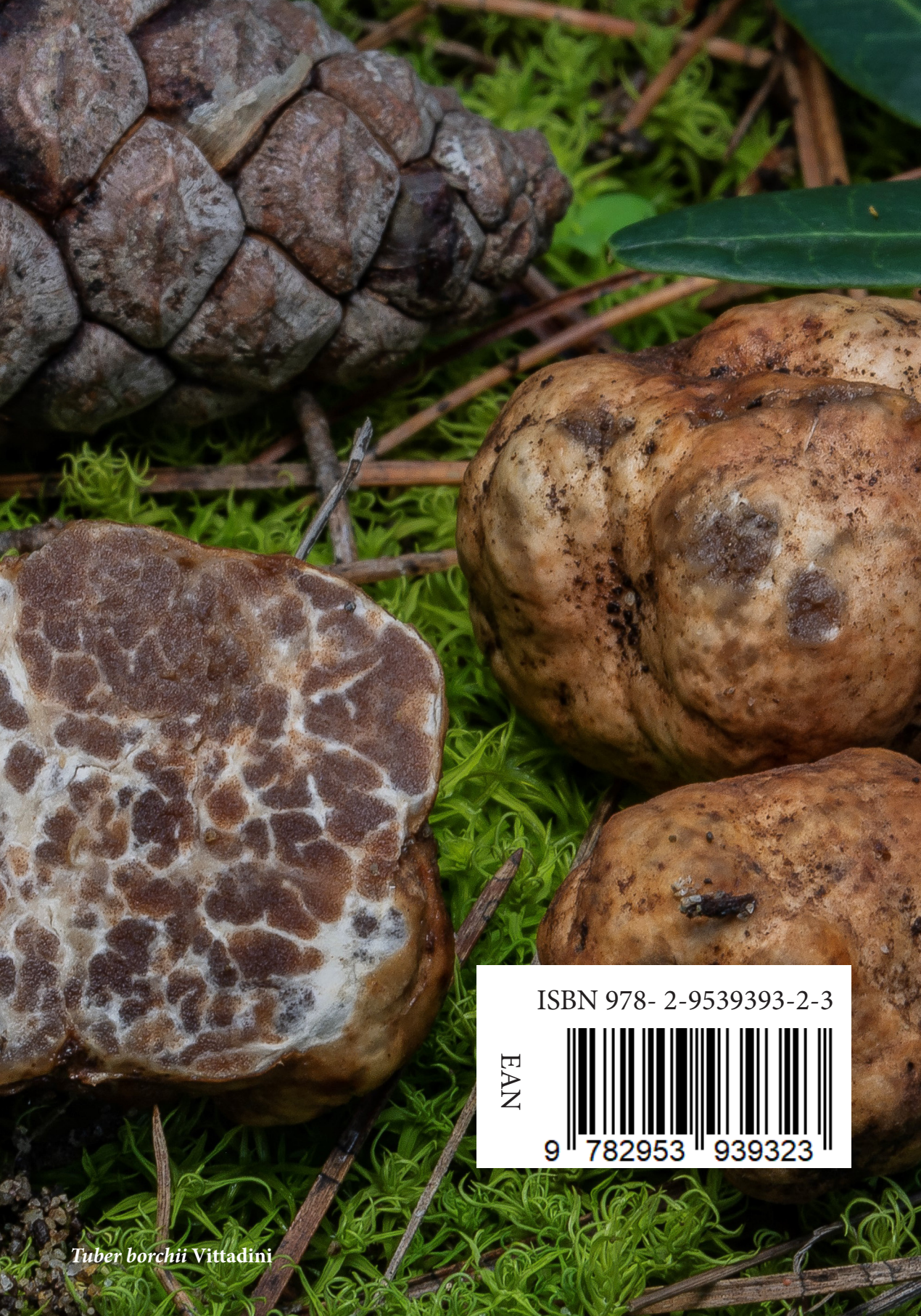
SOMICAN (Societat Micològica Càntabrica).
Plaza Mª Blanchard 7-2 bajo
E - 39600 Maliaño, CANTABRIA (España)



ASSOCIACIÓ MICOLÒGICA DE TARRAGONA
Avinguda Catalunya, 56 esc. A 1r3a 43002 TARRAGONA (España)



NSNF (Norges Sopp-og Nyttevekstforbund)
Frederik A. Dahls vei 20 - NO - 1432 ASE (Norges)



Tuber borchii Vittadini

ISBN 978- 2-9539393-2-3

EAN



9 782953 939323