

Abstract

Based on molecular and morphological data we investigated the taxonomy and phylogeny of the ectomycorrhizal genus *Tricholoma* in northern Europe. Our phylogenetic tree confirmed the presence of at least 72 well circumscribed species within the region. Of these, three species, viz. *T. boreosulphurescens*, *T. bryogenum* and *T. ilkkae* are described as new to science, based on morphological, distributional, ecological and molecular data.

Several other terminal branches represent putative cryptic taxa nested within classical species or species groups. Molecular type studies and/or designation of sequenced neotypes are needed in these groups, before the taxonomy can be settled.

In general our phylogenetic analysis supported previous suprageneric classification systems, but with some substantial changes. Most notably, *T. virgatum* and allies were found to belong to sect. *Tricholoma* rather than sect. *Atrosquamosa*, while *T. focale* was found to be clearly nested in sect. *Genuina* rather than in sect. *Caligata*.

In total, ten sections are accepted, with five species remaining unassigned. The combination of morphological and molecular data showed pileus colour, pileipellis structure, presence of clamp connections and spore size to be rather conservative characters within accepted sections, while the presence of a distinct ring, and especially host selection were highly variable within these.

Zusammenfassung

Basierend auf molekularen und morphologischen Daten untersuchten wir die Taxonomie und Phylogenie der Ektomykorrhiza-Gattung *Tricholoma* in Nordeuropa. Unser phylogenetischer Baum bestätigte die Anwesenheit von mindestens 72 gut umschriebenen Arten innerhalb der Region. Von diesen werden drei Arten, nämlich *T. boreosulphurescens*, *T. bryogenum* und *T. ilkkae* als neu in der Wissenschaft beschrieben, basierend auf morphologischen, verteilenden, ökologischen und molekularen Daten. Mehrere andere Endzweige repräsentieren mutmaßliche kryptische Taxa, die in klassischen Arten oder Artengruppen verschachtelt sind. In diesen Gruppen werden molekulare Typstudien und / oder die Bezeichnung von sequenzierten Neotypen benötigt, bevor die Taxonomie geregelt werden kann.

Im Allgemeinen unterstützte unsere phylogenetische Analyse frühere supragenetische (=gattungsübergreifend?) Klassifikationssysteme, jedoch mit einigen wesentlichen Änderungen. Vor allem *T. virgatum* und seine Verbündeten gehörten zur Sektion *Tricholoma* statt zur Sektion *Atrosquamosa*, während *T. focale* eindeutig in der Sektion *Genuina* verschachtelt gefunden wurde, statt in der Sektion *Caligata*.

Insgesamt werden zehn Abschnitte akzeptiert, wobei fünf Arten nicht zugewiesen sind. Die Kombination von morphologischen und molekularen Daten zeigte, dass Pileus-Farbe, Pile-Pellis-Struktur, Vorhandensein von Schnallenverbindungen und Sporengröße als ziemlich konservative Zeichen innerhalb der akzeptierten Abschnitte, während das Vorhandensein eines ausgeprägten Rings und insbesondere die Wirtsauswahl innerhalb dieser sehr variabel war.

