

## ESTUDIO DE LA MICROBIOTA DE LAS ISLAS CANARIAS - GRAN CANARIA 2021 - II (ADDENDA 1)

por D. Merino Alcántara<sup>1</sup>, T. Illescas Ferrezuelo<sup>2</sup>, J.I. Velaz Vergara<sup>3</sup>, C.  
Morente Díaz<sup>4</sup> & V. Escobio García<sup>5</sup>

email:

<sup>1</sup> demetrio.merino@gmail.com

<sup>2</sup> tillescas2@gmail.com

<sup>3</sup> yerri41@gmail.com

<sup>4</sup> cmorente@gmail.com

<sup>5</sup> vescobio@gmail.com

**Summary.** MERINO D., T. ILLESCAS, J.I. VELAZ, C. MORENTE & V. ESCOBIO (2026) Study of the mycobiota in the Canary Islands - Gran Canaria-II (Addenda 1). *Micobotánica-Jaén* Año XXI(2). April - June 2026.

Key words: Macaronesia, Canary-islands, Las-Palmas-Province, Gran-Canaria, basidiomycota, agaricomycetes, agaricales, tricholomataceae, tricholoma, croceoflavescens, pseudosaponaceum.

**Resumen.** MERINO D., T. ILLESCAS, J.I. VELAZ, C. MORENTE & V. ESCOBIO (2026) Estudio de la micobiota de las Islas Canarias - Gran Canaria-II (Addenda 1). *Micobotánica-Jaén* Año XXI(2). Abril - Junio 2026.

Palabras clave: Macaronesia, Islas Canarias, Las-Palmas, Gran-Canaria, basidiomycota, agaricomycetes, agaricales, tricholomataceae, tricholoma, croceoflavescens, pseudosaponaceum.

### INTRODUCCIÓN

La Asociación Botánica y Micológica de Jaén, con la colaboración de la Sociedad Micológica de Gran Canaria, organizó sus II Jornadas Micológicas Islas Canarias, esta vez en la isla de Gran Canaria, celebradas del 8 al 12 de diciembre de 2021.

Con el material recolectado se publicaron dos artículos: MERINO *et al.* (2025), y MERINO *et al.* (2026). En este último artículo publicábamos con nombre provisional el taxón *Tricholoma pseudosaponaceum* Merino, Illescas & Escobio, sobre la base de la recolecta de un solo ejemplar (JA 9789, secuencia UDB07684867), y a falta de estudiar nuevo material.

Habiendo recolectado y secuenciado dos nuevas recolectas canarias, en este caso de Tenerife (JA 9373 y JA 9374), así como material peninsular de respaldo procedente de Córdoba (JA 9372), hemos conocido la publicación de este mismo taxón con el nombre de *Tricholoma croceoflavescens* M. Lazzari, M. Bevil., L. Michelin, Lorenzon & Battistuzzi (LAZZARI *et al.*, 2026), por lo que se procede a

reseñar las recolectas realizadas, así como a aportar datos adicionales sobre esta nueva especie.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Para la recolección y preparación del material recolectado se ha seguido el sistema habitual: la muestra se fotografía in situ, procurando recoger en la fotografía el máximo de datos macroscópicos. Al mismo tiempo, se anotan los datos organolépticos, medidas y otros que puedan alterarse con la desecación, así como la ecología del entorno y las coordenadas geográficas.

Salvo que se indique lo contrario en los resultados, los estudios microscópicos han sido realizados por los autores del artículo con diversos microscopios, lupas trinoculares y cámaras fotográficas propiedad de estos, o aportados por la Asociación Botánica y Micológica de Jaén. Se ha utilizado material de herbario previamente desecado y posteriormente rehidratado con agua o KOH y los reactivos de observación habituales (Rojo Congo, IKI1, Melzer, KOH, agua ...) o los que se puedan indicar en cada caso.

El DNA total ha sido extraído a partir de especímenes secos de herbario empleando una modificación del protocolo de MURRAY & THOMPSON (1980). La amplificación por PCR, basada en MULLIS & FALOONA (1987), incluyó 35 ciclos con una temperatura de anillamiento de 54°C, y fue llevada a cabo con los primers ITS1F e ITS4 (WHITE *et al.*, 1990, GARDES & BRUNS, 1993) para la región ITS. Las secuencias obtenidas han sido depositadas en UNITE (<https://unite.ut.ee>) o Genbank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>).

A las secuencias obtenidas para este artículo, se han añadido para los análisis filogenéticos realizadas diversas secuencias correspondientes a la región ITS de las especies más afines a cada una, seleccionándolas de entre las depositadas en GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), utilizando BLAST como herramienta de búsqueda (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) (ALTSCHUL *et al.*, 1990), y en UNITE. El alineamiento se ha realizado con MAFFT v.7 en su servidor web (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>) (KATO *et al.*, 2019), utilizando el algoritmo L-INS-i y editándolo con Bioedit v. 7.2 (HALL, 1999). A partir de la matriz obtenida, ajustada a la longitud de nuestras secuencias (812 posiciones, conteniendo la región ITS más parte de la región D1 de la 28S), se han realizado análisis de Máxima Verosimilitud con IQ-TREE 1.6.8 (NGUYEN *et al.*, 2015) aplicando 300 réplicas de bootstrap standard (BML), y análisis bayesiano con MrBayes v. 3.2 (Ronquist *et al.* 2012) seleccionando el modelo evolutivo calculado con ModelFinder para cada caso (KALYAANAMOORTHY *et al.*, 2017). Los árboles filogenéticos resultantes se han visualizado con FigTree 1.4.4 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>), presentando sobre las ramas del árbol ML los valores de apoyo de dichos análisis que se consideran significativos (BML≥80%/BI≥95). En dicho árbol figuran, para cada secuencia representada, el número de depósito de esta, el taxón al que pertenece, la referencia de la

muestra, su país de recolección e, identificando a las secuencias obtenidas de un tipo, la letra "T".

Las *exsiccatae* están depositadas en el herbario JA de la Junta de Andalucía, localizado en el Jardín Micológico la Trufa, en la aldea de Zagrilla Baja, de Priego de Córdoba (Córdoba-España).

Los elementos de cada colección figuran en el siguiente orden: PAÍS, Comunidad Autónoma, Provincia, Localidad, Paraje, Coordenadas (MGRS1984 con 4 cifras), altitud sobre el nivel del mar en metros, ecología, fecha de recolección, leg. y referencia de herbario.

Para evitar la reiteración del leg., se indicará:

leg. 1 = Concha Morente, Dianora Estrada, Vicente Escobio, Tomás Illescas, Demetrio Merino y resto de asistentes a las Jornadas de la Asoc. Botánica y Micológica de Jaén y la Sociedad Micológica de Gran Canaria.

leg. 2 = Concha Morente, Dianora Estrada, María Cortijo, Eva García, Pilar Palomares, Carmen Orlandi, Cleo Rodríguez, Mercedes García, Rosario Martín, Enrique Vera, José Luis Nieto, Victoriano Delgado, Juan F. Moreno, Luis Martín, Francisco Sánchez, Vicente Escobio, Tomás Illescas y Demetrio Merino.

leg. 3 = Concha Morente y Tomás Illescas.

## RESULTADOS

*Basidiomycota, Agaricomycetes, Agaricales, Tricholomataceae*

***Tricholoma croceoflavescens*** M. Lazzari, M. Bevil., L. Michelin, Lorenzon & Battistuzzi = ***Tricholoma pseudosaponaceum*** Merino, Illescas & Escobio *nom. prov.*

Material estudiado: ESPAÑA, Canarias, Las Palmas, Agaete, Área Recreativa Pinar de Tamadaba, 28RDS3203, 907 m, en terreno quemado bajo *Pinus canariensis*, 11-XII-2021, leg. 1, JA: 9789. Secuencia Unite UDB07684837. *Ibid.*, Tenerife, Tacoronte, Agua García, Ctra. Agua García-La Esperanza, 28RDS3203, 875 m, bajo *Pinus radiata* con *Erica canariensis*, *Morella faya* y *Laurus novocanariensis*, 15-XII-2025, leg. 2, JA: 9373, secuencia Genbank PZ368436; *Ibid.*, Área Recreativa Lomo de la Jara, 28RCS6349, 905 m, bajo *Pinus radiata* con *Erica canariensis*, *Morella faya* y *Laurus novocanariensis*, 16-XII-2025, leg. 2, JA: 9374, secuencia Genbank PZ368435; ESPAÑA, Córdoba, Lagar de la Cruz, 30SUH4000, 565 m, bajo *Quercus suber* con *Quercus rotundifolia* y *Pinus pinea*, 22-XII-2018, leg. 3, JA: 9372, secuencia Genbank PZ368434.

Descripción macroscópica: **Píleo** de 35-80 mm de diám., de convexo a aplanado, con el margen lobulado, inciso e incurvado. **Cutícula** lisa a ligeramente

escamosa, fisurada en la madurez, sobre todo en el margen, untuosa en tiempo húmedo, de color crema, oliváceo o pardo, en ocasiones con tintes rojizos. **Láminas** adnadas a decurrentes por un diente, de color blanquecino, crema o amarillento, con arista entera, en ocasiones manchada de color pardo rojizo. **Estípites** de 55-100 x 8-22 mm, cilíndrico o fusiforme, radicante, fibriloso longitudinalmente, fistuloso al corte, de color blanquecino o amarillento en su totalidad, o bien con tonos rojizos en la parte central. **Contexto** blanquecino. **Olor** suave-dulzón a jabón, espermático al corte en JA 9372. **Sabor** suave.

Descripción microscópica: **Basidios** cilíndricos a claviformes, tetráspóricos, con fíbula basal, de (20,1-)21,7-26,1(-29,6) × (4,7-)5,0-6,5(-8,7) µm; N = 30; Me = 24,0 × 6,0 µm. **Basidiosporas** de subglobosas a ampliamente elipsoidales, lisas, hialinas, gutuladas, apiculadas, de (4,4-)4,9-6,2(-6,7) × (2,9-)3,4-4,5(-5,4) µm; Q = (1,1-)1,3-1,6(-1,9); N = 103; Me = 5,5 × 3,8 µm; Qe = 1,5. **Cistidios** no observados. **Pileipellis** de textura paralela a intrincada, con algunas hifas sinuosas, con abundancia de fíbulas. (Basada en recolecta JA 9789).

Observaciones: Las secuencias extraídas de nuestras muestras, procedentes tanto de las Islas Canarias (Macaronesia) como de la España peninsular, forman un clado bien soportado (0.88/100) en el árbol filogenético (figura 5) de *Tricholoma* sect. *Contextocutis* = *Tricholoma* sect. *Rigida* (HEILMANN-CLAUSEN *et al.* 2017), integrándose con las secuencias italianas PZ062840 y PZ062843 (holotipo de *T. croceoflavescens*), la secuencia sueca PQ653431, y varias secuencias procedentes de U.S.A. y Canadá, por lo que cabe deducir que esta especie posee una amplia distribución en el hemisferio norte.

LAZZARI *et al.* (2026) delimitan *T. croceoflavescens* con algunos caracteres que no hemos observado en nuestras recolectas. El primero, el olor harinoso, que no hemos detectado en ninguna de ellas; sí, en cambio, el olor dulzón a jabón que los autores aprecian sobre todo al corte. El segundo, el viraje de láminas y superficie del estípites a un color amarillento azafranado al rozar o dañar los basidiomas; tan solo hemos apreciado un ligero amarilleamiento en la muestra JA 9733. Este viraje tampoco se aprecia en la imagen de la muestra de la que se ha extraído la secuencia norteamericana PX972913 (<https://www.inaturalist.org/observations/101667225>). Falta también en nuestras recolectas el estípites esbelto, frecuentemente de una longitud del doble del diámetro del píleo, reseñado como característico por sus autores.

Casi todas nuestras recolectas (figuras 1 a 4) presentan un aspecto macroscópico atribuible a *Tricholoma boudieri* Barla, con coloraciones generales pardo grisáceas con tonalidades más o menos rojizas en píleo y estípites, así como con frecuentes decoloraciones rojizas en las láminas (CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN, 2013). La muestra JA 9373, en cambio, al igual que la muestra registrada en iNaturalist con el nº 101667225, podría identificarse macroscópicamente con una de las formas verdosas de *Tricholoma saponaceum*

(Fr. : Fr.) P. Kumm (CHRISTENSEN & HEILMANN-CLAUSEN, 2013; RIVA, 1988 act. 2003).

## BIBLIOGRAFÍA

ALTSCHUL, S.F., W. GISH, W. MILLER, E.W. MYERS, & D.J. LIPMAN (1990). "Basic local alignment search tool". *Journal of Molecular Biology*. 215(3): 403-410.

CHRISTENSEN, M. & J. HEILMANN-CLAUSEN (2013). *The genus Tricholoma. Fungi of Northern Europe*, vol. 4. Svampetryk, Denmark.

GARDES, M. & T.D. BRUNS (1993). ITS primers with enhanced specificity for Basidiomycetes - Application to the identification of mycorrhiza and rust. *Molec. Ecol.* 2: 113-118. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1993.tb00005.x>

HALL, T.A. (1999). BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* 41: 95-98.

HEILMANN-CLAUSEN, J., M. CHRISTENSEN, T.G. FRØSLEV & R. KJØLLER (2017). Taxonomy of *Tricholoma* in northern Europe based on ITS sequence data and morphological characters *Persoonia* 38: 38-57. <http://dx.doi.org/10.3767/003158517X693174>

KALYAANAMOORTHY, S., B.Q. MINH, T.K.F. WONG, A. VON HAESELER & L.S. JERMIIN (2017). ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nature, Meth.* 14: 587-589. DOI: <https://doi.org/10.1038/nmeth.4285>

KATOH, K., J. ROZEWICKI, & K. YAMADA (2019). MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in Bioinformatics* 20(4): 1160-1166. DOI: <https://doi.org/10.1093/bib/bbx108>

LAZZARI, M. M. BEVILACQUA, L. MICHELIN, L. LORENZON & A. BATTISTUZZI (2026). *Tricholoma croceoflavescens*, una nuova specie della sezione *Rigida*. *RMR Boll. AMER* 128, Anno XLII(2): 25-38. <https://doi.org/10.57624/AMER.2026.6>

MERINO, D., T. ILLESCAS, J.I. VELAZ, C. MORENTE & V. ESCOBIO (2025). Estudio de la microbiota de las Islas Canarias—Gran Canaria - I. *Micobotánica-Jaén* Año XX(1). ENERO -MARZO 2025. <https://www.micobotanicajaen.com/Revista/Articulos/DMerinoA/GranCanaria2021%201/GranCanaria2021%20I.pdf>

MERINO, D., T. ILLESCAS, J.I. VELAZ, C. MORENTE & V. ESCOBIO (2026). Estudio de la microbiota de las Islas Canarias—Gran Canaria - II. *Micobotánica-Jaén* Año XXI(1). ENERO -MARZO 2026.

<https://www.micobotanicajaen.com/Revista/Articulos/DMerinoA/GranCanaria2021%202/GranCanaria2021%20II.pdf>

MULLIS, K.B. & F.A. FALOONA (1987). Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction: 355-350. In WU R (ed). Recombinant DNA Part F. Methods in Enzymology 155. Academic Press. San Diego. California. USA.

MURRAY, M.G. & W.F. THOMPSON (1980). Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucl. Acids Res.* 8(19): 4321-4326.

NGUYEN, L.T., H.A. SCHMIDT, A. VON HAESELER & B.Q. MINH (2015). IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Mol. Biol. Evol.* 32, 268-274.  
<https://doi.org/10.1093/molbev/msu300>

RIVA, A. (1988 act. 2003). *Tricholoma* (Fr.) Staude. Fungi Europaei. Edizioni Candusso. 826 pp.

WHITE, T.J., T. BUMS, S. LEE & J. TAYLOR (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. San Diego. California. USA.



Figura 1: *Tricholoma croceoflavescens* JA 9372.



Figura 2: *Tricholoma croceoflavescens* JA 9373.



Figura 3: *Tricholoma croceoflavescens* JA 9374.



Figura 4: *Tricholoma croceoflavescens* JA 9789.

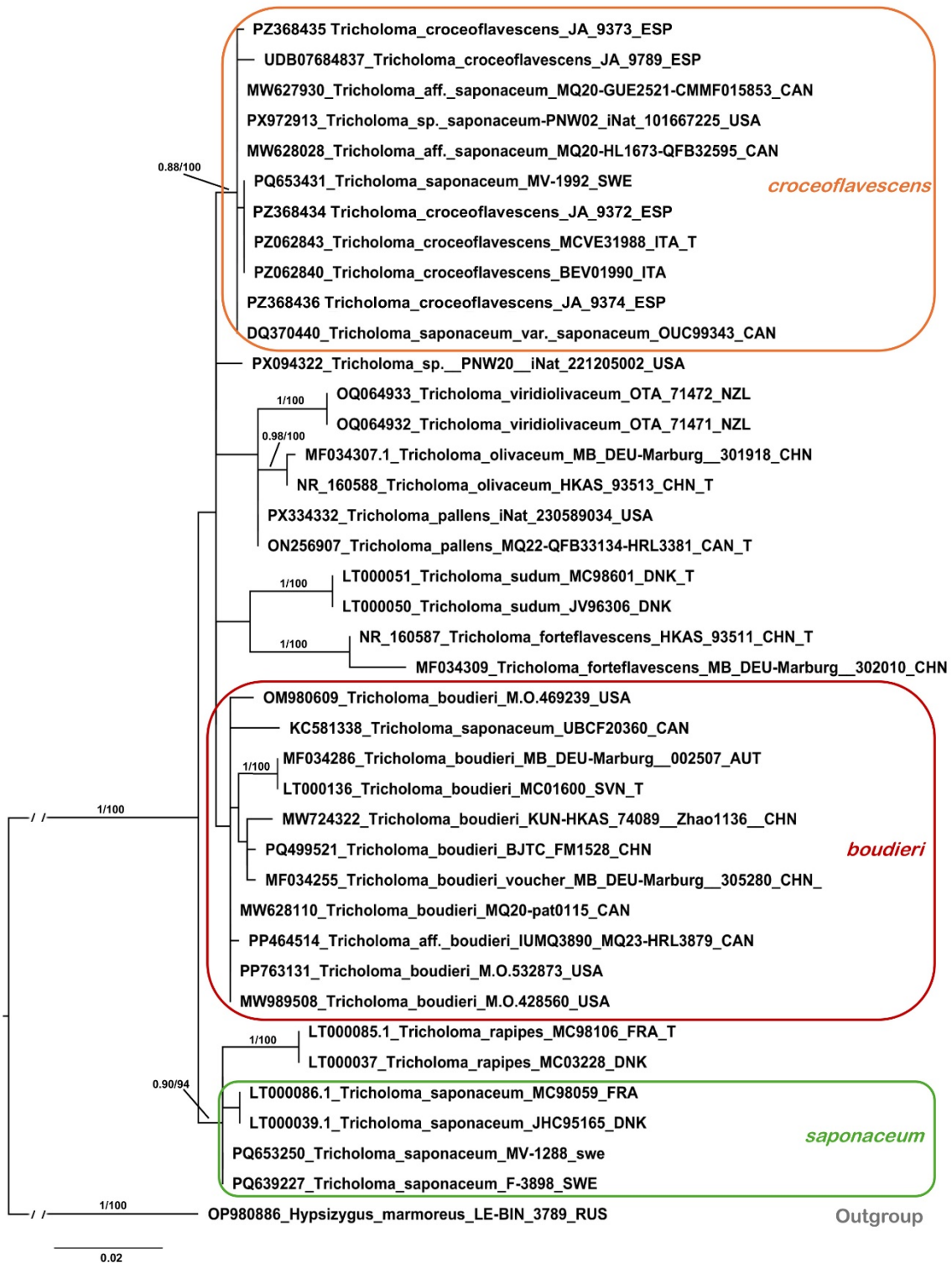


Figura 5: Hipótesis filogenética de *Tricholoma* sect. *Contextocutis*.