ANDREZA ELIS DOS SANTOS PEIXOTO

CONTRIBUIÇÕES TAXONÔMICAS AO GÊNERO *SINGEROCOMUS* (BOLETACEAE, BOLETALES): NOVO REGISTRO PARA O NORDESTE BRASILEIRO E LEVANTAMENTO DA DISTRIBUIÇÃO NEOTROPICAL



UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA
CENTRO DE CIÊNCIAS EXATAS E DA NATUREZA
CURSO DE BACHARELADO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

João Pessoa

2025

ANDREZA ELIS DOS SANTOS PEIXOTO

CONTRIBUIÇÕES TAXONÔMICAS AO GÊNERO *SINGEROCOMUS* (BOLETACEAE, BOLETALES): NOVO REGISTRO PARA O NORDESTE BRASILEIRO E LEVANTAMENTO DA DISTRIBUIÇÃO NEOTROPICAL

Trabalho Acadêmico de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Ciências Biológicas, como requisito parcial à obtenção do grau de Bacharel em Ciências Biológicas da Universidade Federal da Paraíba.

Nome do Orientador: Felipe Wartchow

João Pessoa
2025

Catalogação na publicação
Seção de Catalogação e Classificação

P379c Peixoto, Andreza Elis dos Santos.
Contribuições taxonômicas ao gênero Singerocomus (Boletaceae, Boletales) : novo registro para o nordeste brasileiro e levantamento da distribuição neotropical / Andreza Elis dos Santos Peixoto. - João Pessoa, 2025.
50 p. : il.

Orientação: Felipe Wartchow.
TCC (Curso de Bacharelado em Ciências Biológicas) - UFPB/CCEN.

1. Agaricomycetes. 2. Neotropical. 3. Sistemática. 4. Axonomia. I. Wartchow, Felipe. II. Título.

UFPB/CCEN CDU 57(043.2)

Elaborado por Josélia Maria Oliveira da Silva - CRB-15/113

ANDREZA ELIS DOS SANTOS PEIXOTO

CONTRIBUIÇÕES TAXONÔMICAS AO GÊNERO *SINGEROCOMUS* (BOLETACEAE, BOLETALES): NOVO REGISTRO PARA O NORDESTE BRASILEIRO E LEVANTAMENTO DA DISTRIBUIÇÃO NEOTROPICAL

Monografia apresentada ao Curso de Ciências Biológicas, como requisito parcial à obtenção do grau de Bacharel em Ciências Biológicas da Universidade Federal da Paraíba.

Data: 09/10/2025.
Resultado: Aprovado.

BANCA EXAMINADORA:

Prof. Dr. Felipe Wartchow
Orientador
(UFPB/CCEN/DSE)

MSc. Erica de Souza Falcão
Avaliadora
(UFPE/CB/DM/PPGBF)

MSc. Sara Rikeley Paulino
Avaliadora
(UFPA/ICB/PPGE)

Ao meu tio, Marcos Silvestre, que me apoiou constantemente durante essa jornada.
A minha tia, Marta Maria, pelo afeto sincero em cada passo do caminho.

AGRADECIMENTOS

A minha irmã, Ana Eliza, pelo apoio e confiança constante, suporte emocional e financeiro. Poder contar com você em cada passo do caminho tranquilizou meu coração. Amo você.

Aos meus pais, Maria Elizabete, por escutar minhas preocupações e incertezas, pela sabedoria compartilhada durante os obstáculos, pelo cuidado e auxílio na rotina universitária diária. Ao meu pai, pelo apoio financeiro.

A minha avó, Maria de Lourdes, por ser exemplo de força e amor. Obrigada pelas palavras e orações.

A minha família, que contribuiu diretamente para a minha jornada acadêmica e aprimoramento pessoal, em especial meus tios, Marcos Silvestre e Marta Maria a quem dedico este trabalho. E também, meus primos Mayara e Rafael, por serem exemplos de perseverança.

Aos meus amigos, companheiros de laboratório Florentino, Manuella e Vitória, pelos momentos e sonhos compartilhados, com entusiasmo, humor, preocupações e incertezas. Obrigada, vocês me ajudaram a persistir e ser otimista.

Ao amigo que também construí nessa jornada, João Carlos, agradeço pela cumplicidade, pela partilha e pelas risadas. Você foi parte fundamental na minha vida acadêmica.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Felipe Wartchow, pela confiança e conhecimento compartilhados durante minha formação.

A toda a equipe do Laboratório de Morfo-Taxonomia Fúngica, em especial a Erica Falcão, Anderlechi Barbosa e Ricardo Koroiva pela colaboração na escrita do manuscrito.

À banca avaliadora, composta por Erica Falcão e Sara Rikeley, agradeço pela disponibilidade e contribuições para o desenvolvimento deste trabalho.

"Você é o único representante do seu
sonho na face da Terra.
Se isso não fizer você correr, chapa,
eu não sei o que vai"

EMICIDA

RESUMO

O gênero *Singerocomus* é um grupo de Boletaceae ainda pouco conhecido, com registros restritos à região neotropical. Apesar dos avanços recentes, lacunas permanecem quanto à sua riqueza, distribuição e delimitação taxonômica. Neste estudo, são apresentadas novas contribuições sobre o gênero a partir de coletas realizadas na Paraíba, Brasil. Os espécimes coletados foram examinados morfologicamente e submetidos a análises moleculares e filogenéticas. Como resultado, foi documentado um primeiro registro de *Singerocomus guadelupae* para o Nordeste brasileiro, ampliando significativamente sua área conhecida de ocorrência. Adicionalmente, por meio de buscas em plataformas digitais e complementado por consulta à literatura especializada, foi elaborado um *checklist* atualizado das espécies do gênero com suas respectivas localidades. Os dados obtidos reforçam a relevância das coleções biológicas como fonte de informação para revisões taxonômicas e contribuem para o avanço do conhecimento sobre a micobiota neotropical.

Palavras-chave: Agaricomycetes, neotropical, sistemática, taxonomia

ABSTRACT

The genus *Singerocomus* is a still poorly known group within Boletaceae, with records restricted to the Neotropical region. Despite recent advances, gaps remain regarding its species richness, distribution, and taxonomic delimitation. In this study, new contributions to the genus are presented based on collections carried out in Paraíba, Brazil. The collected specimens were examined morphologically and subjected to molecular and phylogenetic analyses. As a result, a first record of *Singerocomus guadelupae* is documented for Northeastern Brazil, significantly expanding its known range of occurrence. Additionally, through searches on digital platforms complemented by consultation of specialized literature, an updated checklist of the species of the genus and their respective localities was compiled. The data obtained reinforce the importance of biological collections as a source of information for taxonomic revisions and contribute to advancing knowledge of the Neotropical mycobiota.

Keywords: Agaricomycetes, neotropic, systematics, taxonomy

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Espécies de *Singerocomus* A. *S. inundabilis* B. *S. rubiflavus* C-D. *S. guadalupae*. **13**

Figura 2. Localização das áreas de coleta na Paraíba**..... 16**

Figura 3. Distribuição conhecida das espécies de *Singerocomus* no Brasil, Guiana e Pequenas Antilhas**..... 20**

Figura 4. Número de registros de espécimes de *Singerocomus* depositados em herbários..... 22

Figura 5. Exsicata do espécime-tipo de *Boletus guadelupae* Singer & J.P. Fiard (herbário F, código C0326156F)**.....23**

Figura 6. Árvore filogenética de *Singerocomus* baseada em análises de ML e BI para a região nrDNA-ITS. As sequências geradas estão em negrito. Os valores de suporte Bootstrap (MLB≥0,70 - direita) e os valores de Probabilidades Posteriores (BPP≥0,80 - esquerda) são mostrados acima dos ramos suportados. Sequências de *Butyriboletus*, *Rubroboletus* e *Bothia castanella* (DQ867114; DQ867114) foram utilizadas como táxons de grupo externo**..... 24**

Figura 7. Basidiomas in loco de *Singerocomus guadelupae.* A-B. ABS 02/2021. C-D. ABS 12/2021. E-F. FW 64/2021. Barras de escala = 20 mm**..... 27**

Figura 8. Características micromorfológicas de *Singerocomus guadelupae.* A. Queilocistídios em vermelho Congo. B. Queilocistídios e basidiólos em KOH a 4%. C. Basidiósporos em KOH a 4%. D. Basídios em KOH a 4%. E. Pileipellis em vermelho Congo. F. Trama himenoforal em KOH a 4%**..... 28**

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Espécies válidas do gênero *Singerocomus*. **18**

Tabela 2. Espécimes do gênero *Singerocomus* depositados em herbários. **20**

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....9
2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA.....11
2.1. O GÊNERO SINGEROCOMUS..... 11
3. OBJETIVOS.....13
3.1. OBJETIVO GERAL..... 13
3.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....13
4. MATERIAIS E MÉTODOS.....14
4.1. *CHECKLIST* DAS ESPÉCIES VÁLIDAS..... 14
4.2. LEVANTAMENTO DE REGISTROS DE HERBÁRIOS..... 14
4.3. ESTUDOS MORFOLÓGICO E FILOGENÉTICO..... 15
4.3.1. Caracterização da área de estudo..... 15
4.3.2. Procedimentos de coleta..... 16
4.3.3. Análises morfológicas..... 16
4.3.4. Análises moleculares e filogenéticas.....16
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....18
5.1. CHECKLIST DAS ESPÉCIES DE *SINGEROCOMUS*..... 18
5.2. REGISTROS DE HERBÁRIOS..... 20
5.3. COMENTÁRIOS SOBRE A ESPÉCIE-TIPO DE BOLETUS GUADELUPAE..... 21
5.4. CONSIDERAÇÕES TAXONÔMICAS: NOVO REGISTRO DE OCORRÊNCIA PARA O NORDESTE BRASILEIRO..... 22
5.4.1. Análises moleculares e filogenéticas.....22
5.4.2. Diagnóstico da nova coleção de Singerocomus guadelupae..... 23
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS..... 30
REFERÊNCIAS.....31
APÊNDICE.....35
ANEXO..... 37

1. INTRODUÇÃO

O Reino Fungi constitui um grupo altamente diverso, englobando bolores, cogumelos, líquens, carvões, ferrugens e leveduras (Stajich et al., 2009). Caracterizados como organismos eucariontes, heterotróficos, osmotróficos, com crescimento filamentoso ou unicelular, paredes celulares ricas em quitina e reprodução geralmente mediada por esporos (Kendrick, 2000). Do ponto de vista ecológico, destacam-se como decompositores de matéria orgânica e na ciclagem de nutrientes, sustentando a produtividade e a estabilidade dos ecossistemas (Watkinson, 2015). Além disso, estabelecem associações como parasitas, patógenos e simbiontes com outros indivíduos, como as micorrizas (Kendrick, 2000). No âmbito socioeconômico, possuem relevância por subsidiarem aplicações nos setores farmacêutico, químico, alimentício e de bebidas, além de processos de biorremediação, biorrefinaria e produção de biocombustíveis (Watkinson, 2015).

Distribuem-se globalmente, ocorrendo em praticamente todos os ecossistemas, com maiores índices de riqueza registrados nas terras baixas tropicais, florestas de montanha e em algumas regiões temperadas (Niskanen et al., 2023). Atualmente, compreendem 19 filos, 83 classes, 1.220 famílias, 10.685 gêneros e, aproximadamente, 140 mil espécies formalmente descritas e com nomenclatura válida (Hyde et al., 2024). Ainda assim, estima-se que a diversidade varie entre 2.2 e 3.8 milhões de espécies, indicando que apenas 3 a 5% foram efetivamente documentadas (Hawksworth et al., 2017). Mantido o ritmo atual, seriam necessários de 750 a 1.000 anos para catalogar o restante, o que evidencia extensas lacunas taxonômicas e o potencial ainda inexplorado da diversidade fúngica (Niskanen et al., 2023).

Essa discrepância frente às pressões antrópicas atuais, em especial a perda de biodiversidade, reforçam a urgência em gerar dados regionais e locais de amostragem e padrões de distribuição para inferir níveis de endemismo (Steffen et al., 2015; Muller et al., 2007; Niskanen et al., 2023). Diante disso, torna-se essencial reunir e atualizar informações que subsidiem a documentação da diversidade desses organismos. Nesse contexto, a taxonomia e a sistemática assumem papel fundamental ao fornecer os instrumentos metodológicos para tal iniciativa (Peixoto & Morim, 2003), sistematizando em categorias hierárquicas que refletem as relações evolutivas e, sendo regidas, no caso dos fungos, pelo Código Internacional de Nomenclatura para Algas, Fungos e Plantas (Turland et al., 2024).

Em consonância a este processo, as coleções biológicas, como os herbários, também são relevantes ao funcionarem como repositórios de materiais testemunho, garantindo a preservação, reavaliações contínuas e comparações de espécimes ao longo do tempo (Peixoto

& Morim, 2003). Como também, o avanço das técnicas de sequenciamento de alto rendimento tem ampliado as possibilidades de estudo de amostras antigas, reduzindo custos e aprimorando a precisão filogenética (Dentinger et al., 2016).

Entre os grupos de macrofungos depositados nesses acervos e reconhecidos pela alta diversidade, está Boletaceae, a maior família da ordem Boletales. Seus representantes são caracterizados pela presença de basidiomas com himenóforo frequentemente tubular ou, raramente lamelado, uma trama tubular geralmente gelatinosa e impressão de esporos marrom avermelhada (Li & Yang, 2021). Abrange gêneros de ampla importância ecológica, compreendendo majoritariamente espécies simbiontes ectomicorrízicas de plantas lenhosas, com mais de dez famílias documentadas (Li & Yang, 2021). O rápido avanço das técnicas de filogenia molecular aplicadas ao estudo dos fungos boletóides resultou em uma profunda reestruturação sistemática dentro da família (Nuhn et al. 2013).

Pesquisas recentes demonstraram que gêneros, como *Boletus* Fr., *Leccinum* Gray, *Pulveroboletus* Murrill*, Tylopilus* P. Karsten, *Xerocomus* Quél., conforme definidos em abordagens morfológicas, constituíam agrupamentos artificiais compostos por espécies não relacionadas filogeneticamente (Nuhn et al. 2013; Wu et al. 2014). Essa constatação, levou à necessidade de redefinir limites taxonômicos, e no caso específico de *Xerocomus s.l.*, resultou na divisão em diversas linhagens independentes, levando à proposição de novos gêneros (Nuhn et al. 2013; Wu et al. 2014).

Neste quadro, insere-se *Singercomus* T.W. Henkel & M.E. Sm., proposto a partir da recombinação de *Xerocomus inundabilis* Singer, e novas coletas provenientes da Guiana (Singer et al., 1983; Henkel et al., 2016). Por se tratar de um táxon relativamente recente, apenas três espécies são atualmente reconhecidas, o que reflete o estágio ainda incipiente do conhecimento sobre o gênero (Henkel et al., 2016; Gelardi et al., 2023). Para uma compreensão mais abrangente de *Singerocomus*, são indispensáveis revisões taxonômicas detalhadas e investigações sobre seus padrões de distribuição.

Assim, o presente estudo tem como finalidade ampliar o conhecimento sobre o gênero, reunindo esforços para a realização de um inventário das espécies válidas, a identificação de novas ocorrências, o posicionamento filogenético dos espécimes examinados e a sistematização de informações sobre sua distribuição geográfica. Dessa forma, os objetivos aqui propostos buscam preencher lacunas existentes, consolidando a base de conhecimento, contribuindo para o avanço das pesquisas micológicas e para a compreensão da diversidade fúngica do gênero, especialmente no Brasil.

2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1. O GÊNERO *SINGEROCOMUS*

Singercomus T.W. Henkel & M.E. Sm. é um gênero de fungos boletoides de distribuição disjunta neotropical, tipificado por *S. inundabilis* (Singer) T.W. Henkel (Henkel et al., 2016). *Singercomus* está inserido na família Boletaceae, pertencente à ordem Boletales da classe Agaricomycetes no filo Basidiomycota (Henkel et al., 2016). A etimologia do gênero combina uma homenagem ao renomado agaricologista Rolf Singer (Singero-), e do sufixo grego (-comus), que remete a um deus da folia, em uma alusão ao gênero *Xerocomus* (Henkel et al., 2016).

A proposição do gênero teve origem na recombinação de *Xerocomus inundabilis* Singer, descrito com base em uma única coleção-tipo da Amazônia brasileira, a partir de novas coletas provenientes da Guiana (Henkel et al., 2016). Análises moleculares performadas por Henkel et al., (2016) confirmaram que essa espécie forma um clado distinto dentro de Boletaceae, o que justificou a criação do novo gênero. Na mesma publicação, foi descrito como nova espécie para a Guiana, *S. rubriflavus* T.W. Henkel & Husbands (Henkel et al., 2016).

As características morfológicas diagnósticas do gênero incluem: píleo vermelho-rosado a vermelho, tomentoso, com coloração do contexto variando de branco a amarelo-claro; himenóforo tubuloso, deprimido ao redor do estipe, apresentando tubos subangulares amarelos com poros imutáveis; estipe de comprimento igual, concolor ou mais claro, com superfície glabra ou esquamulosa e escamosa, com base amarela, amarelo-fosco tomentoso e contexto branco a amarelo-claro imutável ao corte (Henkel et al., 2016).

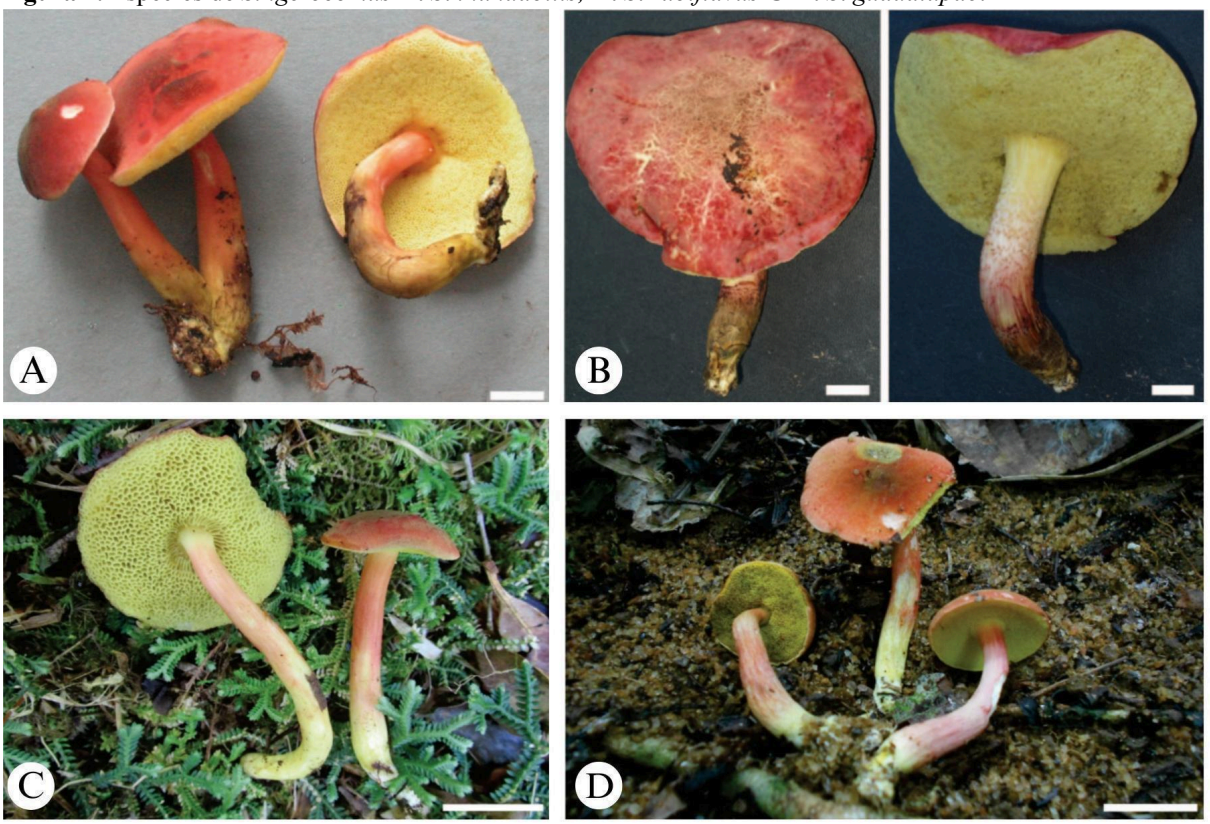
Microscopicamente, caracteriza-se por uma impressão de esporos marrom-oliva, basidiósporos lisos e inamiloides, presença de pleurocistídios, presença [em *S. rubriflavus* e *S. guadelupae* (Singer & Fiard) Gelardi, Biketova, Martinez-Suz & Vizzini] ou ausência (em *S. inundabilis*) de queilocistídios; trama himenoforal predominantemente paralela (isto é, filoporoide), pileipellis tricodermial com células terminais cilíndricas e conexões de grampo ausentes (Henkel et al., 2016).

Atualmente, são reconhecidos apenas três táxons dentro do gênero *Singerocomus*: *S. inundabilis, S. rubriflavus* e *S. guadelupae* (Figura 1). O último, foi recombinado a partir de *S. atlanticus* A.C. Magnago por Gelardi et al. (2023) com base em dados moleculares e comparações morfológicas que indicaram sua correspondência com espécimes registrados no

Caribe (Henkel et al., 2016; Magnago et al., 2018). O Brasil representa um centro importante de diversidade para o gênero, com registros confirmados de todos os seus táxons.

Singerocomus inundabilis, como citado anteriormente, apresenta registro no Amazonas. *S. rubriflavus*, tipificado da Guiana, também foi identificado na Mata Atlântica da Bahia (Magnago et al., 2018). Quanto a *S. guadelupae*, sua distribuição é conhecida para o Espírito Santo e Santa Catarina como *S. atlanticus*. No entanto, os resultados do presente trabalho, já publicado em periódico especializado por Peixoto et al. (2025) amplia essa distribuição, com o registro de uma nova ocorrência em remanescentes de mata atlântica do estado da Paraíba.

Figura 1. Espécies de *Singerocomus* **A.** *S. inundabilis;* **B.** *S. rubiflavus* **C-D.** *S. guadalupae*.



Fonte: Reproduzido de Henkel et al., (2016) e Magnago et al., (2018).

3. OBJETIVOS

3.1. OBJETIVO GERAL

Ampliar o conhecimento sobre a riqueza e distribuição geográfica das espécies do gênero *Singerocomus* por meio de análises morfológicas, moleculares e de registros em herbários.

3.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Inventariar as espécies válidas do gênero *Singerocomus*;
- Identificar novos registros de ocorrência para o gênero com base em evidências morfológicas e moleculares;
- Determinar a posição filogenética dos espécimes analisados;
- Levantar registros provenientes de herbários disponibilizados em bancos de dados públicos;
- Depositar espécimes no acervo do Herbário JPB.

4. MATERIAIS E MÉTODOS

4.1. *CHECKLIST* DAS ESPÉCIES VÁLIDAS

Para a elaboração do *checklist* foram consultados artigos científicos disponíveis em bases de dados como Google Scholar, SciELO e Web of Science. As buscas ocorreram entre junho e agosto de 2025. Apenas publicações com descrições válidas, como dados de ocorrência devidamente documentados (localidade-tipo e/ou coordenadas geográficas) foram utilizadas. A nomenclatura das espécies foi atualizada com base em publicações recentes, validadas pelos bancos de dados MycoBank (https://www.mycobank.org/) e Index Fungorum (https://www.indexfungorum.org/). Os termos de busca incluíram: *Singerocomus*, Boletaceae, Boletales, new species, Brazil, Neotropics e distribution. Para cada espécie, foram organizados os seguintes dados:

- Nome científico com autoria;
- Voucher;
- Distribuição geográfica conhecida (por país e estado, quando aplicável);
    - Localidade-tipo;
- Código do MycoBank;
- Código de acesso do GenBank;
- Principais referências bibliográficas.

Registros com nomenclatura inválida, sinonímias não aceitas foram excluídos. A distribuição geográfica foi padronizada por país e detalhada quanto possível.

4.2. LEVANTAMENTO DE REGISTROS DE HERBÁRIOS

O levantamento de espécimes do gênero *Singerocomus* depositados em coleções foi realizado a partir de uma busca preliminar na plataforma speciesLink (https://specieslink.net/). Foram priorizados herbários com acesso público a dados digitais, que disponibilizam informações por meio de sistemas de gerenciamento, como o INCT Herbário Virtual da Flora e dos Fungos, o próprio speciesLink e o SiBBr, sendo todos padronizados nomenclaturalmente conforme o Index Herbariorum (Thiers, continuamente atualizado).

Para cada herbário consultado, buscou-se recuperar e sistematizar as seguintes informações:

- Código do herbário (conforme Index Herbariorum);
- Número de tombo ou identificação do espécime;

- Nome científico da espécie (ou do táxon identificado);
- Nome do coletor;
- Número de coleta;
- Data e local da coleta (município e estado);

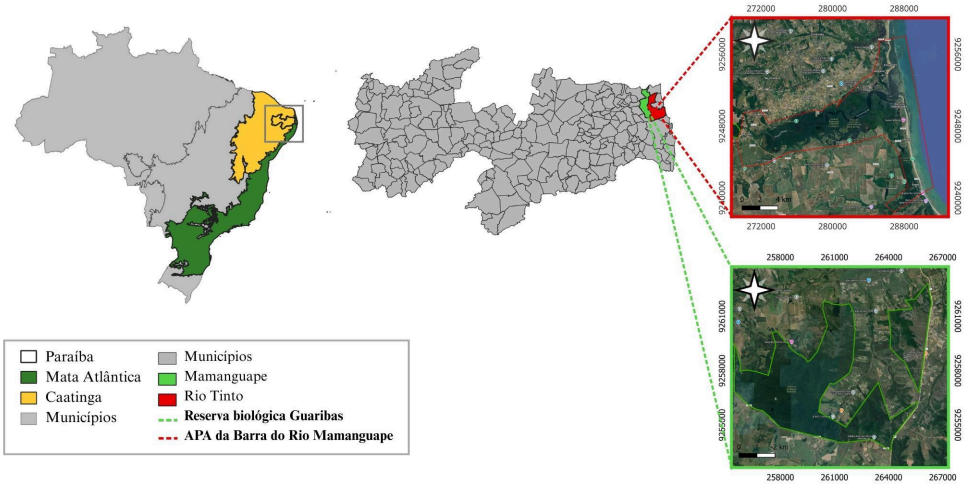
4.3. ESTUDOS MORFOLÓGICO E FILOGENÉTICO

4.3.1. Caracterização da área de estudo

A Reserva Biológica (REBio) Guaribas, uma unidade de conservação de proteção integral da Mata Atlântica, está localizada no Nordeste brasileiro nos municípios de Mamanguape e Rio Tinto, estado da Paraíba (Figura 2) (Barbosa & Leal, 2022) e é caracterizada como uma floresta de cerrado de tabuleiro (Thomas & Barbosa, 2008). Os oito espécimes foram coletados no maior fragmento florestal da reserva, nomeado SEMA 2 (-06º40’40" e 06º44’59" Sul 41º12’47" e 41º07’11” Oeste) com área de 3.016,09 ha (Barbosa et al., 2011; Barbosa & Leal, 2022).

A Área de Proteção Ambiental (APA) Barra do Rio Mamanguape (6°47'19"S 34°59'22"O) é outra unidade de conservação, porém com propósito de sustentabilidade, e é composta por remanescentes de Mata Atlântica com 14.460 ha, formados pelos estuários dos rios Mamanguape, Miriri e Estivas, cobrindo algumas áreas do estado da Paraíba, Nordeste do Brasil (Figura 2) (Alves & Nishida, 2003; Pereira & Alves, 2007).

Figura 2. Localização das áreas de coleta na Paraíba.



Fonte: Elaborado pela autora (2025).

4.3.2. Procedimentos de coleta

Os espécimes coletados foram registrados em fotografias digitais *in loco*, a remoção do manual do basidioma foi realizada com o auxílio de um canivete. Após a coleta, os materiais foram armazenados individualmente em uma maleta plástica compartimentada e etiquetados. Para armazenamento, os basidiomas foram secos em desidratador de alimentos em uma temperatura de aproximadamente 40 °C, e o material desidratado acondicionado em saco plástico hermético. Posteriormente, fragmentos da porção interna foram extraídos, identificados e depositados em mini tubo de centrífuga de plástico contendo cristais de sílica gel para rápida desidratação e preservação do material genético para análises posteriores.

4.3.3. Análises morfológicas

As características macroscópicas foram descritas com os referidos códigos para a coloração baseados em Kramer (2004). As observações e descrições dos caracteres micromorfológicos foram realizadas com lâminas preparadas a partir de cortes livres do material desidratado em 3% de hidróxido de potássio (KOH) e coradas em Vermelho Congo, quando necessário. As estatísticas biométricas dos basidiósporos foram baseadas em 60 medições. Para outras microestruturas (basídios, basidíolos, pileipelis, trama himenoforal, cistídios), 20 a 25 medições foram realizadas para cada uma. As abreviações incluem Qm = o valor de Q médio de todos os basidiósporos medidos. Fotografias microscópicas foram obtidas utilizando uma câmera e o software ZEN Microscopy™, conectados a um microscópio Primo Star Zeiss™ (Carl Zeiss Co., Ltd.). Posteriormente, as análises, os materiais foram depositados no Herbário Lauro Pires Xavier-JPB (Thiers, continuamente atualizado).

4.3.4. Análises moleculares e filogenéticas

Para confirmar a identificação dos nossos espécimes, o material genético (DNA) de dois espécimes secos foi extraído utilizando o DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen, Alemanha) utilizando o protocolo do fabricante. Sequências parciais foram obtidas a partir do espaçador transcrito interno nuclear (nuc-ITS rDNA) com os pares de primers ITS1F/ITS4 (Gardes & Bruns, 1993; White et al., 1990). As reações de PCR foram realizadas de acordo com Barbosa-Silva et al. (2022). Os produtos de PCR foram sequenciados unidirecionalmente no Analisador Genético ABI 3130 (Applied Biosystems).

Utilizamos o GENEIOUS v 9.1.3 (Kearse et al., 2012) para verificar a qualidade da sequência das fitas por comparação com seus respectivos cromatogramas. Para identificar nossas amostras, atribuímos a espécie por meio de uma abordagem BLAST de nucleotídeos conduzida no GenBank (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov; 19 de novembro de 2024). Sequências de *Singerocomus* presentes no GenBank foram incorporadas às análises da região genética nuc-ITSrDNA. Na análise filogenética, alinhamos as sequências com o MAFFT v7.017 (Katoh et al., 2002), utilizando o algoritmo G-INS-I.

O melhor modelo de substituição de nucleotídeos foi selecionado utilizando o jModelTest 2v.1.6 (Darriba et al., 2012). A análise de Máxima Verossimilhança (ML) foi realizada no RAxML v8.2.X (Stamatakis, 2014), utilizando o GTRGAMMA como modelo para a fase de *bootstrapping* (análise *de bootstrap* rápida com 1000 réplicas). Esses softwares são implementados no CIPRES Science Gateway 3.1 (Miller et al., 2010).

Inferências Bayesianas (IB) foram realizadas utilizando o MrBayes 3.1.1 (Ronquist & Huelsenbeck, 2003), com o melhor modelo de substituição nucleotídica selecionado automaticamente de acordo com o BIC (Critério de Informação Bayesiano) para o conjunto de dados de rDNA ITS (K80+G), utilizando um módulo implementado no TOPALi v. 2 (Milne et al., 2008). Duas execuções paralelas independentes foram realizadas, amostrando a cada 100ª gerações de MCMC para um total de 1 milhão de gerações. Após descartar os primeiros 25% das árvores amostradas como *burn-in*, uma árvore consenso pelo critério da maioria e as probabilidades posteriores (PP) foram calculadas usando as árvores restantes. As espécies de *Butyriboletus* e *Rubroboletus*, bem como, *Bothia castanella* (Peck) Halling, T.J. Baroni & Manfr. Binder, foram utilizadas como táxons grupo externo, como nos trabalhos de Henkel et al., (2016), Gelardi et al., (2023) (Apêndice A). Nossas sequências estão depositadas no GenBank (NCBI) sob o acesso OQ288919-OQ288920.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. *CHECKLIST* DAS ESPÉCIES DE *SINGEROCOMUS*

As espécies atualmente aceitas no gênero *Singerocomus* possuem registros de ocorrência documentados no Brasil, Guiana e Pequenas Antilhas (Tabela 1, Figura 3). *Singerocomus inundabilis*, tipificado na Amazônia brasileira, apresenta registros adicionais para a Guiana (Singer, 1983; Henkel et al., 2016). *Singerocomus rubriflavus*, descrito a partir de coletas na Guiana, foi também registrado na Mata Atlântica da Bahia, configurando um padrão disjunto de distribuição entre o norte amazônico e o leste do Brasil (Henkel et al., 2016; Magnago et al., 2018).

SSingerocomus guadelupae, originalmente descrito para Guadalupe e registrado nas Pequenas Antilhas em Martinica e Dominica, tem sua distribuição ampliada no Brasil, com registros confirmados para Espírito Santo, Santa Catarina e, recentemente, para a Paraíba (Singer & Fiard, 1976; Pegler, 1983; Henkel et al., 2016; Magnago et al., 2018; Peixoto et al., 2025). Esses padrões de distribuição sugerem uma ocorrência potencialmente mais ampla do que a atualmente documentada, reforçando a importância de novas prospecções em áreas pouco amostradas.

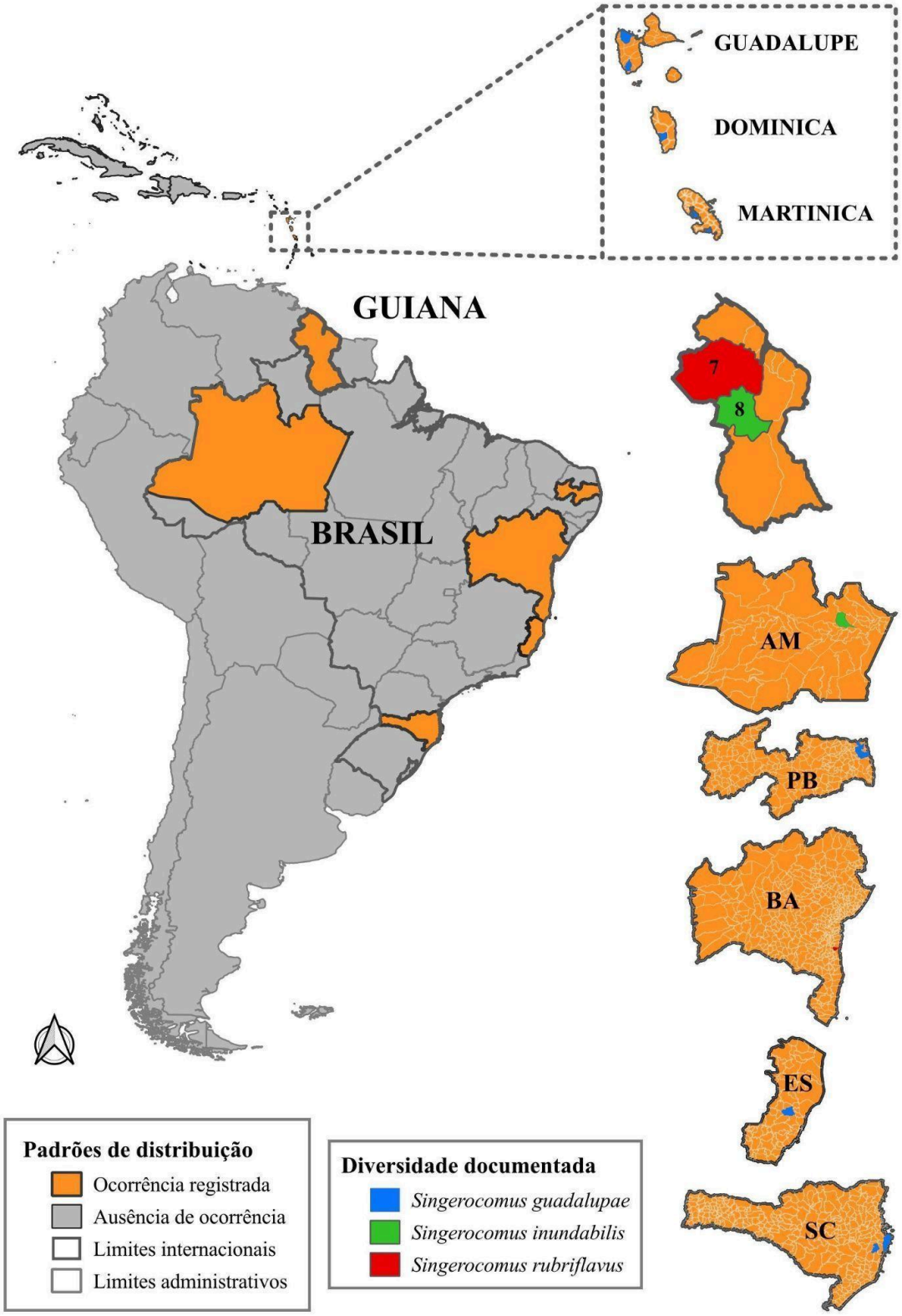
Tabela 1. Espécies válidas do gênero *Singerocomus*.

Nome científico, autoria	Distribuição geográfica conhecida	Voucher	Código de acesso	MycoBank	Referências
Singerocomus inundabilis (Singer) T.W. Henkel	BRASIL, *Amazonas*; GUIANA, Pakaraima Mountains;	INPA82822	–	MB 811839	(Singer, 1983) (Henkel et al., 2016)
Singerocomus rubriflavus T.W. Henkel & Husbands	GUIANA, *Cuyuni-Mazaruni,* Pakaraima Mountains; BRASIL, Bahia;	BRG 41208	NR164253	MB 811840	(Henkel et al., 2016) (Magnago et al., 2018)
Singerocomus guadelupae (Singer & Fiard) Gelardi, Biketova, Martinez-Suz & Vizzini	PEQUENAS ANTILHAS, Martinica; *Guadalupe*; Dominica. BRASIL, Espírito Santo; Santa Catarina; Paraíba.	F. J. P. Fiard 563A/B	OQ108304	MB 847067	(Singer & Fiard, 1976) (Pegler, 1983) (Magnago et al., 2018) (Gelardi et al., 2023) (Peixoto et al., 2025)

Nota: Localidade-tipo em itálico.

Fonte: Elaborado pela autora (2025).

Figura 3. Distribuição conhecida das espécies de *Singerocomus* no Brasil, Guiana e Pequenas Antilhas.



Fonte: Elaborado pela autora (2025).

5.2. REGISTROS DE HERBÁRIOS

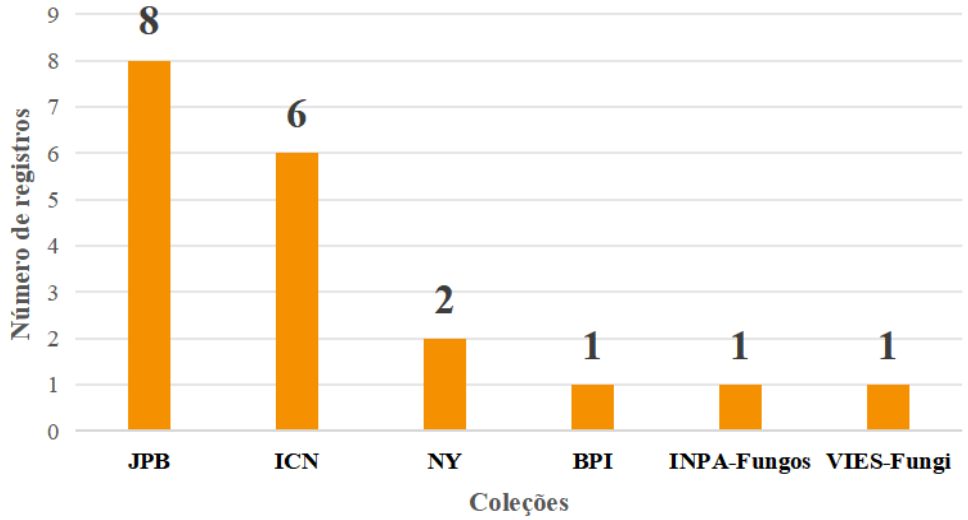
Tabela 2. Registros de espécimes de *Singerocomus* depositados em herbários.

Instituição /Voucher		Identificação do espécime	Dados da coleta [coletor, (nº de coleta), data]	Localidade
INPA	INPA-FUNGOS 102003	*S. inundabilis*	Singer, R (12046.0) 19.III.1980	BRASIL, Amazonas, Igarapé do Tarumãzinho
BPI	BPI 925437	*S. inundabilis*	Henkel, T. W. (8459) 13.VI.2002	GUIANA, Potaro-Siparuni, Pakaraima Mountains
NY	NY 02425246	*S. inundabilis*	Henkel, T. W.(9199) 17.V.2010	GUIANA, Potaro-Siparuni, Pakaraima Mountains
NY	NY 02425247	*S. rubriflavus*	Henkel, T. W. (9585) 01.I.2011	GUIANA, Cuyuni-Mazaruni, Region 7, Pakaraima Mountains
UFRGS	ICN 188268	*S. guadalupae*	Dentinger, B (69) 21.XI.2011	BRASIL, Santa Catarina, Florianópolis
UFRGS	ICN 188267	*S. guadalupae*	Jaeger, J (105) 20.XII.2011	BRASIL, Santa Catarina, Florianópolis
UFRGS	ICN 188266	*S. guadalupae*	Magnago, A.C. (527) 05.XII.2012	BRASIL, Espírito Santo, Santa Teresa
UFES	VIES-FUNGI 9901361	*S. guadalupae*	Magnago, A.C. (527) 05.XII.2012	BRASIL, Espírito Santo, Santa Teresa
UFRGS	ICN 188269	*S. guadalupae*	Oliveira, C (106) 15.I.2015	BRASIL, Santa Catarina, Florianópolis
UFRGS	ICN 188270	*S. guadalupae*	Magnago, A.C. (1275) 16.I.2016	BRASIL, Santa Catarina, Santo Amaro da Imperatriz
UFRGS	ICN 188271	*S. rubriflavus*	Alves-Silva, G (900) 19.IX.2016	BRASIL, Bahia, Uruçuca
UFPB	JPB 67188	*S. guadalupae*	A. Barbosa-Silva (03/2021) 25.VII.2021	BRASIL, Paraíba, Rio Tinto
UFPB	JPB 67187	*S. guadalupae*	A. Barbosa-Silva (02/2021) 25.VII.2021	BRASIL, Paraíba, Rio Tinto
UFPB	JPB 67189	*S. guadalupae*	A. Barbosa-Silva (05/2021) 25.VII.2021	BRASIL, Paraíba, Rio Tinto
UFPB	JPB 67190	*S. guadalupae*	A. Barbosa-Silva (06/2021) 25.VII.2021	BRASIL, Paraíba, Mamanguape
UFPB	JPB 67191	*S. guadalupae*	A. Barbosa-Silva (12/2021) 28.VII.2021	BRASIL, Paraíba, Mamanguape
UFPB	JPB 67193	*S. guadalupae*	A. Barbosa-Silva (22/2021) 02.VII.2021	BRASIL, Paraíba, Mamanguape
UFPB	JPB 67194	*S. guadalupae*	F. Wartchow (64/2021) 04.VIII.2021	BRASIL, Paraíba, Mamanguape
UFPB	JPB 67192	*S. guadalupae*	A. Barbosa-Silva (19/2021) 28.VIII.2021	BRASIL, Paraíba, Mamanguape

Fonte: Elaborado pela autora (2025).

Foram identificados 19 registros de espécies do gênero *Singerocomus* em herbários disponibilizados em bancos de dados públicos, com coleções provenientes do Brasil e da Guiana. Sendo 3 registros de *S. inundabilis*, 14 de *S. guadalupae* e 2 para *S. rubriflavus* (Tabela 2; Figura 4). O número de registros documentados em herbários foi inferior ao número de localidades mencionadas na literatura, sugerindo que nem todos os espécimes coletados foram depositados em herbários ou que alguns depósitos ainda não estão digitalizados e disponíveis em bases de dados públicas.

Figura 4. Número de registros de espécimes de *Singerocomus* depositados em herbários.



Fonte: Elaborado pela autora (2025).

5.3. COMENTÁRIOS SOBRE A ESPÉCIE-TIPO DE *BOLETUS GUADELUPAE*

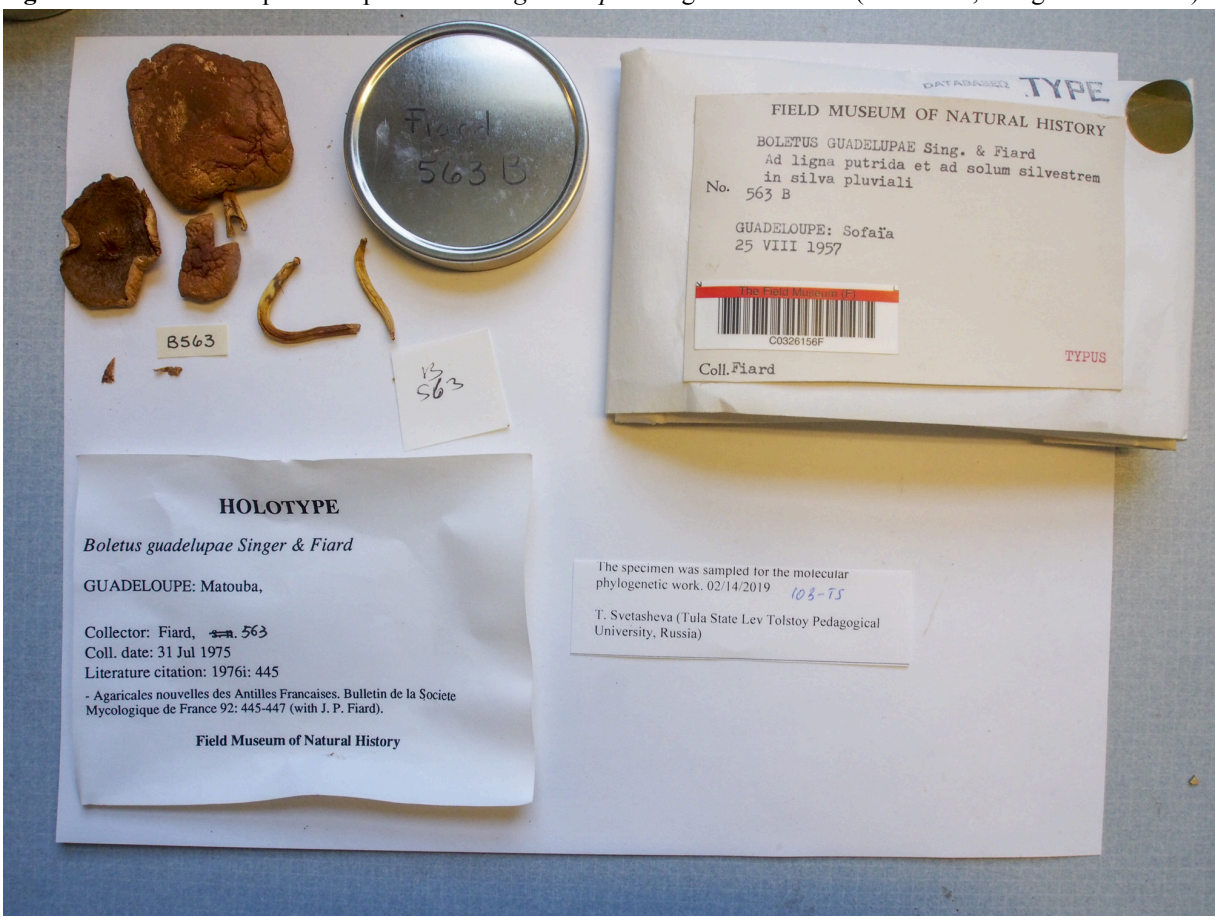
Boletus guadelupae Singer & J.P. Fiard, 1976
Holotype/paratype (Gelardi et al., 2023; 31 of 36): Guadelupe, Matouba, Basse Terre, 700 m, 31.vii.1975, leg. J.P. Fiard 563 (F 1020987).

O material-tipo de *Boletus guadelupae* Singer & J.P. Fiard (1976) apresenta uma inconsistência quanto à separação dos espécimes correspondentes ao holótipo e ao parátipo. A imagem consultada no acervo digital do herbário F (Figura 5) evidencia duas exsicatas distintas, rotuladas como “Fiard 563” e “Fiard 563B”. Essas coletas correspondem às duas localidades mencionadas originalmente por Singer e Fiard (1976), sendo “Fiard 563” proveniente de Matouba e “Fiard 563B” de Sofaïa.

Entretanto, a análise dessa imagem mostra três basidiomas acondicionados em um único recipiente metálico, indicando que ambas as coletas foram depositadas juntas. Essa mistura inviabiliza a associação precisa entre os basidiomas e suas localidades de origem. Dessa

forma, conforme proposto por Gelardi et al. (2023), considera-se que a exsicata com o código de barras C0326156F corresponde simultaneamente ao holótipo e ao parátipo de *B. guadelupae*, uma vez que o protólogo da espécie define claramente o holótipo (Greuter et al., 2025; Art. 9.2).

Figura 5. Exsicata do espécime-tipo de *Boletus guadelupae* Singer & J.P. Fiard (herbário F, código C0326156F).



Fonte: Reproduzido do site do Field Museum of Natural History (herbário F) https://fm-digital-assets.fieldmuseum.org/1861/225/C0326156F_SPECIMEN_b.jpg.

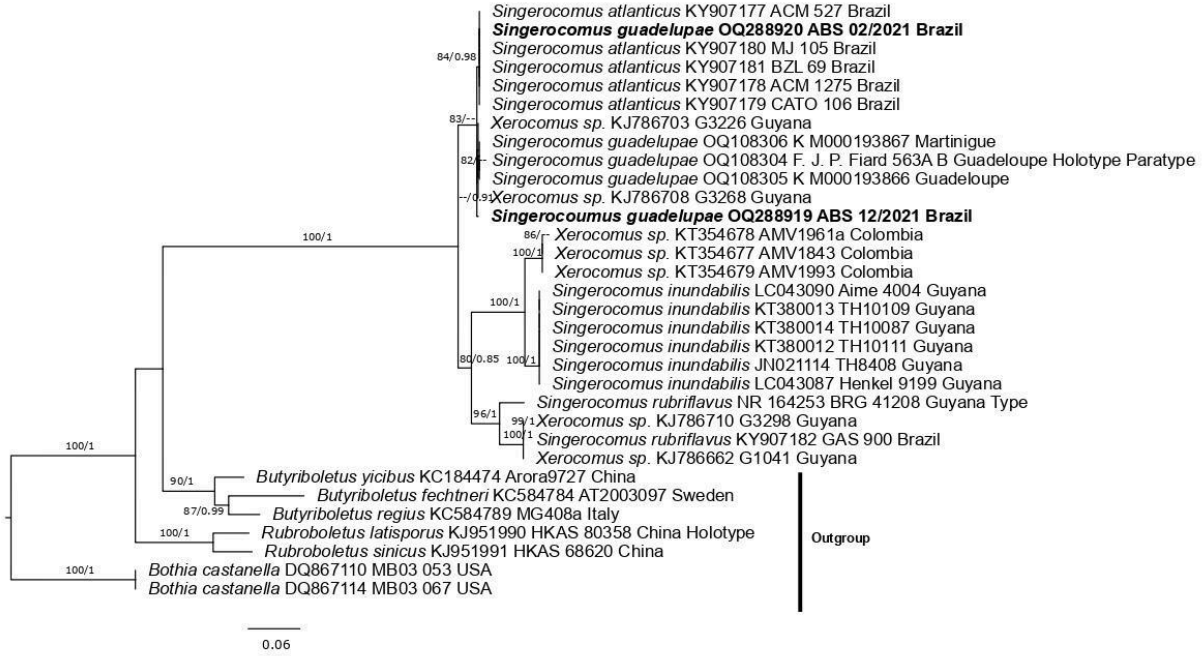
5.4. CONSIDERAÇÕES TAXONÔMICAS: NOVO REGISTRO DE OCORRÊNCIA PARA O NORDESTE BRASILEIRO

5.4.1. Análises moleculares e filogenéticas

As sequências (OQ288919 e OQ288920) obtidas a partir dos espécimes analisados foram submetidas a análise BLAST de nucleotídeos que demonstrou que os espécimes correspondem a *S. guadelupae* (nuc-ITS rDNA, Per. ident. 99,35-100%, E-valor 0,00). As análises ML e Bayesiana produziram as mesmas topologias. Portanto, apenas as árvores ML com valores MLB e BPP são mostradas (Figura 5). O conjunto de dados ITS de *S. guadelupae* compreende 32 sequências (as espécies *Butyriboletus* e *Rubroboletus*, e *Bothia* castanella foram usadas como táxons de grupo externo) e 820 caracteres.

As sequências ITS agrupam nossos espécimes com coleções de *S. guadelupae de Guadalupe* (incluindo o holótipo OQ108304), dois *Xerocomus sp.* da Guiana, e cinco *S. atlanticus* do Brasil, correspondendo ao "clado guadelupae" (ver Gelardi et al. 2023), com alto suporte. Observamos também dois sub-clados muito bem caracterizados, um formado por sequências da Mata Atlântica Brasileira + ABS 02/2021 e sequências das Pequenas Antilhas + espécime ABS 12/2021. Aparentemente, isso reflete uma variação genotípica entre as populações de *S. guadelupae*, com a ocorrência de ambos na Mata Atlântica da Paraíba.

Figura 6. Árvore filogenética de *Singerocomus* baseada em análises de ML e BI para a região nrDNA-ITS. As sequências geradas estão em negrito. Os valores de suporte Bootstrap (MLB≥0,70 - direita) e os valores de Probabilidades Posteriores (BPP≥0,80 - esquerda) são mostrados acima dos ramos suportados. Sequências de *Butyriboletus*, *Rubroboletus* e *Bothia castanella* (DQ867114; DQ867114) foram utilizadas como táxons de grupo externo.



Fonte: Elaborado pela autora (2025).

5.4.2. Diagnóstico da nova coleção de Singerocomus guadelupae

Singerocomus guadelupae (Singer & Fiard) Gelardi, Biketova, Martinez-Suz & Vizzini, Mycol. Prog. 22: 29. 2023. Figuras 6-7.

≡ *Boletus guadelupae* Singer & Fiard, Bull. Soc. Mycol. Fr. 92: 445. 1976.

≡ *Xerocomus guadelupae* (Singer & Fiard) Pegler, Kew Bull. Add. Ser. 9: 575. 1983.

= *Singerocomus atlanticus* A.C. Magnago, Acta Bot. Bras. 32: 224. 2018.

Píleo com 31–45 mm de diâmetro, convexo a plano-convexo, vinho escuro (oac622) a vermelho-escuro (oac608, 609, 622) ou rosado (oac500), onde pode apresentar tons creme-amarelados claros (oac899), superfície levemente aveludada, minimamente rimulosa-areolada, seca, margem inteira e plana; contexto com 4–8 mm de espessura próximo ao centro, creme (oac858) a creme-claro-claro (oac7) ou branco (oac909), sólido, macio, imutável. Himenóforo tubuloso, verde (oac75, 96) verde-claro (oac47, 48), variando de 3–5 mm de comprimento, adnato, pode ser deprimido ao redor do estipe; Poros arredondados a subarredondados a angulares (alguns), alongados radialmente próximo ao estipe, 0,4–1,5 mm de diâmetro, concolores com os tubos, inalterados quando lesionados. Estipe 54–73 × 7–8 mm, central, uniforme, creme (oac814, 815) a creme-claro (oac900) com tons rosados (oac484, 499), onde em alguns materiais o ápice pode ser rosado (oac500) com a base creme-amarelada (oac5, 6); superfície fibrilosa, pruinosa, afinando em direção à base, seca; contexto creme (oac814) a branco (oac909), sólido, fibroso, inalterado, alguns materiais apresentam-se parcialmente consumidos com rastros de vermes amarelados visíveis. Odor agradável, levemente adocicado. Impressão de esporos não realizada.

Testes macroquímicos: na presença de KOH 3-4%, superfície do píleo bege-esverdeada a ocre claro e contexto ocre claro, himenóforo ocre esverdeado a ocre, superfície do estipe ocre a negativa e contexto negativo; na presença de NH_4OH, superfície do píleo bege-esverdeada a negativa e contexto, himenóforo, superfície do estipe e contexto negativos.

Basidiósporos [60,2,2] (5,3–)5,8–7,8(–8,3) × (3,9–)4,4–5,3 µm, L = 7,1 µm, W = 4,7 µm, Q = (1,18–)1,27–1,77(–1,88), Qm = 1,52, elipsóide a amplamente elipsoide, liso, pálido em KOH 3-4%, inamiloide, paredes finas, apêndice hilar proeminente e sublateral. ***Basídios*** 24,0–36,7 × 7,8–10,8 µm, clavados, 4-esterigmas, hialinos em KOH 3%, paredes finas. ***Pleurocistídios*** 33,3–81,3 × 5,8–9,8 µm, fusoides a subfusoides a subventrico-rostrados, às vezes com pescoço longo e ápice obtuso, hialinos em KOH 3%, paredes finas. ***Queilocistídios*** 36,2–53,9 × 5,8–8,8 µm, subfusoides a subventrico-rostrados, às vezes com pescoço longo e ápice obtuso, hialinos em KOH 3%, paredes finas. Trama himenoforal pouco divergente para filoporoide, gelatinizada, com hifas de 3 a 9 µm de largura, hialina em KOH 3%, paredes finas, presença de hifas oleíferas. ***Pileipellis*** tricodermal, elementos terminais e células terminais cilíndricos com ápice obtuso, 5,4 a 13,8 µm de largura, paredes finas, marrom-claro em KOH 3%. Trama do píleo com hifas entrelaçadas de 4,4 a 11,7 µm de largura, hialina em KOH 3%, gelatinizada, presença de hifas oleíferas. ***Stipitipellis*** predominantemente uma cútis, mas em alguns segmentos uma tricodrme com células terminais cilíndricas a alongadas-cilíndricas com ápice obtuso, 4,4–8 µm de largura, pálidas a hialinas em KOH 3%,

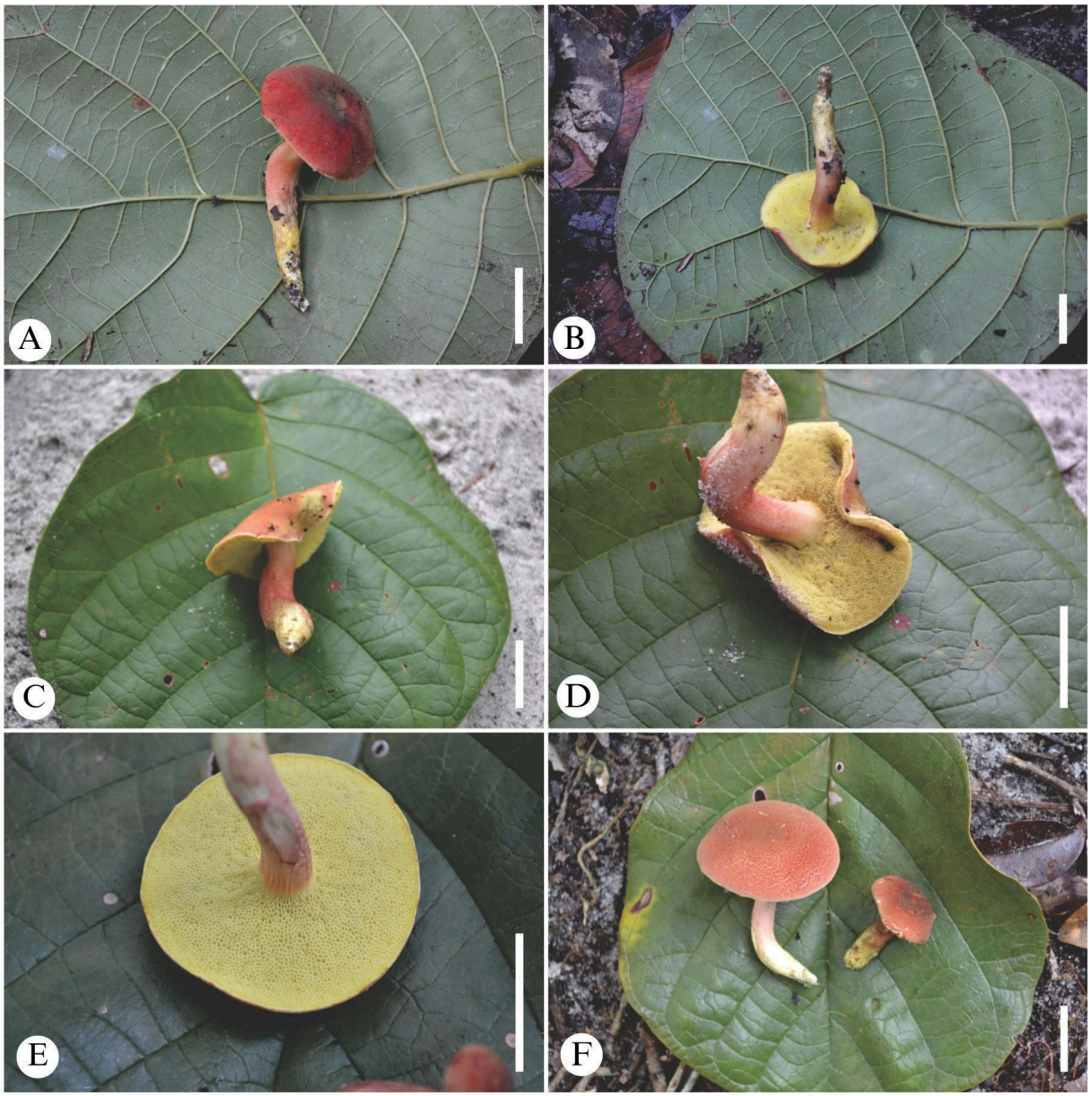
também mostram tufos dispersos compostos de caulobasidiolos; caulobasídios amplamente clavados, 18,6–30,4 × 7,8–11,3 µm, paredes finas, e alguns caulocistídios subventricos-rostrados com ápice obtuso 25,5–37,2 × 5,8–11,8 µm, todos pálidos a hialinos em KOH 3%, paredes finas. Trama do estipe orientada longitudinalmente, com hifas de 5,4–10,8 µm de largura, hialinas em KOH 3%, presença de hifas oleíferas. Conexões de grampo ausentes.

Hábito e habitat: solitário ou gregário em solo arenoso em fragmentos de Mata Atlântica pertencentes a duas unidades de conservação no Nordeste do Brasil. Na área de coleta, ocorrem algumas espécies arbóreas pertencentes às famílias Nyctaginaceae e Polygonaceae, conhecidas por incluírem espécies formadoras de ectomicorrizas (Smith e Read, 2008): *Guapira opposita* (Vell.) Reitz, *G. pernambucencis* (Casar.) Lundell, *Coccoloba alnifolia* Casar., *C. arborescens* (Vell.) R.A. Howard, *C. laevis* Casar., *C. mollis* Casar., *C. ramosissima* Wedd. e *C. scandens* Casar. ocorrem na REBio Guaribas (Barbosa et al., 2011), enquanto *C. alnifolia* e *C. laevis* são registradas na APA Barra do Rio Mamanguape (Pereira e Alves, 2007).

Distribuição conhecida: Mata Atlântica brasileira dos estados do Espírito Santo e Santa Catarina (Magnago et al. 2018, como *S. atlanticus*), e atualmente da Mata Atlântica do estado da Paraíba. Também foi registrado na Martinica, Guadalupe e Dominica, nas Pequenas Antilhas (Singer & Fiard 1976, Pegler 1983, Gelardi et al. 2023).

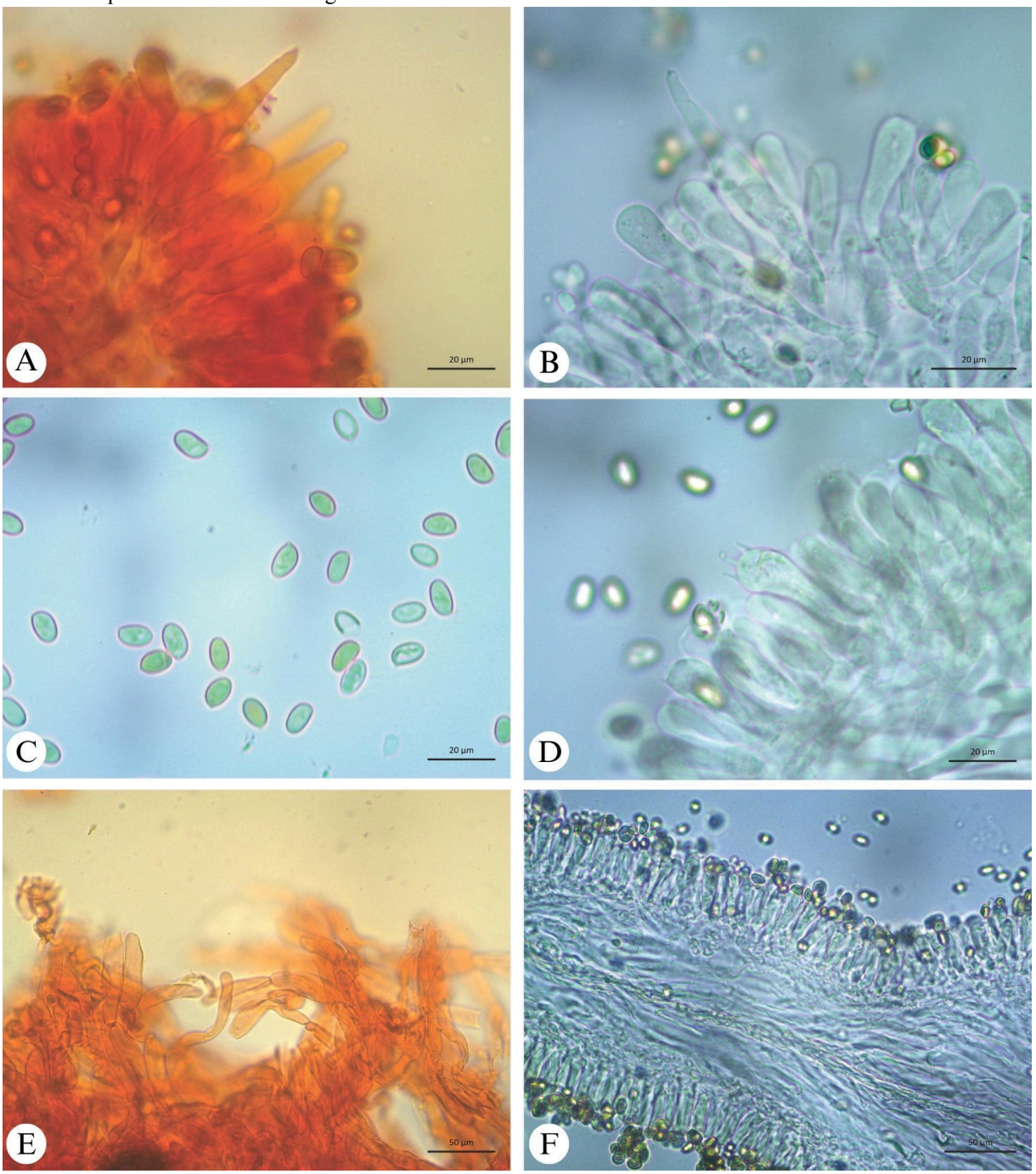
Material examinado: Paraíba, Mamanguape, REBio Guaribas, SEMA II, 28.vii.2021, A. Barbosa-Silva ABS 12/2021 (JPB 67191) GenBank ITS OQ288919-LSU OQ288923; mesmo local, mesma data, A. Barbosa-Silva ABS 19/2021 (JPB 67192); mesmo local, 04.viii.2021, F. Wartchow FW 64/2021 (JPB 67194); Rio Tinto, APA Barra do Rio Mamanguape, Mata do Oiteiro, 26.vii.2021, A. Barbosa-Silva ABS 02/2021 (JPB 67187) GenBank ITS OQ288920-LSU OQ288924; mesmo local, mesma data, A. Barbosa-Silva ABS 03/2021 (JPB 67188), A. Barbosa-Silva ABS 05/2021 (JPB 67189), A. Barbosa-Silva ABS 06/2021 (JPB 67190); mesmo local, 02.viii.2021, A. Barbosa-Silva ABS 22/2021 (JPB 67193).

Figura 7. Basidiomas *in loco* de *Singerocomus guadelupae*. **A-B.** ABS 02/2021. **C-D.** ABS 12/2021. **E-F**. FW 64/2021. Barras de escala = 20 mm.



Fonte: Elaborado pela autora (2025), a partir de fotografias dos espécimes *in loco* por Felipe Wartchow (Universidade Federal da Paraíba, Departamento de Sistemática e Ecologia).

Figura 8. Características micromorfológicas de *Singerocomus guadelupa*e. **A**. Queilocistídios em vermelho Congo. **B.** Queilocistídios e basidiólos em KOH a 4%. **C.** Basidiósporos em KOH a 4%. **D.** Basídios em KOH a 4%. E. Pileipellis em vermelho Congo. **F.** Trama himenoforal em KOH a 4%.



Fonte: Elaborado pela autora (2025).

Com base em evidências morfológicas, moleculares e filogenéticas, os espécimes analisados correspondem morfologicamente à descrição de *Singerocomus guadelupae* apresentada por Singer e Fiard (1976), Magnago et al. (2018) e Gelardi et al. (2023) (Figuras 5-7). Por apresentarem:

(1) tons aveludados e vermelhos a rosados na superfície do píleo;

(2) cor creme a vermelha ou ambas misturadas na superfície do estipe;

(3) cor branca a creme do píleo e do estipe;

(4) contexto branco a creme e inalterado quando lesionado;

(5) Dimensões e coloração das estruturas micromorfológicas semelhantes.

Por outro lado, as reações macroquímicas apresentaram certa variabilidade entre os espécimes (Singer & Fiard, 1976; Magnago et al., 2018; Gelardi et al., 2023). Na aplicação de KOH (3–4%) as mudanças de coloração observadas foram:

(1) Na superfície do píleo, tons de bege-esverdeado a ocre-claro; com o contexto também assumindo tonalidade ocre-clara;

(2) No himenóforo, a coloração variou de ocre-esverdeada a ocre;

(3) Na superfície do estipe, ocre a negativas enquanto o contexto do estipe apenas negativas.

Quando aplicado NH_4OH, as reações foram:

(1) Na superfície do píleo, bege-esverdeado a negativa, com o contexto negativo;

(2) No himenóforo, negativo;

(3) Na superfície do estipe, negativo;

Essas pequenas variações indicam que, embora os materiais correspondam inequivocamente a *S. guadelupae*, há indícios de uma plasticidade fenotípica intraespecífica entre as populações analisadas.

Além de *S. guadelupae*, outras espécies do gênero, como *S. imundabilis* e *S. rubriflavus* também apresentam tonalidades avermelhadas no píleo e são relativamente difíceis de diferenciar, baseando-se apenas em caracteres macro e micromorfológicos. No entanto, essas espécies podem ser diferenciadas por suas características microscópicas, ou seja, a primeira espécie não possui queilocistídios (Singer et al., 1983; Henkel et al., 2016), enquanto *S. rubriflavus* é caracterizada por apresentar basidiósporos maiores, 9–11(–12) × 4,5–6,5 µm (Henkel et al., 2016).

Em termos ecológicos, *Singerocomus guadelupae* foi originalmente registrada “no solo de uma floresta primária degradada e uma vez em madeira morta” na ilha de Guadalupe (Singer & Fiard, 1976), e posteriormente “em solo entre folhas” e “solitária no solo em floresta primária higrófila” na Martinica e em Guadalupe, respectivamente (Pegler, 1983). O seu sinônimo *S. atlanticus* foi descrito como ocorrendo “em solo, nas proximidades de possíveis hospedeiros ectomicorrízicos das famílias Nyctaginaceae e Fabaceae” (Magnago et al., 2018). No entanto, nenhum desses trabalhos apresentou informações sobre o tipo de solo.

Neste estudo, registramos que os espécimes de *S. guadelupae* provenientes da Paraíba foram coletados em solo arenoso branco, característico das formações conhecidas como “savanas de tabuleiro”. Esses ambientes são compostos por manchas de vegetação savânica sobre solos bem drenados e intercaladas por áreas de florestas semidecíduas (Thomas & Barbosa, 2008).

Pesquisas anteriores indicam que a ocorrência de fungos ectomicorrízicos em ambientes de areia branca pode influenciar significativamente a estrutura e a diversidade das comunidades arbóreas (Roy et al., 2016). Tais ecossistemas são reconhecidos por abrigarem fungos ectomicorrízicos frequentes, geralmente associados a um número reduzido de espécies arbóreas hospedeiras, incluindo representantes de Polygonaceae e Nyctaginaceae (Smith & Read, 2008; Roy et al., 2016). A fitofisionomia das áreas de coleta na Paraíba inclui indivíduos desses possíveis hospedeiros, como as espécies de Guabira e Coccoloba (Pereira & Alves, 2007; Barbosa et al., 2011).

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O presente trabalho amplia o conhecimento sobre a riqueza e distribuição do gênero *Singerocomus*, registrando pela primeira vez a ocorrência de *S. guadelupae* para o Nordeste do Brasil. A integração entre análises morfológicas, moleculares e dados provenientes de coleções biológicas, revelou-se fundamental para a confirmação de identidades taxonômicas dos espécimes, evidenciando a importância do uso combinado de abordagens na elucidação de limites genéricos e específicos dentro de Boletaceae.

A elaboração de um checklist atualizado das espécies de *Singerocomus*, aliado ao levantamento de registros depositados em herbários e à revisão de dados de distribuição, servem de base para futuros estudos sistemáticos, ecológicos e biogeográficos. Esses resultados destacam o papel das coleções micológicas como fontes insubstituíveis de informação científica, permitindo reavaliações contínuas e ampliando o acesso a dados sobre a micobiota neotropical.

Além de contribuir com novos registros para a funga brasileira, este trabalho reforça a importância de intensificar os esforços de coleta, preservação e caracterização de fungos em regiões subamostradas. Tais iniciativas são essenciais diante do cenário atual de perda de biodiversidade, pois subsidiam estratégias de conservação e aprimoram a compreensão das relações evolutivas e ecológicas entre fungos e seus hospedeiros. Os resultados reiteram que o Nordeste brasileiro representa uma região ainda pouco explorada para a micologia, abrigando um potencial significativo de descoberta de novos táxons e de expansão do conhecimento sobre a diversidade fúngica.

REFERÊNCIAS

ALVES, R. R. N.; NISHIDA, A. K. **Aspectos socioeconômicos e formas de percepção ambiental dos catadores de caranguejo-uçá *Ucides cordatus cordatus* (L. 1763) (Decapoda, Brachyura) do estuário do rio Mamanguape**. Interciência, v. 28, n. 1, p. 36–43, 2003. Disponível em: https://www.redalyc.org/pdf/339/33911205.pdf.

BARBOSA, J. J.; LEAL, A. H. Ocorrência de incêndios combatidos e registrados pela equipe da Reserva Biológica Guaribas. **Biodiversidade Brasileira**, v. 12, n. 1, p. 118–127, 2022. Disponível em: https://doi.org/10.37002/biodiversidadebrasileira.v12i1.1834.

BARBOSA, M. R. B. et al. Checklist of the vascular plants of the Guaribas Biological Reserve, Paraíba, Brazil. **Revista Nordestina de Biologia**, v. 20, p. 79–106, 2011.

BARBOSA-SILVA, A. et al. Fistulinella distromatica (Boletaceae, Basidiomycota), a new bolete from the Atlantic Forest of Bahia, Brazil. **Turkish Journal of Botany**, v. 46, n. 5, p. 528–539, 2022. Disponível em: https://doi.org/10.55730/1300-008X.2728.

DARRIBA, D. et al. . jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. **Nature Methods**, v. 9, n. 8, p. 772, 2012. Disponível em: https://doi.org/10.1038/nmeth.2109.

DENTINGER, B. T. M. et al. Tales from the crypt: genome mining from fungarium specimens improves resolution of the mushroom tree of life. **Biological Journal of the Linnean Society**, London, v. 117, p. 11–32, 2016. Disponível em: https://doi.org/10.1111/bij.12553.

GARDES, M.; BRUNS, T. D. ITS primers with enhanced specificity for Basidiomycetes – application to the identification of mycorrhizae and rusts. **Molecular Ecology**, v. 2, n. 2, p. 113–118, 1993. Disponível em: https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.1993.tb00005.x.

GELARDI, M. et al. Coccoloba-associated xerocomoid boletes (Boletaceae) from the Caribbean and Mexico: *Tropicoboletus ruborculus* gen. et comb. nov., revision of *Xerocomus coccolobae*, phylogenetic assessment of *Singerocomus guadelupae* comb. nov., and type studies of *Xerocomus caeruleonigrescens*, *X. cuneipes*, and *X. pseudoboletinus* var. *pini-caribaeae*. **Mycological Progress**, v. 22, p. 29, 2023. Disponível em: https://doi.org/10.1007/s11557-023-01876-7.

GREUTER, W. et al. Código Internacional de Nomenclatura para algas, hongos y plantas. VI edición en español (Código de Madrid). **Occasional Papers from the Herbarium Greuter**, n. 6. Berlin: Stiftung Herbarium Greuter, 2025. Disponível em: https://doi.org/10.7320/codigo.de.madrid.

HAWKSWORTH, D.L.; LÜCKING, R. Fungal Diversity Revisited: 2.2 to 3.8 Million Species. **Microbiology Spectrum**, [*S.l.*], v. 5, n. 4, p. 10–1128, 2017. Disponível em: https://doi.org/10.1128/9781555819583.ch4.

HENKEL, T. W. et al. New Boletaceae taxa from Guyana: *Binderoboletus segoi* gen. et sp. nov., *Guyanaporus albipodus* gen. et sp. nov., *Singerocomus rubriflavus* gen. et sp. nov., and a new combination for *Xerocomus inundabilis*. **Mycologia**, v. 108, n. 1, p. 157–173, 2016. Disponível em: https://doi.org/10.3852/15-075.

HYDE, K.D. *et al*. The 2024 Outline of *Fungi* and fungus-like taxa. **Mycosphere**, v. 15, n. 1, p. 5146-6239, 2024. Disponível em: http://dx.doi.org/10.5943/mycosphere/15/1/25.

Index Fungorum: database of fungal names. Index Fungorum, 2025. Disponível em: http://www.indexfungorum.org.

KATOH, K. et al. MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. **Nucleic Acids Research**, v. 30, n. 14, p. 3059–3066, 2002. Disponível em: https://doi.org/10.1093/nar/gkf436.

KEARSE, M. et al. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. **Bioinformatics**, v. 28, n. 12, p. 1647–1649, 2012. Disponível em: https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts199.

KENDRICK, Bryce. **The Fifth Kingdom**: An introduction to mycology. 4. ed. Indianapolis: Focus, 2017.

KRAMER, Lisa A.. **The Online Auction Color Chart**: the new language of color for buyers and sellers. Palo Alto: Online Auction Color Chart Company, 2004.

LEBEL, T. et al. A mixed bag of sequestrate fungi from five different families: Boletaceae, Russulaceae, Psathyrellaceae, Strophariaceae, and Hysterangiaceae. **Swainsona**, Adelaide, v. 36, p. 33–65, 2022. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/359641170.

LI, Y.-C.; YANG, Z. L. The Boletes of China: *Tylopilus* s.l. **Springer Nature Singapore**, Singapore, 2021. Disponível em: http://dx.doi.org/10.1007/978-981-16-2986-0.

MAGNAGO, A. C. et al. *Singerocomus atlanticus* sp. nov., and a first record of *Singerocomus rubriflavus* (Boletaceae, Boletales) for Brazil. **Acta Botanica Brasilica**, v. 32, n. 2, p. 222–231, 2018. Disponível em: https://doi.org/10.1590/0102-33062017abb0320.

MILNE, I. et al. TOPALi v2: a rich graphical interface for evolutionary analyses of multiple alignments on HPC clusters and multi-core desktops. **Bioinformatics**, v. 25, n. 1, p. 126–127, 2008. Disponível em: https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn575.

MILLER, M. A. et al. Creating the CIPRES science gateway for inference of large phylogenetic trees. **Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop**, p. 1–8, 2010. Disponível em: https://doi.org/10.1109/GCE.2010.5676129.

MUELLER, G. M. et al. Global diversity and distribution of macrofungi. Biodiversity and Conservation, Dordrecht, v. 16, p. 37–48, 2007. DOI: https://doi.org/10.1007/s10531-006-9108-8.

NISKANEN, T. et al. Pushing the frontiers of biodiversity research: unveiling the global diversity, distribution, and conservation of fungi. **Annual Review of Environment and Resources**, v. 48, p. 149–176, 2023. Disponível em: https://doi.org/10.1146/annurev-environ-112621-090937.

NUHN, M. E. et al. Phylogenetic overview of the Boletineae. **Fungal Biology**, v. 117, n. 7-8, p. 479-511, 2013. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.funbio.2013.04.008;

PEGLER, D. N. Agaric flora of the Lesser Antilles. **Kew Bulletin Additional Series**, n. 9, p. 1–668, 1983. Disponível em: http://dx.doi.org/10.4236/oalib.1102969.

PEIXOTO, A. E. S. et al. *Singerocomus guadelupae* (Boletaceae, Agaricomycetes): morphology and phylogeny reveal a widely distributed neotropical bolete discovered in Northeast Brazil. **Italian Journal of Mycology**, v. 54, n. 1, p. 139–148, 2025. Disponível em: https://doi.org/10.6092/issn.2531-7342/21116.

PEIXOTO, A. L.; MORIM, M. Coleções botânicas: Documentação da biodiversidade brasileira. **Ciência e Cultura**, São Paulo, v. 55, n. 3, p. 21–24, 2003. Disponível em: http://cienciaecultura.bvs.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0009-67252003000300016.

PEREIRA, M. S.; ALVES, R. R. N. Composição florística de um remanescente de Mata Atlântica na Área de Proteção Ambiental Barra do Rio Mamanguape, Paraíba, Brasil. **Revista de Biologia e Ciências da Terra**, v. 7, n. 1, p. 1–10, 2007. Disponível em: http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=50007101.

RONQUIST, F.; HUELSENBECK, J. P. MrBayes3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. **Bioinformatics**, v. 19, n. 12, p. 1572–1574, 2003. Disponível em: https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg180.

ROY, M. et al. Diversity and distribution of ectomycorrhizal fungi from Amazonian lowland white-sand forests in Brazil and French Guiana. **Biotropica**, v. 48, n. 1, p. 90–100, 2016. Disponível em: https://doi.org/10.1111/btp.12297.

SINGER, R.; IVORY, M. H.. The ectotrophically mycorrhizal fungi of the neotropical lowlands, especially central Amazonia. J. Cramer, 1983. 352 p. Disponível em: https://doi.org/10.5555/19841394943.

SINGER, R.; FIARD, J. P. Agaricales nouvelles des Antilles Française. **Bulletin de la Société Mycologique de France**, v. 92, n. 4, p. 445–447, 1976. Disponível em:

SMITH, S. E.; READ, D. **Mycorrhizal Symbiosis**. 3. ed. New York: Academic Press, 2008. Disponível em: https://doi.org/10.1016/B978-0-12-370526-6.X5001-6.

STAJICH, J. E. et al. The fungi. **Current Biology**, v. 19, n. 18, p. R840–R845, 29 set. 2009. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.cub.2009.07.004.

STAMATAKIS, A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. **Bioinformatics**, v. 30, n. 9, p. 1312–1313, 2014. Disponível em: https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033.

STEFFEN, W. et al. *Planetary boundaries: guiding human development on a changing planet.* **Science**, Washington, v. 347, n. 6223, p. 1259855, 2015. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/270898819.

TURLAND, N.J. et al. (eds.) I**nternational Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Madrid Code)**. 2024. In press.

THIERS, B. Index Herbariorum: a global directory of public herbaria and associated staff. **New York Botanical Garden's Virtual Herbarium**, 2025. Atualizado continuamente. Disponível em: http://sweetgum.nybg.org/science/ih/.

THOMAS, W. W.; BARBOSA, M. R. V. Natural vegetation types in the Atlantic Coastal Forest of Northeastern Brazil. **Memoirs of the New York Botanical Garden**, v. 100, p. 6–20, 2008. Disponível em:

WATKINSON, S.C.; BODDY, L.; MONEY, N.P. **The Fungi**. 3. ed. Elsevier Science & Technology, 2015. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/book/9780127384450/the-fungi.

WHITE, T.J. *et al*. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *In*: INNIS, Michael A. *et al* (ed.). **PCR Protocols**: a guide to methods and applications. San Diego: Academic Press, 1989. p. 315-322. Disponível em: https://doi.org/10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1.

WU, Gang et al. Molecular phylogenetic analyses redefine seven major clades and reveal 22 new generic clades in the fungal family Boletaceae. **Fungal Diversity**, v. 69, n. 1, p. 93-115, mar. 2014. Disponível em: http://dx.doi.org/10.1007/s13225-014-0283-8.

.

APÊNDICE

APÊNDICE A – Táxons, localizações, vouchers dos espécimes, códigos de acesso do Genbank (nrITS) do gênero *Singerocomus* e grupos relacionados incluídos nas análises filogenéticas. Sequências em negrito foram geradas neste estudo.

Táxon	País	Voucher	Código de acesso	Observações
Singerocomus atlanticus	Brasil	ACM 527	KY907177	–
Singerocomus guadelupae	**Brasil**	**ABS 02/2021**	**OQ288920**	**–**
Singerocomus atlanticus	Brasil	M 105	KY907180	–
Singerocomus atlanticus	Brasil	BZL 69	KY907181	–
Singerocomus atlanticus	Brasil	ACM 1275	KY907178	–
Singerocomus atlanticus	Brasil	CATO 106	KY907179	–
Xerocomus sp.	Guiana	G3226	KJ786703	–
Singerocomus guadelupae	Martinica	K M000193867	OQ108306	–
Singerocomus guadelupae	Guadalupe	F. J. P. Fiard 563A/B	OQ108304	Parátipo/ Holótipo
Singerocomus guadelupae	Guadalupe	K M000193866	OQ108305	–
Xerocomus sp.	Guiana	G3268	KJ786708	–
Singerocomus guadelupae	**Brasil**	**ABS 12/2021**	**OQ288919**	–
Xerocomus sp.	Colômbia	AMV1961a	KT354678	–
Xerocomus sp.	Colômbia	AMV1843	KT354677	–
Xerocomus sp.	Colômbia	AMV1993	KT354679	–
Singerocomus inundabilis	Guiana	Aime 4004	LC043090	–
Singerocomus inundabilis	Guiana	TH10109	KT380013	–
Singerocomus inundabilis	Guiana	TH10087	KT380014	–
Singerocomus inundabilis	Guiana	TH10111	KT380012	–
Singerocomus inundabilis	Guiana	TH8408	JN021114	–
Singerocomus inundabilis	Guiana	Henkel 9199	LC043087	–
Singerocomus rubriflavus	Guiana	BRG 41208	NR164253	Tipo
Xerocomus sp.	Guiana	G3298	KJ786710	–
Singerocomus rubriflavus	Brasil	GAS 900	KY907182	–
Xerocomus sp.	Guiana	G1041	KJ786662	–
Butyriboletus yicibus	China	Arora9727	KC184474	–

Butyriboletus fechtneri	Suécia	AT2003097	KC584784	–
Butyriboletus regius	Itália	MG408a	KC584789	–
Rubroboletus latisporus	China	HKAS 80358	KJ951990	Holótipo
Rubroboletus sinicus	China	HKAS 68620	KJ951991	–
Bothia castanella	USA	MB03 053	DQ867110	–
Bothia castanella	USA	MB03 067	DQ867114	–

Fonte: Elaborada pela autora (2025).

ANEXO

ANEXO A – Artigo científico.

IJM - Italian Journal of Mycology
ISSN 2531-7342 - Vol. 54 (2025): 139 - 148
Journal homepage: https://italianmycology.unibo.it/

Short note

Singerocomus guadelupae (Boletaceae, Agaricomycetes): morphology and phylogeny reveal a widely distributed neotropical bolete discovered in Northeast Brazil

Andreza E. S. Peixoto[1], Erica S. Falcão[2], Anderlechi Barbosa-Silva[3], Ricardo Koroiva[4], Felipe Wartchow[5]

[1]Universidade Federal da Paraíba, Departamento de Sistemática e Ecologia, CEP 58051-970, João Pessoa, Paraíba, Brazil. https://orcid.org/0009-0003-5309-3693
[2]Universidade Federal de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Av. da Engenharia, s/n, Cidade Universitária CEP: 50740-570, Recife, Pernambuco, Brazil. https://orcid.org/0000-0003-0919-1125
[3]João Pessoa, PB, Brazil. https://orcid.org/0000-0001-5294-9515
[4]Universidade Federal da Paraíba, Departamento de Engenharia e Meio Ambiente CEP 58059-585, Rio Tinto, Paraíba, Brazil. https://orcid.org/0000-0002-6658-0824
[5]Universidade Federal da Paraíba, Departamento de Sistemática e Ecologia, CEP 58051-970, João Pessoa, Paraíba, Brazil. https://orcid.org/0000-0003-4930-565X

Corresponding author e-mail:fwartchow@yahoo.com.br

ARTICLE INFO
Received 15/01/2025; accepted 22/04/2025
https://doi.org/10.6092/issn.2531-7342/21116

Abstract
Singerocomus guadelupae is characterized by velutinous and red to pink pileus surface, cream to red or both colors mixed in stipe surface, unchanging white to cream pileus and stipe context, broadly ellipsoid inamyloid basidiospores, and fusoid to ventricose-rostrate cystidia. Morphological, molecular and phylogenetic analyses were performed on materials collected in Paraíba state, demonstrating that they belong to *S. guadelupae* with some characteristics not previously described for the species, suggesting a somewhat intraspecific phenotypic and phylogenetic plasticity. Also, it has a wide distribution, occurring from the Lesser Antilles towards South Brazil, and now is recorded for the first time from Northeast Brazil, in two conservation units from the state of Paraíba.

Keywords
Atlantic Forest, Basidiomycota, Boletales, distribution, systematic, taxonomy

Introduction

Singerocomus T.W. Henkel & M.E. Sm. is a neotropical genus of boletoid fungi recently described from Brazil and Guyana with *S. inundabilis* (Singer) T.W. Henkel as type species (Henkel et al., 2016). It was based after the combination of *Xerocomus inundabilis* Singer into *Singerocomus* from

Department of Agricultural and Food Science in partnership with the Italian Mycological Society (UMI).
The journal is hosted and maintained by AlmaDL. © 2025 The Authors. This work is licensed under CC BY 4.0

Peixoto et al.
https://doi.org/10.6092/issn.2531-7342/21116 Italian Journal of Mycology 54 (2025): 139 - 148

Brazilian Amazon and the description of *S. rubriflavus* T.W. Henkel & Husbands from the Pakaraima Mountains in Guyana and adjacent lowlands forests (Henkel et al., 2016). This genus is macromorphological characterized by the pinkish red to red and tomentose pileus with white to light yellow changing context; tubulose hymenophore depressed around the stipe, bearing yellow, subangular tubes with unchanging pores; equal in length, concolorous or lighter stipe, with glabrous or squamulose surface, with a yellow to dull yellow tomentose base, and unchanging white to light yellow context when cut. Microscopically it is characterized by olivaceous brown spore print, smooth and inamyloid ellipsoid basidiospores, presence (in *S. rubriflavus* and *S. guadelupae*) or absence (in *S. inundabilis*) cheilocystidia, mostly parallel (i.e., phylloporoid) hymenophoral trama, pileipellis a trichodermium with cylindrical terminal cells, and clamp connections absent (Henkel et al., 2016). There are only three known taxa of *Singerocomus*: *S. inundabilis*, *S. rubriflavus*, and more recently *S. atlanticus* A.C. Magnago from Brazil (Magnago et al., 2018), which was recombined into *S. guadelupae* by Gelardi et al. (2023). *Singerocomus rubriflavus* was also recorded from this country, in the Atlantic Forest of the state of Bahia (Magnago et al., 2018). This work aims to describe the first record of *S. guadelupae* from Northeast Brazil, collected in two Atlantic Forest conservation units from the state of Paraíba, with the description of morphological, molecular and phylogenetic data.

Materials and Methods

Specimens were collected from the 'Reserva Biologica (REBio) Guaribas', an Atlantic Forest reserve located in the municipalities of Mamanguape, state of Paraíba, Northeast Brazil (Barbosa and Leal, 2022). The collections were made in a 'tabuleiro savanna' forest (Thomas and Barbosa, 2008) in the 'SEMA 2', the largest forest fragment of this full protected conservation unit (Barbosa et al., 2011; Barbosa and Leal, 2022). The 'Área de Proteção Ambiental (APA) Barra do Rio Mamanguape' is another conservation unit, but with sustainability purpose and is composed by Atlantic Forest remnants with 14,460 ha, formed by the estuaries of the Mamanguape, Miriri and Estivas rivers, covering some areas in the state of Paraíba, Northeast Brazil (Alves and Nishida, 2003; Pereira and Alves, 2007). Color codes follow Kramer-oac (2004).

Microscopic observations were made from dried material mounted in 3% KOH and Congo red solutions, while the photomicrographs were taken using a camera and software connected to a microscope. Biometric statistics of the basidiospoores were based on 60 measurements. For other microstructures (basidia, basidioles, pileipellis, hymenophoral trama, cystidia), 20-25 measurements were realized for each one. Abbreviations include Qm = the Q value averaged from all basidiospores measured. The analyzed materials are deposited in the herbarium Lauro Pires Xavier-JPB (Thiers, 2024).

To confirm our specimens identification, the whole genomic DNA of two dried specimens was extracted from the hymenium using DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen, Germany). Partial sequences were obtained from the nuclear internal transcribed spacer (ITS rDNA) with the primer pairs ITS1F/ITS4 (White et al., 1990; Gardes and Bruns, 1993). PCR reactions were performed according to Barbosa-Silva et al. (2022). PCR products were unidirectional sequenced in an ABI 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems®).

We used GENEIOUS v 9.1.3 (Kearse et al., 2012) to check the sequence quality of the strands by comparison to their respective chromatograms. To identify our samples we assigned it to a species

Peixoto et al.
https://doi.org/10.6092/issn.2531-7342/21116 Italian Journal of Mycology 54 (2025): 139 - 148

through a nucleotide BLAST approach conducted in GenBank (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov; November 19, 2024). Sequences of *Singerocomus* present in GenBank were incorporated to analyses for the ITS rDNA region. In the phylogenetic analysis, we aligned sequences with MAFFT v7.017 (Katoh et al., 2002), using the G-INS-I algorithm.

The best nucleotide substitution model was selected using jModelTest 2v.1.6. (Darriba et al., 2012), and Maximum Likelihood (ML) analysis was performed in RAxML v8.2.X (Stamatakis, 2014) using GTRGAMMA as model of substitution for bootstrapping phase (rapid bootstrap analysis with 1000 replicates). These softwares are implemented in the CIPRES Science Gateway 3.1 (Miller et al., 2010).

Bayesian inferences (BI) were performed using MrBayes 3.1.1 (Ronquist and Huelsenbeck, 2003), with the best nucleotide substitution model selected automatically according to the BIC (Bayesian Information Criterion) for the ITS rDNA dataset (K80+G), with a module implemented in TOPALi v. 2 (Milne et al., 2008). Two independent parallel runs were run, sampling every 100 MCMC generation for 1 million total generations. After discarding the first 25% of the sampled trees as burn-in, a majority rule consensus tree and posterior probabilities (PP) were computed using the remaining trees. *Butyriboletus* and *Rubroboletus* species, and *Bothia castanella* (Peck) Halling, T.J. Baroni & Manfr. Binder were used as the outgroup taxa. Our sequences were deposited in GenBank (NCBI) under accession OQ288919 and OQ288920.

Results and Discussion

Comments on the type specimen of Boletus guadelupae

Boletus guadelupae Singer & J.P. Fiard, 1976

Holotype/paratype (Gelardi et al., 2023; 31 of 36): Guadelupe, Matouba, Basse Terre, 700 m, 31.vii.1975, leg. J.P. Fiard 563 (F 1020987).

Notes: Gelardi et al. (2023) discussed about the type material of *B. guadelupae* mentioning a brief confusion regarding the typification status of the specimens. The browsed image from the botanical collection of the herbarium F website (https://fm-digital-assets.fieldmuseum.org/1861/225/C0326156F_SPECIMEN_b.jpg) shows two different sheets, 'Fiard 563' and 'Fiard 563B'. Indeed, they really came from the two localities mentioned by Singer and Fiard (1976), in which 'Fiard 563' is from Matouba (the holotype) and 'Fiard 563B' from Sofaïa (paratype). However, that image showed three basidiomata and a single metallic pot, on which we can suppose that all were placed inside. Unfortunately, apparently both collections are mixed into this pot, making it unable to correlate which specimen belongs to which place. Thus, the best solution is to assume all exsiccatum with barcode C0326156F simultaneously corresponding to holotype and paratype of *B. guadelupae* (Gelardi et al., 2023), since the holotype was well defined in the protologue of the species (Greuter et al., 2025; Art. 9.2).

Phylogenetic analysis

In the species identification, our nucleotide BLAST analysis of the two sequences (OQ288919 and OQ288920) showed that the specimens correspond to *S. guadelupae* (nuc-ITSrDNA, identity 99.35–100%, E-value 0.00). Both ML and Bayesian analyses produced the same topologies. Therefore, only the ML trees with both MLB and BPP values are shown (Fig. 1). The ITS dataset of *S. guadelupae* comprises 32 sequences and 820 characters. The ITS sequences cluster our specimens together with

Peixoto et al.
https://doi.org/10.6092/issn.2531-7342/21116 Italian Journal of Mycology 54 (2025): 139 - 148

S. guadelupae collections from Guadeloupe (including the holotype-OQ108304) and Martinique, with two *Xerocomus* sp. from Guyana, and five Brazilian *S. atlanticus* corresponding to the "guadelupae clade" obtained by Gelardi et al. (2023) with high support. We also observed two well characterized subclades, one formed by Brazilian and Lesser Antilles sequences, and the second by continental sequences (Brazil and Guyana). It apparently reflects a probable genotypic variation among the populations of *S. guadelupae*, with the occurrence of both in the Atlantic Forest of Paraíba.

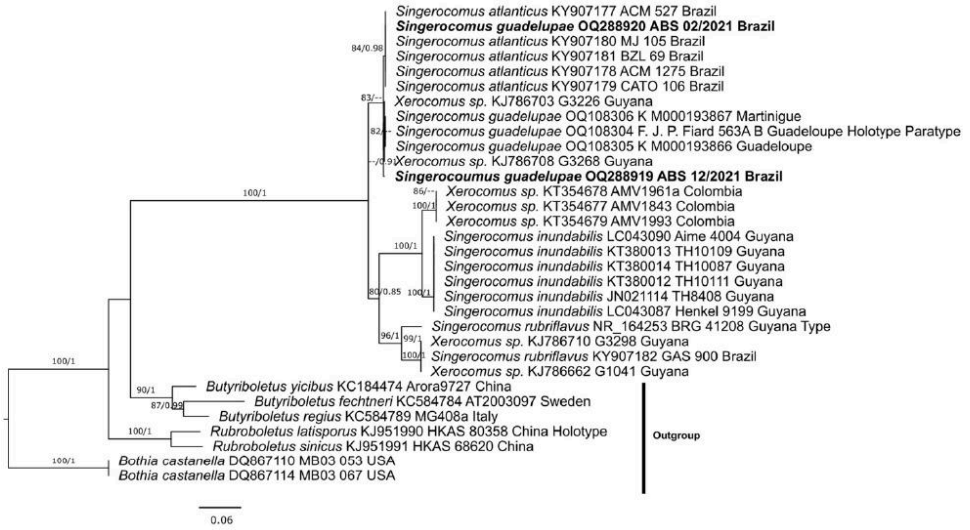


Fig. 1 – Phylogenetic tree of *Singerocomus* spp. based on ML and BI analyses for the nrDNA-ITS region. Sequences generated in this study are in bold. Bootstrap support values (MLB ≥ 0.70, right) and Posterior Probabilities values (BPP ≥ 0.80, left) are shown above the supported branches.

Description of the new collection

Singerocomus guadelupae (Singer & Fiard) Gelardi, Biketova, Suz & Vizzini, Mycol. Prog. 22: 29. 2023.

≡ *Boletus guadelupae* Singer & Fiard, Bull. Soc. Mycol. Fr. 92: 445. 1976.

≡ *Xerocomus guadelupae* (Singer & Fiard) Pegler, Kew Bull. Add. Ser. 9: 575. 1983.

= *Singerocomus atlanticus* A.C. Magnago, Acta Bot. Bras. 32: 224. 2018.

Figs. 2–3

Pileus 31–45 mm in diam., convex to plano-convex, dark wine (oac622) to dark red (oac608,609, 622) or pinkish (oac500) where can show pale yellowish cream tones (oac899), surface light velutinous, minutely rimulose-areolate, dry, margin entire and plane; context 4–8 mm thick near center, cream (oac858) to pale light cream (oac7) or white (oac909), solid, soft, unchanging.

Hymenophore tubulose, green (oac75, 96) light green (oac47, 48) ranging to 3–5 mm long, adnate, can be depressed around the stipe; pores rounded to subrounded to angular (some), more radially elongate near to stipe, 0.4–1.5 mm diam., concolor with the tubes, unchanging when injured.

Peixoto et al.
https://doi.org/10.6092/issn.2531-7342/21116 Italian Journal of Mycology 54 (2025): 139 - 148

Stipe 54–73 × 7–8 mm, central, equal, cream (oac814, 815) to pale cream (oac900) with pink tones (oac484, 499) where in some materials the apex can be pinkish (oac500) with the base yellowish cream (oac5, 6); surface longitudinally appressed fibrillose, and small patches of appressed squamules on apex, tapering towards the base, dry; context cream (oac814) to white (oac909), solid, fibrous, unchanging, some materials show partially consumed with visible yellowish worm trails. Odor pleasant, slightly sweet. Taste none. Spore print not performed.

Macrochemical chemical tests: in the presence of KOH 3-4% pileus surface turns beige greenish to light ocher and context light ocher, hymenophore greenish ocher to ocher, stipe surface ocher to negative and context negative; in the presence of NH_4OH pileus surface turns beige green to negative and context, hymenophore, stipe surface and context negative.

Basidiospores [60,2,2] (5.3–)5.8–7.8(–8.3) × (3.9–)4.4–5.3 µm, L = 7.1 µm, W = 4.7 µm, Q = (1.18–)1.27–1.77(–1.88), Qm = 1.52, ellipsoid to broadly ellipsoid, smooth, pale in KOH 3-4%, inamyloid, thin-walled, hilar appendix prominent and sublateral. **Basidia** 24.0–36.7 × 7.8–10.8 µm, clavate, 4-sterigmata, hyaline in KOH 3%, thin-walled. **Pleurocystidia** 33.3–81.3 × 5.8–9.8 µm, fusoid to subfusoid to subventricose-rostrate, sometimes with long neck and obtuse apex, hyaline in KOH 3%, thin-walled. **Cheilocystidia** 36.2–53.9 × 5.8–8.8 µm, subfusoid to subventricose-rostrate, sometimes with long neck and obtuse apex, hyaline in KOH 3%, thin-walled. **Hymenophoral trama** barely divergent to phylloporoid, gelatinized, with hyphae 3–9 µm wide, hyaline in KOH 3%, thin-walled, presence of oleiferous hyphae. **Pileipellis** trichodermal, terminal elements and cylindrical terminal cells with obtuse apex, 5.4–13.8 µm wide, thin-walled, light brownish in KOH 3%. Pileus trama with interwoven hyphae 4.4–11.7 µm wide, hyaline in KOH 3%, gelatinized, presence of oleiferous hyphae. **Stipitipellis** predominantly a cutis, but in a few segments a trichodermium with cylindrical to elongated-cylindrical terminal cells with obtuse apex, 4.4–8 µm wide, pale to hyaline in KOH 3%; scattered tufts composed of caulobasidioles; caulobasidia broadly clavate, 18.6–30.4 × 7.8–11.3 µm, thin-walled, and a few caulocystidia subventricose-rostrate with obtuse apex 25.5–37.2 × 5.8–11.8 µm, all pale to hyaline in KOH 3%, thin-walled. Stipe trama longitudinally oriented, with hyphae 5.4–10.8 µm wide, hyaline in KOH 3%, presence of oleiferous hyphae. Clamp connections absent.

Habit and habitat: Epigeous, solitary or gregarious on sandy soil in 'tabuleiro savannas' of Atlantic Forest fragments belonging to two conservation units in Northeast Brazil. In the collected area there are some tree species belonging to Nyctaginaceae and Polygonaceae families, reported to contain species forming ectomycorrhiza (Smith and Read, 2008): *Guapira opposita* (Vell.) Reitz, *G. pernambucencis* (Casar.) Lundell, *Coccoloba alnifolia* Casar., *C. arborescens* (Vell.) R.A. Howard, *C. laevis* Casar., *C. mollis* Casar., *C. ramosissima* Wedd. and *C. scandens* Casar. occur in the REBio Guaribas (Barbosa et al., 2011), whereas *C. alnifolia* and *C. laevis* are referred from the APA Barra do Rio Mamanguape (Pereira and Alves, 2007).

Peixoto et al.
https://doi.org/10.6092/issn.2531-7342/21116 Italian Journal of Mycology 54 (2025): 139 - 148



Fig. 2 – Basidiomes of *Singerocomus guadelupae*. A-B) ABS 02/2021 (JPB 67187); C-D) ABS 12/2021 (JPB 67194); E-F) FW 64/2021 (JPB 67191). Scale bars = 20 mm.

Know distribution: Brazilian Atlantic Forest of States of Espírito Santo and Santa Catarina (Magnago et al., 2018 as *S. atlanticus*), and now from the Atlantic Forest of the state of Paraíba. It was also recorded from Martinique, Guadeloupe and Dominica in the Lesser Antilles (Singer and Fiard, 1976; Pegler, 1983; Gelardi et al., 2023).

Material examined: Paraíba, Mamanguape, REBio Guaribas, SEMA II, 28.vii.2021, A. Barbosa-Silva ABS 12/2021 (JPB 67191) GenBank ITS OQ288919-LSU OQ288923; same place, same date, A. Barbosa-Silva ABS 19/2021 (JPB 67192); same place, 04.viii.2021, F. Wartchow FW 64/2021(JPB 67194); Rio Tinto, APA Barra do Rio Mamanguape, Mata do Oiteiro, 26.vii.2021, A. Barbosa-Silva ABS 02/2021 (JPB 67187) GenBank ITS OQ288920-LSU OQ288924; same place, same date, A. Barbosa-Silva ABS 03/2021 (JPB 67188), A. Barbosa-Silva ABS 05/2021 (JPB 67189), A. Barbosa-Silva ABS 06/2021 (JPB 67190); same place, 02.viii.2021, A. Barbosa-Silva ABS 22/2021 (JPB 67193).

Peixoto et al.
https://doi.org/10.6092/issn.2531-7342/21116 Italian Journal of Mycology 54 (2025): 139 - 148

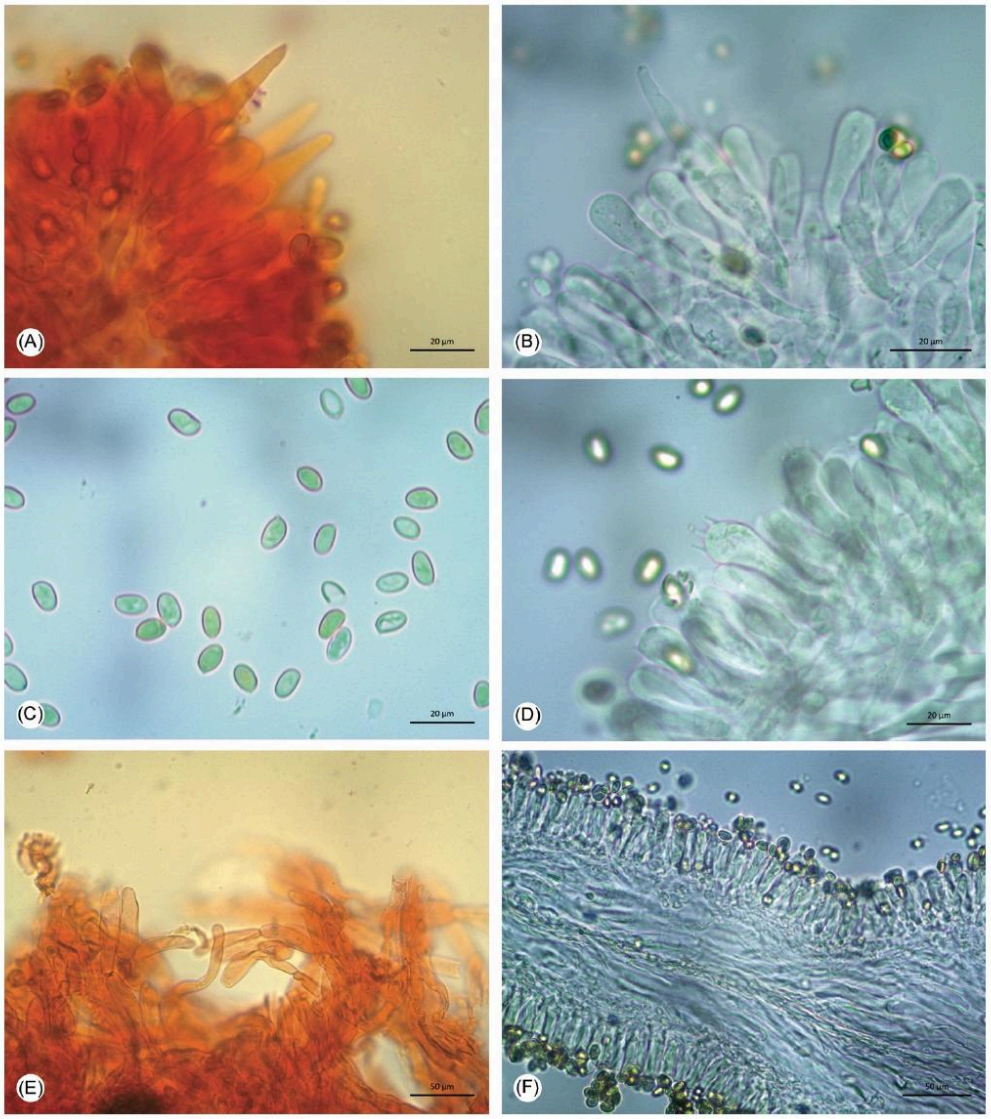


Fig. 1 – Micromorphological character of *Singerocomus guadelupae*. A) Cheilocystidia in Congo red; B) Cheilocystidia and basidioles in 4% KOH; C) Basidiospores in 4% KOH; D) Basidia in 4% KOH; E) Terminal elements of the trichodermal pileipellis in Congo red; F) Barely divergent to phylloporoid hymenophoral trama in 4% KOH.

Our materials match morphologically with the description by Singer and Fiard (1976), Magnago et al. (2018) and Gelardi et al. (2023), e.g., velutinous and red to pink tones on pileus surface, cream to red color or both mixed in stipe surface, white to cream color of pileus and stipe

context and unchanging when injured, and the micromorphology, dimensions and color of the structures are similar (Figs 2–3). Therefore, macrochemical reactions among specimens can vary, on which the presence of KOH 3–4% on pileus can turn the surface beige green to light ocher and context light ocher; the hymenophore greenish ocher to ocher, and stipe surface ocher to negative and context negative. When using NH_4OH in the pileus surface, it turns beige green to negative; and context, hymenophore, stipe surface and context the reaction is solely negative. Despite these differences among specimens, we conclude that, based in the morphological, molecular and phylogenetic evidence, the materials studied here correspond to *S. guadelupae*, but demonstrating some variable characteristics, suggesting a somewhat intraspecific phenotypic and genotypic plasticity among the populations. The other two species also present reddish tints on pileus and are somewhat difficult to differentiate basing solely on macro- and micromorphological characters. Anyway, *S. imundabilis* and *S. rubriflavus* can be readily separated in their microscopic features, i.e. the first species lacks cheilocystidia (Singer et al., 1983; Henkel et al., 2016) while *S. rubriflavus* is characterized by having larger basidiospores 9–11(–12) × 4.5–6.5 mm (Henkel et al., 2016).

Regarding ecological aspects, *S. guadelupae* was discovered on 'the ground of a degraded primary rainforest, and once on dead wood' in the island of Guadeloupe (Singer and Fiard, 1976), and later 'on soil among leaves' and 'solitary on soil in primary hygrophytic forest' from Martinique and Guadeloupe, respectively (Pegler, 1983). Its synonym *S. atlanticus* was referred as growing 'on soil in proximity to putative ECM host plants of the Nyctaginaceae and Fabaceae' (Magnago et al., 2018). Actually, none of these studies mentioned the type of soil. Thus, in this study we inform that *S. guadelupae* from Paraiba was collected on a white-sand soil in forests called 'tabuleiro savanna', that is characterized by patches of savannas formation with well-drained white sandy soils that are often intercalated by semideciduous forests (Thomas and Barbosa, 2008).

Previous studies already affirmed that the preference of ectomycorrhizal fungi in white-sand environments may deeply to influence the tree community structure and diversity (Roy et al., 2016). These ecosystems are described as having frequent ECM fungi probably in association with a few host trees including members of Polygonaceae and Nyctaginaceae (Smith and Read, 2008; Roy et al., 2016). The phytophysiognomy of the collections places includes individuals of these possible hosts as *Guabira* and *Cocolloba* tree species (Pereira and Alves, 2007; Barbosa et al., 2011).

Acknowledgements

The authors kindly acknowledge Dr. Rivete S. Lima ('Laboratório de Anatomia Vegetal'-UFPB) for help in the microphotographies. The authors thank the 'Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior' (CAPES) for Doctorate grant (Proc. DS 88882.380049/2019-01) for the first author, and CNPq for funding the project by support the projects 'Programa de Pesquisa em Biodiversidade' (PPBio Proc. 60/2009) and 'Fungos agaricoides em áreas de Mata Atlântica e Caatinga no Estado da Paraíba' (Edital Universal Proc. 420.448/2016-0) and 'Produtividade em Pesquisa' grant (Proc. 307922/2014-6, Proc. 307947/2017-3, Proc. 309652/2020-0 and Proc. 307423/2023-9) to FW. We also thank the 'Universidade Federal da Paraíba', recognized for funding this project through the 'Chamada Interna Produtividade em Pesquisa' (PROPESQ/UFPB N° 06/2021 Cód. PVA13212-2020). RK received financial support (BLD-PDRP) nº 2022/2003 from the 'Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado da Paraíba' (FAPESQ).

References

Alves RRN, Nishida AK (2003) Aspectos socioeconômicos e formas de percepção ambiental dos catadores de caranguejo-uçá *Ucides cordatus cordatus* (L. 1763) (Decapoda, Brachyura) do estuário do rio Mamanguape. Interciência 28(1):36–43.

Barbosa JJ, Leal AH (2022) Ocorrência de incêndios combatidos e registrados pela equipe da Reserva Biológica Guaribas. Biodiversidade Brasileira 12(1):118–127.

Barbosa MRB, Thomas WW, Zárate ELP, Lima RB, Agra MF, Lima IB, Pessoa MCR, Lourenço ARL, Delgado-Junior GD, Pontes RAS, Chagas ECO, Viana JL, Gadelha-Neto PC, Araújo CMR, Freitas GB, Lima JR, Silva FO, Vieira LAF, Costa RMT, Duré RC, Sá MGV (2011) Checklist of the vascular plants of the Guaribas Biological Reserve, Paraíba, Brazil. Revista Nordestina de Biologia 20:79–106.

Barbosa-Silva A, Koroiva R, Bezerra JL, Wartchow F (2022) *Fistulinella distromatica* (Boletaceae, Basidiomycota), a new bolete from the Atlantic Forest of Bahia, Brazil. Turkish Journal of Botany 46(5):528–539. https://doi.org/10.55730/1300-008X.2728

Darriba D, Taboada GL, Doallo R, Posada D (2012) jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. Nature Methods 9(8):772. https://doi.org/10.1038/nmeth.2109

Gardes M, Bruns TD (1993) ITS primers with enhanced specificity for Basidiomycetes application to the identification of mycorrhizae and rusts. Molecular Ecology 2(2):113–118. https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.1993.tb00005.x

Gelardi M, Angelini C, Biketova AY, Sus LM, Ercole E, Svetasheva TY, Miller KO, de la Fuente JI, Jiménez JG, Vizzini A (2023) *Coccoloba*-associated xerocomoid boletes (Boletaceae) from the Caribbean and Mexico: *Tropicoboletus ruborculus* gen. et comb. nov., revision of *Xerocomus coccolobae*, phylogenetic assessment of *Singerocomus guadelupae* comb. nov., and type studies of *Xerocomus caeruleonigrescens*, *X. cuneipes*, and *X. pseudoboletinus* var. *pini-caribaeae*. Mycological Progress 22:29. https://doi.org/10.1007/s11557-023-01876-7

Greuter W, Rankin Rodríguez RG, Zamora Señoret JC, Parra Sánchez LA. (2025) Código Internacional de Nomenclatura para algas, hongos y plantas. VI edición en español (Código de Madrid). Occasional papers from the Herbarium Greuter, 6. Berlin, Stiftung Herbarium Greuter. https://doi.org/10.7320/codigo.de.madrid

Henkel TW, Obase K, Husbands D, Uehling JK, Bonito G, Aime MC, Smith ME (2016) New Boletaceae taxa from Guyana: *Binderoboletus segoi* gen. and sp. nov., *Guyanaporus albipodus* gen. and sp. nov., *Singerocomus rubriflavus* gen. and sp. nov., and a new combination for *Xerocomus inundabilis*. Mycologia 108(1):157–173. https://doi.org/10.3852/15-075

Katoh K, Misawa K, Kuma K, Miyata T (2002) MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. Nucleic Acids Research 30(14):3059–3066. https://doi.org/10.1093/nar/gkf436

Kearse M, Moir R, Wilson A, Stones-Havas S, Cheung M, Sturrock S, Buxton S, Cooper A, Markowitz S, Duran C, Thierer T, Ashton B, Meintjes P, Drummond A (2012) Geneious Basic: An integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. Bioinformatics 28(12):1647–1649. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts199

Kramer LA (2004) Online auction color chart. Online Auction Color Co., Stanford.

Magnago, A.C., Henkel TW, Neves MA, Silveira RMB (2018) *Singerocomus atlanticus* sp. nov., and a first record of *Singerocomus rubriflavus* (Boletaceae, Boletales) for Brazil. Acta Botanica Brasilica 32(2):222–231. https://doi.org/10.1590/0102-33062017abb0320

Milne I, Lindner D, Bayer M, Husmeier D, McGuire G, Marshall DF, Wright F (2008) TOPALi v2: a rich graphical interface for evolutionary analyses of multiple alignments on HPC clusters and multi-core desktops. Bioinformatics 25(1):126–127. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn575

Miller MA, Pfeiffer WT, Schwartz T (2010) Creating the CIPRES science gateway for inference of large phylogenetic trees. Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop:1–8. https://doi.org/10.1109/GCE.2010.5676129

Pegler DN (1983) Agaric flora of the Lesser Antilles. Kew Bulletin Additional Series 9:1–668.

Pereira MS, Alves RRN (2007) Composição Florística de um remanescente de Mata Atlântica na Área de Proteção Ambiental Barra do Rio Mamanguape, Paraíba, Brasil. Revista de Biologia e Ciências da Terra 7(1):1–10.

Ronquist F, Huelsenbeck JP (2003) MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. Bioinformatics 19(12):1572–1574. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg180

Roy M, Schimann H, Braga-Neto R, Da Silva RAE, Duque J, Frame D, Wartchow F, Neves MA (2016) Diversity and distribution of ectomycorrhizal fungi from Amazonian lowland white-sand forests in Brazil and French Guiana. Biotropica 48(1):90–100. https://doi.org/10.1111/btp.12297

Singer R, Araújo I, Ivory MH (1983) The ectotrophically mycorrhizal fungi of the neotropical lowlands, especially Central Amazonia. Beihefte zur Nova Hedwigia 77:1–352.

Singer R, Fiard JP (1976) Agaricales nouvelles des Antilles Française. Bulletin de la Société Mycologique de France 92(4):445–447.

Smith SE, Read DJ (2008) Mycorrhizal Symbiosis. 3rd ed. Academic Press, New York.

Stamatakis A (2014) RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. Bioinformatics 30(9):1312–1313. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033

Thiers B (2024) (continuously updated). Index Herbariorum: a global directory of public herbaria and associated staff. New York Garden's Virtual Herbarium. Online: http://sweetgum.nybg.org/science/ih/ [accessed December 14, 2024].

Thomas WW, Barbosa MRV (2008) Natural vegetation types in the Atlantic Coastal Forest of Northeastern Brazil. Memoirs of the New York Botanical Garden 100:6–20.

White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor J (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: PCR protocols: a guide to the methods and applications (Michael AJ, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ, eds). Academic Press, New York, pp 315–322.

View publication stats