

Article received 9 January 2021, accepted 23 January 2021

***Melanoleuca chalcibasis* sp. nov. from the Bosco Nordio (Italy)**

(versione italiana a pagina 16)

P. Voto<sup>1</sup>, G. Maraia<sup>2</sup>, V. Milanese<sup>3</sup><sup>1</sup>Via Garibaldi 173, I-45010 Villadose (RO), Italia; pietrovoto@libero.it<sup>2</sup>Via della Speranza, 6, I 37069, Villafranca (VR), Italy; E-mail: gian1973.gm@gmail.com<sup>3</sup>Via V.E. Orlando, 3, 35129, Padova, Italy; E-mail: vitaliano.milanese@alice.it

\*Corresponding author: pietrovoto@libero.it

**Key words:***Melanoleuca chalcibasis*  
Nordio wood  
Italy**Abstract:** The discovery of a new species of the genus *Melanoleuca* from the Bosco Nordio (Italy), a holm oak wood, is reported; it is phylogenetically isolated from the other members of subgen. *Urticocystis* where it belongs to owing to its urticoid cystidia. It is described with colour pictures, images of main micro characters, molecular data and comments on most morphologically similar species.**INTRODUCTION**

The discovery of this new *Melanoleuca* species of collybioid habit is not casual as it proceeds from a systematic, long-standing research and study of this genus in the Bosco Nordio, a very interesting wood of mainly an ash-ilex grove formation (*Fraxino ornico-Quercion ilicis*) with presence also of *Populus alba*, *Populus tremula*, *Quercus robur*, *Quercus pubescens*, *Pinus pinaster*, *Juniperus communis*, etc., grown on ancient dunes (relict dunes) and having a calcareous sandy substrate. A careful in-depth comparison against various other collybioid or more or less similar taxa was carried out before getting to the conclusion, strongly supported also by molecular evidence consisting of three phylograms from a two-gene dataset (ITS and *tef1α*), that it represents a new species.

**MATERIALS AND METHODS****Morphology**

Microcharacters were studied and photographed on fresh and dried material, this last first imbibed with 5 % KOH; Melzer's reagent was used for testing the spore amyloidy, Congo red for the documentation of other characters of interest. The term 'hairs', taken from Bon (1991), defines the trivial, non-urticoid cystidia on the gill edge and on the caulocutis. All pictures by P. Voto.

**Molecular analyses**

Analyses were performed on our sequences of *M. chalcibasis*, which were commissioned to Alvalab Laboratory, and on a selection of sequences obtained from GenBank, which were previously produced and analyzed by Antonín & al. (2021), and which were chosen basing on the blastn tool (Altschul et al., 1990) results.

The phylogenetic analyses were based on the use of a Bayesian inference (BI) and maximum likelihood (ML) search through the construction of single gene or concatenated trees based on ITS and *tef1α* sequences. Multiple alignments for ITS, *tef1α* and concatenated genes were generated with MUSCLE, included in MEGA X (Kumar et al., 2018), using default settings and were manually corrected. All ML cladograms were produced using RAxML version 8 (Stamatakis, 2014) with the raxmlGUI graphic interface (Edler et al., 2020) with the following setting: 1,000 bootstraps, GTR+G as substitution model and the voucher PLN 01-JAN-2017, representing *M. heterocystidiosa* (Beller & Bon) Bon, a macrocystidiate species, as outgroup. BI to estimate the posterior probability distribution of trees was performed with MrBayes 3.2 (Ronquist et al., 2012) with the following settings: outgroup is the same one of ML inference; lset nst = 6; rates = gamma; mcmc ngen = 1,000,000; samplefreq = 1,000; other settings = default. Sump burnin = 250 was used to determine the number of samples that will be discarded from the input file before calculating summary statistics. Sumt command was used to produce summary statistics for the trees sampled during the Bayesian MCMC analysis. The consensus trees were visualized and edited with MEGA X, the new species is in red boldface. All sequences used in the phylograms are reported in a synoptic table.

**TAXONOMY*****Melanoleuca chalcibasis* Voto, Maraia & Milanese, sp. nov. [IF559547]**

Typus: Italy, Veneto, Venezia, S. Anna di Chioggia, Bosco Nordio, 14.XI.2013, P. Voto, VER fu6; GenBank: MZ621144 – ITS, MZ962408 – *tef1α*).

Etymology. The name refers to the bronze ('*chalci*', from Greek χαλκός) colour of the context at the stipe base ('*basis*', from Latin).

*Pileus* 26 mm broad, low convex with peridiscal depression and small umbo, margin inflexed; cuticle positive to the finger test, brown to brownish grey, at margin pale greyish, at centre dirty ochraceous, not discoloured when dried.

*Lamellae* crowded, approx. 40, with 1 – 3 lamellulae between each couple of lamellae; not or little ventricose, adnate emarginate; white with a faint greyish creamy shade; edge concolorous.

*Stipe* 40 × 4 mm, cylindraceous, central; surface pale brownish at apex to progressively more and more grey-brown towards base, dark grey-brown with a vinaceous shade at base; minutely pruinose at apex, below covered with white floccules and greyish fibrils, towards base with greyish fibrils or adpressed tomentum.

*Context* white in pileus, pale yellowish at apex to progressively more and more brownish ochraceous towards base, at base violaceous brown or bronze-brown, cortex everywhere concolorous with the inner context. Smell and taste not tested.



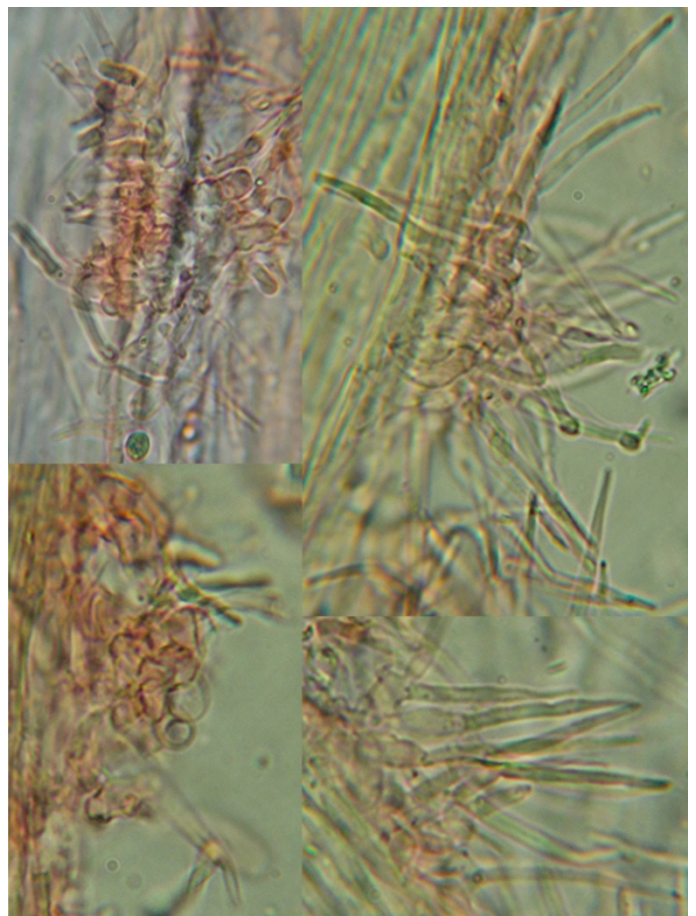


*Spores* (80 measured on the stipe) (5.6) 6.3 – 7.5 (9.3) × (4.1) 4.5 – 6.0 (7.0) μm, on average 6.9 × 5.0 μm, Q (1.11) 1.20 – 1.50 (1.65), on average 1.38; in front view elliptic to (sub) oval or sometimes sub globose, in side view elliptic to adaxially flattened or rarely dorsally humped at base, sometimes depressed above the apiculus; ornamented with roundish to less frequently elongate, up to 0.6 μm broad and 0.75 μm high warts; amyloid with smooth inamyloid hilar plage sometimes visible and then small (up to 2.0 μm diameter). *Basidia* 4-spored, 20.0 – 35.0 × 7.5 – 11.0 μm. *Cheilocystidia* (90 measured) numerous, 33.0 – 56.0 × 4.5 – 10.0 (12.0) μm; urticoid; basal part mainly abruptly swollen (approx. 50.0%), also fusoid to (flexuously) subcylindrical (approx. 27.5%), some of inbetween shape (approx. 22.5%), sometimes lobed-tortuous, rarely nodulose, 9.0 – 22.0 μm long, thin-walled; upper part mainly conical (exscissa-type, approx. 74%), also cylindrical (brevipes-type, approx. 26%), some slightly swollen or slightly restricted in the basal portion, rarely flexuous, 17 – 35 μm long, 2.5 – 4.0 μm broad at base, thin-walled, often lateral, often bifid to occasionally trifid, often with apical crystals; *marginal hairs* 10.0 – 25.0 × 3.5 – 6.0 (10.0) μm, inconspicuous, clavate to cylindrical-clavate or irregular. *Pleurocystidia* scattered, like the cheilocystidia. *Pileipellis* (at centre and at margin) a dry cutis of cylindraceous, septate, 2.5 – 5 μm broad hyphae with various free terminal elements; pigment dark greyish, smooth or of granules and plaquettes, often more concentrated at septa; subpellis of 5 – 15 μm broad hyphae. *Caulopellis* (on dried material) of filamentous hyphae 2.5 – 5 μm broad, occasionally with undifferentiated free terminal elements. *Caulohymenium* at apex composed of numerous urticoid cystidia similar to cheilocystidia but generally with a slenderer basal part, scarcely with apical crystals in KOH, thin-walled, and of small marginal hairs sometimes in small compact clusters; caulobasidia absent. *Clamp connections* absent.

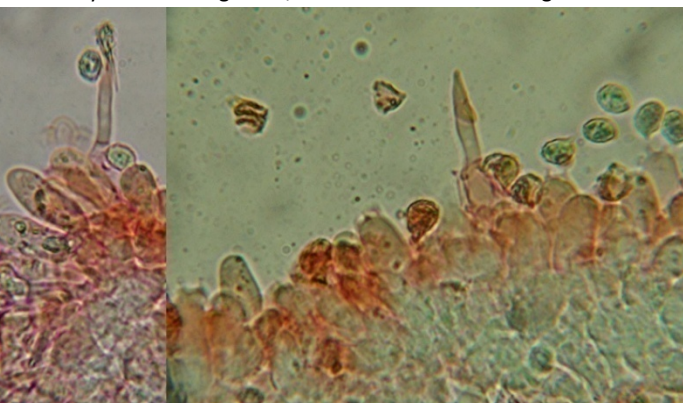
**Habitat:** solitary, among moss, leaves of *Quercus ilex* and some needles of *Pinus pinea* on sandy substrate on a path edge in the wood.



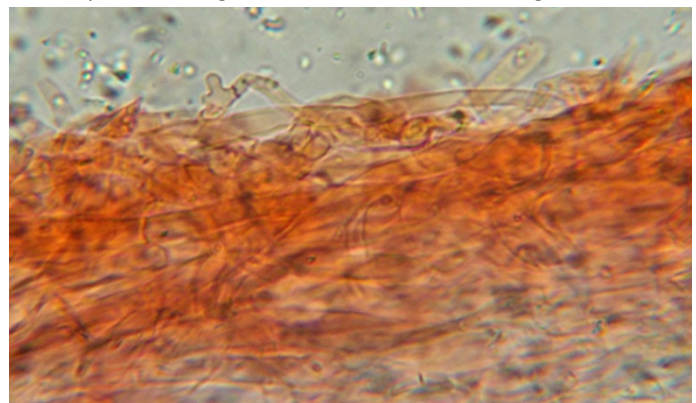
Cheilocystidia in Congo red / cheilicistidi in rosso Congo



Caulocystidia in Congo red / caulocistidi in rosso Congo

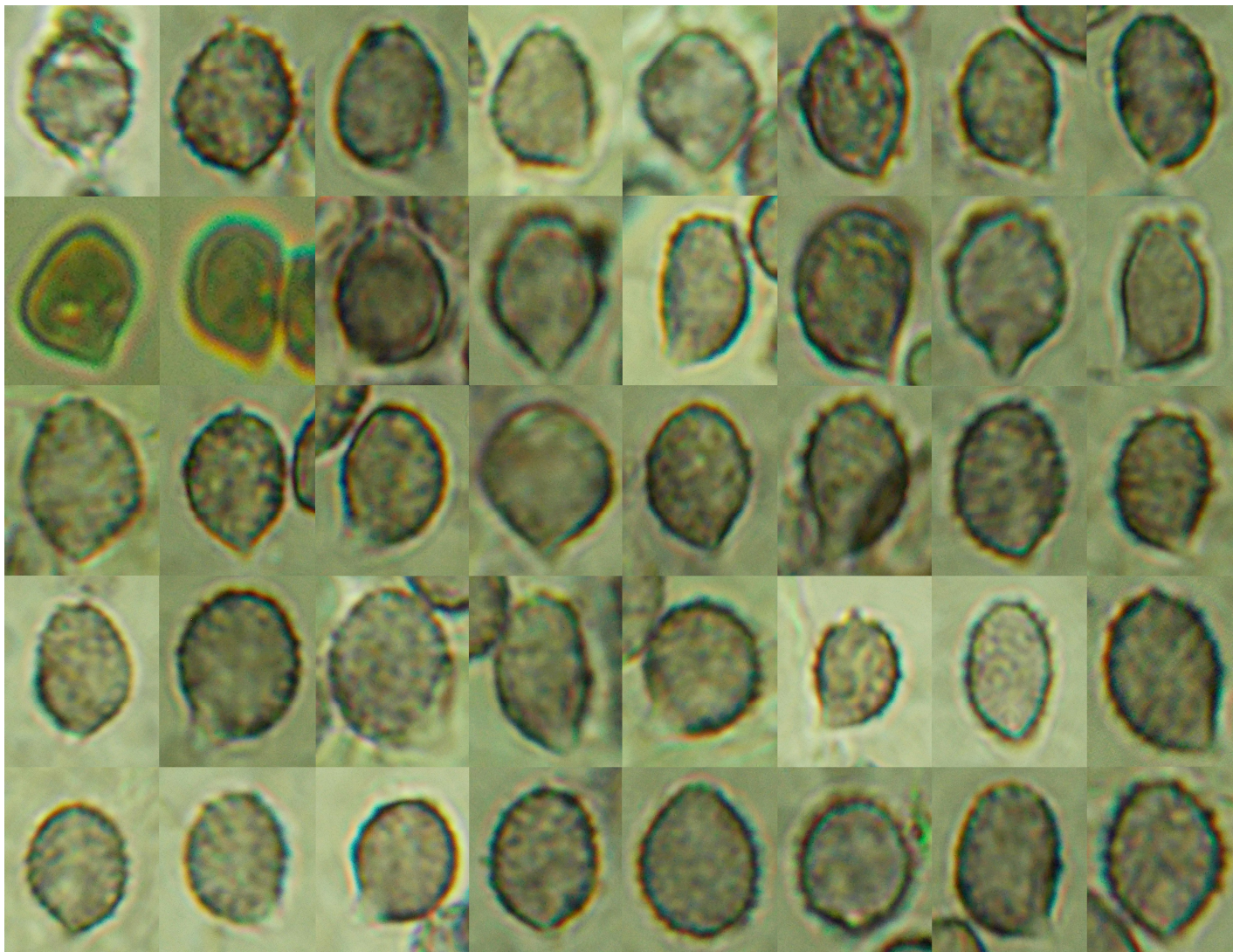


Pleurocystidia in Congo red / pleurocistidi in rosso Congo

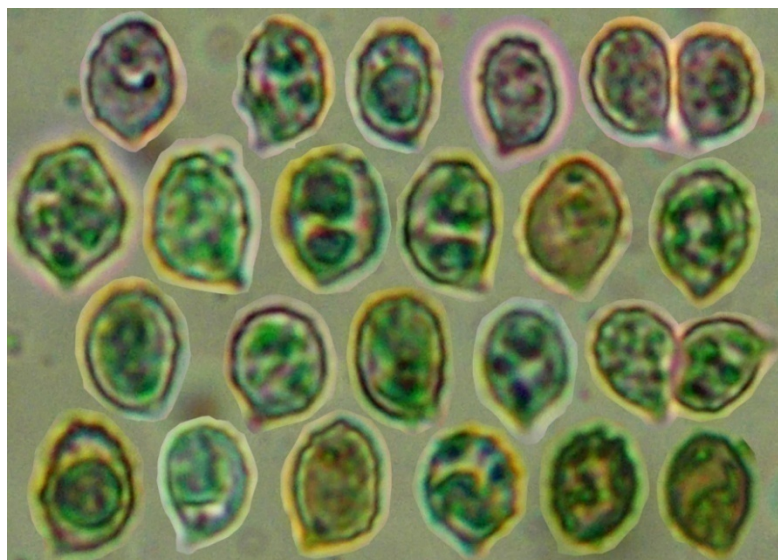


Pileipellis at margin, Congo red / pileipellis al margine, rosso Congo

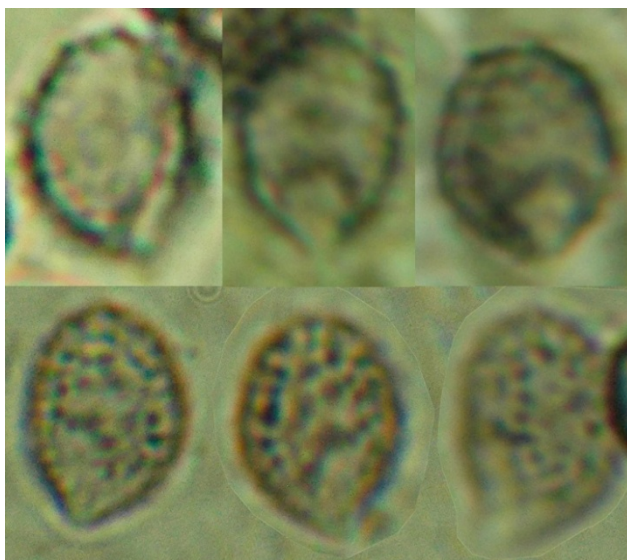




Spores in Melzer's reagent / spore in reattivo di Melzer



Spores in Congo red / spore in rosso Congo



Spores in Melzer's reagent: hilar plage above, warts below / spore in reattivo di Melzer: plaga ilare , in alto; verruche, in basso

**NOTES**

*M. chalcibasis* is characterized by a collybioid habit with small dimensions and a stipe longer than the pileus width, a dull medium grey-brown pileus, whitish gills, a flocculose and fibrillose stipe, a dark stipe base, contrasting ochraceous and bronze colours in the lower stipe context, urticoid cystidia mainly of the excissa-type, low quotient spores, presence of caulohymenium.



It belongs to the phylogenetically supported subgen. *Urticocystis* Boekhout where, browsing the morphology-based key by Bon (1991), it would be located inside sect. *Grammopodiae* Bon, subsect. *Rasilinae* Bon among a number of taxa characterized by collybioid habit and dull colours.

From the molecular evidence (see phylograms) it is unquestionably evident that *M. chalcibasis* stands isolated from the other taxa of subgen. *Urticocystis*. Also the matches in GenBank when blasting the sequences are low: the best matches for the *tef1α* region are with *M. communis* (KX387858 and KX507370) and *M. juliannae* var. *decolorans* (KJ425545) with identity values ranging between 84.47% and 86.40%; while for the ITS region they are with *M. phaeopodia* (JF908362), *M. excissa* (JF908347), *M. rasilis* (JF908355) and several *M. pseudoluscina*/*M. luteolosperma* (JN616455, JN616456, MW491331, MW491329, MW491328, JN616457) with identity values ranging between 95.41% and 96.19%.

However a morphological comparison with some members of the subgenus is proposed in the following lines.

Species such as *M. grammopodia* (Bull.) Murrill, *M. malenconii* Bon, *M. humilis* (Pers.) Pat. and *M. rasilis* (Fr.) Singer have a robust, tricholomoid habit with the stipe usually shorter than the pileus diameter. *M. juliannae* var. *juliannae* Rimóczi, Antonín, L. Nagy & Tomšovský and *M. juliannae* var. *decolorans* Antonín & Tomšovský could be noted for some resemblance but they have the stipe cortex concolorous with the external surface and they definitely lack the brownish ochraceous to bronze brown tints in the context at the base of the stipe.

*M. tristis* M.M. Moser is characterized all over, including gills, by dark colours. *M. paedida* (Fr.) Kühner & Maire is typically and strongly differentiated by having a white to very pale context. *M. luteolosperma* (Britzelm.) Singer (= *M. pseudoluscina* Bon, *M. pseudopaedida* Bon) has a pale coloured stipe which lacks floccules in the lower half, a stipe context coloured only in base and with different, brown to dark brown, colours, longer and slenderer spores [(6.0) 7.0 – 9.0 × (4.0) 4.2 – 5.5 (6.5) μm, Q = (1.20) 1.26 – 1.74 (1.8), on average 1.50], absent pleurocystidia (Antonín & al., 2021). *M. fontenlae* Para, Antonín, Ďuriška, Ševčíková & Tomšovský (= *M. pseudopaedida* sensu Vizzini & al., 2011) is separated by lack of floccules on the stipe, longer spores, more conspicuous marginal hairs, absent pleurocystidia, different colours on the stipe and in the context.

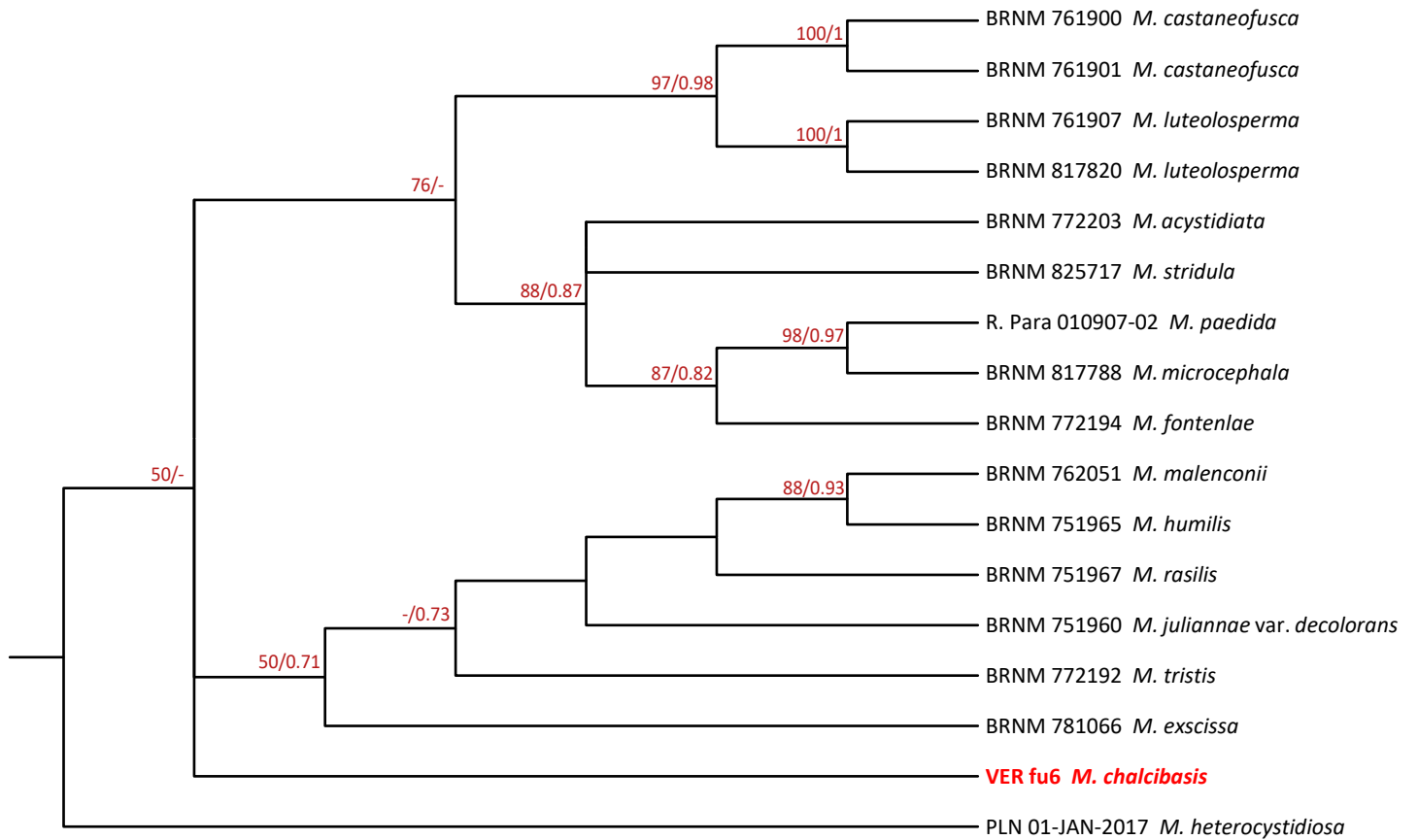
## REFERENCES / BIBLIOGRAFIA

- Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology* **215**: 403 – 410.
- Antonín V., Ševčíková H., Para R., Ďuriška O., Kudláček T., Tomšovský M. (2021). *Melanoleuca galbuserae*, *M. fontenlae* and *M. acystidiata*—Three New Species in Subgenus *Urticocystis* (Pluteaceae, Basidiomycota) with Comments on *M. castaneofusca* and Related Species. *Journal of Fungi* **7**, 191.
- Bon M. (1991). Flore mycologique d'Europe 2. Les Tricholomes et ressemblant. *Doc. Mycol. Mém. hors Série* **2**: 1 – 163.
- Edler D, Klein J, Antonelli A, Silvestro D (2020). raxmlGUI 2.0: A graphical interface and toolkit for phylogenetic analyses using RAxML. *Methods in Ecology and Evolution* **12**(2): 373 – 377. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13512>
- Kumar S, Stecher G, Li M, Knyaz C, Tamura K (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Molecular Biology and Evolution* **35**(6): 1547 – 1549. doi: 10.1093/molbev/msy096.
- Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, et al. (2012). MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology* **61**: 539 – 542.
- Stamatakis A (2014). RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*. 2014 May **1**; **30**(9): 1312 – 1313. doi: 10.1093/bioinformatics/btu033.

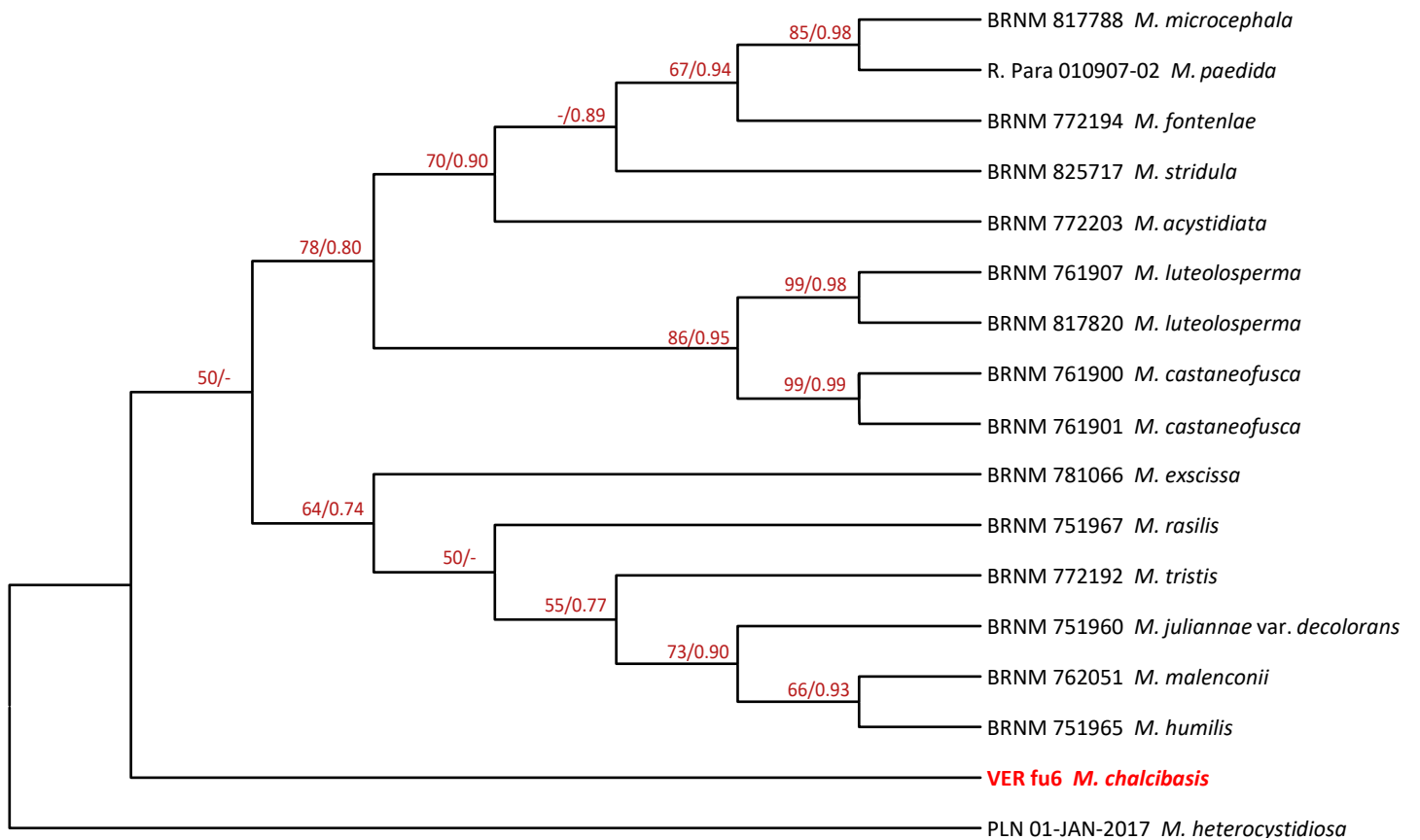
Species of <i>Melanoleuca</i>	Coll. ID/Origin	GenBank Accession Numbers	
		ITS	tef1α
<i>M. acystidiata</i> Para, Antonín, Ševčíková, Ďuriška & Tomšovský	BRNM 772203/Switzerland	MW491319	MW488154
<i>M. castaneofusca</i> Contu	BRNM 761900/Italy	MW491323	MW488155
<i>M. castaneofusca</i>	BRNM 761901/Czech Rep.	MW491320	MW488156
<i>M. chalcibasis</i> Voto, Maraia & Milanese	VER fu6 holotype/Italy	MZ621144	MZ962408
<i>M. excissa</i> (Fr.: Fr.) Singer	BRNM 781066/Italy	LT594123	LT594174
<i>M. fontenlae</i> Para, Antonín, Ďuriška, Ševčíková & Tomšovský	BRNM 772194 holotype/Italy	MW491326	MW488158
<i>M. heterocystidiosa</i> (Beller & Bon) Bon 1984	PLN 01-JAN-2017/Turkey	KX507368	KX507371
<i>M. humilis</i> (Pers.) Pat.	BRNM 751965/Czech Republic	KJ425530	KJ425543
<i>M. juliannae</i> var. <i>decolorans</i> Antonín & Tomšovský	BRNM 751960 holotype/Italy	KJ425532	KJ425545
<i>M. luteolosperma</i> (Britzelm.) Singer	BRNM 761907/Slovakia	MW491328	MW488162
<i>M. luteolosperma</i>	BRNM 817820/Czech Rep.	MW491329	MW488163
<i>M. malenconii</i> Bon	BRNM 762051/Czech Rep.	KP192275	KT279053
<i>M. microcephala</i> (P. Karst.) Singer	BRNM 817788/Slovakia	MW491335	MW488165
<i>M. paedida</i> (Fr.) Kühner & Maire	R. Para 010907-02/Italy	MW491337	MW488166
<i>M. rasilis</i> (Fr.) Singer	BRNM 751967/Italy	LT594154	LT594171
<i>M. stridula</i> (Fr.) Singer	BRNM 825717/Austria	MW491338	MW488167
<i>M. tristis</i> M.M. Moser	BRNM 772192/Italy	LT594135	LT594167

Table with data of specimens used in the phylogenetic analysis / tabella con i dati delle raccolte usate nell'analisi filogenetica



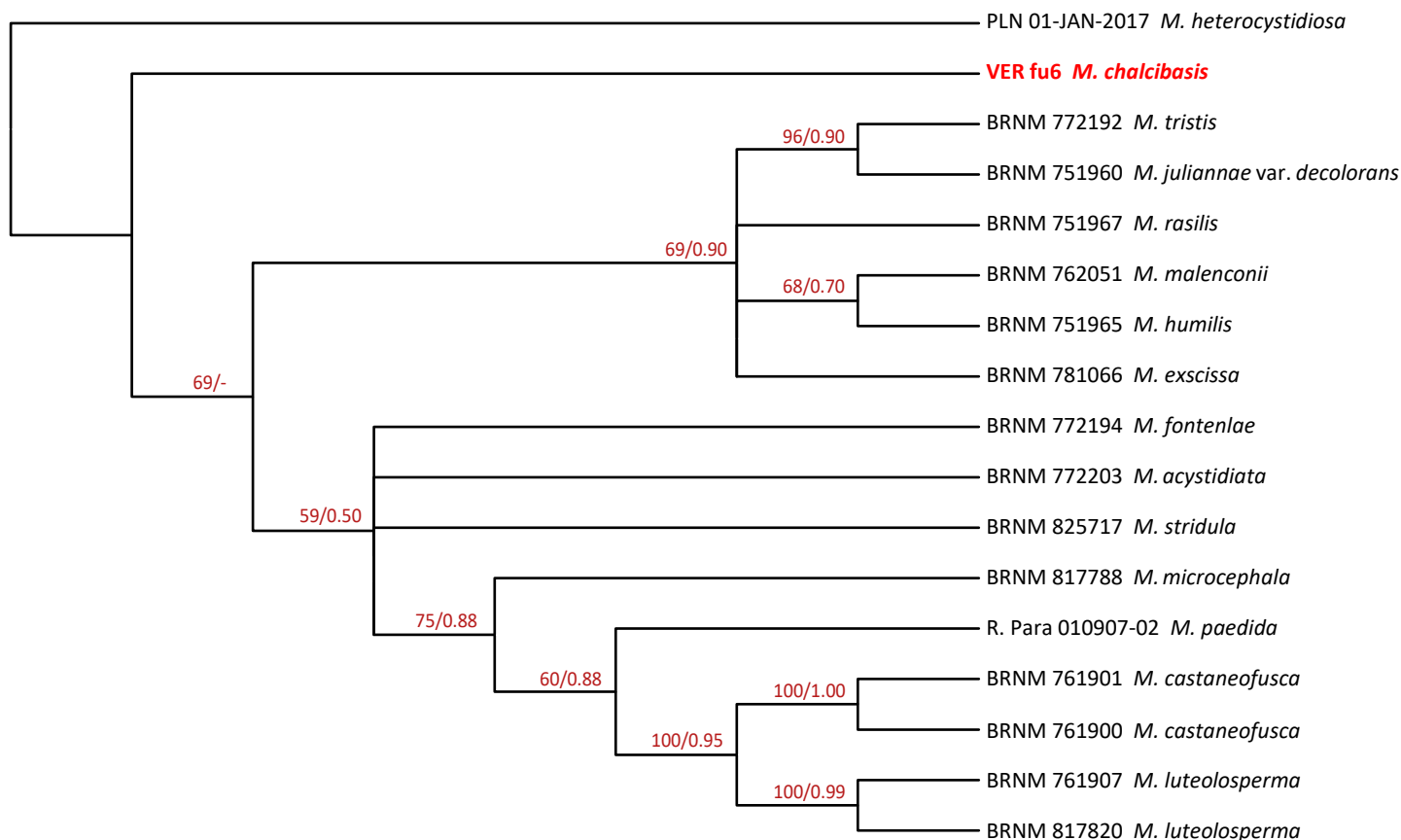


Best-scoring ML tree of *Melanoleuca* species reconstructed from a concatenated ITS – tef1α dataset of 17 sequences. For each node, the bootstrap value (ML ≥ 50) and the Bayesian posterior probability (BPP ≥ 0.7) are presented as follows: ML/BPP / Miglior albero ML di specie di *Melanoleuca* ricostruito da un insieme di 17 sequenze ITS – tef1α concatenate. Ai nodi sono riportati i valori di bootstrap (ML ≥ 50) e i valori di probabilità bayesiana a posteriori (BPP ≥ 0.7) espressi nel modo segue: ML/BPP



Cladogram obtained from ML analysis of a dataset of 17 tef1α sequences. Bootstrap values (ML) ≥ 50 and Bayesian posterior probability values (BPP) ≥ 0.7 are presented near to nodes as follows: ML/BPP / Cladogramma ottenuto dall'analisi ML di un insieme di 17 sequenze tef1α. Ai nodi sono riportati i valori di bootstrap (ML) ≥ 50 e di probabilità bayesiana a posteriori (BPP) ≥ 0.7 espressi come segue: ML/BPP





ML cladogram inferred from ITS-rDNA region alignment of 17 *Melanoleuca* species sequences dataset. Bootstrap values (ML)  $\geq 50\%$  and Bayesian posterior probability values (BPP)  $\geq 0.7\%$  are shown in the ML/BPP format / cladogramma ML ottenuto dall'allineamento della regione ITS-rDNA di un insieme di sequenze di 17 specie di *Melanoleuca*. Valori di bootstrap (ML)  $\geq 50\%$  e valori di probabilità bayesiana a posteriore (BPP)  $\geq 70\%$  sono riportati in figura nel formato ML/BPP

## *Melanoleuca chalcibasis* sp. nov. dal Bosco Nordio (Italia)

### Parole chiave:

*Melanoleuca chalcibasis*  
Bosco Nordio  
Italia

**Riassunto:** Viene riportata la scoperta di una nuova specie del genere *Melanoleuca* dal Bosco Nordio (Italia), un bosco di lecceta; essa è molecularmente isolata dagli altri membri del sottogen. *Urticocystis* cui appartiene in virtù dei suoi cistidi urticoidi. Viene descritta con foto a colori, immagini dei principali caratteri microscopici, dati molecolari e commenti sulle specie morfologicamente più simili.

### INTRODUZIONE

La scoperta di questa nuova *Melanoleuca* collybioide non è casuale dato che scaturisce da una prolungata sistematica ricerca e studio di questo genere effettuati nel Bosco Nordio, un bosco molto interessante caratterizzato principalmente da una formazione orno-lecceta (*Fraxino orni-Quercion ilicis*) con presenza anche di *Populus alba*, *Populus tremula*, *Quercus robur*, *Quercus pubescens*, *Pinus pinaster*, *Juniperus communis*, ecc., cresciuto su dune fossili e basato su un substrato sabbioso calcareo. È stata effettuata un'attenta e approfondita comparazione con vari altri taxa collybioidi o più o meno simili prima di giungere alla conclusione, fortemente supportata anche da prove molecolari consistenti di tre filogrammi costruiti su una base dati di due geni (ITS and *tef1 $\alpha$* ), che rappresenta una nuova specie.

### MATERIALI E METODI

#### Morfologia

I microcaratteri sono stati studiati e fotografati su materiale fresco o essiccato, in quest'ultimo caso rigonfiato con KOH 5%; sono stati usati il reattivo di Melzer per testare l'amiloidea sporale e il rosso Congo per la documentazione di altri caratteri di interesse. Il termine "*peli*", presa da Bon (1991), definisce i cistidi banali, non urticoidi, sul filo lamellare e sulla caulocute. Tutte le foto di P. Voto.

#### Analisi molecolari

Le analisi sono state eseguite sulle nostre sequenze di *M. chalcibasis*, che sono state commissionate al laboratorio Alvalab, e su una selezione di sequenze ottenute da GenBank precedentemente prodotte e analizzate da Antonín & al. (2021), e che sono state scelte in base ai risultati dello strumento blastn (Altschul et al., 1990).

Le analisi filogenetiche sono state basate sull'uso di una ricerca di inferenza Bayesiana (BI) e di massima verosimiglianza (ML) attraverso la costruzione di alberi filogenetici a singolo gene o a geni concatenati basati su sequenze ITS e *tef1 $\alpha$* . Allineamenti multipli a singolo gene e concatenati sono stati generati con MUSCLE, incluso in MEGA X (Kumar et al., 2018), con un impostazione



di default e sono stati corretti manualmente. Tutti i cladogrammi derivati dalle analisi di ML sono stati prodotti con RAxML versione 8 (Stamatakis, 2014) con l'interfaccia grafica raxmlGUI (Edler et al., 2020) con la seguente impostazione: 1,000 bootstraps, GTR+G come modello di sostituzione e il voucher PLN 01-JAN-2017, che rappresenta *M. heterocystidiosa* (Beller & Bon) Bon, una specie macrocistidiata, scelto come outgroup. La BI usata per stimare la probabilità a posteriori della distribuzione degli alberi è stata eseguita con MrBayes 3.2 (Ronquist et al., 2012) con le seguenti impostazioni: l'outgroup è lo stesso dell'analisi ML; Lset nst = 6; rates = gamma; mcmc ngen = 1,000,000; samplefreq = 1,000; altri parametri = default. Il valore sump burnin = 250 è stato usato per determinare il numero di alberi da scartare prima di eseguire la distribuzione statistica. Il comando Sumt è stato usato per produrre la distribuzione statistica degli alberi campionati durante l'analisi bayesiana MCMC. L'albero di maggior consenso è stato generato con MEGA X, la nuova specie è in grassetto rosso. Tutte le sequenze usate nei filogrammi sono riportate in una tabella sinottica.

## TAXONOMY

### *Melanoleuca chalcibasis* Voto, Maraia & Milanese, sp. nov.

Typus: Italia, Veneto, Venezia, S. Anna di Chioggia, Bosco Nordio, 14.XI.2013, P. Voto, VER fu6; GenBank: MZ621144 – ITS, MZ962408 – tef1 $\alpha$ ).

Etimologia. Il nome si riferisce al colore bronzato ('*chalc*', dal greco χαλκός) della carne alla base ('*basis*', dal latino) del gambo.

*Cappello* 26 mm, bassamente convesso con depressione peridiscale e piccolo umbone, margine inflesso; cuticola positiva al test dell'impronta digitale, di colore bruno o grigio-brunastro, al margine grigiastro pallido, al centro ocraceo sporco, non decolorata con l'essiccazione.

*Lamelle* fitte, ca. 40, con 1 – 3 lamellule tra ogni coppia di lamelle; non o poco ventricose, adnate smarginate; bianche con un leggera sfumatura grigiastro - crema; filo concolore.

*Gambo* 40 × 4 mm, cilindraceo, centrale; brunastro pallido in apice e progressivamente sempre più grigio-bruno verso la base, alla base grigio-bruno scuro con una sfumatura vinoso; minutamente pruinoso in apice, di sotto ricoperto di flocculi bianchi e fibrille grigiastre, verso la base con fibrille o tomento adnato grigiastro.

*Carne* di colore bianco nel cappello, giallastro pallido in apice, progressivamente sempre più brunastro ocraceo verso la base, alla base bruno violaceo o bruno bronzo, cortex ovunque concolore con la carne interna. Odore e sapore non testati.

*Spore* (80 misure sul gambo) (5.6) 6.3 – 7.5 (9.3) × (4.1) 4.5 – 6.0 (7.0)  $\mu\text{m}$ , in media 6.9 × 5.0  $\mu\text{m}$ , Q (1.11) 1.20 – 1.50 (1.65), in media 1.38; in vista frontale ellittiche o (sub) ovali o a volte sub globose, in vista laterale ellittiche o adassialmente appiattite o raramente dorsalmente gibbose alla base, a volte depresse sopra l'apicolo; ornamentate con verruche arrotondate o meno frequentemente allungate, ampie fino a 0.6  $\mu\text{m}$  e alte fino a 0.75  $\mu\text{m}$ ; amiloidi con plaga ilare liscia inamiloide a volte visibile e allora piccola (fino a 2.0  $\mu\text{m}$  larga). *Basidi* 4-sporici, 20.0 – 35.0 × 7.5 – 11.0  $\mu\text{m}$ . *Cheilocistidi* (90 misurati) numerosi, 33.0 – 56.0 × 4.5 – 10.0 (12.0)  $\mu\text{m}$ ; urticoidi; parte basale per lo più fortemente rigonfia (ca. 50.0%), anche fusoidi o (flessuoso-) subcilindracea (ca. 27.5%), in qualche caso di forma intermedia (ca. 22.5%), a volte lobata-tortuosa, raramente nodulosa, lunghi 9.0 – 22.0  $\mu\text{m}$ , a parete sottile; parte superiore principalmente conica (di tipo excissa, ca. 74%), anche cilindracea (di tipo brevipes, ca. 26%), in qualche caso leggermente rigonfia o leggermente ristretta nella porzione basale, raramente flessuosa, lunga 17 – 35  $\mu\text{m}$ , larga 2.5 – 4.0  $\mu\text{m}$  alla base, a parete sottile, sovente laterale, sovente bifidi o occasionalmente trifidi, sovente con cristalli apicali; *pelii marginali* 10.0 – 25.0 × 3.5 – 6.0 (10.0)  $\mu\text{m}$ , incospicui, clavati o cilindraceo - clavati o irregolari. *Pleurocistidi* sparsi, simili ai cheilocistidi. *Pileipellis* (al centro a al margine) costituita da una cutis asciutta di ife cilindracee, settate, larghe 2.5 – 5  $\mu\text{m}$  con vari elementi terminali liberi; pigmento grigiastro scuro, liscio o di piccoli granuli e placchette, sovente più concentrato ai setti; subpellis di ife larghe 5 – 15  $\mu\text{m}$ . *Caulopellis* (su materiale essiccato) di ife filamentose, larghe 2.5 – 5  $\mu\text{m}$  senza o con occasionali elementi terminali indifferenziati liberi. *Cauloimenio* in apice composto da numerosi cistidi urticoidi simili ai cheilocistidi ma generalmente con una parte basale più esile, con scarsi cristalli apicali in KOH, a parete sottile, e da piccoli pelii marginali a volte riuniti in piccoli ciuffi compatti; caulobasidi assenti. *Giunti a fibbia* assenti.

**Habitat:** solitario, tra muschio, foglie di *Quercus ilex* e alcuni aghi di *Pinus pinea* su substrato sabbioso a margine di sentiero nel bosco.

## COMMENTI

*M. chalcibasis* è caratterizzata da un habitus collybioide con piccole dimensioni e un gambo più lungo del diametro pileico, un cappello di colore grigio-bruno medio spento, lamelle biancastre, un gambo flocculoso e fibrilloso, una base stipitale scura, colori contrastanti ocracei e bronzati della carne nella porzione inferiore del gambo, cistidi urticoidi principalmente del tipo excissa, spore con quoziente basso, presenza di cauloimenio.

Appartiene al subgen. *Urticocystis* Boekhout, filogeneticamente supportato, dove, scorrendo la chiave su base morfologica di Bon (1991), verrebbe collocata nella sect. *Grammopodiae* Bon, subsect. *Rasilinae* Bon tra un numero di taxa caratterizzati da un habitus collybioide e colori spenti.

Dall'evidenza molecolare (vedi filogrammi) è indubabilmente evidente che *M. chalcibasis* sia isolata dagli altri taxa del subgen. *Urticocystis*. Anche le corrispondenze in GenBank facendo il blast delle sequenze sono basse: le migliori corrispondenze per la regione tef1 $\alpha$  sono con *M. communis* (KX387858 e KX507370) e *M. juliannae* var. *decolorans* (KJ425545) con valori d'identità nell'intervallo 84.47% – 86.40%; mentre per la regione ITS sono con *M. phaeopodia* (JF908362), *M. excissa* (JF908347), *M. rasilis* (JF908355) e diversi *M. pseudoluscina*/*M. luteolosperma* (JN616455, JN616456, MW491331, MW491329, MW491328, JN616457) con valori d'identità nell'intervallo 95.41% – 96.19%.



Viene comunque di seguito proposta una comparazione morfologica con alcuni membri del subgenere.

Specie come *M. grammopodia* (Bull.) Murrill, *M. malenconii* Bon, *M. humilis* (Pers.) Pat. e *M. rasilis* (Fr.) Singer hanno un aspetto robusto, tricholomoide, col gambo solitamente più corto del diametro pileico. *M. juliannae* var. *juliannae* Rimóczy, Antonín, L. Nagy & Tomšovský e *M. juliannae* var. *decolorans* Antonín & Tomšovský potrebbero evidenziare qualche somiglianza ma hanno il cortex stipitale concolore con la superficie esterna e sono decisamente prive delle tinte ocraceo-brunastre e bruno bronzato nella carne alla base del gambo.

*M. tristis* M.M. Moser è caratterizzata ovunque, lamelle incluse, da colori scuri. *M. paedida* (Fr.) Kühner & Maire è tipicamente e fortemente differenziata per avere la carne da bianca a molto pallida. *M. luteolosperma* (Britzelm.) Singer (= *M. pseudoluscina* Bon, *M. pseudopaedida* Bon) ha il gambo pallido e privo di flocculi nella metà inferiore, la carne del gambo colorata diversamente, da bruno a bruno scuro, e solo alla base, spore più lunghe e strette [(6.0) 7.0 – 9.0 × (4.0) 4.2 – 5.5 (6.5) μm, Q = (1.20) 1.26 – 1.74 (1.8), in media 1.50], pleurocistidi assenti (Antonín & al., 2021). *M. fontenlae* Para, Antonín, Ďuriška, Ševčíková & Tomšovský (= *M. pseudopaedida* sensu Vizzini & al., 2011) si separa per la mancanza di flocculi sul gambo, spore più lunghe, peli marginali più cospicui, assenza di pleurocistidi, colori differenti sul gambo e nella carne.