



Revista mexicana de biodiversidad

ISSN: 1870-3453

ISSN: 2007-8706

Instituto de Biología

Villarruel-Ordaz, José Luis; Garibay-Orijel, Roberto; Maldonado-Bonilla, Luis David; Alvarez-Manjarrez, Julieta; Sánchez-Espinosa, Ana Claudia; Machorro-Sámano, Sergio; Valera-Venegas, Gricelda; Marín-González, Perla Guadalupe  
Macromicetos de la selva baja caducifolia en la región de la costa de Oaxaca, México  
Revista mexicana de biodiversidad, vol. 92, e923733, 2021  
Instituto de Biología

DOI: <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2021.92.3733>

Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=42571635076>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

UDEM  redalyc.org

Sistema de Información Científica Redalyc  
Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal  
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso  
abierto

## Taxonomía y sistemática

### Macromicetos de la selva baja caducifolia en la región de la costa de Oaxaca, México

#### *Tropical dry forest macromycetes in the coastal region of Oaxaca, Mexico*

José Luis Villarruel-Ordaz <sup>a, \*</sup>, Roberto Garibay-Orijel <sup>b</sup>, Luis David Maldonado-Bonilla <sup>c</sup>,  
Julieta Alvarez-Manjarrez <sup>d</sup>, Ana Claudia Sánchez-Espinosa <sup>a</sup>, Sergio Machorro-Sámano <sup>e</sup>,  
Gricelda Valera-Venegas <sup>e</sup> y Perla Guadalupe Marín-González <sup>f</sup>

<sup>a</sup> Universidad del Mar, campus Puerto Escondido, Instituto de Genética, Km 1.5 carretera Puerto Escondido-Sola de Vega, 71980 San Pedro Mixtepec Dto. 22, Oaxaca, México

<sup>b</sup> Universidad Nacional Autónoma de México, Instituto de Biología, Laboratorio de Sistemática y Ecología de Micorrizas (C103), Tercer Circuito s/n, Ciudad Universitaria, Coyoacán, 04510 Ciudad de México, México

<sup>c</sup> Universidad del Mar, campus Puerto Escondido, Cátedras CONACyT, Km 1.5 carretera Puerto Escondido-Sola de Vega, 71980 San Pedro Mixtepec Dto. 22, Oaxaca, México

<sup>d</sup> Universidad Nacional Autónoma de México, Instituto de Geología, Departamento de Ciencias Ambientales y Suelo, Investigación Científica, Ciudad Universitaria, Coyoacán, 04510 Ciudad de México, México

<sup>e</sup> Universidad del Mar, campus Puerto Escondido, Instituto de Industrias, Km 1.5 carretera Puerto Escondido-Sola de Vega, 71980 San Pedro Mixtepec Dto. 22, Oaxaca, México

<sup>f</sup> Universidad del Mar, campus Puerto Escondido, Licenciatura en Biología, Km 1.5 carretera Puerto Escondido-Sola de Vega, 71980 San Pedro Mixtepec Dto. 22, Oaxaca, México

\*Autor para correspondencia: jlvo@zicatelamar.mx (J.L. Villarruel-Ordaz)

Recibido: 3 septiembre 2020; Aceptado: 4 febrero 2021

## Resumen

Se llevó a cabo la revisión taxonómica de 225 especímenes de macromicetos recolectados en selva baja caducifolia en la región de la costa de Oaxaca. Se reconocieron 160 morfoespecies de las cuales 57 fueron determinadas taxonómicamente a la categoría de especie; 35 son registros nuevos para la región de la costa, 28 de ellas lo son para el estado de Oaxaca y 8 se registran por primera vez para México (*Calocybe carnea*, *C. gambosa*, *Marasmius congregatus*, *Gymnopus gibbosus*, *Phlebopus beniensis*, *Foraminispora rugosa*, *Ganoderma martinicense* y *Crassisporella microspora*). Existe un predominio de especies de Basidiomycota sobre Ascomycota. El orden mejor representado es el de los Agaricales, cuyos géneros más abundantes son *Lepiota* y *Marasmius*. Se incluyen 33 códigos de barras genéticos elaborados a partir de 40 ejemplares recolectados durante los años 2018 y 2019. Con base en el análisis de acumulación de especies, se determina que se conoce alrededor de 6% más, de la diversidad de macromicetos estimada en la zona de estudio.

**Palabras clave:** Hongos tropicales; Diversidad de macromicetos; Códigos de barras genéticos; Bosque tropical seco

### Abstract

A taxonomic review of 225 specimens of macromycetes collected in a tropical dry forest in the coastal region of Oaxaca was carried out. We recognized 160 morphospecies of which 57 were taxonomically determined at species level; 35 are new records for Oaxaca coastal region, 28 of them are new records for the state of Oaxaca and 8 are registered for the first time for Mexico (*Calocybe carnea*, *C. gambosa*, *Marasmius congregatus*, *Gymnopus gibbosus*, *Phlebopus beniensis*, *Foraminispora rugosa*, *Ganoderma martinicense*, and *Crassisporus microsporus*). There was a predominance of species of Basidiomycota over Ascomycota. The Agaricales was the order best represented, being *Lepiota* and *Marasmius* the most abundant genera. Thirty three genetic barcodes were obtained from 40 specimens collected during 2018 and 2019. Based on the species accumulation analysis, it was determined that we know around 6% more than the estimated macromycetes diversity in the study area.

**Keywords:** Tropical mushrooms; Macromycetes diversity; Genetic barcodes; Tropical dry forest

### Introducción

Oaxaca cuenta con una gran variedad de climas y microclimas debido principalmente a su compleja orografía lo cual permite la existencia de un mosaico de vegetación privilegiado. Particularmente, la selva baja caducifolia (SBC) es un tipo de bosque tropical que se caracteriza por la pérdida total de las hojas durante una marcada temporada de secas. Florísticamente, predominan especies de las familias Anacardiaceae, Asteraceae, Burseraceae, Cactaceae, Fabaceae, Malpighiaceae y Rubiaceae, entre otras (Trejo, 2005). Este tipo de vegetación ocupa 3.38% (6,649,200 ha) del territorio nacional (INEGI, 2005) y en Oaxaca, exclusivamente en la región de la costa, representa 1.26% (79,120 ha) de la cobertura forestal (Semarnat-Conafor, 2014). Poco se conoce sobre la diversidad de macromicetos asociados a ese tipo de vegetación y el escaso conocimiento que se tiene de los hongos tropicales, en general, hace evidente la necesidad de elaborar inventarios de especies que puedan ayudar a establecer patrones de diversidad y comprender mejor su dinámica ecológica (Díaz-Moreno et al., 2005).

El estado de Oaxaca se divide en 8 regiones socioculturales, de las cuales la región de la costa está conformada por los distritos de Jamiltepec, Juquila y Pochutla (fig. 1). En esta región son escasos los estudios sobre la diversidad de hongos y los pocos trabajos que existen son contribuciones parciales, reportando a la fecha 163 especies de macromicetos (Álvarez et al., 2016; Barbosa-Reséndiz et al., 2020; Cobos-Villagrán et al., 2020; Guzmán y Pérez-Patracá, 1972; Ortega-López et al., 2019; Pérez-Silva, 1973, 1977; Ramírez-Cruz et al., 2006; Raymundo y Valenzuela, 2003; Raymundo et al., 2020; Singer, 1976; Villarruel-Ordaz et al., 2015), de las

cuales solo 20 están registradas creciendo en SBC, y el resto, en otros tipos de vegetación como manglar, selva mediana subcaducifolia, bosque tropical perennifolio y subperennifolio, bosque mesófilo e incluso en bosques mixtos de pino-encino.

El continuo deterioro de las áreas naturales, la tasa de deforestación, el cambio constante del uso de suelo y todas las actividades antropogénicas en detrimento de la diversidad biológica, están ocasionando una pérdida irreversible de los recursos naturales mucho antes de saber qué es lo que tenemos y cómo podemos utilizarlo. Es indiscutible entonces que la estrategia a seguir es buscar otras alternativas de estudio de la biodiversidad que nos permitan conocer de manera más rápida la identidad de las especies. Se han propuesto diferentes técnicas moleculares para tal fin, en donde destaca el código de barras genético como una alternativa de solución (Garibay-Orijel, 2014). Los códigos de barras genéticos son una herramienta de la biología molecular que ha revolucionado las tareas de identificación taxonómica, aportando un método confiable y relativamente económico. El principio de esta técnica se basa en identificar una región del ADN que permita discernir entre la variación inter e intraespecífica (Paz et al., 2011). Para el caso de los hongos, el marcador aceptado como código de barras genético universal es la región de los espaciadores transcritos ribosomales (ITS) (Badotti et al., 2017; Schoch et al., 2012).

Con la finalidad de contribuir al conocimiento de la fungi de la región de la costa, a la de Oaxaca, y a su vez, a la de México, en este trabajo se presenta un listado de macromicetos de una zona con selva baja caducifolia, se ilustran los nuevos registros y las recolectas recientes se acompañan de códigos de barras genéticos.

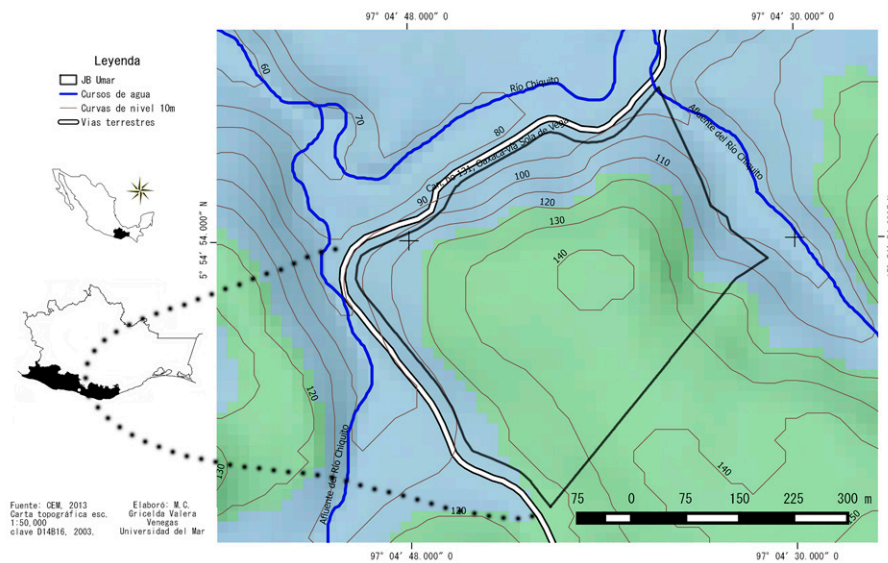


Figura 1. Ubicación geográfica del área de estudio.

## Materiales y métodos

El trabajo de campo se llevó a cabo en la Unidad de Manejo para la Conservación de Vida Silvestre “Jardín Botánico Puerto Escondido” (UMA-JBPE) de la Universidad del Mar, Oaxaca, México; el mismo está conformado por 15 ha destinadas a la restauración y conservación y 2 ha destinadas a mantener una serie de colecciones de plantas vivas. Éste se encuentra ubicado en el Km 239 de la carretera federal 131 Sola de Vega-Puerto Escondido, en el municipio de San Pedro Mixtepec, Distrito de Juquila. Geográficamente, se sitúa entre las coordenadas  $15^{\circ}54'14.75''$  -  $15^{\circ}55'1.06''$  N,  $97^{\circ}04'52.93''$  -  $97^{\circ}04'29.21''$  O, y en un rango altitudinal de 80 a 150 m snm (fig. 1). La zona presenta lomeríos con pendientes de suaves a pronunciadas y con predominio de áreas planas a muy onduladas (INEGI, 2013). El clima es cálido subhúmedo con lluvias en verano de cuatro meses y sequía por el resto del año con temperatura promedio de  $27^{\circ}\text{C}$ . Estas condiciones permiten el establecimiento de selva baja caducifolia, cuyos elementos arbóreos predominantes en nuestra zona de estudio son: *Ceiba aesculifolia* (Kunth) Britten et Baker fil., *Cochlospermum vitifolium* (Willd.) Spreng., *Bursera simaruba* L. Sarg., *Amphipterygium adstringens* (Schltdl.) Schiede ex Standl. y *Enterolobium cyclocarpum* (Jacq.) Griseb.

Usualmente los hongos macroscópicos desarrollan sus fructificaciones durante el periodo del año que presenta una mayor precipitación pluvial y temperatura apropiada, lo cual normalmente ocurre en nuestra zona de estudio

entre los meses de julio a octubre. Durante dicho periodo de lluvias de los años 2007 al 2013, 2018 y 2019, se llevaron a cabo 27 visitas a la UMA-JBPE, donde se realizaron recorridos aleatorios de aproximadamente 4 horas en cada visita con la finalidad de recolectar y describir esporomas de macromicetos de acuerdo a las técnicas convencionales propuestas por Cifuentes et al. (1986). Todos los especímenes recolectados fueron fotografiados digitalmente y se secaron con una deshidratadora NESCO como método de preservación.

La identificación de las especies se realizó siguiendo las técnicas de microscopía de rutina (Largent et al., 1986) y con la ayuda de claves de identificación taxonómica y guías de campo como las de Cappello (2006), Cappello et al. (2013), Guzmán (2003), Guzmán y Piepenbring (2011) y Wartchow et al. (2008), entre otras. Para la validez de los nombres científicos, se consideró la base de datos en línea del catálogo de la vida (Roskov et al., 2020) y el Index Fungorum (2020). Los especímenes recolectados durante la temporada de lluvias del 2018 y 2019 fueron identificados tradicionalmente, usando caracteres morfológicos y se complementó con identificación molecular mediante códigos de barras genéticos, para lo cual se empleó la región de los ITS (Schoch et al., 2012). El ADN genómico de los esporomas se extrajo con el kit DNeasy Plant (Qiagen) siguiendo el protocolo del fabricante. Se amplificó la región ITS utilizando una mezcla de oligonucleótidos ITS1F e ITS4 (Gardes y Bruns, 1993; White et al., 1990). Para la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) se utilizó Taq-&LOAD<sup>TM</sup> MasterMix

(MP Biomedicals) con las siguientes condiciones: 5 min a 94 °C de desnaturalización seguidos de 35 ciclos de 30 s a 94 °C, 30 s a 55 °C y 60 s a 72 °C, finalizando con 5 min a 72 °C (Pérez-Pazos et al., 2019). La amplificación de los productos de PCR se corroboró mediante electroforesis en gel de agarosa al 1% teñido con GelGreen® Nucleic Acid Gel Stain (Biotium). Los productos de PCR fueron limpiados con Exo-SAP-IT™ PCR Product Cleanup Reagent (Applied Biosystems) según las instrucciones del fabricante. La secuenciación de los productos de PCR se realizó en el Laboratorio de Secuenciación Genómica de la Biodiversidad y de la Salud, del Instituto de Biología, UNAM, con los cebadores empleados en la PCR en un secuenciador ABI 3100 (Applied Biosystems). La identificación molecular se determinó comparando las secuencias obtenidas, con la base de datos del Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI por sus siglas en inglés) por medio del algoritmo BLAST y con la base de datos de UNITE (Abarenkov et al., 2010).

Así mismo, se hizo un análisis de acumulación de especies a partir de un modelo de regresión gaussiana y aplicando el método de mínimos cuadrados para determinar el número de especies estimado en la zona de estudio (Chapra y Canale, 2011).

Todo el material estudiado cuenta con el permiso expedido por la Subsecretaría de Gestión para la Protección Ambiental (con número de registro MEX/JB-065-OAX/12) y se encuentra depositado en el laboratorio de Colecciones Biológicas de la Universidad del Mar, campus Puerto Escondido, Oaxaca.

## Resultados

Durante las 27 visitas a la UMA-JBPE, se recolectaron 225 ejemplares de macromicetos pertenecientes a 160 morfoespecies, de las cuales 35.6% (57 spp.) fueron determinadas taxonómicamente a nivel de especie y 5 más con la notación de “affinis” (tabla 1). De las 160 morfoespecies reconocidas, 12 pertenecen al filo Ascomycota y 148 a Basidiomycota, mientras que los órdenes mejor representados son los Agaricales, con 38 géneros y 96 morfoespecies; le siguen los Polyporales con 18 géneros y 25 morfoespecies y los Xylariales con 4 géneros y 10 morfoespecies. Sobresalen los géneros *Lepiota* y *Marasmius*, con 14 y 9 morfoespecies respectivamente, seguidos de *Psathyrella* y *Xylaria*, cada uno con 7 morfoespecies.

De los 40 especímenes recolectados entre 2018 y 2019, se obtuvieron 33 secuencias de ADN que corresponden a 30 especies identificadas molecularmente, algunas de ellas confirmadas con datos morfológicos (tabla 2).

Con base en el modelo de acumulación de especies, se estima que en la zona de estudio pueden existir 150 taxones con un error estándar de  $\pm 9$  especies. La completitud del inventario, traducido como el estado de conocimiento, se determinó a partir del cociente del número de especies observado entre el número de especies estimado (160/150), que para nuestro caso es de 1.06, lo cual indica que conocemos alrededor de 6% más de lo esperado (fig. 2).

## Discusión

El bajo porcentaje en la determinación taxonómica a una categoría de especie (35.6%; menos de la mitad de las morfoespecies reconocidas), es reflejo de la carencia de estudios sistemáticos sobre macromicetos tropicales, los cuales pudieran servir como referencia para la identificación de especies; siendo esto un factor importante que limita el conocimiento (Guzmán, 1998). Es necesario revertir esta situación, ya que los estudios sobre diversidad biológica del suelo forestal, indican que los trópicos son el hábitat de una mayor diversidad de hongos (O'Brien et al., 2005; Tedersoo et al., 2014). No sería de extrañarse que algunas de las morfoespecies que no pudieron ser identificadas fueran registros nuevos para la ciencia. Aun así, en términos de la contribución al conocimiento de la funga local, se registró un aumento de 22% (35 spp.) de registros nuevos para la región de la costa, de los cuales 28 especies se citan por primera vez para el estado de Oaxaca. Actualmente, se registran para todo el estado 716 especies de macromicetos, por lo que los resultados obtenidos generaron un aumento en

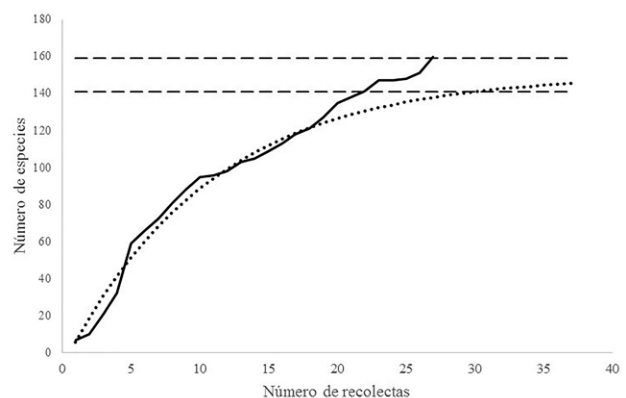


Figura 2. Curva de acumulación de especies. Línea discontinua: región estándar de predicción de especies acumuladas ( $150 \pm 9$  especies); línea punteada: curva de acumulación teórica; línea continua: curva de acumulación observada.

Tabla 1

Listado de especies presentes en la UMA “Jardín Botánico Puerto Escondido”. El arreglo taxonómico está basado en Roskov et al. (2020) e Index Fungorum (2020). \*\*\* Nuevo registro para México, \*\* Nuevo registro para el estado de Oaxaca, \* Nuevo registro para la región de la costa.

Filo: Ascomycota	*** <i>Parasola plicatilis</i> (Curtis) Redhead,
Clase: Leotiomycetes	Vilgalys et Hopple
Orden: Rhytismatales	<i>Psathyrella</i> aff. <i>cacao</i> Desjardin et B.A.
Familia: Pezizellaceae	Perry
<i>Bisporella citrina</i> (Batsch) Korf et S.E. Carp.	Familia: Schizophylaceae
	<i>Schizophyllum commune</i> Fr.
Clase: Sordariomycetes	Orden: Auriculariales
Orden: Hypocreales	Familia: Auriculariaceae
Familia: Ophiocordycipitaceae	* <i>Auricularia fuscusuccinea</i> (Mont.) Henn.
*** <i>Ophiocordyceps sobolifera</i> (Hill ex Watson) G.H. Sung, J.M. Sung, Hywel-Jones et Spatafora	<i>A. mesenterica</i> (Dicks.) Pers.
	<i>A. nigricans</i> (Sw.) Birkebak, Looney et Sánchez-García
Orden: Xylariales	Orden: Boletales
Familia: Hypoxylaceae	Familia: Boletinelaceae
*** <i>Amulohypoxylon truncatum</i> (Schwein.) Y.M. Ju, J.D. Rogers et H.M. Hsieh	*** <i>Phlebopus beniensis</i> (Singer et Digilio) Heinem. et Rammeloo
<i>Daldinia eschscholtzii</i> (Ehrenb.) Rehm	Familia: Gyroporaceae
*** <i>Hypoxylon rubiginosum</i> (Pers.) Fr.	<i>Gyroporus castaneus</i> (Bull.) Quéf.
Familia: Xylariaceae	Familia: Tapinellaceae
*** <i>Xylaria filiformis</i> (Alb. et Schwein.) Fr.	<i>Tapinella panuoides</i> (Fr.) E.J. Gilbert
<i>X. polymorpha</i> (Pers.) Grev.	Orden: Geastrales
Filo: Basidiomycota	Familia: Geastraceae
Clase: Agaricomycetes	<i>Geastrum javanicum</i> Lév.
Orden: Agaricales	* <i>G. lageniforme</i> Vittad.
Familia: Agaricaceae	*** <i>G. minimum</i> Schwein.
<i>Agaricus</i> aff. <i>porphyropos</i> L.A. Parra, Angelini et B. Ortiz	<i>G. saccatum</i> Fr.
* <i>Calvatia cyathiformis</i> (Bosc) Morgan	<i>G. aff. violaceum</i> Rick
*** <i>C. rugosa</i> (Berk. et M. A. Curtis) D. A. Reid	Orden: Gloeophyllales
*** <i>Leucoagaricus lilaceus</i> Singer	Familia: Gloeophyllaceae
* <i>Leucocoprinus birnbaumii</i> (Corda) Singer	* <i>Gloeophyllum striatum</i> (Fr.) Murrill
*** <i>L. fragilissimus</i> (Berk. et M.A. Curtis) Pat.	Orden: Hymenochaetales
*** <i>Macrolepiota excoriata</i> (Schaeff.) Wasser	Familia: Hymenochaetaceae
Familia: Hygrophoraceae	*** <i>Phylloporia spathulata</i> (Hook.) Ryvarden
*** <i>Hygrocybe cantharellus</i> (Schwein.) Murrill	Orden: Polyporales
Familia: Lyophyllaceae	Familia: Fomitopsidaceae
*** <i>Calocybe carnea</i> (Bull.) Donk	<i>Rhodofomitopsis feei</i> (Fr.) B. K. Cui, M. L. Han et Y. C. Dai
*** <i>C. gambosa</i> (Fr.) Donk	Familia: Ganodermataceae
Familia: Marasmiaceae	*** <i>Foraminispora rugosa</i> (Berk.) Costa-Rezende, Drechsler-Santos et Robledo
*** <i>Marasmius congregatus</i> Mont.	*** <i>Ganoderma martinicense</i> Welti et Courtec.
<i>M. aff. corrugatiformis</i> Singer	Familia: Inserta sedis
<i>M. haematocephalus</i> (Mont.) Fr.	*** <i>Crassisporus microsporus</i> B.K. Cui et Xing Ji
<i>Trogia cantharelloides</i> (Mont.) Pat.	Familia: Meruliaceae
Familia: Omphalotaceae	*** <i>Flavodon flavus</i> (Klotzsch) Ryvarden
*** <i>Gymnopus gibbosus</i> (Corner) A. W. Wilson, Desjardin et E. Horak	Familia: Polyporaceae
Familia: Pleurotaceae	<i>Earliella scabrosa</i> (Pers.) Gilb. et Ryvarden
*** <i>Hohenbuehelia portegna</i> (Speg.) Singer	<i>Favolus tenuiculus</i> P. Beauv.
* <i>Pleurotus djamor</i> (Rumph. ex Fr.) Boedijn	<i>Lentinus berteroi</i> (Fr.) Fr.
Familia: Pluteaceae	* <i>L. crinitus</i> (L.) Fr.
*** <i>Volvarellia bombycina</i> (Shaffer) Singer	<i>L. tricholoma</i> (Mont.) Zmitr.
*** <i>Volvopluteus gloiocephalus</i> (DC.) Vizzini, Contu et Justo	*** <i>Lentinus velutinus</i> Fr.
Familia: Psathyrellaceae	

Tabla 1. Continúa

---

** <i>Panus neostrigosus</i> Drechsler-Santos et Wartchow
<i>Pycnoporus sanguineus</i> (L.) Murrill
<i>Trametes</i> aff. <i>variegata</i> (Berk.) Zmitr., Wasser et Ezhov
<i>T. villosa</i> (Sw.) Kreisel
Orden: Sebaciales
Familia: Sebacinaceae
<i>Sebacina schweinitzii</i> (Peck) Oberw.
Orden: Thelephorales
Familia: Thelephoraceae
** <i>Thelephora versatilis</i> Ram.-Lóp. et Villegas
Clase: Dacrymycetes
Orden: Dacrymycetales
Familia: Dacrymycetaceae
<i>Dacryopinax spathularia</i> (Schwein.) G.W. Martín
Clase: Tremellomycetes
Orden: Tremelales
Familia: Tremellaceae
** <i>Tremella wrightii</i> Berk. et M.A. Curtis

---

el conocimiento de aproximadamente 4%. El aporte al conocimiento de la diversidad de macromicetos no solo fue a nivel regional, ya que también se citan 8 nuevos registros para el país (*Calocybe carnea*, *C. gambosa*, *Marasmius congregatus*, *Gymnopus gibbosus*, *Phlebopus beniensis*, *Foraminispora rugosa*, *Ganoderma martinicense* y *Crassisporeus microsporus*), contribuyendo con esto al conocimiento de la micobiota mexicana (tabla 1; fig. 3). En cuanto al conocimiento sobre los macromicetos que crecen en selva baja caducifolia de la región de la costa, hubo un avance bastante significativo, ya que aumentó 270% de lo previamente registrado, dando un total de 74 especies ahora conocidas.

La proporción de especies del filo Ascomycota en relación al total de macromicetos en la zona de estudio es de 7.5%. Esto concuerda con lo reportado por varios autores quienes citan un valor que oscila entre 10 y 20% (Mori-del Águila et al., 2011; Villarruel-Ordaz y Cifuentes, 2007; entre otros). A pesar de ser un patrón observado principalmente en bosques templados y que existe una marcada carencia de estudios sobre macromicetos, particularmente los de afinidad tropical, los datos hasta ahora analizados señalan que el patrón antes mencionado es constante en la naturaleza. Por otro lado, el orden de los Agaricales es uno de los grupos más diversos dentro del filo Basidiomycota. La proporción de especies de este grupo en relación con el total de la funga macroscópica, puede oscilar entre 30 y 50% (Cifuentes et al., 1996;

Villarruel-Ordaz et al., 2015); sin embargo, al parecer este valor tiende a aumentar en los bosques tropicales, tal como lo permiten suponer nuestros resultados, ya que en la zona de estudio, las 96 especies que pertenecen a los Agaricales representan alrededor de 60%.

La riqueza de especies concuerda con lo registrado por autores como Cannon y Kirk (2007), Cifuentes y Guzmán (1981), Guzmán y Piepenbring (2011), Lodge (2001) y Sunum et al. (2015), quienes señalan que géneros como *Xylaria*, *Lepiota* y *Marasmius*, tienden a estar muy bien representados en las zonas tropicales. En el caso del género *Xylaria*, se registra una riqueza de 28 especies para todo Oaxaca (Chacón y Guzmán, 1983; Medel, 2007; Medel et al., 2010; Pérez-Silva, 1975; San Martín y Rogers, 1989, 1995; San Martín et al., 1997; Villarruel-Ordaz et al., 2015; Welden y Guzmán, 1978), mientras que en la zona de estudio se identificaron 7 morfoespecies, lo cual representa 25% de lo que se conoce para todo el estado. Situación similar ocurre en el caso de los géneros *Lepiota*, *Marasmius* y *Psathyrella*.

El uso de códigos de barras genéticos se ha constituido como una herramienta poderosa en la identificación de especies, particularmente cuando éstas presentan una divergencia genética grande y una variación morfológica pequeña, como ocurre en las especies crípticas (Bickford et al., 2006; Kipling y Rubinoff, 2006; Paz et al., 2011). En muchas ocasiones, la comparación de secuencias de ITS ha revelado que una morfoespecie, cuya identificación está

Tabla 2

Similitud nucleotídica de los ejemplares de macromicetos con código de barras de la UMA-Jardín Botánico Puerto Escondido, con los registros de la base de datos del Genbank. ID-COL: Número de recolecta; CGB: código de GenBank; ID-TAX: identificación taxonómica; BC: resultado de Blast más cercano; SN: porcentaje de similitud nucleotídica; VE: valor de significado estadístico (e-value); CGBC: código del GenBank del Blast más cercano.

ID-COL	CGB	ID-TAX	BC	SN (%)	VE	CGBC
VO 1750	MT939261	<i>Leucoagaricus</i> sp.	<i>Leucoagaricus</i> sp.	82.12	8X10 <sup>-177</sup>	KU647726
VO 1754	MT939262	<i>Trametes</i> aff. <i>variegata</i>	<i>Hexagonia variegata</i>	97.59	0	MH856864
VO 1757	MT939263	<i>Podoschypha</i> sp.	<i>Podoschypha</i> sp.	86.00	0	UDB033817
VO 1764	MT939264	<i>Trichaptum</i> sp.	<i>Trichaptum byssogenum</i>	94.61	1X10 <sup>-137</sup>	KR265130
VO 1765	MT939265	<i>Hexagonia</i> sp.	<i>Hexagonia apiaria</i>	96.20	0	KC867362
VO 1766	MT939266	<i>Flavodon flavus</i>	<i>Flavodon flavus</i>	100	0	JN710543
VO 1767	MT939267	<i>Crinipellis</i> sp.	<i>Crinipellis</i> aff. <i>iopus</i>	92.60	0	FJ167636
VO 1768	MT939268	<i>Auricularia nigricans</i>	<i>Auricularia nigricans</i>	99.30	0	JX065172
VO 1769	MT939269	<i>Crassisporus microsporus</i>	<i>Crassisporus microsporus</i>	99.50	0	MK116496
VO 1770	MT939270	<i>Leucocoprinus</i> sp.	<i>Leucocoprinus</i> sp.	98.60	0	KR154960
VO 1771	MT939271	<i>Volvariella</i> sp.	<i>Volvariella taylorii</i>	89.30	1X10 <sup>-158</sup>	MK412340
VO 1772	MT939272	<i>Crassisporus microsporus</i>	<i>Crassisporus microsporus</i>	99.50	0	MK116496
VO 1773	MT939273	<i>Lepiota</i> sp.	<i>Lepiota</i> sp.	99.80	0	MH211803
VO 1774	MT939274	<i>Psathyrella</i> aff. <i>cacao</i>	<i>Psathyrella cacao</i>	97.40	0	NR_148106
VO 1794	MT939275	<i>Psathyrella</i> sp.	<i>Psathyrella candolleana</i>	96.70	0	KT273363
VO 1795	MT939276	<i>Ganoderma martinicense</i>	<i>Ganoderma martinicense</i>	100	0	MG654184
VO 1827	MT939277	<i>Scytinopogon</i> sp.	<i>Scytinopogon</i> aff. <i>pallidus</i>	100	0	MK328887
VO 1828	MT939278	<i>Leucoagaricus</i> sp.	<i>Leucoagaricus americanus</i>	86.90	5X <sup>-143</sup>	MN808630
VO 1829	MT939279	<i>Marasmiellus</i> sp.	<i>Marasmiellus ramealis</i>	94.60	0	KY404985
VO 1830	MT939280	<i>Gloeophyllum striatum</i>	<i>Gloeophyllum striatum</i>	99.50	0	KJ141171
VO 1831	MT939281	<i>Hohenbuehelia portegna</i>	<i>Hohenbuehelia portegna</i>	100	0	KY426798
VO 1889	MT939282	<i>Agaricus</i> aff. <i>porphyropos</i>	<i>Agaricus porphyropos</i>	98.20	0	MF511109
VO 1890	MT939283	<i>Tricholosporum</i> sp.	<i>Tricholosporum</i> sp.	87.40	2X10 <sup>-99</sup>	KR002902
VO 1891	MT939284	<i>Phlebopus beniensis</i>	<i>Phlebopus beniensis</i>	99.40	0	MG996746
VO 1892	MT939285	<i>Lepiota</i> sp.	<i>Lepiota</i> sp.	86.80	0	MH211692
VO 1893	MT939286	<i>Russula</i> sp.	Uncultured <i>Russula</i>	98.00	0	KU175680
VO 1894	MT939287	<i>Gymnopus gibbosus</i>	<i>Gymnopus gibbosus</i>	99.80	0	KY061203
VO 1895	MT939288	<i>Geastrum</i> aff. <i>violaceum</i>	<i>Geastrum violaceum</i>	96.60	0	KF988450
VO 1896	MT939289	<i>Clavulina</i> sp.	<i>Clavulina</i> sp.	94.40	0	MK547190
VO 1897	MT939290	<i>Marasmius congregatus</i>	<i>Marasmius congregatus</i>	99.10	0	KP635166
VO 1898	MT939291	<i>Scytinopogon</i> sp.	<i>Scytinopogon</i> aff. <i>pallidus</i>	100	0	MK328887
VO 1899	MT939292	<i>Marasmius</i> aff. <i>corrugatiformis</i>	<i>Marasmius corrugatiformis</i>	96.40	0	KX953757
VO 1900	MT939293	<i>Scytinopogon</i> sp.	<i>Scytinopogon</i> aff. <i>pallidus</i>	100	0	MK328887

basada solo en la morfología, está constituida por más de una especie genética (Ramírez-López et al., 2015; Seifert, 2008; Yahr et al., 2016). Los criterios para separar especies

por medio de códigos de barras suelen ser subjetivos y varían dependiendo del clado (De Salle et al., 2005; Garnica et al., 2016); sin embargo, existe un consenso que



establece conservadoramente un valor estándar de 97% de similitud nucleotídica (3% de divergencia genética) entre las secuencias para ser consideradas conespecíficas (Anslam et al., 2018; Begerow et al., 2010; Kõljalg et al., 2013). Las secuencias obtenidas en nuestro estudio, al ser comparadas con secuencias de referencia depositadas en las bases de datos genéticos públicas, como UNITE y la del NCBI, muestran un alto grado de certidumbre en la identificación molecular, ya que 18 de las 33 secuencias

analizadas presentan valores por encima del estándar (tabla 2). Si consideramos ese valor estándar de similitud nucleotídica como parámetro para establecer un código de barras genético confiable, entonces nuestros resultados contribuyen con 18 códigos de barras de especies tropicales en las bases de datos públicas.

Los ejemplares identificados como *Trametes* aff. *variegata* (ID-COL VO-1754) y *Psathyrella* aff. *cacao* (ID-COL VO 1774); aun cuando presentan valores de



similitud nucleotídica de 97.6% y 97.4%, respectivamente, fueron considerados con la connotación “affinis” debido a la enorme plasticidad fenotípica que se presenta en esas especies, por lo cual es necesario realizar una revisión más detallada de la morfología. En el caso del espécimen identificado como *Agaricus* aff. *porphyropos* (ID COL VO 1889), éste presenta un valor de 1.8 de divergencia genética. Optamos por considerarlo “affinis”, ya que autores como Drewinski et al. (2017) y Parra et al. (2018)

han empleado dentro del género *Agaricus* valores de 0.1% hasta 1.2% de divergencia genética para considerar a 2 especies conespecíficas y/o separar especies hermanas. Aun cuando los datos moleculares respaldan la idea de que se trata de *A. porphyropos*, es necesario revisar con mayor detalle la morfología de nuestro espécimen. Por otro lado, *Geastrum* aff. *violaceum* (ID-COL VO 1895), con un valor de 96.6% de similitud nucleotídica, corresponde morfológicamente con *G. violaceum*, citada para México

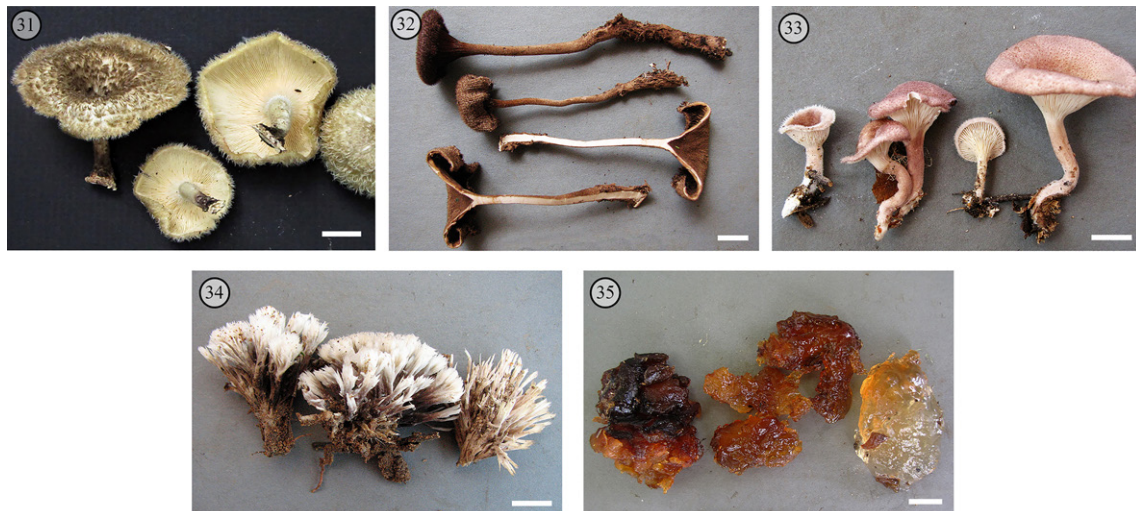


Figura 3. 1. *Ophiocordyceps sobolifera*; 2. *Annulohyphoxylon truncatum*; 3. *Hyphoxylon rubiginosum*; 4. *Xylaria filiformis*; 5. *Calvatia cyathiformis*; 6. *Calvatia rugosa*; 7. *Leucoagaricus lilaceus*; 8. *Leucocoprinus birnbaumii*; 9. *Leucocoprinus fragilissimus*; 10. *Macrolepiota excoriata*; 11. *Hygrocybe cantharellus*; 12. *Calocybe carnea*; 13. *Calocybe gambosa*; 14. *Marasmius congregates*; 15. *Gymnopus gibbosus*; 16. *Hohenbuehelia portegna*; 17. *Pleurotus djamor*; 18. *Volvariella bombycina*; 19. *Volvopluteus gloiocephalus*; 20. *Parasola plicatilis*; 21. *Auricularia fuscusuccinea*; 22. *Phlebopus beniensis*; 23. *Geastrum lageniforme*; 24. *Geastrum minimum*; 25. *Gloeophyllum striatum*; 26. *Phylloporia spathulata*; 27. *Foraminispora rugosa*; 28. *Ganoderma martinicense*; 29. *Crassisporus microsporus*; 30. *Flavodon flavus*; 31. *Lentinus crinitus*; 32. *Lentinus velutinus*; 33. *Panus neostrigosus*; 34. *Thelephora versatilis*; 35. *Tremella wrightii*. Escala: barra = 1 cm.

por Bautista-Hernández et al. (2015), sin embargo, debido a su alto valor de variación genética (3.4%), es probable que se trate de una especie críptica, la cual podría ser nueva para la ciencia.

Es notable señalar que, durante las recolectas de 2013 (a partir del número 15 en la fig. 2), se observó un aumento en el número de especies acumuladas. Se sabe que a medida que se van realizando más muestreos, el número de especies que se registran va disminuyendo, no obstante, en nuestro caso no ocurrió de esa manera (Jiménez-Valverde y Hortal, 2003). Este aumento en la riqueza de especies podría ser resultado del huracán Carlota, que azotó las costas de Oaxaca en junio del 2012. Los huracanes son un factor que modifica la estructura y la composición de los ecosistemas (Navarro-Martínez et al., 2012). Durante un huracán, se abren claros en los bosques por el derribo de árboles (Pat-Aké et al., 2018), generando áreas de acceso a nuevas especies adaptadas a esos microclimas particulares. Una perturbación grave como la generada por los huracanes induce modificaciones en el ambiente y en la abundancia de sustratos, dando como resultado una variación en las comunidades fúngicas (Bergues-Pupo y Almarales, 2019; Lodge y Cantrell, 1995; Penttilä et al., 2013). El aumento de diversidad fúngica es un fenómeno que se ha observado en estudios hechos sobre el impacto de huracanes en el estado de Jalisco (Álvarez-

Manjarrez y Garibay-Orijel, com. pers.). Consideramos que el incremento de la riqueza observada en la curva de acumulación, así como la tendencia a seguir aumentando el número de nuevos registros, es una respuesta conjunta entre el esfuerzo de muestreo, el efecto de un fenómeno natural como lo fue el huracán Carlota, la propia resiliencia ecológica y la implementación de técnicas moleculares para la identificación de especies.

Por todo lo anterior, concluimos que, a pesar de la escasez de bibliografía taxonómica útil para la identificación de hongos en bosques tropicales, el aporte al conocimiento de la diversidad de macromicetos para la región de la costa y para Oaxaca es bueno, con un incremento de 22 y 4% de nuevos registros, respectivamente. El valor casi triplicado (54 spp.) del número de especies previamente conocidas, creciendo en selva baja caducifolia de la región de la costa, es un reflejo de lo poco estudiado que está este tipo de vegetación, en cuanto a la funga se refiere. Del mismo modo, el bajo porcentaje de similitud nucleotídica que presentan 15 de nuestros 33 códigos de barras, no indica la necesidad de aumentar el muestreo de hongos en los bosques tropicales.

La mala identificación taxonómica de los especímenes, la carencia de datos descriptivos de las especies, así como la ausencia de secuencias de referencia disponibles en las bibliotecas públicas de datos genéticos actúan como

limitantes para el uso de los códigos de barras en el proceso de la determinación taxonómica. Es necesario revertir este fenómeno fomentando la formación de micólogos que realicen una taxonomía integrativa, considerando las características de identificación morfológica, uso de técnicas moleculares y de datos ecológicos, entre otros.

Es factible pensar que nuestros resultados de la completitud del inventario no son incorrectos y que la diversidad de macromicetos de esa zona aún no se conoce por completo, por lo cual se sugiere continuar con el estudio de los hongos de la región.

## Agradecimientos

Los autores deseamos externar nuestro más grande agradecimiento a todo el personal operativo de la UMA “Jardín Botánico Puerto Escondido” por su apoyo durante la recolectas de los ejemplares biológicos, además también a todos los estudiantes de la carrera de Biología de la Universidad del Mar, campus Puerto Escondido que participaron con su trabajo de campo.

## Referencias

- Abarenkov, K., Nilsson, R. H., Larsson, K. H., Alexander, I., Eberhardt, U., Erland, S. et al. (2010). The UNITE database for molecular identification of fungi-recent updates and future perspectives. *New Phytologist*, 186, 281–285. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2009.03160.x>
- Álvarez, V. I., Raymundo, T. y Valenzuela, R. (2016). Hongos histerioides (Dothideomycetes, Ascomycota) del bosque tropical caducifolio en el Parque Nacional Lagunas de Chacahua, Oaxaca, México. *Acta Botanica Mexicana*, 116, 49–64. <https://doi.org/10.21829/abm116.2016.1118>
- Anslan, S., Nilsson, R. H., Wurzbacher, C., Baldrian, P., Tedersoo, L. y Bahram, M. (2018). Great differences in performance and outcome of high-throughput sequencing data analysis platforms for fungal metabarcoding. *Myckeys*, 39, 29. <https://doi.org/10.3897/mycokeys.39.28109>
- Badotti, F., Silva de Oliveira, F., Garcia, C. F., Martins-Vaz, A. B., Camargos-Fonseca, P. L., Alves, L. et al. (2017). Effectiveness of ITS and sub-regions as DNA barcode markers for the identification of Basidiomycota (Fungi). *BMC Microbiology*, 17, 42. <https://doi.org/10.1186/s12866-017-0958-x>
- Barbosa-Reséndiz, A., Valenzuela, R., Sánchez-Flores, M., Bautista-Hernández, S., Cobos-Villagrán, A., Pérez-Valdespino, A. et al. (2020). El género *Daldinia* (Sordariomycetes, Ascomycota) en México. *Acta Botanica Mexicana*, 127, e1600. <https://doi.org/10.21829/abm127.2020.1600>
- Bautista-Hernández, S., Aguirre-Acosta, E., Raymundo, T., Herrera, T., Cifuentes, J., Cappello-García, S. et al. (2015). *Geastrum violaceum*, registro nuevo para México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 86, 569–572. <https://doi.org/10.1016/j.rmb.2015.05.005>
- Begerow, D., Nilsson, H., Unterseher, M. y Maier, W. (2010). Current state and perspectives of fungal DNA barcoding and rapid identification procedures. *Applied Microbiology Biotechnology*, 87, 99–108. <https://doi.org/10.1007/s00253-010-2585-4>
- Bergues-Pupo, A. y Almarales, A. (2019). Efecto del huracán Sandy sobre la diversidad de hongos políporos (Basidiomycota) de la pluvisilva montana de la Gran Piedra, Cuba. *Acta Botanica Cubana*, 218, 11–16. <http://revistas.geotech.cu/index.php/abc/article/view/261>
- Bickford, D., Lohman, D. J., Sodhi, N. S., Ng, P. K. L., Winker, K., Ingram, K. K. et al. (2006). Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 22, 148–155. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.11.004>
- Cannon, P. y Kirk, P. (2007). *Fungal families of the world*, 10 Ed. Wallingford: CAB International.
- Cappello, S. (2006). *Hongos del Yumka: guía ilustrada*. Villahermosa: Universidad Juárez Autónoma de Tabasco/Secretaría de Desarrollo Social y Protección al Medio Ambiente.
- Cappello, S., Rosique, E. y Cifuentes, J. (2013). *Guía de hongos macroscópicos del Parque Estatal Agua Blanca*. Villahermosa: Universidad Juárez Autónoma de Tabasco.
- Chacón, S. y Guzmán, G. (1983). Ascomycetes poco conocidos en México. *Boletín de la Sociedad Mexicana de Micología*, 18, 183–218. <https://doi.org/10.33885/sf.1985.3.638>
- Chapra, S. C. y Canale, R. P. (2011). *Métodos numéricos para ingenieros*. Ciudad de México: Mc. Graw-Hill.
- Cifuentes, J. y Guzmán, G. (1981). Descripción y distribución de hongos tropicales (Agaricales) no conocidos previamente en México. *Boletín de la Sociedad Mexicana de Micología*, 16, 35–61. <https://doi.org/10.33885/sf.1981.2.537>
- Cifuentes, J., Villegas, M. y Pérez-Ramírez, L. (1986). Hongos. En A. Lot y A. F. Chiang (Eds.), *Manual de herbario* (pp. 55–64). México D.F.: Consejo Nacional de la Flora de México, A.C.
- Cifuentes, J., Villegas, M., Villarruel-Ordaz, J. L. y Sierra, S. (1996). Diversity of Macromycetes in pine-oak forests in the neovolcanic axis, México. En M. E. Palm y I. H. Chapela (Eds.), *Mycology in sustainable development: expanding concepts, vanishing borders* (pp. 111–121). North Carolina: Parkway Publishers Inc.
- Cobos-Villagrán, A., Hernández-Rodríguez, C., Valenzuela, R., Villa-Tanaca, L., Calvillo-Medina, R., Mateo-Cid, L. et al. (2020). El género *Rhytidhysterium* (Dothideomycetes, Ascomycota) en México. *Acta Botanica Mexicana*, 127, e1675. <https://doi.org/10.21829/abm127.2020.1675>
- De Salle, R., Egan, M. G. y Siddall, M. (2005). The unholy trinity: taxonomy, species delimitation and DNA barcoding. *Philosophical Transactions of the Royal Society. B*, 360, 1905–1916. <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1722>

- Díaz-Moreno, R., Marmolejo, J. G. y Valenzuela, R. (2005). Flora micológica de bosques de pino y pino-encino en Durango, México. *Ciencia UANL*, 8, 362–369.
- Drewinski, M. P., Menolli, N. Jr. y Neves, M. A. (2017). *Agaricus globocystidiatus*: a new neotropical species with pleurocystidia in *Agaricus* subg. *Minoriopsis*. *Phytotaxa*, 314, 64–72. <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.314.1.4>
- Gardes, M. y Bruns, T. (1993). ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology*, 2, 113–118. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1993.tb00005.x>
- Garibay-Orijel, R. (2014). *Códigos de barras de hongos ectomicorrízicos de localidades selectas del neotrópico mexicano*. Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Biología. Informe final Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad-Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, proyecto HB028. México D.F.
- Garnica, S., Schon, M. E., Abarenkov, K., Riess, K., Liimatainen, K., Niskanen, T. et al. (2016). Determining threshold values for barcoding fungi: lessons from *Cortinarius* (Basidiomycota), a highly diverse and widespread ectomycorrhizal genus. *FEMS Microbiology Ecology Advance*, 94, 1–16. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiw045>
- Guzmán, G. (1998). Inventorying the fungi of Mexico. *Biodiversity and Conservation*, 7, 369–84. <https://doi.org/10.1023/A:1008833829473>
- Guzmán, G. (2003). *Los hongos de El Edén, Quintana Roo (Introducción a la micobiota tropical de México)*. Xalapa: Instituto de Ecología/ Comisión Nacional para el Conocimiento y Usos de la Biodiversidad.
- Guzmán, G. y Pérez-Patraca, A. M. (1972). Las especies conocidas del género *Panaeolus* en México. *Boletín de la Sociedad Mexicana de Micología*, 6, 17–53. <https://doi.org/10.33885/sf.1972.2.408>
- Guzmán, G. y Piepenbring, M. (2011). *Los hongos de Panamá: introducción a la identificación de los macroscópicos*. Xalapa: Instituto de Ecología, A. C.
- Index Fungorum. (2020). Index fungorum. Recuperado de [www.indexfungorum.org](http://www.indexfungorum.org). Consultada el 01 de septiembre del 2020.
- INEGI (Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática). (2005). *Conjunto de datos vectoriales de la carta de uso del suelo y vegetación: escala 1:250 000. Serie III (continuo nacional)*. Aguascalientes: Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática.
- INEGI (Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática). (2013). *Continuo de Elevaciones Mexicano 3.0. Resolución 15 m*. Aguascalientes: Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática.
- Jiménez-Valverde, A. y Hortal, J. (2003). Las curvas de acumulación de especies y la necesidad de evaluar la calidad de los inventarios biológicos. *Revista Ibérica de Aracnología*, 8, 151–161. [http://sea-entomologia.org/PDF/RIA\\_8/R08-024-151.pdf](http://sea-entomologia.org/PDF/RIA_8/R08-024-151.pdf)
- Kipling, W. W. y Rubinoff, D. (2006). Myth of the molecule: DNA barcodes for species cannot replace morphology for identification and classification. *Cladistics*, 20, 47–55. <https://doi.org/10.1111/j.1096-0031.2003.00008.x>
- Köljal, U., Nilsson, R. H., Abarenkov, K., Tedersoo, L., Taylor, A. F. S., Bahram, M. et al. (2013). Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi. *Molecular Ecology*, 22, 5271–5277. <https://doi.org/10.1111/mec.12481>
- Largent, D., Johnson, D. y Watling, R. (1986). *How to identify mushrooms to genus, III. Microscopic Features*. Eureka: Mad River Press.
- Lodge, D. J. (2001). Diversidad mundial y regional de hongos. En H. M. Hernández, A. N. García Aldrete, F. Álvarez y M. Ulloa (comps.), *Enfoques contemporáneos para el estudio de la biodiversidad* (pp. 291–304). México D. F.: Instituto de Biología, UNAM.
- Lodge, D. J. y Cantrell, S. (1995). Fungal communities in wet tropical forests: variation in time and space. *Canadian Journal of Botany*, 73, S1391–S1398. <https://doi.org/10.1139/b95-402>
- Medel, R. (2007). Especies de Ascomycetes citados de México IV: 1996–2006. *Revista Mexicana de Micología*, 25, 69–76. <https://doi.org/10.33885/sf.2007.3.1004>
- Medel, R., Guzmán, G. y Castillo, R. (2010). Adiciones al conocimiento de *Xylaria* (Ascomycota, Xylariales) en México. *Revista Mexicana de Micología*, 31, 9–18. <https://doi.org/10.33885/sf.2010.3.1057>
- Mori-del Águila, T., Bendayán, M. E., Tresierra-Ayala, Á., García, M., Ruiz, E., Bardales, J. et al. (2011). Ascomycetes y Basidiomycetes macroscópicos en bosques de puerto Almendras (Loreto, Perú). *Folia Amazónica*, 20, 7–14. <https://doi.org/10.24841/fa.v20i1.2.350>
- Navarro-Martínez, A., Durán-García, R. y Méndez-González, M. (2012). El impacto del huracán Dean sobre la estructura y composición arbórea de un bosque manejado en Quintana Roo, México. *Madera y Bosques*, 18, 57–76. <https://doi.org/10.21829/myb.2012.1811138>
- O'Brien, H. E., Parrent, J. L., Jackson, J. A., Moncalvo, J. M. y Vilgalys, R. (2005). Fungal community analysis by large-scale sequencing of environmental samples. *Applied and Environmental Microbiology*, 71, 5544–5550. <https://doi.org/10.1128/AEM.71.9.5544-5550.2005>
- Ortega-López, I., Valenzuela, R., Gay-González, A. D., Lara-Chávez, M. B. N., López-Villegas, E. O. y Raymundo, T. (2019). La familia Sarcoscyphaceae (Pezizales, Ascomycota) en México. *Acta Botanica Mexicana*, 126, e1430. <https://doi.org/10.21829/abm126.2019.1430>
- Parra, L. A., Angelini, C., Ortiz-Santana, B., Mata, G., Billette, C., Rojo, C. et al. (2018). The genus *Agaricus* in the caribbean. Nine new taxa mostly based on collections from the Dominican Republic. *Phytotaxa*, 345, 219–271. <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.345.3.2>
- Pat-Aké, I., Cámara-Cabral, L. C., Ward, S., Martínez-Zurimendi, P., Martínez-Sánchez, J. L., Negreros-Castillo,

- P. et al (2018). Efecto del huracán Dean en la dinámica estructural de selvas bajo manejo forestal en Quintana Roo, México. *Madera y Bosques*, 24, 1–17.
- Paz, A., González, M. y Crawford, A. J. (2011). Código de barras de la vida: Introducción y perspectiva. *Acta Biológica Colombiana*, 16, 161–176.
- Penttilä, R., Junninen, K., Puntila, P. y Siitonen, J. (2013). Effects of forest restoration by fire on polypores depend strongly on time since disturbance - A case study from Finland based on a 23-year monitoring period. *Forest Ecology and Management*, 310, 508–516. <https://doi.org/10.21829/myb.2018.2421585>
- Pérez-Pazos, E., Villegas-Ríos, M., Garibay-Orijel, R. y Salas-Lizana, R. (2019). Two new species of *Clavulina* and the first record of *Clavulina reae* from temperate *Abies religiosa* forests in central Mexico. *Mycological Progress*, 18, 1187–1200. <https://doi.org/10.1007/s11557-019-01516-z>
- Pérez-Silva, E. (1973). El género *Daldinia* (Pyrenomycetes) en México. *Boletín de la Sociedad Mexicana de Micología*, 7, 51–58. <https://doi.org/10.33885/sf.1973.2.417>
- Pérez-Silva, E. (1975). El género *Xylaria* (Pyrenomycetes) en México. *Boletín de la Sociedad Mexicana de Micología*, 9, 31–52. <https://doi.org/10.33885/sf.1975.2.441>
- Pérez-Silva, E. (1977). Algunas especies del género *Cordyceps* (Pyrenomycetes) en México. *Boletín de la Sociedad Mexicana de Micología*, 11, 145–153. <https://doi.org/10.33885/sf.1977.2.472>
- Ramírez-Cruz, V., Guzmán, G. y Ramírez-Guillen, F. (2006). El género *Psilocybe* en Oaxaca, su distribución y sus relaciones étnicas. *Revista Mexicana de Micología*, 23, 27–36. <https://doi.org/10.33885/sf.2006.3.975>
- Ramírez-López, I., Villegas-Ríos, M., Salas-Lizana, R., Garibay-Orijel, R. y Alvarez-Manjarrez, J. (2015). *Thelephora versatilis* and *Thelephora pseudoversatilis*: Two new cryptic species with polymorphic basidiomes inhabiting tropical deciduous and sub-perennial forests of the Mexican Pacific coast. *Mycologia*, 107, 346–358. <https://doi.org/10.3852/14-151>
- Raymundo, T., Martínez-Pineda, M., Cobos-Villagrán, A., Sánchez-Flores, M. y Valenzuela, R. (2020). Primer registro de *Unguiculariopsis ravenelii* (Leotiomycetes, Ascomycota) en México. *Acta Botanica Mexicana*, 127, e1666. <https://doi.org/10.21829/abm.127.2020.1666>
- Raymundo, T. y Valenzuela, R. (2003). Los poliporáceos de México VI. Los hongos poliporoides del Estado de Oaxaca. *Polibotánica*, 16, 79–112.
- Roskov, Y., Ower, G., Orrell, T., Nicolson, D., Bailly, N., Kirk, P. M. et al. (2020). *Species 2000 & ITIS Catalogue of Life, 2020-06-04 Beta*. Species 2000: Naturalis, Leiden, the Netherlands. Consultada el 01 de septiembre del 2020. [www.catalogueoflife.org/col](http://www.catalogueoflife.org/col)
- San Martín, F. y Rogers, J. D. (1989). A preliminary account of *Xylaria* of Mexico. *Mycotaxon*, 34, 283–374.
- San Martín, F. y Rogers, J. D. (1995). Notas sobre la historia, relaciones de hospedante y distribución del género *Xylaria* (Pyrenomycetes, Sphaeriales) en México. *Acta Botanica Mexicana*, 30, 21–40. <https://doi.org/10.21829/abm30.1995.731>
- San Martín, F., Rogers, J. D. y Lavín, P. (1997). Algunas especies de *Xylaria* (Pyrenomycetes, Sphaeriales) habitantes en hojarasca de bosques mexicanos. *Revista Mexicana de Micología*, 13, 58–69. <https://doi.org/10.33885/sf.1997.3.863>
- Schoch, C. L., Seifert, K. A., Huhndorf, S., Robert, V., Spouge, J. L., Levesque, C. A. et al. (2012). Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109, 6241–6246. <https://doi.org/10.1073/pnas.1117018109>
- Seifert, K. A. (2008). Integrating DNA barcoding into the mycological sciences. *Persoonia*, 21, 162–166. <https://doi.org/10.3767/003158508X395706>
- Semarnat-Conafor (Secretaría del Medio Ambiente y Recursos Naturales-Comisión Nacional Forestal). (2014). *Inventario estatal forestal y de suelos-Oaxaca 2013*. Ciudad de México: Secretaría del medio ambiente y recursos naturales-Comisión nacional forestal.
- Singer, R. (1976). Marasmiaceae (Basidiomycetes-Tricholomataceae). *Flora Neotropica*, 17, 1–347.
- Sunum, R., Quezada, M. y Bustamante, D. (2015). Fructificación de *Marasmius* Fr. en respuesta a factores climáticos en remanentes de selva de la Ecorregión Lachuá, Alta Verapaz. *Revista Científica*, 25, 59–74.
- Tedersoo, L., Bahram, M., Pöhlme, S., Kõljalg, U., Yorou, N., Wijesundera, R. et al. (2014). Global diversity and geography of soil fungi. *Science*, 346, 6213. <https://doi.org/10.1126/science.1256688>
- Trejo, I. (2005). Análisis de la diversidad de la selva baja caducifolia en México. En G. Halffter, J. Soberón, P. Koleff y A. Melic (eds.), *Sobre diversidad biológica: el significado de las diversidades alfa, beta y gamma* (pp. 111–122) Zaragoza: Comisión Nacional para el Conocimiento y Usos de la Biodiversidad-Sociedad Entomológica Aragonesa-DIVERSITAS-Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología.
- Villarruel-Ordaz, J. L., Canseco, E. y Cifuentes, J. (2015). Diversidad fúngica en el municipio de San Gabriel Mixtepec, región de la costa de Oaxaca, México. *Revista Mexicana de Micología*, 41, 55–63. <https://doi.org/10.33885/sf.2015.3.1137>
- Villarruel-Ordaz, J. L. y Cifuentes, J. (2007). Macromicetos de la cuenca del río Magdalena y zonas adyacentes, delegación La Magdalena Contreras, México, D.F. *Revista Mexicana de Micología*, 25, 59–68. <https://doi.org/10.33885/sf.2007.3.1003>
- Wartchow, F., Putzke, J. y de Queiroz, M. A. (2008). Agaricaceae Fr. (Agaricales, Basidiomycota) from areas of Atlantic Forest in Pernambuco, Brazil. *Acta Botanica Brasilica*, 22, 287–299. <https://doi.org/10.1590/S0102-33062008000100026>
- Welden, A. L. y Guzmán, G. (1978). Lista preliminar de los hongos, líquenes y mixomicetos de las regiones de Uxpanapa, Coatzacoalcos, Los Tuxtlas, Papaloapan y Xalapa (Parte de los Estados de Veracruz y Oaxaca). *Boletín de la Sociedad Mexicana de Micología*, 12, 59–102. <https://doi.org/10.33885/sf.1978.2.481>

- White, T. J., Bruns, T., Lee, S. y Taylor, J. (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomes RNA genes for phylogenetics. En M. A. Innis, D. H. Gelfand, J. J. Sninsky y T. J. White (Eds). *PCR protocols: a guide to methods and applications* (pp. 315–322). Nueva York: Academic Press.
- Yahr, R., Schoch, C. L. y Dentinger, B. T. M. (2016). Scaling up discovery of hidden diversity in fungi: impacts of barcoding approaches. *Philosophical Transactions B*, 371, 20150336. <http://dx.doi.org/10.1098/rstb.2015.0336>