

Article received 9 November 2025, accepted 10 December 2025

***Coprinellus dilectissimus* sp. nov. from the Nordio forest (Italy)**

(versione italiana a pag. 17)

Pietro Voto<sup>1\*</sup>, Gianluigi Maraia<sup>2</sup><sup>1</sup>Via Garibaldi 173, I-45010 Villadose (RO), Italy ; pietrovoto@libero.it; <https://orcid.org/0000-0003-1922-1324><sup>2</sup>Via della Speranza 6, I- 37069 Villafranca (VR), Italy; gian1973.gm@gmail.com

\*Corresponding author: pietrovoto@libero.it

**Key words:**

Agaricales

Psathyrellaceae

new species

taxonomy

**Abstract:** *Coprinellus dilectissimus*, a new species belonging to *Coprinellus* section *Setulosi*, is described based on a collection made in Italy. A morphological description is provided, as well as a phylogenetic tree which supports the species' novel status. The new species is compared with *C. velatopruinatus* and other morphologically similar species.**INTRODUCTION**

*Coprinellus* P. Karst. is a genus in the family *Psathyrellaceae* Vilgalys, Moncalvo & Redhead. Its members share a cellular pileipellis with the genus *Psathyrella* Fr. ex Quél. but they differ in having a coprinoid habit (deliquescing lamellae, polymorphic basidia, sulcate pilei). Our new species belongs to a group characterised by the presence of pileocystidia and caulocystidia. These species have long been known under the epithet 'Setulosi': initially as *Coprinus* subsect. *Setulosi* J.E. Lange (Lange, 1915) and more latterly as *Coprinellus* sect. *Setulosi* (J.E. Lange) D.J. Schaf. (Schafer, 2010).

Recently, Wächter & Melzer (2020) proposed to shift most of the species of this section into the new genus *Tulosesus* D. Wächt. & A. Melzer following the results of their phylogenetic analysis. More recently, Yang, Lin, Li & Yang (2025) accepted the split but proposed changing its name to the earlier legitimate genus *Ephemerocybe* Fayod because the type species chosen for *Tulosesus* – *C. ephemerus* (Bull.) Redhead, Vilgalys & Moncalvo – corresponds to its type name.

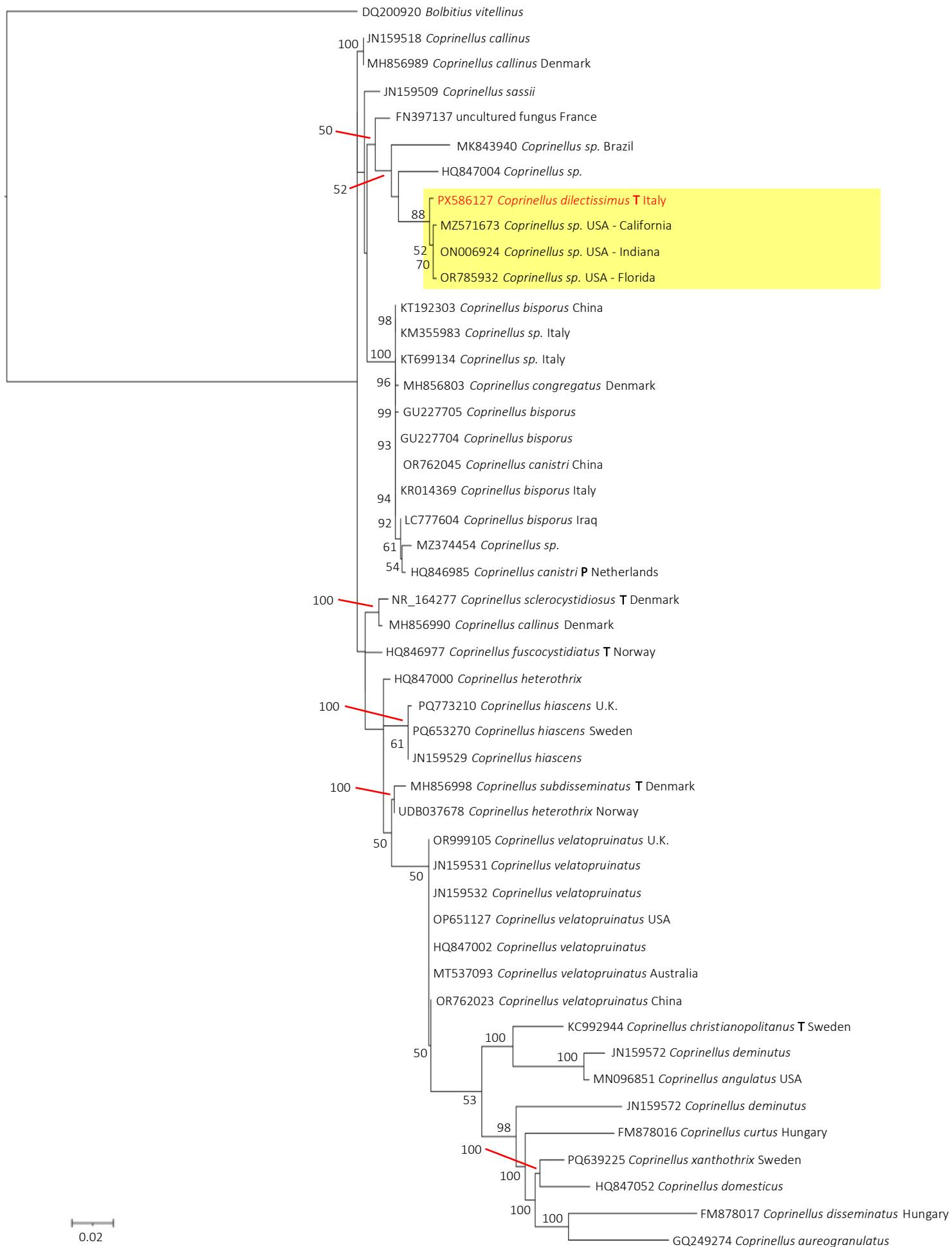
Since not all pileocystidiate species of *Coprinellus* converge phylogenetically in this resurrected taxon, a morphological separation between the pileocystidiate species of both genera becomes very difficult.

Moreover, in our opinion, the phylogenetic proposition of *Ephemerocybe* as being distinct from the rest of *Coprinellus* is poorly supported. In the proposal by Wächter & Melzer (2020) we find the phylogenetic analyses unconvincingly explained and the technical validity of the datasets employed doubtful. On the contrary, we consider that there are other studies containing multigene phylogenetic analyses which show the group of species corresponding to the modern concept of *Ephemerocybe* as being a mere side partition of *Coprinellus* (Nagy *et al.* 2010; Nagy, Vágvolgyi & Papp 2012; Örstadius, Ryberg & Larsson 2015; Yang, Lin, Li & Yang 2025). We consider these multi-gene studies more reliable and their analyses more robust than those of Wächter & Melzer (2020). Therefore, in this present study we have decided to treat *Ephemerocybe* and, consequently, its invalid synonym *Tulosesus* as a synonym of *Coprinellus* following Redhead *et al.* (2001), possibly as a partial synonym of the morphology-based taxon *Coprinellus* sect. *Setulosi*. However, we refrain from making a formal proposition for the recombination, as that is outside the scope of the present study.

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

The collection was photographed in situ using a Nikon Coolpix A10 camera. All microscopical data were examined using fresh material in water (basidiospores) or in Congo red (all other characters).

**FIG. 1** Best-scoring phylogram generated from Maximum Likelihood (ML) inferred from ITS rDNA sequences of selected species of *Coprinellus*, including *C. dilectissimus*. Bootstrap support values  $\geq 50\%$  are shown at the nodes. The newly generated sequence is in red. The letters T and P in bold after a species name stands for Type and Paratype respectively / Filogramma col migliore punteggio generato dalla massima verosimiglianza (ML) dedotta dalle sequenze di rDNA ITS di specie selezionate di *Coprinellus*, incluso *C. dilectissimus*. Ai nodi sono mostrati i valori di supporto bootstrap  $\geq 50$ . La nuova sequenza è in rosso. Le lettere T e P in grassetto dopo il nome di una specie stanno rispettivamente per Tipo e Paratipo



**Table 1.** Species, voucher numbers and accession numbers of the sequences used in the phylogenetic analyses / **Tabella 1.** Specie, numeri di raccolta e numeri di registrazione delle sequenze usate nell'analisi filogenetica

Species	Collection ID	ITS
<i>Bolbitius vitellinus</i>	AFTOL-ID 730	DQ200920
<i>C. angulatus</i>	Fire Survey 010	MN096851
<i>C. aureoconulatus</i>	CBS973.95	GQ249274
<i>C. bisporus</i>	SZMC-NL-0158	GU227705
<i>C. bisporus</i>	10a2-1-r	KT192303
<i>C. bisporus</i>	MUT-ITA-:4897	KR014369
<i>C. bisporus</i>	SZMC-NL-0152	GU227704
<i>C. bisporus</i>	YAM13	LC777604
<i>C. callinus</i>	Ulje 1204	JN159518
<i>C. callinus</i>	CBS:185.52	MH856989
<i>C. callinus</i>	CBS:188.52	MH856990
<i>C. canistri</i>	Walley 877	HQ846985
<i>C. canistri</i>	HMJAU67197	OR762045
<i>C. christianopolitanus</i> T	LO141-08	KC992944
<i>C. congregatus</i>	CBS:181.51	MH856803
<i>T. curtus</i>	SZMC-NL-2339	FM878016
<i>C. deminutus</i>	SZMC-NL-0761	JN159572
<i>C. dilectissimus</i> T	PAD H0062399	PX586127
<i>C. disseminatus</i>	SZMC-NL-2337	FM878017
<i>C. domesticus</i>	SZMC-NL-1292	HQ847052
<i>C. fuscocystidiatus</i> T	SZMC-NL-2720	HQ846977
<i>C. heterothrix</i>	Ulje 1063	HQ847000
<i>C. heterothrix</i>	O-F-303828	UDB037678
<i>C. hiascens</i>	SZMC-NL-0770	JN159529
<i>C. hiascens</i>	iNAT:228803023	PQ773210
<i>C. hiascens</i>	F-417	PQ653270
<i>C. sassii</i>	SZMC-NL-1237	JN159509
<i>C. sclerocystidiosus</i> T	CBS 195.52	NR_164277
<i>C. sclerocystidiosus</i>	LO407-05	KC992942
<i>C. subdisseminatus</i> T	CBS:197.52	MH856998
<i>C. sp.</i>	no voucher number	MZ571673
<i>C. sp.</i>	iNat165331839	OR785932
<i>C. sp.</i>	S.D. Russell MycoMap # 5577(2)	ON006924
<i>C. sp.</i>	BLBS 134	MK843940
<i>C. sp.</i>	SZMC-NL-2887	HQ847004
<i>C. sp.</i>	AODJ.161.104	MZ374454
<i>C. sp.</i>	MUT-ITA-:4897	KM355983
<i>C. sp.</i>	MUT-ITA-:5171	KT699134
<i>C. velatopruinatus</i>	iNat85983600	OP651127
<i>C. velatopruinatus</i>	Ulje 1264	JN159531
<i>C. velatopruinatus</i>	J. Cervenka 002	JN159532
<i>C. velatopruinatus</i>	M330	HQ847002
<i>C. velatopruinatus</i>	HMJAU67188	OR762023
<i>C. velatopruinatus</i>	N.L. Bougher NLB 1489	MT537093
<i>C. velatopruinatus</i>	NFSG 20220418 01TL	OR999105
<i>C. xanthothrix</i>	F-3895	PQ639225
uncultured fungus	no voucher number	FN397137

## Phylogeny

DNA extraction, PCR and ITS Sanger sequencing were produced within the Network for the study of mycological diversity coordinated by ISPRA (Italy).

The dataset comprises both the sequence newly generated from this study from the type collection and most similar reference sequences extracted from GenBank ([www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/)) using BLAST (Altschul *et al.* 1990). The closest matching voucher from the UNITE database (<https://unite.ut.ee/analysis.php>) was also included. The absence of chimeras was verified by inspecting the query coverage in the BLAST output. The sequences were aligned using MAFFT 7 (Katoh & Standley 2013). Phylogenetic inference was performed using a Maximum Likelihood (ML) analysis in RAxML HPC2, v. 8.2.12 (Stamatakis 2014) under a GTRGAMMAI model with 1000 bootstrap (BS) replicates (Figure 1).

## RESULTS

### Phylogeny

The tree resulting from our analysis exhibits good phylogenetic resolution with the clade containing *Coprinellus dilectissimus* satisfactorily supported (ML = 88). This clade appears as sister to several taxa belonging to *Coprinopsis* sect. *Setulosi*, and also includes three undetermined vouchers from the United States, suggesting a broad geographic diffusion of *C. dilectissimus*. Interestingly, within our ITS-based reconstruction, species belonging to the genus *Ephemerocybe* according to the systematics by Yang, Lin, Li & Yang (2025) and those not belonging to it are not nested separately.

### Taxonomy

*Coprinellus dilectissimus* Voto, Maraia sp. nov.

[MB 861599]



*Coprinellus dilectissimus* PAD H0062399 - Type

P. Voto

Typus. Italy, Veneto, Venice, S. Anna di Chioggia, Nordio Forest; gregarious to subcaespitose among litter at the edge of a path lined with *Quercus ilex*, *Pinus pinea* and other deciduous trees of the Mediterranean shrub, 12 Sept 2022, legit P. Voto (Holotype: PAD H0062399, Isotype: IFI 283); ITS Genbank: PX586127.

Etymology: From the male superlative of the Latin adjective *dilectus* = loved, with reference to the great love that P. Voto has for the research and study of mushrooms in the Nordio forest.

### Macroscopic characters

*Pileus* when young 6 mm high and 3 mm broad, cylindric to oblong; paraboloid through narrowly campanulate while expanding; when expanded 10–15 mm broad, broadly conical; finally with flared margin; plicate up to the central area, minutely white hairy; young specimens ochre-brown with purplish brown centre, discoloring to grey-avellaneous on the ridges, to ochraceous grey-avellaneous at centre, to cream beige at margin, grey in the furrows.

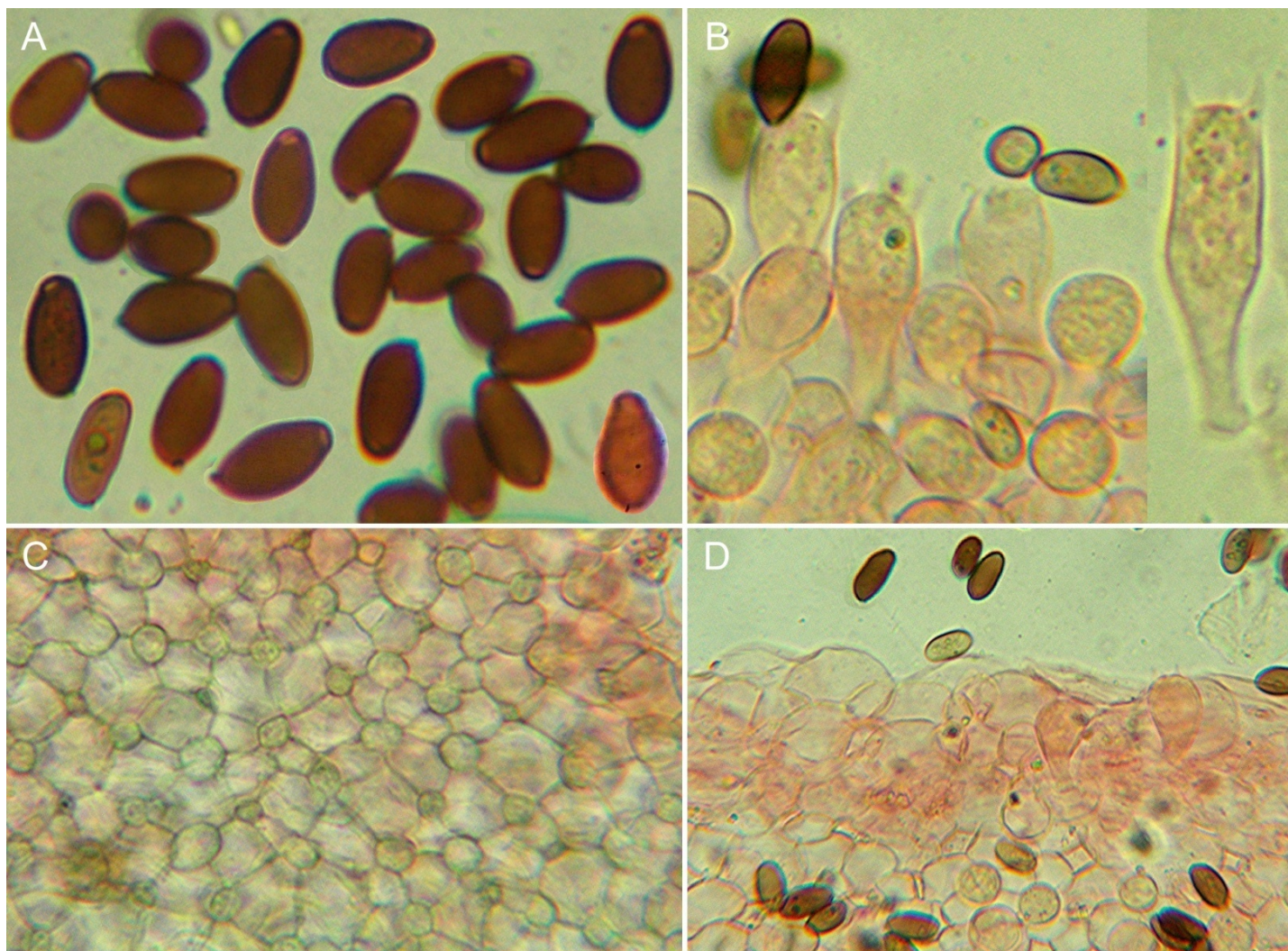
*Veil* barely perceptible in young specimens.

*Lamellae* 15–16, with 0–1 tiers of lamellulae, adnexed; whitish at first, then grey; edge whitish; slowly deliquescent from the edge.

*Stipe* 30–40 × 1–2 mm, cylindric above an enlarged to sub bulbillose base; white, with age dirty yellowish; wholly minutely white hairy to furfuraceous; base usually with a white adnate mycelial sheath and in one collection also white strigose.

*Context* not examined.

### Microscopic characters



*Coprinellus dilectissimus* PAD H0062399 - Typus. A: spores; B: basidia; C: hymenophyalides; D: cheilocystidia / A: spore; B: basidi; C: imenofisalidi; D: cheilocistidi

P. Voto

*Basidiospores* (10.5)11.0–12.6(13.5) × 6.0–7.0 × 5.0–6.0 μm, on average 11.7–11.8 × 6.5 × 5.5 μm, Q in front view = 1.8–2.0, Q in side view = 1.8–2.4; inconspicuously tridimensional, in front view narrowly oval with straight sides to oblong, apex tapering to rarely papillate, in side view narrowly amygdaliform; in water dark reddish brown; germ pore wide, distinct, eccentric.

*Basidia* 16.0–30.5 × 7.0–10.0 μm; trimorphic: clavate, shortly clavate, ululiform-utriform; 4-spored; surrounded by 4–5 hymenophysalides.

*Pleurocystidia* absent.

*Cheilocystidia* 18–28 × 13–25 μm, sphaeropedunculate to broadly clavate, intermixed with some basidia.

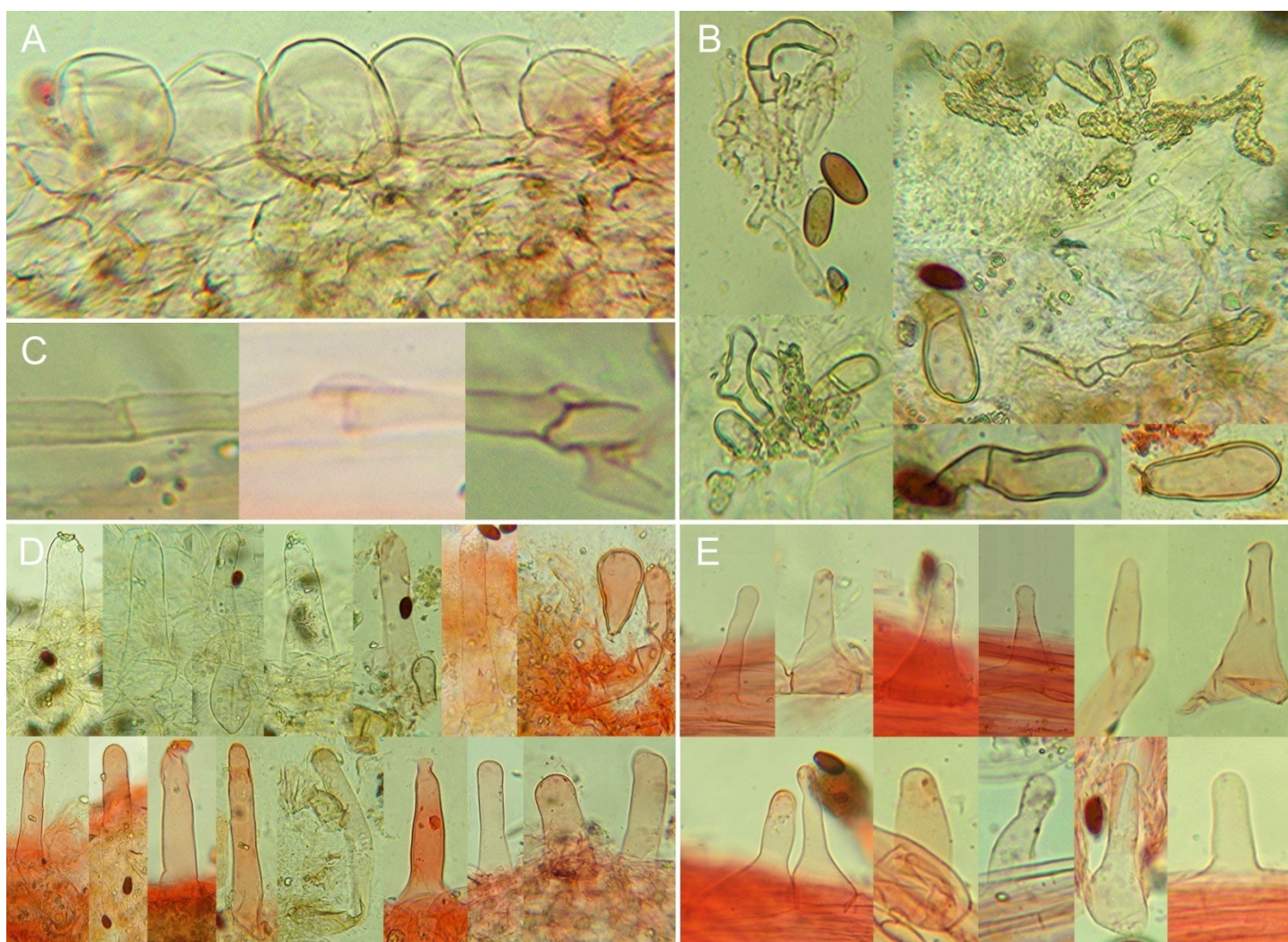
*Pileipellis* made of a typical hymeniform structure composed of clavate to sphaeropedunculate cells 20–50 μm broad.

*Pileocystidia* 60–120 × 13–28 μm; utriform with a short to long cylindrical neck 5–17 μm broad or cylindrical, apex equal to slightly tapering or slightly swollen; thin-walled to occasionally sub thick-walled; frequent.

*Veil* of ellipsoid to cylindrical, sometimes flexuous to nodulose or forked hyphae 3.0–5.0(7.5) μm broad, glabrous or encrusted, thin- to sub thick-walled.

*Caulocystidia* 28–47 × 7.5–2.6 μm with 5.0–8.5 μm broad neck, similar to pileocystidia, scattered.

*Clamp connections* few observed only in the stipe tissue, absent in pileipellis and hymenium.



*Coprinellus dilectissimus* PAD H0062399 - Typus. A: pileipellis; B: veil on pileus; C: clamp connections; D: pileocystidia; E: caulocystidia / A: pileipellis; B: velo pileico; C: giunti a fibbia; D: pileocistidi; E: caulocistidi

## NOTES

*Coprinellus dilectissimus* is characterised by cylindrical to oblong young pilei, presence of pileocystidia mostly long-necked utriform with an equal to sub swollen apex, slender spores longer than 10 μm and narrower than 7

µm and with an eccentric germ pore, globose to clavate cheilocystidia, presence of veil of a hyphal structure, and saprotrophic habitat.

Based on our phylogenetic analysis we note that *C. dilectissimus* could already have been encountered, as an unidentified species, in the American States of California, Florida and Indiana (good images of the basidiomes of the Florida collection can be viewed at [www.inaturalist.org/observations/165331839](http://www.inaturalist.org/observations/165331839)). The pairwise comparisons with these three vouchers show a 98.93% to 99.28% identity.

Morphologically, *C. velatopruinatus* (Bender) Redhead, Vilgalys & Moncalvo shares several of the characteristics of *C. dilectissimus*, differing in more differentiated cheilocystidia that vary to ellipsoid and subutriform, somewhat wider (9.5–13.5 × 6–8 µm) and not tridimensional spores, and ovoid to ellipsoid young pilei. *C. allovelus* (Uljé) Doveri & Sarrocco and *C. cinereopallidus* L. Nagy, Házi, Papp & Vágvölgyi also are similar in many respects but differ in having long-necked lageniform cheilocystidia.

The following species are also somewhat similar due to sharing the same habitat and shape of cheilocystidia. *Coprinellus fallax* (M. Lange & A.H. Sm.) Redhead, Vilgalys & Moncalvo differs by absence of veil, and clamps being more prominent (there are no sequences under this name on genetic public databases); *C. plagioporus* (Romagn.) Redhead, Vilgalys & Hopple differs by absence of veil, and a clearly distinct phylogeny; *C. pyrphanthes* (Romagn.) Redhead, Vilgalys & Moncalvo differs by having numerous but cellular veil elements.

## 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  
[https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)
- Katoh, K; Standley, DM (2013) MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution* **30**:772–780  
<https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
- Lange, JE (1915) Studies in the Agarics of Denmark. Part II. *Amanita, Lepiota, Coprinus*. *Dansk Botanisk Archiv* **2**(3):1-53
- Nagy, LG; Vágvölgyi, C; Papp, T (2012) Morphological characterization of clades of the *Psathyrellaceae* (*Agaricales*) inferred from a multigene phylogeny. *Mycol Progress* **12**:505–517  
<https://doi.org/10.1007/s11557-012-0857-3>
- Nagy, LG; Urban, A; Örstadius, L; Papp, T; Larsson, E; Vágvölgyi, C (2010) The evolution of autodigestion in the mushroom family *Psathyrellaceae* (*Agaricales*) inferred from Maximum Likelihood and Bayesian methods. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **57**(3):1037-1048  
[doi:10.1016/j.ympev.2010.08.022](https://doi.org/10.1016/j.ympev.2010.08.022)
- Örstadius, L; Ryberg, M; Larsson, E (2015) Molecular phylogenetics and taxonomy in *Psathyrellaceae* (*Agaricales*) with focus on psathyrelloid species: introduction of three new genera and 18 new species. *Mycological Progress* **14**(25):1-42  
<https://doi.org/10.1007/s11557-015-1047-x>
- Redhead, SA; Vilgalys, R; Moncalvo, J-M; Johnson, J; Hopple, JS Jr (2001) *Coprinus* Persoon and the disposition of *Coprinus* species sensu lato. *Taxon* **50**(1):203-241
- Ronquist, F; Teslenko, M; van der Mark, P; Ayres, DL; Darling, A; Höhna, S; Larget, B; Liu, L; Suchard, MA; Huelsenbeck, JP (2012) MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Syst. Biol.* **61**(3):539–42  
[doi:10.1093/sysbio/sys029](https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029)
- Schafer, DJ (2010) Keys to sections of *Parasola*, *Coprinellus*, *Coprinopsis* and *Coprinus* in Britain. *Field Mycology* **11**(2):44-51
- Stamatakis, A (2014) RAXML Version 8: A tool for Phylogenetic Analysis and Post-Analysis of Large Phylogenies. *Bioinformatics* **30**(9):1312–1313  
[doi:10.1093/bioinformatics/btu033](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033)

- Wächter, D; Melzer, A (2020) Proposal for a subdivision of the family *Psathyrellaceae* based on a taxon-rich phylogenetic analysis with iterative multigene guide tree. *Mycological Progress* **19**:1151-1265
- Yang, KL; Lin, JY; Li, GM; Yang, ZL (2025) Introducing one new genus and two new species of *Psathyrellaceae* (*Basidiomycota*, *Agaricales*), with notes on *Candolleomyces* and *Ephemerocybe*. *Phytotaxa* **702**(1):1-28  
<https://doi.org/10.11646/phytotaxa.702.1.1>

### ***Coprinellus dilectissimus* sp. nov. dal bosco Nordio (Italia)**

#### **Parole chiave:**

*Agaricales*  
*Psathyrellaceae*  
 nuova specie  
 tassonomia

**Riassunto:** Sulla base di una raccolta fatta in Italia si descrive *Coprinellus dilectissimus*, una nuova specie di *Coprinellus* sezione *Setulosi*. Si fornisce una descrizione morfologica e un albero filogenetico che ne supporta lo status di specie nuova. La nuova specie viene messa a confronto con *C. velatopruinatus* e altre specie morfologicamente simili.

#### **INTRODUZIONE**

*Coprinellus* P. Karst. è un genere della famiglia *Psathyrellaceae* Vilgalys, Moncalvo & Redhead. I suoi membri condividono una pileipellis cellulare con il genere *Psathyrella* Fr. ex Quél. ma ne differiscono per avere un habitus coprinoidale (lamelle deliquescenti, basidi polimorfici, cappelli solcati). La nostra nuova specie appartiene a un gruppo caratterizzato dalla presenza di pileocistidi e caulocistidi. Queste specie sono state a lungo note con l'epiteto '*Setulosi*': inizialmente come *Coprinus* subsect. *Setulosi* J.E. Lange (Lange, 1915) e di seguito come *Coprinellus* sect. *Setulosi* (J.E. Lange) D.J. Schaf. (Schafer, 2010).

Di recente, Wächter & Melzer (2020) hanno proposto di spostare la maggior parte delle di questa sezione nel nuovo genere *Tulosesus* D. Wächt. & A. Melzer sulla base dei risultati della loro analisi filogenetiche. Più recentemente, Yang, Lin, Li & Yang (2025) hanno accettato la separazione ma hanno proposto di cambiare il suo nome con l'antecedente genere legittimo *Ephemerocybe* Fayod in quanto la specie tipo scelta per *Tulosesus* – *C. ephemerus* (Bull.) Redhead, Vilgalys & Moncalvo – corrisponde al suo nome tipo.

Dato che non tutte le specie pileocistidiate di *Coprinellus* convergono filogeneticamente in questo taxon resuscitato, una separazione morfologica tra le specie pileocistidiate di entrambi i generi diventa molto difficile.

Inoltre, a nostro parere, la proposizione filogenetica di *Ephemerocybe* come distinto dal resto dei *Coprinellus* è scarsamente supportata. Nella proposta di Wächter & Melzer (2020) troviamo che le analisi filogenetiche siano spiegate in modo non convincente and che la validità tecnica della base dati impiegata sia dubbia. Al contrario, riteniamo che ci siano altri studi contenenti analisi filogenetiche multigeniche che mostrano che il gruppo di specie corrispondenti al concetto moderno di *Ephemerocybe* sono una mera partizione laterale di *Coprinellus* (Nagy *et al.* 2010; Nagy, Vágvölgyi & Papp 2012; Örstadius, Ryberg & Larsson 2015; Yang, Lin, Li & Yang 2025). Consideriamo questi studi multigenici più affidabili e le loro analisi più robuste di quelle di Wächter & Melzer (2020). Pertanto, nel presente studio abbiamo deciso di trattare *Ephemerocybe* e, di conseguenza, il suo invalido sinonimo *Tulosesus* come un sinonimo di *Coprinellus* seguendo Redhead *et al.* (2001), eventualmente come un sinonimo parziale del taxon morfologico *Coprinellus* sect. *Setulosi*. Comunque, ci asteniamo dal fare una proposta formale di ricombinazione dato che sarebbe al di fuori dello scopo del presente studio.

#### **MATERIALI E METODI**

##### **Morfologia**

La raccolta è stata fotografata in loco usando una fotocamera Nikon Coolpix A10. Tutti i dati microscopici sono stati esaminati osservando materiale fresco in acqua (basidiospore) o in rosso Congo (tutti gli altri caratteri).

##### **Filogenetica**

L'estrazione del DNA, la PCR e il sequenziamento ITS Sanger sono stati prodotti nell'ambito del Network per lo studio della diversità micologica coordinata da ISPRA (Italia).

L'insieme di dati comprende sia le sequenze nuove generate in questo studio dalla raccolta tipo e le sequenze di riferimento più simili estratte da GenBank ([www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/)) usando BLAST (Altschul *et al.* 1990). È stata altresì inclusa la raccolta più prossima risultata dal confronto con la base dati di UNITE (<https://unite.ut.ee/analysis.php>). L'assenza di chimere è stata verificata ispezionando il 'query coverage' nel risultato del BLAST. Le sequenze sono state allineate usando MAFFT 7 (Katoh & Standley 2013). L'inferenza filogenetica è stata eseguita usando un'analisi Maximum Likelihood (ML) in RAxML HPC2, v. 8.2.12 (Stamatakis 2014) con un modello GTRGAMMAI con 1000 repliche bootstrap (BS) (Figure 1).

## RISULTATI

### Filogenetica

L'albero risultante dalla nostra analisi esibisce una buona risoluzione filogenetica con il clado contenente *Coprinellus dilectissimus* supportato soddisfacentemente (ML = 88). Questo clado appare come fratello di diversi taxa appartenenti a *Coprinopsis* sect. *Setulosi*, e include anche tre raccolte indeterminate dagli Stati Uniti, suggerendo un'ampia diffusione geografica di *C. dilectissimus*. È interessante notare che, nella nostra ricostruzione basata sull'ITS, le specie appartenenti al genere *Ephemerocybe* secondo la sistematica di Yang, Lin, Li & Yang (2025) e quelle non vi appartengono non si annidano separatamente.

### Tassonomia

#### *Coprinellus dilectissimus* Voto, Maraia sp. nov.

Etimologia: Dal maschile superlativo dell'aggettivo Latino *dilectus* = amato, con riferimento al grande amore che ha l'autore per la ricerca e lo studio dei funghi nel bosco Nordio.

### Caratteri macroscopici

*Cappello* da giovane 6 mm alto e 3 mm largo, da cilindrico a oblungo; paraboloidale poi strettamente campanulato durante l'espansione; quando espanso 10–15 mm largo, ampiamente conico; infine con margine svasato; plicato fino all'area centrale, minutamente bianco pelurioso; nei giovani esemplari ocre-bruno con centro bruno purpureo, sbiadente a grigio-avellaneo sui dorsi, a grigio-avellaneo ocreo al centro, a crema beige al margine, grigio nei solchi.

*Velo* appena percettibile nei giovani esemplari.

*Lamelle* 15–16, con 0–1 ordini di lamellule, annesse; inizialmente biancastre, poi grigie; margine biancastro; lentamente deliquescenti dal margine.

*Gambo* 30–40 × 1–2 mm, cilindrico sopra una base da ingrossata a sub bulbillosa; bianco, con l'età giallastro sporco; completamente minutamente da bianco pelurioso a furfuraceo; base solitamente con una guaina miceliare bianca adnata.

*Context* not examined.

### Caratteri microscopici

*Baisiospore* (10.5)11.0–12.6(13.5) × 6.0–7.0 × 5.0–6.0 μm, in media 11.7–11.8 × 6.5 × 5.5 μm, Q in vista frontale = 1.8–2.0, Q in vista laterale = 1.8–2.4; scarsamente tridimensionali, in vista frontale da strettamente ovali con fianchi diritti a oblunghe, apice da rastremato a raramente papillato, in vista laterale strettamente amigdaliformi; in acqua bruno rossastro scuro; poro germinativo ampio, distinto, eccentrico.

*Basidi* 16.0–30.5 × 7.0–10.0 μm; trimorfici: clavati, cortamente clavati, ululiformi-utriformi; 4-sporici; circondati da 4–5 imenofisali.

*Pleurocistidi* assenti.

*Cheilocistidi* 18–28 × 13–25 μm, da sferopedunculati a largamente clavati, intermisti con alcuni basidi.

*Pileipellis* composta di una tipica struttura imeniforme costituita di cellule da clavate a sferopeduncolate larghe 20–50 μm.

*Pileocistidi* 60–120 × 13–28 µm; utriformi con un collo cilindrico da corto a lungo e largo 5–17 µm oppure cilindrici, apice da uguale a leggermente attenuato o lievemente ingrossato; a parete sottile o occasionalmente a parete sub ispessita; frequenti.

*Velo* di ife da ellissoidali a cilindriche, a volte da flessuose a nodulose o forcate, larghe 3.0–5.0(7.5) µm, glabre o incrostate, a parete da sottile a sub spessa.

*Caulocistidi* 28–47 × 7.5–2.6 µm con collo largo 5.0–8.5 µm, simili ai pileocistidi, sparsi.

*Giunti a fibbia* pochi osservati e solo nel tessuto stipitale, assenti in pileipellis e imenio.

## NOTES

*Coprinellus dilectissimus* è caratterizzato dai giovani cappelli da cilindrici a oblungi, presenza di pileocistidi per lo più utriformi a collo lungo e con un apice da uguale a sub ingrossato, spores esili più lunghe di 10 µm e più strette di 7 µm e con un poro germinativo eccentrico, cheilocistidi da globosi a clavati, presenza di un velo con una struttura ifale, e habitat saprotrofico.

In base alla nostra analisi filogenetica notiamo che *C. dilectissimus* potrebbe essere già stata incontrata, come specie non identificata, negli stati americani di California, Florida e Indiana (buone immagini dei basidiomi della raccolta della Florida sono presenti in [ww.inaturalist.org/observations/165331839](http://www.inaturalist.org/observations/165331839)). I confronti a coppia con queste tre raccolte mostrano una identità tra 98.93% e 99.28%.

Morfologicamente, *C. velatopruinatus* (Bender) Redhead, Vilgalys & Moncalvo condivide diverse delle caratteristiche di *C. dilectissimus*, differenziandosi per i cheilocistidi maggiormente diversificati che variano fino a ellissoidali e subutriformi, le spore un po' più larghe (9.5-13.5 × 6-8 µm) e non tridimensionali, e i giovani cappelli da ovoidali a ellissoidali. Anche *C. alloverus* (Uljé) Doveri & Sarrocco e *C. cinereopallidus* L. Nagy, Házi, Papp & Vágvölgyi sono simili per molti aspetti ma differiscono per avere cheilocistidi lageniformi con collo elongato.

Anche le specie seguenti sono in qualche modo simili perchè condividono l'habitat e forma dei cheilocistidi. *Coprinellus fallax* (M. Lange & A.H. Sm.) Redhead, Vilgalys & Moncalvo differisce per l'assenza di velo e per avere fibbie più prominenti (non ci sono sequenze con questo nome nelle base dati genetiche pubbliche); *C. plagioporus* (Romagn.) Redhead, Vilgalys & Hopple differisce per l'assenza di velo e una filogenetica chiaramente distinta; *C. pyrhanthes* differisce perché ha numerosi elementi velari ma di struttura cellulare.