

Article received 6 August 2026, accepted 23 August 2026

***Clitopilus perexiguus* sp. nov. from Nordio Forest and *Clitopilus dilectissimus* Part II**

(versione italiana a pag. 46)

Pietro Voto^{1,a*}, Alfred Drummond-Herdman^{2,b}¹Via Garibaldi 173, I-45010 Villadose (RO), Italy²Coprophilous Fungi Research Group, Edinburgh, Scotland^apietrovoto@libero.it; <https://orcid.org/0000-0003-1922-1324>^balfred.drummondherdman@gmail.com; <https://orcid.org/0009-0004-5033-7645>*Corresponding author: pietrovoto@libero.it**Key words:**

Agaricales

Entolomataceae

new species

Italy

ITS

LSU

Mediterranean

taxonomy

Venice

Abstract: The new species *Clitopilus perexiguus* is described from the Nordio Forest Nature Reserve (Italy). Morphological and phylogenetic analyses support the taxonomical novelty status of *C. perexiguus* which is characterised by smooth spores and very small, white basidiomes with an umbilicate pileus and a central, fully developed stipe. An expanded taxonomic treatment and phylogenetic analysis of *C. dilectissimus* is also provided, which was recently described from the same forest. *C. dilectissimus* is compared with morphologically similar taxa and is recovered in a consistent (though only marginally supported) clade containing numerous North American collections provisionally identified as *C. scyphoides*-IN01, together with several unnamed or misidentified *Clitopilus* collections. On the basis of their high ITS similarity and phylogenetic placement, these collections are interpreted here as *C. dilectissimus*, substantially extending the known geographical and ecological range of the species. Additional loci will nevertheless be required to resolve relationships within this assemblage more robustly.

INTRODUCTION

The Bosco Nordio (Nordio woodland) is a protected wooded area located in proximity to the Adriatic coastline in northern Italy, approximately 30 km south of Venice. It is mainly characterised by an ash-ilex grove formation (*Fraxino orni-Quercion ilicis*) also with presence of *Populus alba*, *Populus tremula*, *Quercus robur*, *Quercus pubescens*, *Pinus pinaster*, *Juniperus communis*, grown on ancient dunes (relict dunes) and having a calcareous sandy substrate (Voto 2021).

The genus *Clitopilus* (Fr. ex Rabenh.) P. Kumm. contains 354 or 390 names worldwide (fide Index Fungorum and MycoBank, respectively), including autonyms, synonyms and infrageneric taxa. It comprises diverse gilled species in the family *Entolomataceae* Kotl. & Pouzar with a saprotrophic ecology. The spore print is pink; mature gills are usually decurrent and pinkish; the stipe can be central to eccentric or absent to reduced; spores are usually angular, mostly featuring distinct longitudinal ridges; and the basidiomes of many species have a farinaceous odour. *Clitopilus* has undergone major modern taxonomic shifts driven by molecular phylogenetic studies which have reshaped its boundaries, merging several taxa previously placed in *Rhodocybe* Maire (Co-David, Langeveld & Noordeloos 2009). Its type species, *Clitopilus prunulus* (Scop.) P. Kumm. (basionym *Agaricus prunulus* Scop.), is also present in the Nordio forest (found once by P. V.). A fourth species of the genus new to the same forest will be reported in a next contribution.

MATERIALS AND METHODS**Morphological study**

Macroscopic descriptions were obtained on fresh material immediately after collection. Photographs were taken with a Nikon Coolpix A10 camera. All micromorphological measurements were taken from fresh material mounted in water or Congo red. Spore measurements are reported using the following formula: (lowest length) 10th percentile–90th percentile (highest length) × (lowest width) 10th percentile–90th percentile (highest width). In the case of *Clitopilus perexiguus*, since a notable difference was noted between the measurements of

spores from the hymenium and the stipe, only spores measured on the stipe are included in the description. All images by P.V.

GB stands for GenBank accession number, while iNat and MO stand for iNaturalist and Mushroom Observer observation numbers, respectively.

Molecular study

DNA extraction, PCR amplification and Sanger sequencing were performed by commercial facilities to generate an LSU sequence (GB PZ782068) from the holotype collection of *Clitopilus dilectissimus* (PAD H0062396) and an ITS sequence (GB PZ782067) from the holotype collection of *C. perexiguus* (PAD H0064020).

Comparative sequences representing 96 additional collections were obtained from GenBank, iNaturalist and Mushroom Observer. Related sequences were identified using NCBI BLAST (Altschul *et al.* 1990) and MycoMap's MycoBLAST (<https://mycomap.org/mycoblast>). The dataset also included the previously published ex-type ITS sequence of *C. dilectissimus* (PV661559; Voto 2025). Five similarity searches were conducted: NCBI BLAST searches using the ITS sequences of *C. dilectissimus* and *C. perexiguus* and the LSU sequence of *C. dilectissimus* as queries, and MycoBLAST searches using the ITS sequences of *C. dilectissimus* and *C. perexiguus* as queries. Two *Lyophyllum* P. Karst. sequences were used as the outgroup. The final concatenated dataset comprised 98 collections, represented by 98 ITS and 48 LSU sequences. Missing regions were represented by gaps. The ITS1, 5.8S and ITS2 regions were extracted from the ITS sequences using ITSx v. 1.1.3 (Bengtsson-Palme *et al.* 2013). These three regions, together with the LSU region, were aligned separately using MAFFT v. 7 (Kato & Standley 2013) with the L-INS-i algorithm. The alignments were inspected and trimmed using UGENE v. 53.1 (Okonechnikov *et al.* 2012) and then concatenated into a single partitioned dataset. The combined dataset contained 1563 characters, including gaps. The dataset was concatenated and partitioned by locus (ITS1: 1–258; 5.8S: 259–416; ITS2: 417–633; LSU: 634–1563).

Maximum-likelihood (ML) analysis was performed using IQ-TREE version 3 (Wong *et al.* 2026). The best-fitting substitution models (TVM+G4 for ITS1, F81 for 5.8S, TPM2u+G4 for ITS2 and HKY+F+R3 for LSU) were selected using IQ-TREE's inbuilt ModelFinder (Kalyaanamoorthy *et al.* 2017; Wong *et al.* 2026). Branch support was assessed using 1,000 ultrafast-bootstrap replicates. Bayesian inference (BI) was performed using MrBayes version 3.2.7 (Ronquist *et al.* 2012). ITS1, 5.8S and ITS2 were combined and treated as a single ITS partition, while LSU constituted the second partition. Each partition was assigned an independently parametrised GTR+G. The analysis comprised two independent runs, each with four Markov chains, for 2,000,000 generations. Trees were sampled every 1,000 generations, with the first 25% discarded as burn-in. The resulting trees were visualised in iTOL (Letunic & Bork 2019) and the ML tree annotated in Canva (Canva Pty Ltd.).

RESULTS

Phylogenetic analyses

The topologies of the ML and BI trees were largely congruent, so only the ML tree is given with BI values mapped against the corresponding nodes. Branches with bootstrap support (BS) and posterior probabilities (PP) values $\geq 70\%$ and ≥ 0.90 , respectively, are shown at the nodes.

Both ML and BI recovered *Clitopilus dilectissimus* within a clade containing numerous collections assigned the provisional species code *C. scyphoides*-IN01, together with two collections named *C. scyphoides* f. *reductus* Noordel., one named *C. hobsonii* (Berk.) P.D. Orton and two unnamed *Clitopilus* collections. The subtending branch uniting *C. dilectissimus* with these collections received only marginal support in each analysis (BS 67%, PP 0.80); however, the same relationship was recovered across the final ML and BI analyses as well as multiple prior exploratory analyses, where different models of evolution and alignment and sampling strategies were used. Furthermore, the *Clitopilus scyphoides*-IN01 ITS sequences are very similar (some 100%) to the *C. dilectissimus* ITS ex-type sequence. Taken together, this indicates that the allegiance of *C. dilectissimus* to this clade is likely real despite the marginal support in our phylogenetic analysis. The marginal support may reflect insufficient resolution within the ITS+LSU dataset. Additional protein-coding loci, particularly *rpb2* and *tef1- α* ,

would allow this relationship to be tested more robustly. Overall, we suggest that *Clitopilus scyphoides*-IN01 is *C. dilectissimus*.

Clitopilus perexiguus was recovered as sister to a clade comprising two unnamed North American collections, assigned the provisional species code '*Clitopilus* sp. CA04' (HAY-F-003655 and MYCO-1010094). The clade comprising *C. perexiguus* and the two *C. sp.* CA04 collections received maximal support in both analyses (BS 100%, PP 1.00). This clade was in turn sister to two unnamed Chinese collections (FJAU75563 and FJAU75564), with maximal support (100%/1.00). Furthermore, *C. perexiguus* was recovered within a broader clade that also contained *C. albominutellus* (E. Ludw.) Musumeci & Contu and *C. giovanellae* (Bres.) Singer, species assigned to *Clitopilus* sect. *Omphaloidei* G. Moreno, Contu, A. Ortega, Platas & Peláez (Musumeci & Contu 2018).

Taxon	Collection code	iNat/MO	Country	ITS	LSU
<i>Clitopilus albidus</i> H	CAL 1319	-	India	MF926596	MF926595
<i>C. albominutellus</i>	114928-22	-	France	PQ662633	PQ662635
<i>C. albominutellus</i>	5936-12	-	France	PQ662632	PQ662634
<i>C. austroprunulus</i>	MEN2009001	-	Australia	KC139084	-
<i>C. austroprunulus</i>	MEN2009062	-	Australia	KC139085	-
<i>C. baronii</i> H	AMB 18363	-	Italy	NR_176131	-
<i>C. baronii</i>	K (M) 179703	-	UK	MN855362	-
<i>C. baronii</i>	AMB 18362	-	Italy	MN855368	-
<i>C. baronii</i>	AMB 18378	-	Italy	MN855370	-
<i>C. baronii</i>	KUN-HKAS 145333	-	China	PQ793166	PQ781610
<i>C. baronii</i>	KUN-HKAS 145334	-	China	PQ793167	PQ781611
<i>C. brunneiceps</i> H	KUN-HKAS 104510 (HYJ95)	-	China	MN061295	MN065684
<i>C. chichawatniensis</i>	LAH37432	-	Pakistan	ON980766	ON980763
<i>C. chichawatniensis</i>	LAH37431	-	Pakistan	ON980767	ON980764
<i>C. cretoalbus</i>	LAH37017	-	Pakistan	OM935685	OM934826
<i>C. cretoalbus</i>	LAH 35709	-	Pakistan	NR_185709	ON229505
<i>C. crispus</i>	KUN-HKAS 90506 (Zhao2632)	-	China	MN061312	MN065702
<i>C. crispus</i>	KUN-HKAS 102670 (530828MF055)	-	China	MN061313	MN065704
<i>C. crispus</i>	KUN-HKAS 84667 (Han371)	-	China	MN061314	MN065705
<i>C. dilectissimus</i> H	PAD H0062396	-	Italy	PV661559	PZ782068
<i>C. fasciculatus</i> H	A. v. Zaayen, 15-V-1979	-	Netherlands	OQ845966	-
<i>C. fasciculatus</i>	297071	MO_297071	USA (California)	MG551863	-
<i>C. fusiformis</i>	KUN-HKAS 104513 (JSP207)	-	China	MN061297	MN065686
<i>C. fusiformis</i>	KUN-HKAS 104515 (JSP209)	-	China	MN061300	MN065690
<i>Clitocybe giovanellae</i>	S.F.14368	-	Spain	EF413030	EF413027
<i>C. hobsonii</i> E	K(M) 122842	-	UK	NR_182819	-
<i>C. hobsonii</i>	CBS 270.36	-	UK	MH855797	-
<i>C. hobsonii</i>	K (M) 167650	-	UK	MN855371	-
<i>C. hobsonii</i>	QYL10	-	-	OK652826	OK655769
<i>C. hobsonii</i>	iNat_271630334	iNat_271630334	USA (California)	-	-

Taxon	Collection code	iNat/MO	Country	ITS	LSU
<i>C. aff. hobsonii</i>	K:M195388	-	UK	MN855375	-
<i>C. kamaka</i> H	PDD 96106	iNat_1057573	New Zealand	NR_137867	-
<i>C. cf. kamaka</i>	KA12-0364	-	South Korea	KR673433	-
<i>C. lampangensis</i> H	CMU:JK0147	-	Thailand	NR_175631	MK764935
<i>C. lampangensis</i>	SDBR-CMUNK0047	-	Thailand	MK764934	MK773856
<i>C. orientalis</i>	CAL 1613	-	India	MG345134	MG321558
<i>C. parasiticus</i> H	KUN-HKAS145336	-	China	PQ793169	PQ781613
<i>C. parasiticus</i>	KUN-HKAS145335	-	China	PQ793168	PQ781612
<i>C. parasiticus</i>	KUN-HKAS145337	-	China	PQ793170	PQ781614
<i>C. passeckerianus</i>	P73	-	South Korea	KY962489	KY963073
<i>C. passeckerianus</i>	P78	-	South Korea	KY962494	KY963078
<i>C. passeckerianus</i>	CBS 299.35	-	Austria	FJ770386	MH867198
<i>C. passeckerianus</i>	K:M134571	-	UK	MN855376	-
<i>C. perexiguus</i> H	PAD H0064020	-	Italy	PZ782067	-
<i>C. pinsitus</i>	CBS 623.70	-	UK	FJ770403	MH871665
<i>C. reticulosporus</i>	WU27150	-	Austria	KC885966	-
<i>C. rhodotrampa</i> I	MICH:10218	-	Argentina	PZ579810	-
<i>C. scyphoides</i>	CBS 127.47	-	France	MH856181	MH867707
<i>C. "scyphoides-IN01"</i>	CM24-07037	iNat_229278366	USA (Indiana)	-	-
<i>C. "scyphoides-IN01"</i>	DR08	iNat_130008778	USA (Indiana)	OP743453	-
<i>C. "scyphoides-IN01"</i>	iNAT_16635123	iNat_16635123	USA (New York)	MZ198224	-
<i>C. "scyphoides-IN01"</i>	5089	iNat_136703753	USA (Pennsylvania)	OP749260	-
<i>C. "scyphoides-IN01"</i>	IN25-03115	iNat_318059823	USA (Indiana)	-	-
<i>C. "scyphoides-IN01"</i>	20180810TEMP000	iNat_145242172	USA (Indiana)	-	-
<i>C. "scyphoides-IN01"</i>	MYCO-1017459	iNat_178439013	USA (Pennsylvania)	-	-
<i>C. "scyphoides-IN01"</i>	AM128; 78930	iNat_31559053	USA (Indiana)	-	-
<i>C. "scyphoides-IN01"</i>	20180818TEMP000	iNat_144024893	USA (Indiana)	-	-
<i>C. "scyphoides-IN01"</i>	TENN-F-075953	iNat_7003045	USA (Ohio)	-	-
<i>C. "scyphoides-IN01"</i>	2944	iNat_242415850	USA (Missouri)	-	-
<i>C. cf. scyphoides</i>	KUN-HKAS 104511 (Zhu1775)	-	China	MN061329	MN065720
<i>C. scyphoides f. reductus</i>	CM2019-00985	iNat_32147800	USA (Ohio)	-	-
<i>C. sinoapalus</i> H	KUN-HKAS 101191 (Yang6002)	-	China	MN061322	MN065711
<i>C. sinoapalus</i>	KUN-HKAS 102807 (530828MF263)	-	China	MN061319	MN065710
<i>C. sinoapalus</i>	KUN-HKAS 82230 (Lifang1403)	-	China	MN061320	MN065712
<i>C. sinoapalus</i>	KUN-HKAS 77037 (Wu865)	-	China	MN061321	MN065713
<i>C. sp.</i>	LF01346	-	Thailand	OP680442	-
<i>C. sp.</i>	FRFTM-501	iNat_334423848	Peru	-	-
<i>C. sp.</i>	676	iNat_308605908	USA (Michigan)	-	-
<i>C. sp.</i>	KUN-HKAS 104512 (JSP140)	-	China	MN061330	MN065721

Taxon	Collection code	iNat/MO	Country	ITS	LSU
<i>C. sp.</i>	FJAU75564	-	China	PX475680	PX482116
<i>C. sp.</i>	FJAU75563	-	China	PX474882	PX482115
<i>C. sp.</i>	RA716-5	-	USA (Arkansas)	MK217427	-
<i>C. sp.</i>	GNP2	MO_231731	Canada (Saskatchewan)	MW183928	MW183928
<i>C. sp.</i>	RA715-5	-	USA (Arkansas)	MK217426	-
<i>C. sp.</i>	RA712-18	-	USA (Arkansas)	MK234227	-
<i>C. sp.</i>	KA17-0568	-	South Korea	MN294896	-
<i>C. sp. "CA04"</i>	HAY-F-003655	iNat_167291390	USA (California)	OR860203	-
<i>C. sp. "CA04"</i>	MYCO-1010094	iNat_171428792	USA (Nebraska)	-	-
<i>C. sp. "ID01"</i>	RO26-02465	iNat_325787616	USA (Idaho)	-	-
<i>C. sp. "IN07"</i>	OSF2022-0243	iNat_130280165	USA (Indiana)	OP549132	-
<i>C. sp. "kamaka-PNW02"</i>	HAY-F-007977	iNat_197270552	USA (California)	PQ484105	-
<i>C. sp. "kamaka-PNW02"</i>	42578	iNat_128490733	USA (Oregon)	-	-
<i>C. sp. "MX01"</i>	iNat_230226661	iNat_230226661	Mexico	-	-
<i>C. sp. "sp-IN07"</i>	JK425	iNat_121499598	USA (Tennessee)	-	-
<i>C. subalbidus</i> H	GDGM72219	-	China	ON963951	NG_243733
<i>C. subalbidus</i>	GDGM72229	-	China	ON963952	ON963946
<i>C. subscypoides</i>	CAL 1326	-	India	MF927542	MF946580
<i>C. subscypoides</i>	KUC20230817-12	-	South Korea	PQ619324	PQ619357
<i>C. subscypoides</i>	GDGM72683	-	China	ON963953	ON963947
<i>C. subscypoides</i>	KUC20230817-08	-	South Korea	PQ619323	PQ619356
<i>C. subscypoides</i>	GDGM73056	-	China	ON963954	ON963948
<i>C. umbilicatus</i>	KUN-HKAS 80289 (Han58)	-	China	MN061323	MN065715
<i>C. umbilicatus</i>	KUN-HKAS 80310 (Han79)	-	China	MN061324	MN065716
<i>C. umbilicatus</i>	KUN-HKAS 80370 (Han140)	-	China	MN061325	MN065717
<i>C. velutinus</i>	CORT014618	-	Dominican Republic	MN784991	-
<i>Lyophyllum decastes</i>	Lyophyllum_decastes_ZHU	-	-	OR488578	-
<i>L. semitale</i>	CBS369.47	-	-	AF357048	-
" <i>Rhizoctonia sp.</i> "	ATT213	-	USA (Texas)	HQ607889	-

Table 1. Collections and sequences included in the phylogenetic analyses assessing the placement of *Clitopilus perexiguus* and *C. dilectissimus*. Taxon names, type status, collection or voucher codes, iNaturalist or Mushroom Observer observation numbers (where applicable), geographical origins and GenBank accession numbers for ITS and LSU sequences are provided. Where no collection or voucher code is clear from an iNaturalist or Mushroom Observer observation that was not uploaded to GenBank, the respective observation number is used instead. A dash in the ITS or LSU columns indicates that no GenBank accession number was available. E, I and H stand respectively for epitype, isotype and holotype /

Tabella 1. Raccolte e sequenze incluse nelle analisi filogenetiche per esaminare la collocazione di *Clitopilus perexiguus* e *C. dilectissimus*. Vengono forniti i nomi dei taxa, lo status di typus, i codici di raccolta o di campione, i numeri di osservazione iNaturalist o Mushroom Observer (dove applicabili), le origini geografiche e i numeri di accesso GenBank per le sequenze ITS e LSU. Qualora da un'osservazione su iNaturalist o Mushroom Observer non depositata in GenBank, non risulti chiaro alcun codice di raccolta o di campione, viene utilizzato al suo posto il rispettivo numero di osservazione. Un trattino nelle colonne ITS o LSU indica che nessun numero di accesso a GenBank è disponibile. E, I e H stanno rispettivamente per epitipo, isotipo e olotipo.



Figure 1. Maximum-likelihood phylogram showing the phylogenetic placement of *Clitopilus perexiguus* and *C. dilectissimus*, inferred from the concatenated ITS1, 5.8S, ITS2 and LSU dataset. Branch-support values are shown above the branches as BS/PP. Values below 70% BS and 0.90 PP are not shown. The *C. dilectissimus* label is shown in green and that of *C. perexiguus* is shown in red. Bayesian posterior probabilities were mapped onto the corresponding nodes of the ML tree. Two *Lyophyllum* sequences were used as the outgroup. The scale bar indicates the expected number of substitutions per site /

Figura 1. Filogramma di massima verosimiglianza che mostra il posizionamento filogenetico di *Clitopilus perexiguus* e *C. dilectissimus*, dedotto dall'insieme di dati concatenato di ITS1, 5.8S, ITS2 e LSU. I valori di supporto dei nodi sono riportati sopra i rami come BS/PP. I valori inferiori a 70% per BS e 0,90 per PP non sono mostrati. Il nome di *C. dilectissimus* è evidenziato in verde e quello di *C. perexiguus* in rosso. Le probabilità posteriori bayesiane sono state poste sui nodi corrispondenti dell'albero ML. Due sequenze di *Lyophyllum* sono state utilizzate come gruppo esterno. La barra di scala indica il numero atteso di sostituzioni per sito.

Taxonomy

Clitopilus perexiguus Voto sp. nov. [MB 864869] (Fig. 2-3)

Holotype. Italy, Veneto, Venice, S. Anna di Chioggia, Bosco Nordio, gregarious among moss on sandy substrate, 6 November 2024, P. Voto (PAD H0064020), GB PZ782067 (ITS).

Etymology. The name refers to the very small size of the basidiomes and comes from the Latin adjective *perexiguus*, composed from the intensive prefix *per* ("very", "completely") and the adjective *exiguus* ("scanty", "small").



Figure 2. *Clitopilus perexiguus*. Holotypus in habitat / Figura 2. *Clitopilus perexiguus*. Olotipo in habitat

Macroscopic characters

Pileus 2.5–3.7 mm broad, convex with an up to 0.6 mm deep umbilicate centre, extreme margin sulcate; wholly white, subglabrous.

Lamellae 21–23, usually intermixed with 1 lamellula, arcuate-decurrent, white; edge concolorous.

Stipe 4.7–5.3 × 0.35–0.4 mm, cylindric, bent upward due to geotropism, white, subglabrous.

Context not analysed.

Microscopic characters

Spores (7.5)7.6–8.8(9.3) × (3.2)3.5–4.3(4.9) µm, on average 8.3 × 3.9 µm, Q = (1.93)1.98–2.33(2.51), on average 2.17; in front view oblong to elliptic, in side view more or less narrowly amygdaliform; hyaline-pale, ridges not or only doubtfully perceptible under the light microscope; apiculus distinct, germ pore absent.

Basidia 20–30 × 7–9 µm, clavate to cylindric-clavate, 4-spored, sterigmata up to 5 µm long.

Hymenial trama irregular.

Melzer's reagent on spores, basidia and hymenial trama yellowish green.

Cheilocystidia and *Pleurocystidia* not found.

Pileipellis a cutis of somewhat interwoven to flexuous hyphae 2.5–6.0 µm broad, with occasional diverticules or nodules up to 4 µm long; pigment inconspicuous; hyphae locally covered with roundish to elongate crystals; present some pileocystidioid, cylindraceous to tapering, emerging elements 12–21 × 5–5.5 µm.

Caulopellis a cutis of parallel hyphae 3.5–4.0 µm broad, locally covered with roundish to elongate crystals.

Caulocystidia 15–50 × 2.0–7.5 µm, mostly cylindrical to flexuously cylindraceous, sometimes lageniform.

Clamp connections absent.

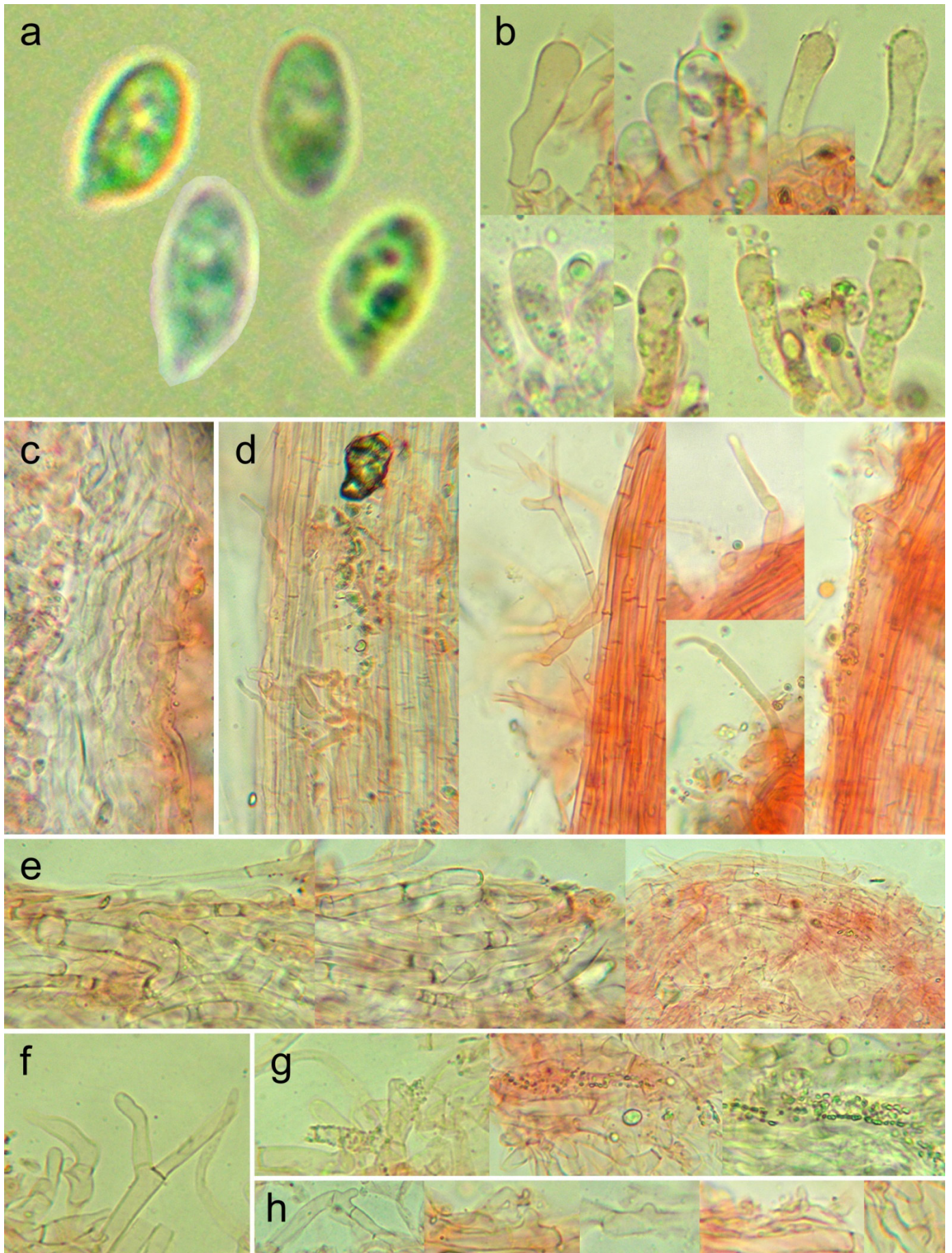


Figure 3. *Clitopilus perexiguus*. a) spores, b) basidia, c) hymenial trama, d) caulopellis and caulocystidia, e) pileipellis, f) pileocystidioid elements, g) crystals on pileipellis, h) nodules and diverticules on pileipellis /
Figura 3. *Clitopilus perexiguus*. a) spore, b) basidi, c) trama imeniale, d) caulopellis e caulocistidi, e) pileipellis, f) elementi pileocistidioidi, g) cristalli nella pileipellis, h) noduli e diverticoli in pileipellis

NOTES

The discovery of two new species of *Clitopilus* (Fr. ex Rabenh.) P. Kumm. within a relatively small wooded area (70 ha of the woodland is open to the public, while the remaining 43 ha is closed to the public and completely undisturbed) is noteworthy. It may indicate that small and inconspicuous members of the genus remain under-recorded in Mediterranean habitats.

Ridgeless to scarcely ridged spores (no spore could be observed in polar view), a centrally well-developed stipe and an umbilicate pileus, together with extremely small basidiomes, make *Clitopilus perexiguus* peculiar within the genus. Even so, some taxa need to be compared with it. In particular, we refer to the species belonging to *Clitopilus* sect. *Omphaloidei*, a section characterised by smooth spores and an omphalioid habit (*‘Species sporis laevibus habitusque omphaloideus praeditis’*) and currently comprising, in Europe, *Clitopilus giovanellae* and *Clitopilus albominutellus* (Moreno *et al.* 2007).

Clitopilus giovanellae is distinguished by somewhat larger basidiomes (pileus 5–15 mm broad, stipe 10–20 × 1–2 mm) and somewhat shorter spores [5–7.5(8) × 3–4 µm, on average 6.4 × 3.8 µm] with a consequently lower Q value, in the range 1.6–2.0, on average 1.8 (Moreno *et al.* 2007).

Clitopilus albominutellus, notwithstanding its name, has somewhat larger basidiomes (pileus 4–12 mm broad, stipe 8–18 × 0.5–1.5 mm) and shorter spores (4.8–7.0 × 3.5–4.2 µm) with a Q value which, although not provided by the authors, can be inferred to be lower based on the reported spore dimensions (Musumeci & Contu 2018).

Among the older species still lacking representative sequences, we found *Clitopilus minimus* (Murrill) Murrill 1942, described from Florida (USA) on a lawn, and *Clitopilus minutus* Herp. 1912, described from Germany on potting soil in a garden, whose names evoke basidiomes of a very small size. The former is reported, as *Pleurotus minimus* Murrill, with smaller, ovoid or ellipsoid spores (6 × 4 µm) with a consequently lower Q value (Murrill 1942); while the latter has a dull yellow to fuliginous (*‘e sordido-flavo fuliginoso’*) pileus and broader (7–8 µm), angular-spherical (*‘anguloso-sphaerici’*) spores (Herpell 1912).

Our phylogenetic analyses recovered *Clitopilus perexiguus* as sister to a clade containing two North American collections provisionally identified as *Clitopilus* sp. CA04. The clade comprising all three collections received maximal support. Although the analyses support *C. perexiguus* as a distinct lineage relative to the named species included in the dataset, it was represented by only a single collection and a single ITS sequence. Its monophyly and intraspecific sequence variation therefore could not be assessed. Furthermore, because only ITS sequences were available for *C. perexiguus* and the two North American *Clitopilus* sp. CA04 collections, their strongly supported relationship is based solely on this locus.

The collection *Clitopilus* sp. CA04 HAY-F-003655 (GB OR860203; iNat 167291390), from California, was reported from a rock crevice on bare ultramafic soil, with each basidiome attached to a small piece of rock embedded in red clay. This nutrient-poor habitat may indicate some ecological similarity to the mossy, sandy substrate of *C. perexiguus*. The basidiomes are bright white, with minutely fuzzy or scurfy pilei, ruffled margins at maturity, white wavy-decurrent lamellae and white, central stipes with slight basal tomentum. However, no measurements were provided, and the pileus shape cannot be assessed confidently from the available images.

The second collection, *Clitopilus* sp. CA04 MYCO-1010094 (iNat 171428792), from Nebraska, was reported as locally abundant on woodland debris in open mixed oak–hickory woodland. The photographs show small, white, centrally-stiped basidiomes, several with apparently depressed pilei, while the accompanying notes describe decurrent lamellae, undulating pileus margins in older specimens and strong, elastic stipes.

No information on spore ornamentation or size is available for either collection.

These North American collections may represent *C. perexiguus* or a closely related taxon, but further macro- and micromorphological data, together with sequences from additional loci, are required to determine their taxonomic identity.

Clitopilus dilectissimus Voto *MycolObs* 12:46 (2025) (Fig. 4-5)

In the protologue (Voto 2025), the pileus is erroneously described as 7–1.8 mm wide, whereas the correct width is 7–18 mm.

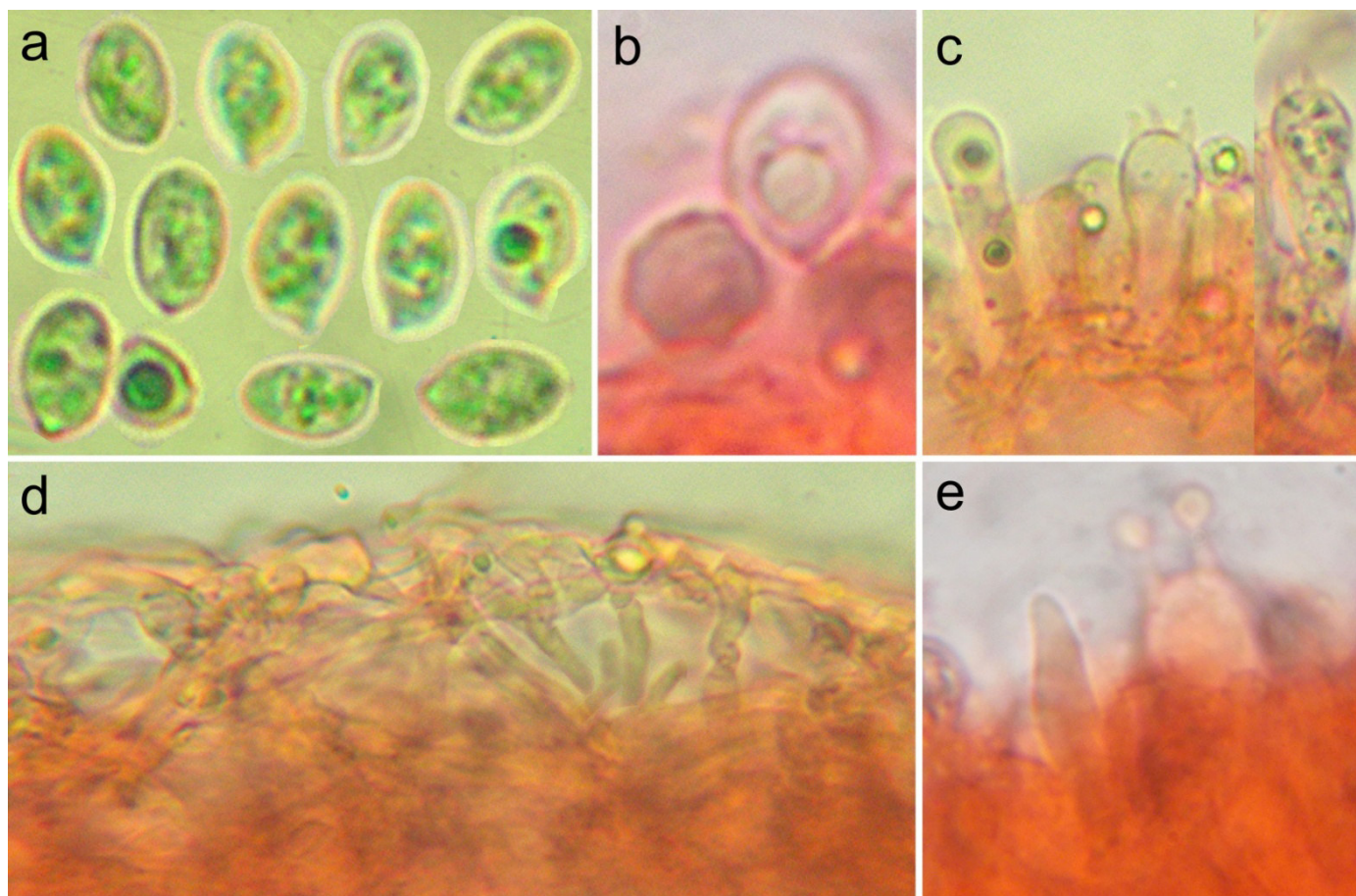


Figure 4. *Clitopilus dilectissimus*. a) spore, b) a spore viewed in polar projection, c) basidia, d) pileipellis, e) an occasional fusiform-lageniform cystidiol / **Figura 4.** *Clitopilus dilectissimus*. a) spore, b) spora in proiezione polare, c) basidi, d) pileipellis, e) un occasionale cistidiolo fusiforme-lageniforme

Our phylogenetic analyses further support the novel status of *C. dilectissimus* proposed by Voto (2025) principally because it is not nested among collections assigned to any single formally named species represented in the dataset, but rather in a clade predominantly containing numerous collections assigned the provisional species code *C. scyphoides*-IN01 (and collections given two other names, which can be differentiated on morphological grounds, as shown below).

In the original description (Voto 2025), the identification of the species was considered to be facilitated by its coprophilous ecology which made it comparable with the only other coprophilous species then known in the genus, *Clitopilus passeckerianus* (Pilát) Singer. This taxon, originally described as *Pleurotus passeckerianus* Pilát, has somewhat larger basidiomes with the pileus 8–40 mm large (Pilát 1935). In the present analyses, *C. dilectissimus* was phylogenetically distinct from the well-supported clade formed by collections identified by Dr. Passecker as *C. passeckerianus*.

Several of the sequence-matched North American observations (code *C. scyphoides*-IN01) resemble *C. dilectissimus* in their small, white, pleurotoid basidiomes with reduced lateral stipes. They differ ecologically in having been reported principally as mycophagous from polypore basidiomes [*Cerioporus squamosus* (Fr.) Quél., twice; *Ganoderma tsugae* Murrill; *Meripilus* sp.? and *Trametes* sp. among the identified hosts] or wood rather than dung. Unless future studies refute the conspecificity we propose, these observations indicate broader preferences and geographical distribution than originally documented for *C. dilectissimus*.

Clitopilus scyphoides (Fr.) Singer, which according to our phylogenetic analyses is quite distinct from *C. dilectissimus* and other closely related collections, has a well-developed, though possibly eccentric, stipe, and a generally terrestrial growth; while *Clitopilus scyphoides* var. *intermedius* (Romagn.) Noordel., which has a fruity odour, exhibits a central stipe and longer (7.0–10.0 × 3.5–5.0 µm) spores (Noordeloos 1988).

Clitopilus scyphoides f. *reductus*, though sharing a strongly reduced and lateral stipe, differs in having 6–8-angled, shorter spores [6.0–7.0(8.1) × 3.5–4.2 µm] with a lower Q value, in the range 1.4–2.0, on average 1.7 (Noordeloos 1984).

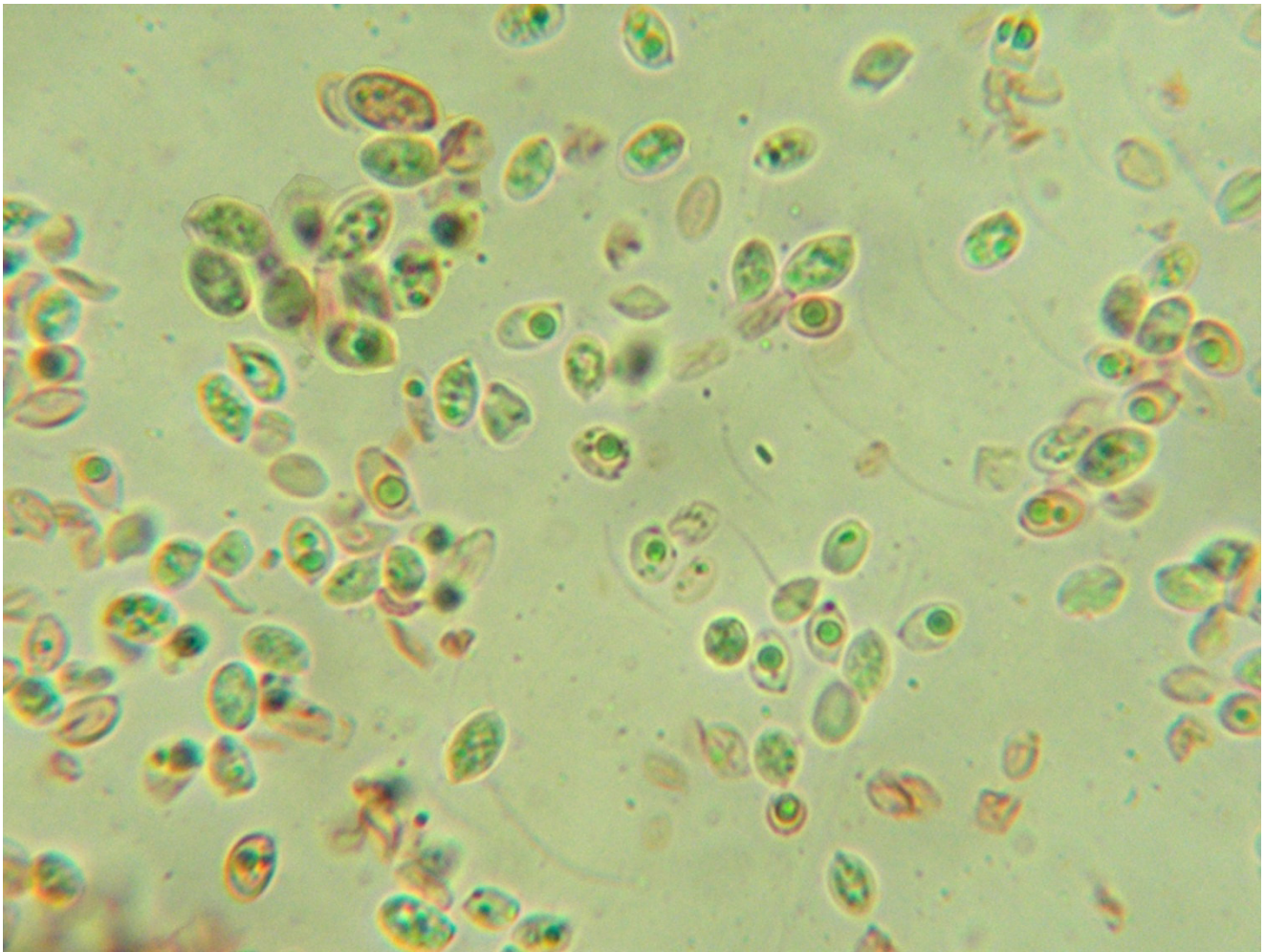


Figure 5. *Clitopilus dilectissimus*. Overview of spores / **Figura 5.** *Clitopilus dilectissimus*. Panoramica delle spore

Clitopilus hobsonii, otherwise macromorphologically similar, differs in having broader spores, 5.0–5.5(6.0) μm (Noordeloos 1988).

ACKNOWLEDGMENTS

We would like to thank Joshua Birkebak for reviewing and providing helpful comments on the article.

REFERENCES / BIBLIOGRAFIA

- Altschul, SF; Gish, W; Miller, W; Myers, EW; Lipman, DJ (1990) Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology* **215**(3):403–410
[https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)
- Bengtsson-Palme, J; Ryberg, M; Hartmann, M; *et al.* (2013) Improved software detection and extraction of ITS1 and ITS2 from ribosomal ITS sequences of fungi and other eukaryotes for analysis of environmental sequencing data. *Methods in Ecology and Evolution* **4**:914–919
<https://doi.org/10.1111/2041-210X.12073>
- Co-David, D; Langeveld, D; Noordeloos, M.E (2009). Molecular phylogeny and spore evolution of *Entolomataceae*. *Persoonia* **23**:147–176
<https://doi.org/10.3767/003158509X480944>
- Herpell, G (1912) Beitrag zur Kenntnis der zu den Hymenomyceten gehörigen Hutpilze in den Rheinlanden. *Hedwigia* **52**(4):364–392
- Kalyaanamoorthy, S; Minh, BQ; Wong, TKF; von Haeseler, A; Jermiin, LS (2017) ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nature Methods* **14**:587–589
<https://doi.org/10.1038/nmeth.4285>

- Katoh, K; Standley, DM (2013) MAFFT multiple sequence alignment software version 7. *Molecular Biology and Evolution* **30**(4):772–780
- Letunic, I; Bork, P (2019) Interactive Tree Of Life (iTOL) v4: recent updates and new developments. *Nucleic Acids Research* **47**(W1):W256–W259
<https://doi.org/10.1093/nar/gkz239>
- Moreno, G; Contu, M; Ortega, A; Platas, G; Peláez, F (2007) Molecular phylogenetic studies show *Omphalina giovanellae* represents a new section of *Clitopilus* (Agaricomycetes). *Mycological research* **111**:1399–1405
- Murrill, WA (1942) New fungi from Florida. *Lloydia* **5**:136–157
- Musumeci, E; Contu, M (2018) *Clitopilus albominutellus* comb. nov., con chiave per la determinazione delle specie del genere *Clitopilus* sez. *Omphaloidei* in Europa. *Boll. AMER* **105**:117-126
- Noordeloos ME (1984) Notulae ad Floram agaricinam neerlandicam – I-III. *Marasmiellus*, *Macrocyttidia* and *Rhodocybe*. *Persoonia* **12**(2):31–74
- Noordeloos, ME (1988) *Entolomataceae* Kotl. & Pouzar. In: BAS, C; KUYPER, TW; NOORDELOOS, ME; VELLINGA, EC. (eds.), *Flora Agaricina Neerlandica. Critical monographs on families of agarics and boleti occurring in the Netherlands* **1**:76–177
- Okonechnikov, K; Golosova, O; Fursov, M; the UGENE team (2012) Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics* **28**(8):1166–1167
<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts091>
- Pilát, A (1935) Atlas des Champignons de l'Europe II: *Pleurotus* Fries. **(6-15)**:1–176
- 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
<https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029>
- Wong, TKF; Ly-Trong, N; Ren, H; Demotte, P; Baños, H; Roger, AJ; Susko, E; Bielow, C; De Maio, N; Goldman, N; *et al.* (2026) IQ-TREE 3: Phylogenomic Inference Software Using Complex Evolutionary Models. *Molecular Biology and Evolution* **43**(5):msag117
<https://doi.org/10.1093/molbev/msag117>
- Voto, P (2021) *Dermoloma clavicystis* sp. nov. from the Mediterranean region. *MycolObs* **2**:3–8
- Voto, P (2025) *Clitopilus dilectissimus* (Agaricales, Entolomataceae) sp. nov. from the Nordio forest. *MycolObs* **12**:46–47

***Clitopilus perexiguus* sp. nov. dal Bosco Nordio e *Clitopilus dilectissimus* Parte II**

Key words:

Agaricales
Entolomataceae
nuova specie
Italia
ITS
LSU
Mediterraneo
tassonomia
Venezia

Riassunto: Viene riportata la nuova specie *Clitopilus perexiguus* dalla Riserva Naturale del Bosco Nordio. Analisi morfologiche e filogenetiche supportano lo status di novità tassonomica di *C. perexiguus* che si caratterizza per le spore lisce e i basidiomi molto piccoli, bianchi, e provvisti di un cappello ombelicato e un gambo centrale pienamente sviluppato. Si espande inoltre il trattamento tassonomico e si fornisce un'analisi filogenetica di *C. dilectissimus*, che è stato recentemente descritto dallo stesso bosco. *C. dilectissimus* viene confrontato con taxa morfologicamente simili e viene collocato in un clado coerente (sebbene solo marginalmente supportato) che comprende numerosi campioni nordamericani provvisoriamente identificati come *C. scyphoides*-IN01, insieme a diverse raccolte di *Clitopilus* indeterminate o misidentificate. Sulla base della loro alta similarità ITS e del posizionamento filogenetico, queste raccolte vengono qui interpretate come *C. dilectissimus*, sostanzialmente estendendo l'intervallo geografico ed ecologico noto della specie. Saranno tuttavia necessari ulteriori loci per definire con maggiore robustezza le relazioni all'interno di questo raggruppamento.

INTRODUZIONE

Il Bosco Nordio è un'area boschiva protetta localizzata in prossimità del litorale Adriatico in nord Italia, 30 km circa a sud di Venezia. Esso è principalmente caratterizzato da una formazione orno-lecceta (*Fraxino ornitho-Quercion ilicis*) con presenza anche di *Populus alba*, *Populus tremula*, *Quercus robur*, *Quercus pubescens*, *Pinus pinaster*, *Juniperus communis*, etc., cresciuta su dune fossili e basata su un substrato sabbioso calcareo (Voto 2021).

Il genere *Clitopilus* (Fr. ex Rabenh.) contiene 354 or 390 nomi nel mondo (fide Index Fungorum e MycoBank, rispettivamente), includendo autonomi, sinonimi e taxa infragenerici. Esso comprende diverse specie lamellate della famiglia *Entolomataceae* Kotl. & Pouzar con un'ecologia saprotrofa. La polvere sporale è rosa; le lamelle mature sono solitamente decorrenti e rosastre; il gambo può essere centrale o eccentrico oppure assente o ridotto; le spore sono solitamente angolose, esibendo per lo più distinte creste longitudinali; e i basidiomi di molte specie hanno un odore farinaceo. *Clitopilus* è stato oggetto di importanti cambiamenti tassonomici in epoca moderna determinati da studi filogenetici molecolari che ne hanno ridefinito la delimitazione, accorpendo diversi taxa precedentemente attribuiti a *Rhodocybe* Maire (Co-David, Langeveld & Noordeloos 2009).

Anche la sua specie tipo, *Clitopilus prunulus* (Scop.) P. Kumm. (basionimo *Agaricus prunulus* Scop.), è presente nel Bosco Nordio (repertata una volta da P. V.). Una quarta specie del genere, nuova per lo stesso bosco, sarà documentata in un prossimo contributo.

MATERIALI E METODI

Studio morfologico

Le descrizioni macroscopiche sono state ottenute su materiale fresco appena dopo la raccolta. Le fotografie sono state scattate con una fotocamera Nikon Coolpix A10. Tutte le misurazioni micromorfologiche sono state effettuate su materiale fresco montato in acqua o rosso Congo. Le misure sporiali sono riportate secondo la seguente formula: (lunghezza minore) 10° percentile–90° percentile (lunghezza maggiore) × (larghezza minore) 10° percentile–90° percentile (larghezza maggiore). Nel caso di *Clitopilus perexiguus*, avendo rilevato una notevole differenza tra le misurazioni sporiali effettuate sull'imenio e sul gambo, vengono incluse nella descrizione solo le spore misurate sul gambo. Tutte le immagini di P.V.

GB sta per numero di accesso GenBank, mentre iNat e MO stanno per numeri di osservazione di iNaturalist e Mushroom Observer, rispettivamente.

Studio molecolare

L'estrazione del DNA, l'amplificazione della PCR e il sequenziamento Sanger sono stati eseguiti da laboratori commerciali per generare una sequenza LSU (GB PZ782068) dalla raccolta olotipica di *Clitopilus dilectissimus* (PAD H0062396) e una sequenza ITS (GB PZ782067) dalla raccolta olotipica di *C. perexiguus* (PAD H0064020).

Sequenze di confronto rappresentative di ulteriori 96 collezioni sono state ottenute da GenBank, iNaturalist e Mushroom Observer. Le sequenze affini sono state identificate tramite NCBI BLAST (Altschul *et al.* 1990) e MycoBLAST di MycoMap (<https://mycomap.org/mycoblast>). L'insieme di dati include inoltre la sequenza ITS del *typus* di *C. dilectissimus*, già pubblicata in precedenza (PV661559; Voto 2025). Sono state condotte cinque ricerche di similarità: tre tramite NCBI BLAST, utilizzando come ricerca (*query*) le sequenze ITS di *C. dilectissimus* e *C. perexiguus* e la sequenza LSU di *C. dilectissimus*, e due tramite MycoBLAST, impiegando come sequenza di ricerca le sequenze ITS di *C. dilectissimus* e *C. perexiguus*. Due sequenze di *Lyophyllum* P. Karst. sono state utilizzate come gruppo esterno (*outgroup*). L'insieme di dati concatenato finale comprende 98 raccolte, rappresentate da 98 sequenze ITS e 48 sequenze LSU. Le regioni mancanti sono state codificate come lacune (*gaps*). Le regioni ITS1, 5.8S e ITS2 sono state estratte dalle sequenze ITS mediante l'applicativo ITSx v. 1.1.3 (Bengtsson-Palme *et al.* 2013). Queste tre regioni, unitamente alla regione LSU, sono state allineate separatamente con MAFFT v. 7 (Katoh & Standley 2013) applicando l'algoritmo L-INS-i. Gli allineamenti sono stati ispezionati e ritagliati tramite UGENE v. 53.1 (Okonechnikov *et al.* 2012) e successivamente concatenati in un unico insieme di dati partizionato. L'insieme di dati combinato finale consta di 1563 caratteri, incluse le

lacune. L'insieme di dati è stato concatenato e partizionato per locus (ITS1: 1–258; 5.8S: 259–416; ITS2: 417–633; LSU: 634–1563).

L'analisi di massima verosimiglianza (ML) è stata eseguita utilizzando IQ-TREE versione 3 (Wong *et al.* 2026). I modelli di sostituzione ottimali (TVM+G4 per ITS1, F81 per 5.8S, TPM2u+G4 per ITS2 e HKY+F+R3 per LSU) sono stati selezionati tramite il ModelFinder integrato di IQ-TREE (Kalyanamoorthy *et al.* 2017; Wong *et al.* 2026). Il supporto dei nodi è stato stimato mediante 1.000 repliche di *ultrafast-bootstrap*. L'inferenza bayesiana (BI) è stata condotta con MrBayes versione 3.2.7 (Ronquist *et al.* 2012). Le regioni ITS1, 5.8S e ITS2 sono state combinate e trattate come un'unica partizione ITS, mentre la regione LSU ha costituito la seconda partizione. A ciascuna partizione è stato assegnato un modello GTR+G parametrizzato in modo indipendente. L'analisi è stata impostata con due corse (*run*) indipendenti, ciascuna configurata con quattro catene di Markov e 2.000.000 di generazioni. Gli alberi sono stati campionati ogni 1.000 generazioni, scartando il primo 25% come *burn-in*. Gli alberi risultanti sono stati visualizzati in iTOL (Letunic & Bork 2019) e l'albero ML è stato annotato con Canva (Canva Pty Ltd.).

RISULTATI

Analisi filogenetiche

Le topologie degli alberi di massima verosimiglianza (ML) e di inferenza bayesiana (BI) sono ampiamente congruenti; pertanto, viene presentato esclusivamente l'albero ML con i valori di BI posti sui nodi corrispondenti. I rami con supporto di bootstrap (BS) e valori di probabilità a posteriori (PP) rispettivamente $\geq 70\%$ e ≥ 0.90 sono indicati in corrispondenza dei nodi.

Entrambe le analisi ML e BI collocano *Clitopilus dilectissimus* all'interno di un clado contenente numerosi campioni assegnati al codice di specie provvisorio *C. scyphoides*-IN01, insieme a due campioni denominati *C. scyphoides* f. *reductus* Noordel., uno denominato *C. hobsonii* (Berk.) P.D. Orton e due campioni non identificati di *Clitopilus*. Il ramo basale che unisce *C. dilectissimus* a questi campioni ha ottenuto un supporto solo marginale in ciascuna analisi (BS 67%, PP 0.80); tuttavia, la medesima relazione è emersa sia nelle analisi finali ML e BI sia in molteplici analisi esplorative preliminari, condotte utilizzando differenti modelli evolutivi e di campionamento e strategie di allineamento. Inoltre, le sequenze ITS di *Clitopilus scyphoides*-IN01 sono altamente simili (fino al 100%) alla sequenza ITS del *typus* di *C. dilectissimus*. Nel complesso, ciò indica che l'appartenenza di *C. dilectissimus* a questo clado è verosimilmente reale, nonostante il supporto marginale riscontrato nella nostra analisi filogenetica. Tale supporto marginale potrebbe riflettere una risoluzione insufficiente all'interno dell'insieme di dati ITS+LSU. Ulteriori loci codificanti per proteine, in particolare *rpb2* e *tef1-α*, permetterebbero di testare questa relazione in modo più robusto. Complessivamente, suggeriamo che *Clitopilus scyphoides*-IN01 corrisponda a *C. dilectissimus*.

Clitopilus perexiguus è risultato affine (*sister*) a un clado comprendente due campioni nordamericani non denominati, assegnati al codice di specie provvisorio "*Clitopilus sp.* CA04" (HAY-F-003655 e MYCO-1010094). Il clado comprendente *C. perexiguus* e i due campioni di *C. sp.* CA04 ha ricevuto il massimo supporto in entrambe le analisi (BS 100%, PP 1.00). Tale clado è risultato a sua volta in posizione affine rispetto a due campioni cinesi non denominati (FJAU75563 e FJAU75564), con un supporto massimo (100%/1.00). Inoltre, *C. perexiguus* è risultato incluso in un clado più ampio comprendente anche *C. albominutellus* (E. Ludw.) Musumeci & Contu e *C. giovanellae* (Bres.) Singer, specie attribuite a *Clitopilus* sect. *Omphaloidei* G. Moreno, Contu, A. Ortega, Platas & Peláez (Musumeci & Contu 2018).

Tassonomia

Clitopilus perexiguus Voto sp. nov. (Fig. 2-3)

Olotipo. Italia, Veneto, Venezia, S. Anna di Chioggia, Bosco Nordio, gregario tra muschio su substrato sabbioso, 6 novembre 2024, *P. Voto* (PAD H0064020), GB PZ782067 (ITS).

Etimologia. Il nome si riferisce alla dimensione molto piccola dei basidiomi e deriva dall'aggettivo latino *perexiguus*, composto dal prefisso intensivo *per* ("molto", "completamente") e l'aggettivo *exiguus* ("scarso", "piccolo").

Caratteri macroscopici

Cappello 2.5–3.7 mm diam., convesso con un ombelico al centro profondo fino a 0.6 mm, estremo margine sulcolato; completamente bianco, subglabro.

Lamelle 21–23, solitamente intramezzate da 1 lamellula, arcuate-decorrenti, bianche; filo concolore.

Gambo 4.7–5.3 × 0.35–0.4 mm, cilindrico, genicolato per geotropismo, bianco, subglabro.

Carne non analizzata.

Caratteri microscopici

Spore (7.5)7.6–8.8(9.3) × (3.2)3.5–4.3(4.9) µm, in media 8.3 × 3.9 µm, Q = (1.93)1.98–2.33(2.51), in media 2.17; in vista frontale da oblunghe a ellittiche, in vista laterale più o meno strettamente amigdaliformi; ialine-pallide, creste non o solo dubbiosamente percepibili al microscopio ottico; apicolo distinto, poro germinativo assente.

Basidi 20–30 × 7–9 µm, da clavati a cilindro-clavati, 4-sporici, sterigmi lunghi fino a 5 µm.

Trama imeniale irregolare.

Reagente di Melzer su spore, basidi e trama imeniale verde giallastro.

Cheilocistidi e *Pleurocistidi* non trovati.

Pileipellis una cutis di ife un po' intrecciate o flessuose, larghe 2.5–6.0 µm, con occasionali diverticoli o noduli lunghi fino a 4 µm; pigmento incospicuo; ife localmente ricoperte di cristalli tondeggianti o allungati; presenti alcuni elementi emergenti pileocistidioidi, da cilindracei a rastremati, 12–21 × 5–5.5 µm.

Caulopellis una cutis di ife parallele larghe 3.5–4.0 µm, localmente ricoperte di cristalli tondeggianti o allungati.

Caulocistidi 15–50 × 2.0–7.5 µm, per lo più da cilindrici a flessuosamente cilindracei, a volte lageniformi.

Giunti a fibbia assenti.

NOTE

La scoperta di due nuove specie di *Clitopilus* (Fr. ex Rabenh.) P. Kumm. all'interno di un'area boschiva relativamente piccola (70 ettari del bosco sono aperti al pubblico, mentre altri 43 ettari sono inaccessibili e completamente indisturbati) è meritevole di nota. Potrebbe indicare che membri piccoli e incospicui del genere sono ancora poco rilevati negli ambienti mediterranei.

Spore prive di creste o scarsamente crestate (nessuna spora osservata in vista polare), il gambo centrale ben sviluppato e il cappello ombelicato, insieme a basidiomi estremamente piccoli, rendono *Clitopilus perexiguus* peculiare all'interno del genere. Anche così, alcuni taxa necessitano di essere confrontati con esso. In particolare, ci riferiamo alle specie appartenenti a *Clitopilus* sect. *Omphaloidei*, una sezione caratterizzata da spore lisce e un habitus omphalioide (*'Species sporis laevibus habitusque omphaloideus praeditis'*) e che attualmente comprende, in Europa, *Clitopilus giovanellae* e *Clitopilus albominutellus*, (Moreno *et al.* 2007).

Clitopilus giovanellae si distingue per basidiomi un po' più grandi (cappello 5–15 mm diam., gambo 10–20 × 1–2 mm) e spore un po' più corte [5.0–7.5(8.0) × 3.0–4.0 µm, in media 6.4 × 3.8 µm] con un valore di Q conseguentemente più basso, nell'intervallo 1.6–2.0, in media 1.8 (Moreno *et al.* 2007).

Clitopilus albominutellus, malgrado il suo nome, ha basidiomi un po' più grandi (cappello 4–12 mm diam., gambo 8–18 × 0.5–1.5 mm), oltre a spore più corte (4.8–7.0 × 3.5–4.2 µm) con un valore di Q che, quantunque non fornito dagli autori, si deduce essere più basso in base alle dimensioni sporali riportate (Musumeci & Contu 2018).

Tra le specie di più vecchia data che ancora mancano di sequenze rappresentative, abbiamo trovato *Clitopilus minimus* (Murrill) Murrill 1942, descritta dalla Florida (USA) su un prato, e *Clitopilus minutus* Herp. 1912, descritta dalla Germania su terriccio da vaso in un giardino, i cui nomi evocano basidiomi di dimensione minuta. La prima è riportata, come *Pleurotus minimus* Murrill, con spore più piccole, ovoidali o ellissoidali (6 × 4 µm) e conseguentemente con un valore di Q più basso (Murrill 1942); mentre l'altra ha un cappello da giallo spento a fuliginoso (*'e sordido-flavo fuliginoso'*) e spore più larghe (7–8 µm), angolose-sferiche (*'anguloso-sphaerici'*) (Herpell 1912).

Nelle nostre analisi filogenetiche *Clitopilus perexiguus* è risultato affine a un clado contenente due raccolte nordamericane provvisoriamente identificate come *Clitopilus* sp. CA04. Il clado comprendente tutte e tre le

raccolte ha ricevuto massimo supporto. Sebbene le analisi supportino *C. perexiguus* come una distinta linea evolutiva rispetto alle specie incluse nella tabella dati, esso è rappresentato solo da una singola raccolta e una singola sequenza ITS. Pertanto, non è stato possibile valutarne la monofilia e la variabilità intraspecifica di sequenza. Inoltre, poiché erano disponibili solo sequenze ITS per *C. perexiguus* e le due raccolte nordamericane 'Clitopilus sp. CA04', la loro relazione fortemente supportata si basa unicamente su questo locus.

La raccolta *Clitopilus* sp. CA04 HAY-F-003655 (GB OR860203; iNat 167291390), dalla California, è segnalata da una fessura rocciosa su suolo ultramafico nudo, con ciascun basidioma attaccato a un piccolo frammento di roccia inglobato in argilla rossa. Questo habitat povero di nutrienti potrebbe segnalare qualche similarità ecologica con il substrato muschioso e sabbioso di *C. perexiguus*. I basidiomi sono di colore bianco brillante, con cappelli finemente vellutati o squamulosi, margini ondulati a maturità, lamelle bianche e ondulate-decorrenti, e gambi bianchi e centrali con un leggero tomento basale. Comunque, non viene fornita alcuna misurazione, e la forma del cappello non può essere valutata con certezza attraverso le immagini disponibili.

La seconda raccolta, *Clitopilus* sp. CA04 MYCO-1010094 (iNat 171428792), dal Nebraska, è localmente abbondante su detriti forestali in boschi aperti misti *Quercus-Carya*. Le foto mostrano basidiomi piccoli, bianchi, a gambo centrale, diversi con cappelli apparentemente depressi; mentre le note di accompagnamento descrivono lamelle decorrenti, margini pileici ondulati in vecchi esemplari, e gambi solidi, elastici.

Nessuna informazione su ornamentazioni e dimensioni sporali è disponibile per nessuna delle due raccolte.

Queste raccolte nordamericane potrebbero rappresentare *C. perexiguus* o un taxon strettamente correlato, ma ulteriori dati macro- e micromorfologici, insieme a sequenze di ulteriori loci, sono necessari per determinare la loro identità tassonomica.

Clitopilus dilectissimus Voto *MycolObs* **12**:46 (2025) (Fig. 4-5)

Nel protologo (Voto 2025), il cappello è erroneamente descritto largo 7–1.8 mm, mentre la larghezza corretta è di 7–18 mm.

Le nostre analisi filogenetiche forniscono ulteriore supporto allo status di nuova specie di *C. dilectissimus* proposto da Voto (2025) principalmente perché non è annidato tra raccolte assegnate ad alcuna specie formalmente valida rappresentata nella tabella dati, ma si annida in un clado principalmente contenente numerose raccolte cui è stato assegnato il codice di specie provvisorio *C. scyphoides*-IN01 (e altre raccolte cui sono stati dati due altri nomi e che possono essere differenziate su basi morfologiche, come discusso di seguito).

Nella descrizione originale (Voto 2025), l'identificazione della specie era ritenuta facilitata dalla sua ecologia coprofila che la rendeva comparabile solo con l'unica altra specie coprofila allora nota nel genere, *Clitopilus passeckerianus* (Pilát) Singer. Questo taxon, originariamente descritto come *Pleurotus passeckerianus* Pilát, ha basidiomi un po' più grandi, con cappello largo 8–40 mm (Pilát 1935). Nelle presenti analisi, *C. dilectissimus* risulta filogeneticamente distinto dal clado ben supportato formato da raccolte identificate dal Dr. Passecker come *C. passeckerianus*.

Diverse osservazioni nordamericane con sequenze corrispondenti (codice *C. scyphoides*-IN01) somigliano a *C. dilectissimus* nei loro piccoli basidiomi bianchi, pleurotoidi, con gambi laterali ridotti. Essi differiscono dal punto di vista ecologico per essere segnalati principalmente come micofagi su basidiomi di polipori [*Cerioporus squamosus* (Fr.) Quél., due volte; *Ganoderma tsugae* Murrill; *Meripilus* sp.? e *Trametes* sp. tra gli ospiti identificati] o su legno piuttosto che su sterco. A meno che studi futuri non confutino la conspecificità che proponiamo, queste osservazioni indicano per *C. dilectissimus* una più ampia preferenza ecologica e distribuzione geografica di quanto originariamente documentato.

Clitopilus scyphoides (Fr.) Singer, che in accordo con le nostre analisi filogenetiche è del tutto distinto da *C. dilectissimus* e altre raccolte strettamente correlate, ha un gambo ben sviluppato, sebbene possibilmente eccentrico, e una crescita generalmente terricola; mentre *Clitopilus scyphoides* var. *intermedius* (Romagn.) Noordel., che ha un odore fruttato, esibisce un gambo centrale e spore più allungate, 7.0–10.0 × 3.5–5.0 µm (Noordeloos 1988).

Clitopilus scyphoides f. *reductus*, sebbene condivida il gambo fortemente ridotto e laterale, differisce per avere spore con 6-8 angoli, più corte $[6.0-7.0(8.1) \times 3.5-4.2 \mu\text{m}]$ e con un valore di Q più basso, nell'intervallo 1.4-2.0, in media 1.7 (Noordeloos 1984).

Clitopilus hobsonii, altrimenti macromorfolgicamente simile, differisce per avere spores più larghe, 5.0-5.5(6.0) μm (Noordeloos 1988).

RINGRAZIAMENTI

Ringraziamo Joshua Birkebak per la revisione e i preziosi suggerimenti forniti sull'articolo.