



## Introducción

El género *Psathyrella* (Fr.) Quél. (QUÉLET 1872) forma parte de la familia *Psathyrellaceae* Vilgalys, Moncalvo & Redhead y, en sentido amplio, es considerado uno de los géneros de la clase *Agaricomycetes* Doweld más numeroso en especies. Así, según VAŠUTOVÁ (2008), serían más de 500, según HAWKSWORTH & *al.* (1995) unas 600 y, en el trabajo más reciente de HE & *al.* (2019) se mencionan 420, sin incluir las recientemente transferidas a otros géneros. En Europa se han citado aproximadamente 110 especies (LUDWIG 2007).

A raíz de los estudios micológicos llevados a cabo por el primer autor de este trabajo, se localizó una especie del género *Psathyrella* de crecimiento fasciculado o subfasciculado, que destacaba por el espeso velo argénteo en los ejemplares jóvenes, el color grisáceo predominante del píleo y las esporas troncocónicas. Los especímenes se encontraron en una plantación de olivos perteneciente al municipio de Calahorra (La Rioja, España), caracterizada por estar orientada al norte y presentar un suelo muy nitrogenado (Fig. 1), con abundante materia orgánica debido a que se abona frecuentemente con compost. Se efectuaron varias recolectas, en diferentes años y, una vez estudiados todos los caracteres morfológicos



Fig. 1. Plantación de olivos, hábitat de las colecciones de *Psathyrella griseovelata* en este trabajo.

y moleculares en conjunto, la especie no pudo ser asignada a ninguna descrita anteriormente. En este trabajo la describimos como especie nueva para la ciencia con el nombre de *P. griseovelata*, aportando una descripción detallada de la misma y comparándola con especies próximas.

## Material y métodos

### Estudio morfológico y material de herbario

Las colecciones estudiadas han sido fotografiadas macroscópicamente *in situ* con una cámara digital Nikon D50, usando trípode y luz natural. Una vez en el laboratorio, a cada recolecta se le ha asignado un número de herbario, que coincide con el número de imagen correspondiente. Las descripciones macroscópicas están basadas en el material fresco que, posteriormente, se ha deshidratado para su conservación en herbario. Para la realización de las preparaciones microscópicas se han empleado agua, rojo Congo amoniacal, amoniaco ( $\text{NH}_3$ ) al 10%, potasa (KOH) al 3% y al 5%, azul de toluidina (para verificar la presencia de estrato gelificado en la pileipellis) y reactivo de Melzer (para comprobar la amiloidía o dextrinoidía esporal). Para las observaciones microscópicas y sus correspondientes descripciones, se ha utilizado un microscopio óptico Motic BA300 con cámara microfotográfica Moticom (por G. Muñoz), un microscopio trinocular Nikon Eclipse 200 con una cámara Canon EOS 80D (por D. Deschuyteneer) y un microscopio Leica DM E con una cámara Nikon Coolpix 4100 (por E. Musumeci), todos ellos conectados a un ordenador personal. Posteriormente, las imágenes tomadas han sido tratadas con un programa informático para imágenes (Adobe Photoshop).

Las descripciones, tanto macro como microscópicas, son siempre las observadas por los autores en las colecciones estudiadas, siendo en el apartado de comentarios en el que estas descripciones, medidas, etc., son comparadas con las de otras especies. En los rangos de medidas, los valores entre paréntesis son medidas extremas, mientras que la media aritmética aparece subrayada. El material ha sido depositado en el herbario de la Universidad de Alcalá (AH) y, además, en los herbarios particulares de los autores, indicados aquí como herb. Muñoz (GM), herb. Deschuyteneer (DD) y herb. Musumeci (EM). Para la nomenclatura de los autores se ha seguido la propuesta en la web de INDEX FUNGORUM (s. d.) en Authors of Fungal Names.

## Estudio molecular

Las extracciones de ADN se realizaron a partir de material seco o depositado en un tampón de extracción de ADN, utilizando el DNeasy Plant Minikit (QIAGEN GmbH, Hilden, Alemania). Se amplificaron las regiones ITS y LSU del nrDNA (dominios D1-D3), junto con una región parcial del factor de elongación 1- $\alpha$  (*tef-1 $\alpha$* ). La región ITS fue amplificada mediante los cebadores ITS1, ITS5 e ITS4 (WHITE & *al.* 1990), mientras que las combinaciones de cebadores LR0R-LR5 o LR3R-LR5 fueron empleados para la región LSU (CUBETA & *al.* 1991; VILGALYS & HESTER 1990). Para amplificar la región *tef-1 $\alpha$*  se emplearon los cebadores 983F-1567R (REHNER & BUCKLEY 2005). Las condiciones de PCR para amplificar las regiones ITS y LSU fueron las siguientes: 5 min a 94 °C; 35-40 ciclos de 30 s a 94 °C, 30 s a 55 °C, 1 min a 72 °C; 7 min a 72 °C. Para amplificar la región *tef-1 $\alpha$*  se siguió a HANSEN & *al.* (2013). Los fragmentos se visualizaron mediante electroforesis en geles de agarosa al 1%, teñidos con MIDORI Green Xtra (Nippon Genetics) y se visualizaron con un transiluminador de luz azul. Las muestras amplificadas se purificaron mediante ExoSAP-IT® (USB, Cleveland, OH, USA) y se secuenciaron utilizando los mismos cebadores usados en las reacciones de amplificación.

Para realizar el alineamiento ITS-LSU-*tef-1 $\alpha$* , se descargó el empleado por NAGY & *al.* (2013), del que se eliminaron numerosos taxones y se añadieron secuencias generadas más recientemente, en especial de *P. sect. Spadiceogriseae* Kits van Wav. o morfológicamente parecidas a *P. griseovelata*. Siguiendo a NAGY & *al.* (2013), se emplearon secuencias de *Agrocybe praecox* (Pers.) Fayod y *Bolbitius vitellinus* (Pers.) Fr. como grupo externo. El muestreo final utilizado para realizar los análisis filogenéticos se recoge en la Tabla 1. El alineamiento fue depurado manualmente en AliView (LARSSON 2014), donde se alinearon también nuevas secuencias. Las regiones ambiguas de la región ITS fueron excluidas. La región *tef-1 $\alpha$*  fue traducida a proteínas para delimitar los intrones, los cuales fueron eliminados para realizar los análisis posteriores. Cada uno de los marcadores fue analizado por separado en IQ-TREE web server (TRIFINOPOULOS & *al.* 2016) para detectar posibles incongruencias filogenéticas. La única incongruencia filogenética existente es la posición de las secuencias de *Psathyrella carminei* Örstadius & E. Larss. Mientras que en el análisis de la región ITS, *P. carminei* es hermano al clado formado por *P. ammophila* (Durieu & Lév.) P.D. Orton, *P. griseovelata*, *P. almerensis* Kits van Wav. y *P. lutulenta* Esteve-Rav. & M. Villarreal (ML-BP 99), en el análisis de la región *tef-1 $\alpha$*  *P. carminei* queda dentro del clado

formado por *P. ammophila* y *P. griseovelata* (ML-BP 97). Dado que la señal filogenética de los tres marcadores no mostró incongruencias para el resto de individuos, las tres regiones fueron concatenadas para un análisis combinado. El alineamiento fue analizado mediante métodos de máxima verosimilitud (ML) y bayesianos (MB). Los análisis ML fueron realizados como se ha indicado previamente, delimitando 6 particiones (ITS1, 5.8S, ITS2, LSU, codón 1°-2° *tef-1 $\alpha$* , y codón 3° del *tef-1 $\alpha$* ) y dejando el resto de opciones por defecto. Se realizaron tres réplicas y se eligió el análisis con un valor log-likelihood mayor para su posterior interpretación. Para determinar el apoyo de los nodos, se realizaron 1000 réplicas de bootstrap ultrarrápidos. El análisis MB se realizó en MrBayes 3.2.7 (RONQUIST & *al.* 2012). Los modelos de sustitución se muestrearon dentro del espacio GTR (RONQUIST & *al.* 2012), utilizando dos análisis de cuatro cadenas MCMC durante 20 millones de generaciones, comenzando por un árbol aleatorio y muestreando un árbol cada 1000 generaciones. Se asumió que las cadenas convergieron adecuadamente cuando los valores de desviación estándar de las frecuencias de los grupos cayeron por debajo de 0,01 (3391000 generaciones). Se seleccionó un burn-in (50%) de 20001 árboles que fueron descartados de cada análisis. El apoyo de las ramas (valores de probabilidad posterior, BPP) se calculó mediante el árbol consenso “50% majority rule” de los 40002 árboles restantes. Los nodos con valor ML bootstrap >95% y BPP >95% fueron considerados filogenéticamente apoyados.

## Resultados

En este trabajo se han generado un total de tres secuencias de la región ITS, tres de LSU y una de *tef-1 $\alpha$*  (Tabla 1), que fueron depositadas en GenBank. El alineamiento final de las regiones ITS-LSU-*tef-1 $\alpha$*  contuvo 76 individuos (Tabla 1) y 2600 caracteres (640 ITS, 1202 LSU, 758 *tef-1 $\alpha$* ). El valor de verosimilitud (log-likelihood) del árbol del análisis de ML elegido fue de -20013.170. El análisis bayesiano llegó a convergencia a las 3391000 generaciones. En la figura 2 se representa el árbol consenso “50% Majority Rule” del análisis bayesiano con los correspondientes valores de apoyo de ambos análisis (ML y MB). La topología con apoyo filogenético resultante de ambos análisis es congruente. La monofilia de *Psathyrella* s. str. no está apoyada, si bien el clado que contiene la mayor parte de especies de *Psathyrella*, salvo *P. sect. Psathyrella*, es recuperado como monofilético (ML-BP 99, BPP 1).

Las 3 muestras de *P. griseovelata* son idénticas entre sí en las regiones ITS y LSU, formando

Tabla 1. Secuencias de las regiones ITS, LSU y *tef-1a* empleadas en los análisis filogenéticos, junto con sus códigos GenBank. Las secuencias en negrita fueron generadas en este estudio.

Especie	Espécimen	ITS	LSU	<i>tef-1a</i>
<i>Agrocybe praecox</i>	PBM 2310	AY818348	AY646101	DQ061276
<i>Bolbitius vitellinus</i>	MTS5020	DQ200920	AY691807	DQ408148
<i>Britzelmayria multipedata</i>	CBS 121189	GQ249282	GQ249291	—
<i>Candolleomyces badiophyllus</i>	SZMC-NL-2347	FN430699	FM876268	FM897252
<i>Candolleomyces candolleanus</i>	SZMC-NL-2937	FN396114	FN396165	FN396220
<i>Candolleomyces leucotephrus</i>	SZMC-NL-1953	FM163226	FM160683	FM897219
<i>Coprinellus bisporus</i>	SZMC-NL-0158/0512	GU227705	HQ847062	FN396215
<i>Coprinellus callinus</i>	SZMC-NL-1931	FN396105	FN396158	FN396213
<i>Coprinellus disseminatus</i>	SZMC-NL-2337	FM878017	FM876274	—
<i>Coprinellus hiascens</i>	SZMC-NL-2536	FM878018	FM876275	FM897253
<i>Coprinellus pusillulus</i>	SZMC-NL-2144	FM163178	FM160731	FM897243
<i>Coprinellus subpurpureus</i>	SZMC-NL-2152	FM878029	FM876287	FM897215
<i>Coprinellus verrucispermus</i>	SZMC-NL-2146	JN159577	FN396189	FN396241
<i>Coprinellus xanthothrix</i>	SZMC-NL-1292	FN396102	FN396194	FM897229
<i>Coprinopsis atramentaria</i>	SZMC-NL-4245	FN396123	FN396172	FN396225
<i>Coprinopsis cortinata</i>	SZMC-NL-1621	FN396121	FN396171	FN396224
<i>Coprinopsis episcopalis</i>	SZMC-NL-3032	FN396118	FN396200	FN396222
<i>Coprinopsis lagopus</i>	SZMC-NL-1558	JX118711	JX118762	FN396214
<i>Coprinopsis stercorea</i>	SZMC-NL-2343	FM878028	FM876286	FM897247
<i>Coprinopsis truncorum</i>	SZMC-NL-1101	FM878006	FM876262	FM897225
<i>Cystoagaricus sylvestrus</i>	SZMC-NL-3055	FN396131	FN396179	—
<i>Homophron spadiceum</i>	SZMC-NL-3996	FN396132	FN396180	FN396231
<i>Lacrymaria pyrotirica</i>	CBS 57379	GQ249280	GQ249289	GQ249272
<i>Lacrymaria velutina</i>	SZMC-NL-2150	FM163184	FM160725	FN430688
<i>Parasola auricoma</i>	SZMC-NL-0087	JN943107	JQ045871	FM897236
<i>Parasola plicatilis</i>	SZMC-NL-0284	FM163189	FM160720	FM897242
<i>Psathyrella agrariella</i>	MICH65241	MF325951	—	—
<i>Psathyrella albescens</i>	MCVE29107	MF326009	—	—
<i>Psathyrella almerensis</i> (1)	LO379-06	KC992873	KC992873	KJ732768
<i>Psathyrella almerensis</i> (2)	LO31-04	KC992874	KC992874	—
<i>Psathyrella ammophila</i> (1)	SZMC-NL-1450	FN396111	FN396162	FN396218
<i>Psathyrella ammophila</i> (2)	LO359-11	KC992872	KC992872	KJ732767
<i>Psathyrella ammophila</i> (3)	LO169-01	KC992871	KC992871	KJ732766
<i>Psathyrella bipellis</i>	SZMC-NL-2535	FN430689	FN430690	FN430691
<i>Psathyrella carminei</i>	LO5-09	KC992880	KC992880	KJ732773
<i>Psathyrella clivensis</i> (1)	LO182-03	DQ389683	DQ389683	KJ732774
<i>Psathyrella clivensis</i> (2)	SZMC-NL-1952	FM163228	FM160681	FM897216
<i>Psathyrella corrugis</i>	SZMC-NL-3395	FN430692	FN396205	FN396240
<i>Psathyrella fagetophila</i>	SZMC-NL-2530	FM878003	FM876259	FM897222
<i>Psathyrella fatua</i> (1)	SZMC-NL-0603	FN396142	FN396201	FN396237
<i>Psathyrella fatua</i> (2)	LO231-08	KC992879	KC992879	KJ732772
<i>Psathyrella fibrillosa</i>	SZMC-NL-0201	FN396137	FN396181	FN396232
<i>Psathyrella fulvoumbrina</i>	MICH5833	MF417625	—	—
<i>Psathyrella fusca</i> (1)	SZMC-NL-0630/2157	FM878030	FM876288	FM897217

Especie	Espécimen	ITS	LSU	<i>tef-1a</i>
<i>Psathyrella fusca</i> (2)	LO287-04	KC992892	KC992892	KJ732779
<i>Psathyrella griseovelata</i> (1)	GM1773	<b>MZ571480</b>	<b>MZ604934</b>	<b>MZ597542</b>
<i>Psathyrella griseovelata</i> (2)	GM 2055	<b>MZ571481</b>	<b>MZ604935</b>	—
<i>Psathyrella griseovelata</i> (3)	GM 2495	<b>MZ571482</b>	<b>MZ604936</b>	—
<i>Psathyrella hymenocephala</i>	2766 (Clark univ.)	FJ168608	—	—
<i>Psathyrella lutulenta</i>	AH21379	KC992875	KC992875	—
<i>Psathyrella maculata</i>	CBS206.33	GQ249290	GQ249281	GQ249273
<i>Psathyrella magnispora</i>	SZMC-NL-1954	FM163227	FM160682	FM897218
<i>Psathyrella mammifera</i>	HMJAU 37882	MG734740	—	—
<i>Psathyrella marquana</i>	AM1693	MF668178	MF668178	—
<i>Psathyrella microrhiza</i>	SZMC-NL-3059	FN396130	FN396178	FN396230
<i>Psathyrella noli-tangere</i>	SZMC-NL-3403	FN396144	FN396203	FN396239
<i>Psathyrella olympiana</i>	SZMC-NL-2935	FN396103	FN396156	FN396211
<i>Psathyrella panaeoloides</i>	LO44-03	DQ389719	DQ389719	KJ732782
<i>Psathyrella pertinax</i>	SZMC-NL-2350	FM878012	FM876269	FM897259
<i>Psathyrella pervelata</i>	SZMC-NL-1950	FN430694	FN396192	FM897221
<i>Psathyrella phegophila</i>	SZMC-NL-3527	FN396129	FN396198	FN396229
<i>Psathyrella piluliformis</i>	SZMC-NL-3923	FN396136	FN396185	FN396235
<i>Psathyrella polycystis</i>	SZMC-NL-1951	FM878015	FM876272	FM897220
<i>Psathyrella prona</i>	SZMC-NL-0398	FN396141	FN396187	FN396236
<i>Psathyrella pseudogracilis</i>	SZMC-NL-2142	FM878025	FM876283	FM897249
<i>Psathyrella pygmaea</i>	SZMC-NL-2325	FM878011	FM876267	FM897224
<i>Psathyrella romellii</i>	SZMC-NL-3526	FN396135	FN396184	FN396234
<i>Psathyrella sacchariolens</i>	SZMC-NL-3995	FN396133	FN396182	FN396233
<i>Psathyrella senex</i>	SZMC-NL-0199	FN396120	FN396169	—
<i>Psathyrella spadiceogrisea</i>	LO102-98	KC992878	KC992878	KJ732771
<i>Psathyrella striatoannulata</i>	INB:3978642	KY350221	—	—
<i>Psathyrella subspadiceogrisea</i>	HMJUA 35992	NR_156613	—	—
<i>Psathyrella umbrina</i>	SZMC-NL-1949	FM878004	FM876260	FM897226
<i>Psathyrella umbrosa</i>	MICH 12102	NR_161031	—	—
<i>Psathyrella velatipes</i>	MICH 12106	NR_16032	—	—
<i>Psathyrella vestita</i>	SZMC-NL-2346	FN430693	FN430695	FN430696

un grupo monofilético con máximo apoyo filogenético (ML-BP 100, BPP 1), dentro de *P. sect. Spadiceogriseae* (ML-BP 100, BPP 1). A su vez, las 3 muestras de *P. griseovelata* forman un grupo monofilético en el análisis de ML junto a secuencias de *P. agrariella* (G.F. Atk.) A.H. Sm. y *P. albes-cens* Hesler & A.H. Sm. (ML-BP 75, BPP 0,53), si

bien este clado no cuenta con apoyo filogenético. *Psathyrella panaeoloides* (Maire) Arnolds y *P. fibri-llosa* (Pers.) Maire, especies con similitudes morfológicas respecto a *P. griseovelata* (ver comentarios), no forman parte del grupo monofilético que constituye *P. sect. Spadiceogriseae*.

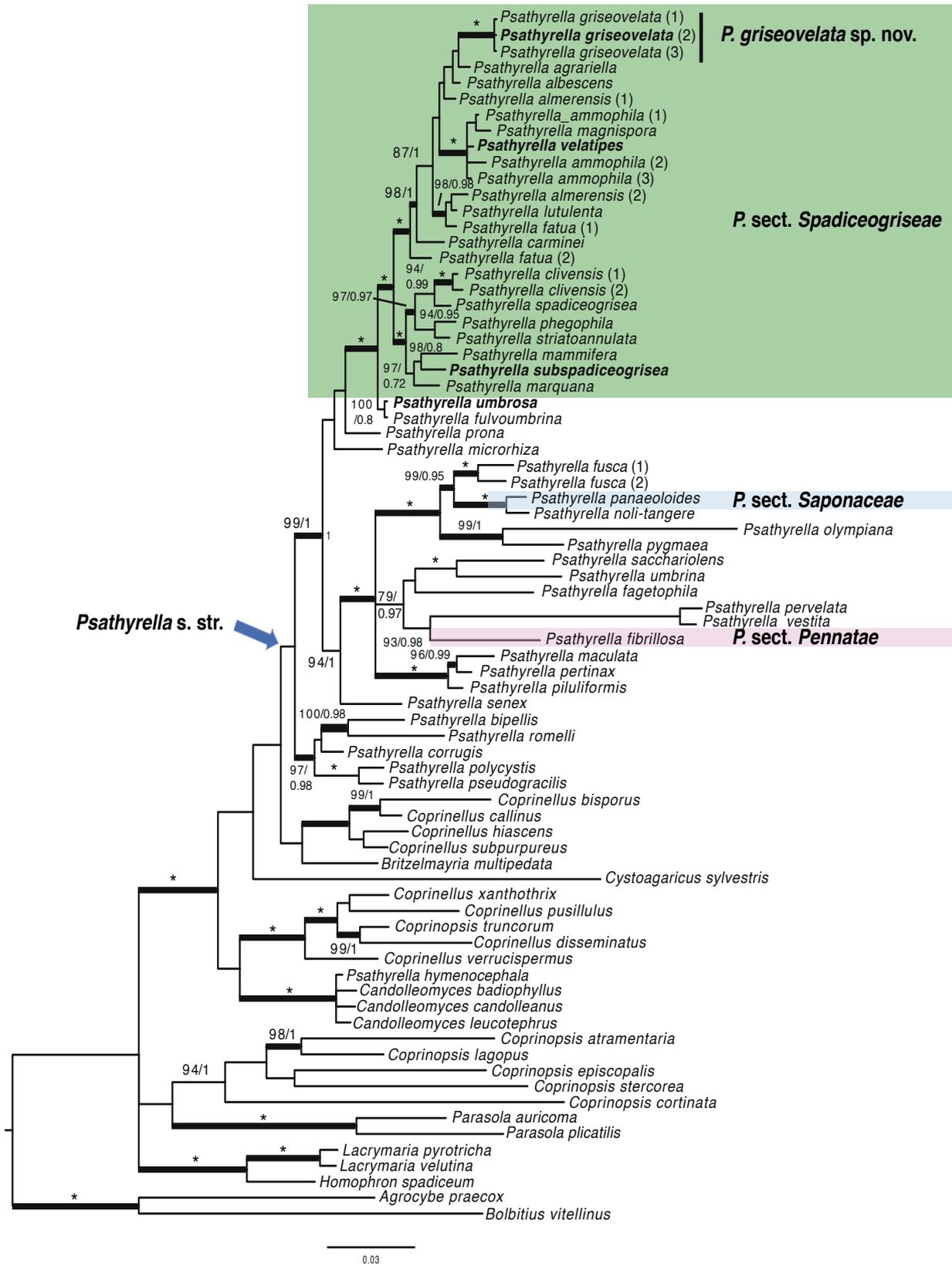


Fig. 2. Árbol consenso “50% Majority Rule” inferido mediante el análisis bayesiano de las regiones ITS-LSU-*tef-1a* en *Psathyrellaceae*, con énfasis en *Psathyrella* sect. *Spadiceogriseae*. Se muestran los valores bootstrap-Maximum Likelihood (ML) / probabilidad posterior del análisis bayesiano alrededor de las ramas. Las ramas gruesas indican los nodos con apoyo filogenético tanto en el análisis ML como en el análisis bayesiano (valores bootstrap  $\geq 95\%$  y probabilidad posterior bayesiana  $\geq 0.95$ ) y los marcados por un asterisco indican máximo apoyo filogenético (valores bootstrap 100% y probabilidad posterior bayesiana 1). Los taxones en negrita corresponden a secuencias obtenidas de especímenes que son tipos nomenclaturales.

*Psathyrella griseovelata* G. Muñoz, Musumeci, Deschuyteneer & Olariaga, *sp. nov.*

Mycobank: MB 840585

**Holotypus:** ESPAÑA. **La Rioja:** Calahorra, Livillos, 42.285833 -2.010278 ( $\pm 100$  m), 450 m, en plantación de olivos jóvenes, creciendo, de forma fasciculada, subfasciculada o gregaria, directamente sobre el suelo, en terreno muy nitrogenado, abonado con compost y restos de paja, 06-XI-2010, *leg.* G. Muñoz, AH56187 (Isotypi: GM2055 herb. Muñoz; DD-GM2055, herb. Deschuyteneer).

**Figs. 3-9**

**Etimología:** del latín, *griseus* (gris) y *velatus* (velado), refiriéndose a la presencia de velo abundante de color plateado.

**English description:** *Pileus* 0.5-2 cm in diam., first conical, umbonate, flattened at the end; hygrophalous, with a smooth surface, greyish brown, covered, especially in young specimens, by a thick veil composed of labile silver fibrils, more abundant near the cap margin. *Gills* emarginate, not very crowded, ventricose, greyish, blackish when mature, with a fimbriate and whitish edge. Spore print black. *Stipe* 2-4  $\times$  0.1-0.2 cm, cylindrical, pruinose at the apex, fibrillose in the lower part, whitish or pale brown. *Context* scarce and fragile, whitish. Odour and tas-

te not distinctive. *Basidiospores* (7-)8-8.5-9(-9.5)  $\times$  (4.5-)5-5.6-6(-6.5)  $\mu\text{m}$ ,  $Q = 1.5-1.6$ , ovoid, ellipsoid or troncoconical. *Cheilocystidia* (25-)28-36-46(-60)  $\times$  7-10-13  $\mu\text{m}$ , utriform, subutriform, with a broad neck of variable length, with an obtuse apex and an often pedunculate base. *Paracystidia* scarce. *Pleurocystidia* (30-)37-47-57(-65)  $\times$  (7-)8-12-15(-19)  $\mu\text{m}$ , similar to cheilocystidia. *Pileipellis* a subhymeniderm. General veil composed of cylindrical hyphae.

*Pileo* de 0,5 a 2 cm de diámetro, primero cónico, luego convexo o levemente umbonado, aplanado al final; superficie higrófana, lisa, de color marrón grisáceo, pardo grisáceo, marrón, más oscuro hacia la zona central, pardo apagado al ir deshidratándose; margen no estriado, por largo tiempo liso y regular, pero al madurar muestra tendencia a ser festoneado-crenulado o, incluso, levemente plisado debido a la presión de las láminas subyacentes; velo general relativamente abundante, aunque de densidad variable, constituido por fibrillas blanquecinas o argénteas, lábiles, distribuidas por toda la superficie del pileo, más abundantes en ejemplares jóvenes y hacia el margen, dando a éste un aspecto lanoso y que, al inicio, unen el margen del pileo con el estípite, quedando posteriormente adheridas a la mitad inferior de este último. *Láminas* escotadas, poco apretadas, ventradas, con lamélulas intercaladas, primero grisáceas, después marrones, al final negruzcas; arista en-



Fig. 3. *Psathyrella griseovelata*. Basidiomas adultos. (AH56187, holotypus). Fotografía: G. Muñoz.



Fig. 4. *Psathyrella griseovelata*. Basidiomas jóvenes con abundante velo general (AH56752). Fotografía: G. Muñoz.



Fig. 5. *Psathyrella griseovelata*. Otras colecciones. A: GM2052. B: GM2448. C: GM2449. D: AH56753. Fotografías: G. Muñoz.

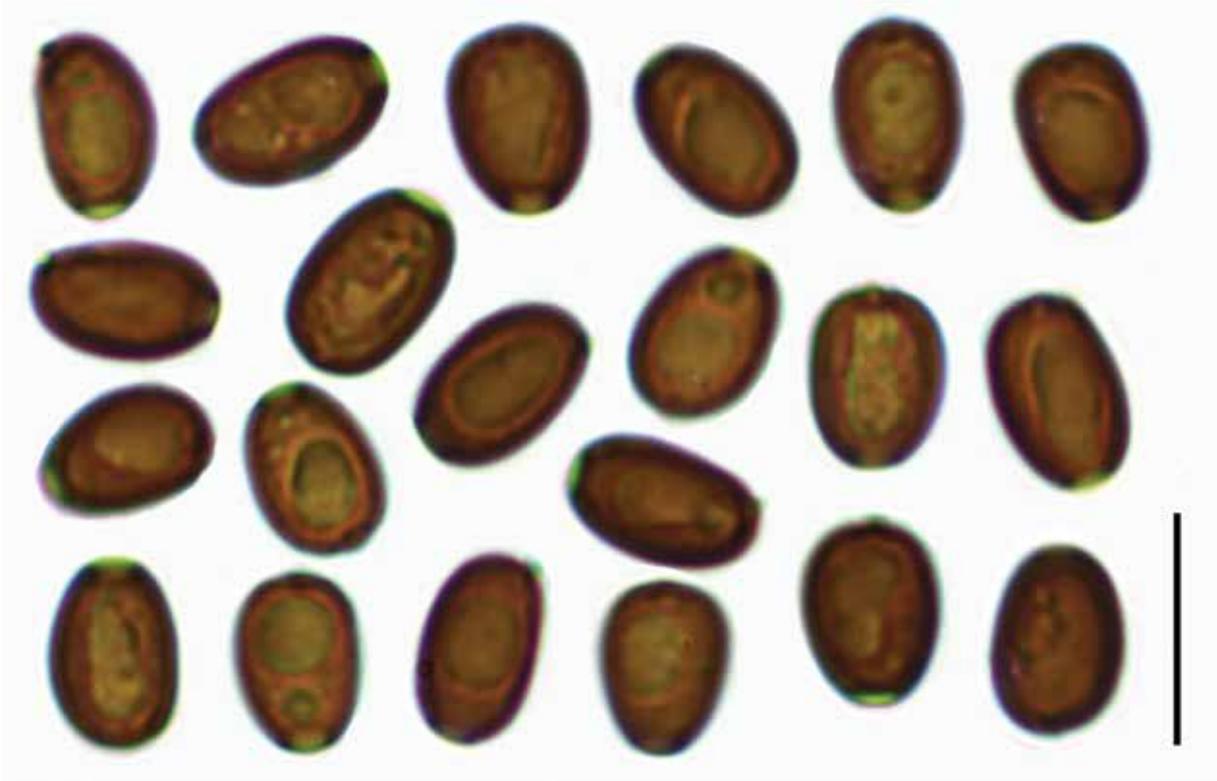


Fig. 6. *Psathyrella griseovelata*. Basidiosporas. (AH56187, holotypus). Fotografía: D. Deschuyteneer. Barra de escala 10  $\mu$ m.

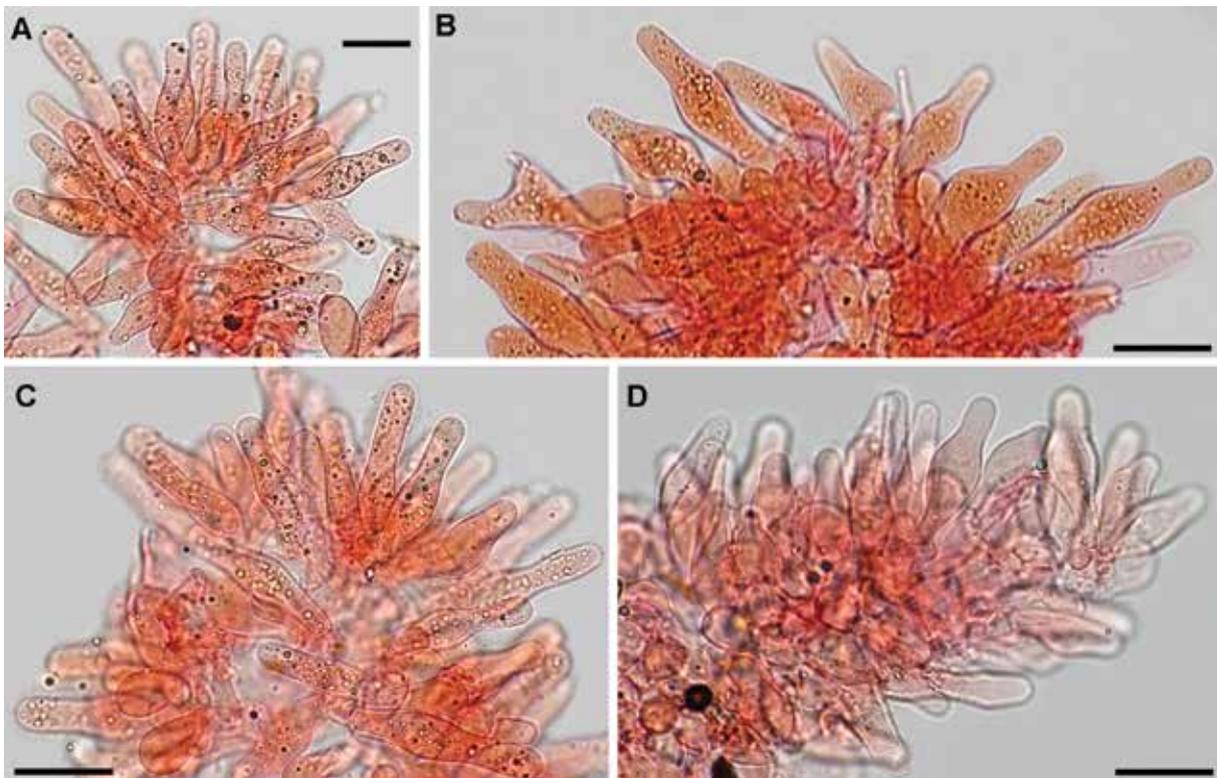


Fig. 7. *Psathyrella griseovelata*. A-D: Arista laminar (AH56187, holotypus). Fotografías: D. Deschuyteneer. Barras de escala 20  $\mu$ m.

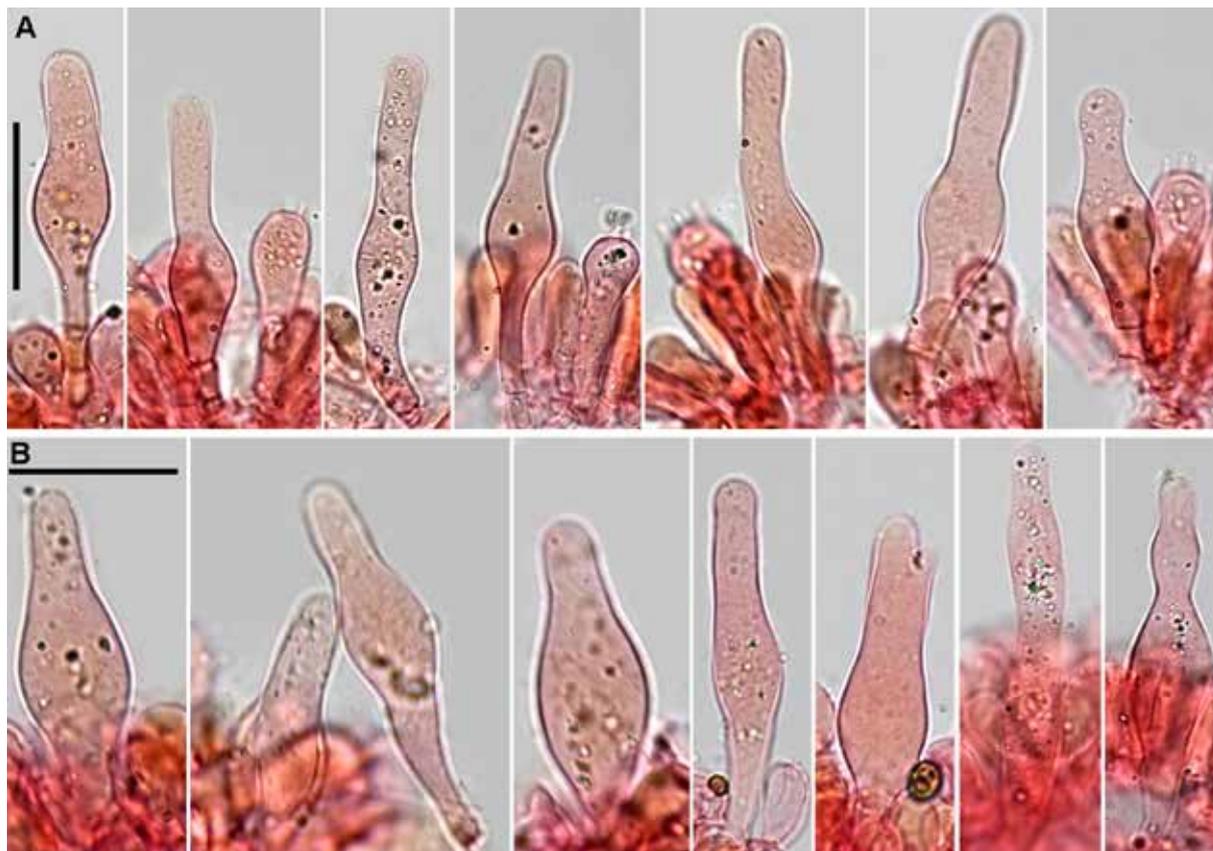
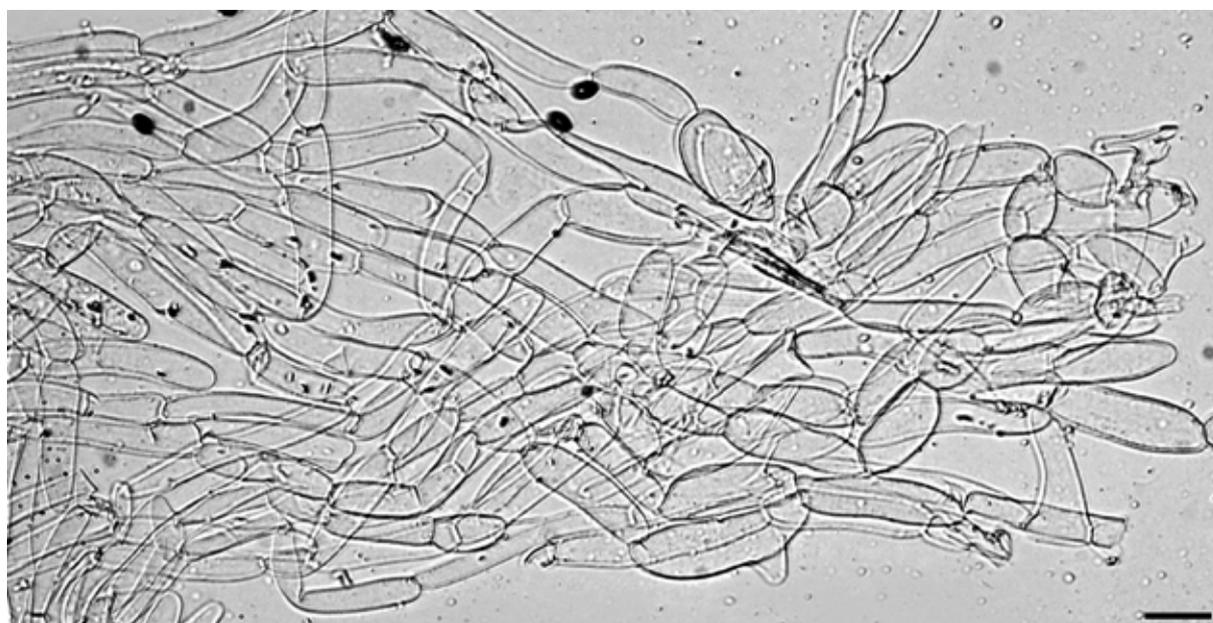


Fig. 8. *Psathyrella griseovelata*. A-B: Pleurocistidios. A: GM2449. B: GM2448. Fotografías: D. Deschuyteneer. Barras de escala



20  $\mu$ m.  
Fig. 9. *Psathyrella griseovelata*. Velo general (AH56187, holotipus). Fotografía: D. Deschuyteneer. Barra de escala 20  $\mu$ m.

tera o ligeramente fimbriada, blanquecina. Esporada negruzca. *Estípites* de 2-4 × 0,1-0,2 cm, cilíndrico o sinuoso, con la base igual o ligeramente engrosada, no radicante, hueco, liso o finamente pruinoso en el ápice y levemente fibriloso en el tercio inferior (debido a los restos de velo), blanquecino o pardo apagado. *Carne* muy escasa, delgada y frágil, de color blanquecino o grisáceo. *Olor y sabor* no distintivos.

*Basidiosporas* de (7-)8-8,5-9(-9,5) × (4,5-)5-5,6-6(-6,5) μm, Q = 1,5-1,6, lisas, dextrinoides, no amiloides, de color marrón rojizo en NH<sub>3</sub>, gris parduzco en KOH, no opacas, mostrando a menudo en su interior una gran vacuola lipídica, de ovoide-elipsoidales a ovoides en visión frontal y, frecuentemente, subtruncocónicas, con el ápice frecuentemente truncado, de forma similar a lo que ocurre en *P. panaeoloides*, asimétricas y, generalmente, algo amigdaliformes en visión lateral, poro germinativo central, grande y conspicuo. *Basidios* de (27-)28-31-33(-39) × 8-9-11 μm, claviformes, hialinos, tetraspóricos. *Arista laminar* estéril, ocupada por abundantes queilocistidios uniformemente repartidos por toda la longitud de la arista, de (25-)28-36-46(-60) × 7-10-13 μm, hialinos, con paredes finas, predominantemente utriformes o subutriformes, con un cuello ancho de longitud variable, con el ápice obtuso y la base a menudo pediculada, ocasionalmente pueden ser lageniformes, subcilíndricos o con el ápice bifurcado; se observan, además, en la base de los queilocistidios, algunos paracistidios claviformes de pared fina, muy escasos. *Pleurocistidios* de (30-)37-47-57(-65) × (7-)8-12-15(-19) μm, muy abundantes, hialinos, de paredes finas, polimorfos, análogos a los queilocistidios aunque más largos y más frecuentemente lageniformes o largamente subcilíndricos, con cuello largo y ancho y ápice obtuso, a veces truncado o bifurcado, base habitualmente pediculada. *Pileipellis* subhimenodérmica, conformada por elementos subglobosos, piriformes, claviformes o disformes, de 13-40 × 11-25 μm, muy compactados, difíciles de fragmentar o separar, en ocasiones recubiertos por un pigmento fuertemente incrustante, a menudo en forma de placas; pileitrama conformada por hifas alargadas también con pigmento incrustante llamativo de color marrón. *Velo general* formado por hifas cilíndricas, hialinas, poco ramificadas, anchas (6-10 μm en los extremos, que están algo ensanchados). *Caulipellis* con presencia esporádica de caulocistidios similares a los cistidios del himenio, de 29-75 × 7-15 μm, en ocasiones recubiertos por diminutos cristales. *Fibulas* presentes en todas las estructuras estudiadas.

*Forma de crecimiento, hábitat y fenología:* En grupos numerosos, generalmente de forma fasciculada (unidos varios ejemplares por la base del pie), aunque también gregaria, en plantación de olivos jóvenes

sobre suelo muy nitrogenado abonado con compost y con restos de paja. Los olivos están dispuestos en hileras paralelas y los surcos que quedan entre cada hilera tienen una orientación norte, lo que permite que se mantenga bastante humedad; además, es un terreno que se abona frecuentemente con compost (Fig. 1), lo que favorece la aparición de abundantes especies saprófitas y nitrófilas (*Agaricus*, *Coprinellus*, *Coprinopsis*, *Leucoagaricus*, *Lepiota*, *Psathyrella*, *Tubaria*, etc.), especialmente tras los días de niebla. En primavera y finales de otoño.

*Material adicional estudiado:* ESPAÑA. **La Rioja:** Calahorra, Livillos, 42.285833 -2.010278 (± 100 m), 450 m, en plantación de olivos (*Olea europaea*) jóvenes, 06-XII-2009, leg. G. Muñoz, AH56752 (duplicados: GM1773, DD-GM1773); *ibidem*, 24-XI-2010, GM2052 (duplicado: DD-GM2052); *ibidem*, 03-XII-2011, GM2448 (duplicado: DD-GM2448); *ibidem*, 03-XII-2011, GM2449 (duplicado: DD-GM2449); *ibidem*, 21-IV-2012, AH56753 (duplicados: GM2495, DD-GM2495).

*Comentarios taxonómicos:* Según nuestros análisis basados en tres marcadores (Fig. 2), *P. griseovelata* pertenece a *P.* sect. *Spadiceogriseae*. También los caracteres morfológicos la encuadran en esa sección, como se discute más adelante. En ella se incluían clásicamente todas aquellas especies de *Psathyrella* con cistidios utriformes no cristalíferos, velo con estructura filamentososa (sin esferocistos) y píleo sin escamas ni fibrillas innatas (KITS VAN WAVEREN 1985). Se han realizado diversos estudios genéticos centrados en *P.* sect. *Spadiceogriseae* (MELZER 2018; NAGY & al. 2011; ÖRSTADIUS & al. 2015; VAŠUTOVÁ & al. 2008), destacando el de VOTO & al. (2019), en el que se incluye una clave analítica con 37 especies pertenecientes a esta sección (incluyendo especies de varios continentes), y el reciente de WÄCHTER & MELZER (2020), en el que se reduce el número de especies a 14, si bien estos autores estudiaron principalmente especies europeas. La especie filogenéticamente más cercana a *P. griseovelata*, según nuestros análisis (Fig. 2), es *Psathyrella agrariella* (G.F. Atk.) A.H. Sm., taxón sinonimizado por algunos autores con *Psathyrella albescens* Hesler & A.H. Sm. (VOTO & al. 2019), muy diferente macro y microscópicamente de *P. griseovelata*, siendo de mayor porte, con velo menos desarrollado y de color blanco, píleo de color marrón predominante, arista laminar con abundantes paracistidios y esporas elipsoides o faseoliformes, al menos en parte.

Macroscópicamente, *P. griseovelata* se caracteriza por su pequeño porte, su crecimiento generalmente fasciculado, el color grisáceo del píleo y el velo argenteo de espesor variable, siendo a veces muy abundante, especialmente en ejemplares jóvenes (Figs. 4-5); y

microscópicamente, por las esporas troncocónicas o subtroncocónicas con la base truncada, poro germinativo central bien visible, color marrón rojizo y gran gota lipídica en su interior (en material desecado), los queilocistidios abundantes de paredes finas, polimorfos, mayoritariamente subutriformes, los paracistidios poco frecuentes y los pleurocistidios polimorfos, predominantemente lageniformes, largamente subcilíndricos y, a menudo, con la base pediculada (Figs. 6-9). Siguiendo la taxonomía clásica, la especie se hubiese integrado bien en *P.* subsect. *Lutenses* Kits van Wav., que englobaba aquellas especies que, además de los caracteres de *P.* sect. *Spadiceogriseae*, mostraban predominio de paracistidios en la arista y cistidios utriformes. En WÄCHTER & MELZER (2020) elevan esta subsección al rango de sección (*P.* sect. *Lutenses* [Kits Van Wav.] Wächter & A. Melzer), enmendando su descripción (suprimen el carácter de la abundancia de paracistidios y añaden el de la presencia de depósitos verdosos al observarse con NH<sub>3</sub>). Pensamos que, siguiendo esta nueva circunscripción, *P. griseovelata* no tendría cabida en *P.* sect. *Lutenses* y sí en *P.* sect. *Spadiceogriseae*.

La especie morfológicamente más parecida a *P. griseovelata* es *P. panaeoloides* (de hecho, antes incluida en *P.* subsect. *Lutenses*), que posee esporas similares, pero que muestra cistidios más anchos, píleo de color pardo con velo muy poco desarrollado y que, de acuerdo a nuestros análisis filogenéticos, no pertenece a *P.* sect. *Spadiceogriseae* (Fig. 2), sino que, al igual que mostraron WÄCHTER & MELZER (2020), pertenece a *P.* sect. *Saponaceae* Wächter & A. Melzer. A nivel morfológico, la inclusión de *P. panaeoloides* en *P.* sect. *Saponaceae* está justificada por no mostrar predominio de paracistidios en la arista (típico de la mayoría de especies en *P.* sect. *Spadiceogriseae*) y presentar cistidios utriformes. Otra especie muy parecida macroscópicamente es *Psathyrella fibrillosa*, perteneciente a *P.* sect. *Pennatae* Romagn. ex Romagn. de acuerdo con WÄCHTER & MELZER (2020), que se diferencia fácilmente al microscopio por mostrar esporas de morfología diferente y cistidios mucho más estrechos, generalmente pigmentados y de paredes anchas. *Psathyrella* sect. *Pennatae* incluye especies muy diferentes morfológicamente entre sí y de las que no se encuentran caracteres comunes que las relacionen dentro de la sección por el momento. En cuanto a las demás especies incluidas en *P.* sect. *Spadiceogriseae*, *P. griseovelata* se distingue fácilmente por la combinación de sus características macroscópicas (pequeño tamaño, píleo de color grisáceo o pardo grisáceo, velo relativamente espeso blanquecino, crecimiento subfasciculado) y microscópicas (esporas troncocónicas y cistidios utriformes o subutriformes). En un primer examen microscópico, las esporas troncocónicas de *P. griseovelata* podrían recordar a alguna

especie del género *Cystoagaricus* Singer, pero tanto la macroscopía (tamaño de los basidiomas, aspecto del velo general, color del píleo, etc.) como el resto de caracteres microscópicos (queilocistidios, pleurocistidios, pigmentación del velo, etc.) son muy diferentes.

Por todo ello, basándonos en datos moleculares y morfológicos, describimos *P. griseovelata* como especie nueva para la ciencia.

## Agradecimientos

A L. Rubio Casas, por sus consejos y opiniones. A F. Esteve-Raventós y J. Rejos Ballesteros, por las gestiones realizadas para el depósito del material original en el herbario de la Universidad de Alcalá. A J. J. Pérez Sevilla, por su ayuda desinteresada en la elaboración de la composición macroscópica. A J. Baptista-Ferreira por su ayuda en la traducción del resumen al portugués.

## Referencias

- CUBETA MA, ECHANDI E, ABERNETHY T & VILGALYS R (1991) Characterization of anastomosis groups of binucleate Rhizoctonia species using restriction analysis of an amplified ribosomal RNA gene. *Phytopathology* 81: 1395-1400. DOI: <https://doi.org/10.1094/phyto-81-1395>
- HANSEN K, PERRY BA, DRANGINIS AW & PFISTER D (2013) A phylogeny of the highly diverse cup-fungus family Pyronemataceae (Pezizomycetes, Ascomycota) clarifies relationships and evolution of selected life history traits. *Mol. Phyl. Evol.* 67: 311-335. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2013.01.014>
- HAWKSWORTH DL, KIRK PM, SUTTON BC & PEGLER DN (1995) *Ainsworth & Bisby's dictionary of the fungi. 8th edition*. CAB International. Wallingford.
- HE M-K, ZHAO R-L, HYDE KD, BEGEROW D, KEMLER M, YURKOV A, MCKENZIE EHC, RASPÉ O & al. (2019) Notes, outline and divergence times of Basidiomycota. *Fungal Diversity* 99: 105-367. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13225-019-00435-4>
- INDEX FUNGORUM (s. d.). [www.indexfungorum.org](http://www.indexfungorum.org) [consultada el 30 de enero de 2021].
- KITS VAN WAVEREN E (1985) The Dutch, French and British species of *Psathyrella*. *Persoonia (Suppl.)* 2: 1-300.
- LARSSON A (2014) AliView: a fast and lightweight alignment viewer and editor for large data sets. *Bioinformatics* 30(22): 3272-3276. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu531>.

- LUDWIG E (2007) *Pilzkompendium 2*. Ed. Fungicon. Berlin.
- MELZER, A (2018) Zur Kenntnis der Psathyrella spadiceogrisea – Gruppe, Teil II. *Z. Mykol.* 84: 3-28.
- NAGY LG, WALTHER G, HÁZI J, VÁGVÖLGYI C & PAPP T (2011) Understanding the evolutionary processes of fungal fruiting bodies: correlated evolution and divergence times in the Psathyrellaceae. *Syst. Biol.* 60: 303-317. DOI: <https://doi.org/10.1093/sysbio/syr005>.
- NAGY LG, VÁGVÖLGYI C & PAPP T (2013) Morphological characterization of clades of the Psathyrellaceae (Agaricales) inferred from a multigene phylogeny. *Mycol. Progress* 12: 505-517. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11557-012-0857-3>
- 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. *Mycol. Progress* 14 (5/25): [1-42]. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11557-015-1047-x>
- QUÉLET L (1872) Les Champignons du Jura et des Vosges. *Mém. Soc. Émul. Montbéliard*, Sér. 2 5: 43-332.
- REHNER S & BUCKLEY E (2005) A *Beauveria* phylogeny inferred from nuclear ITS and EF1- $\alpha$  sequences: evidence for cryptic diversification and links to *Cordyceps* teleomorphs. *Mycologia* 97: 84-98. DOI: <https://doi.org/10.3852/mycologia.97.1.84>
- RONQUIST F, TESLENKO M, VAN DER MARK P, AYRES D, DARLING A, HOHNA S, LARGE B, LIU L & al. (2012) MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Syst. Biol.* 61: 539-554. DOI: <https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029>
- TRIFINOPOULOS J, NGUYEN L-T, VON HAESELER A & MINH BQ (2016) W-IQ-TREE: a fast online phylogenetic tool for maximum likelihood analysis. *Nucleic Acids Res.* 44: 232-235. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkw256>
- VASUTOVÁ M (2008) Taxonomic studies in Psathyrella sect. Spadiceae. *Czech Mycol.* 60(2): 137-171.
- VILGALYS R & HESTER M (1990) Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *J. Bacteriol.* 172: 4238-4246. DOI: <https://doi.org/10.1128/jb.172.8.4238-4246.1990>
- VOTO P, DOVANA F & GARBELOTTO M (2019) A revision of the genus *Psathyrella*, with a focus on subsection *Spadiceogriseae*. *Fungal Syst. Evol.* 4: 97-170. DOI: <https://doi.org/10.3114/fuse.2019.04.08>
- WHITE TJ, BRUNS T, LEE S & TAYLOR JW (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics: 315-322. In: INNIS MA, GELFAND DH, SNINSKY JJ, WHITE TJ (ed.). *PCR protocols: a guide to methods and applications*. Academic Press Inc., New York.
- 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. *Mycol. Progress* 19: 1151-1265. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11557-020-01606-3>