

PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES
ESCUELA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

Primeros resultados de la exploración micológica en el
Parque Nacional Sangay y en el Parque Nacional Llanganates

Tesis previa a la obtención del título de Magister
en Biología de la Conservación

MARÍA FERNANDA GUEVARA GRANJA

Quito, 2016

CERTIFICACIÓN

Certifico que la tesis de Maestría en Biología de la Conservación de la candidata María Fernanda Guevara Granja ha sido concluida de conformidad con las normas establecidas; por lo tanto, puede ser presentada para la calificación correspondiente.

María Eugenia Ordoñez, Ph.D.

Directora de tesis

Quito, 17 de junio del 2016

A mis padres, mis hermanos y hermana, quienes con su amor son mi fortaleza.

AGRADECIMIENTOS

Principalmente quiero agradecer a Dios, por permitirme alcanzar una nueva meta.

A mi familia, por toda su ayuda brindada a lo largo estos estudios y desarrollo de tesis, por su motivación y aliento, al igual que a mis compañeros y amigos de Maestría.

De manera especial agradezco a María Eugenia Ordoñez por la dirección de este trabajo. Por todo su apoyo brindado, que va más allá de lo que el trabajo de tutor de tesis supone.

También quiero agradecer a Cristina Toapanta, por su apoyo y por el tiempo brindado a esta investigación, y también a todo el equipo del Fungario QCAM de la PUCE.

A Charlie Barnes, por tomarse el tiempo para compartir su conocimiento.

A Marcel Caminer un gracias infinito por la ayuda recibida en el desarrollo de la tesis y por su amistad.

A Doris Vela, Hugo Navarrete y Javier Carvajal por sus comentarios sobre este tema, y a todos los profesores de la Maestría por despejar mis dudas.

Al proyecto “Arca de Noé” y al Fungario QCAM por facilitar el financiamiento para el presente estudio.

TABLA DE CONTENIDO

1	RESUMEN.....	1
2	ABSTRACT.....	3
3	INTRODUCCIÓN.....	4
4	MATERIALES Y MÉTODOS.....	11
	4.1 LEVANTAMIENTO DE LA INFORMACIÓN.....	11
	4.2 IDENTIFICACIÓN MOLECULAR.....	12
	4.3 ANÁLISIS FILOGENÉTICO.....	12
5	RESULTADOS.....	14
	5.1 IDENTIFICACIÓN DE LOS INDIVIDUOS COLECTADOS EN LOS PARQUES NACIONALES SANGAY Y LLANGANATES.....	14
	5.2 ANÁLISIS FILOGENÉTICO.....	15
6	DISCUSIÓN.....	19
	6.1 ORDEN RUSSULALES.....	19
	6.2 ORDEN XYLARIALES.....	20
	6.3. ÓRDENES AURICULARES Y CANTHARELLALES (CLASE AGARICOMYCETES).....	22
	6.4. ORDEN POLYPORALES.....	23
	6.5. ORDEN AGARICALES.....	24
	6.6. APORTES A LA CONSERVACIÓN DE LOS HONGOS.....	25
7	LITERATURA CITADA.....	30
8	FIGURAS.....	38
9	TABLAS.....	49
10	ANEXOS.....	58

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 Mapa de ubicación del Parque Nacional Sangay y del Parque Nacional Llangantes y puntos de muestreo.....	38
Figura 2 Mapa de ubicación de puntos de muestreo en el Parque Nacional Sangay.	38
Figura 3 Mapa de ubicación de puntos de muestreo en el Parque Nacional Llanganates..	39
Figura 4 Árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Russulales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a secuencias de la región ITS.	40
Figura 5 Árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Xylariales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a secuencias de la región ITS	41
Figura 6 Árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes de los órdenes Auriculares y Cantharellaes (Clase Agaromycetes) obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS.....	42
Figura 7 Árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Polyporales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS.	43
Figura 8 Vista parcial, Sección A, del árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Polyporales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS.....	44
Figura 9 Vista parcial, Sección B, del árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Polyporales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS.....	45
Figura 10 Árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Agaricales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la	

secuencia de la región del ITS 46

Figura 11 Vista parcial, Sección A, del árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Agaricales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS 47

Figura 12 Vista parcial, Sección B, del árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Agaricales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS 48

LISTA DE TABLAS

Tabla 1 Modelos de sustitución usados para el análisis de Máxima Verosimilitud de los órdenes de hongos colectados en los Parques Nacionales Sangay y Llanganates, grupo externo empleado para en el árbol filogenético y número de secuencias analizadas. 49

Tabla 2 Hongos colectados en los Parques Nacionales Sangay y Llanganates. Se muestra código de colección, lugar de muestreo, identificación taxonómica, tipo de análisis realizado, accesoión de GenBank y valores de cobertura e identidad. 50

1 RESUMEN

En Ecuador se realizan esfuerzos para la conservación de su diversidad biológica, parte de esta labor comprende el establecimiento del Sistema Nacional de Áreas Protegidas (SNAP) del cual forman parte el Parque Nacional Sangay y el Parque Nacional Llanganates. Para el presente estudio se contó con colecciones de hongos muestreados por un equipo de investigadores del Fungario QCAM de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador en los Parques Nacionales indicados, de los cuales se obtuvieron secuencias de las regiones del espaciador transcribible interno (ITS1-5.8S-ITS2) del ADN ribosómico (ADNr). El análisis de las secuencias permitió la identificación taxonómica de los hongos estudiados con ayuda de herramientas bioinformáticas, para posteriormente estudiar las relaciones filogenéticas entre los individuos recolectados y así contribuir con información base sobre su diversidad biológica necesaria para diseñar e implementar medidas para la conservación de hongos. Se identificaron un total de 33 individuos del Parque Nacional Sangay y 65 del Parque Nacional Llanganates y se obtuvieron árboles filogenéticos de máxima verosimilitud, con soportes de *bootstrap* altos (mayores que 70) en la mayoría de sus ramas, para los órdenes: Russulales, Xylariales, Auriculariales y Cantharellales, Polyporales y Agaricales. Adicionalmente, se identificaron hongos de los órdenes Boletales, Hypocreales, Helotiales y Hymenochaetales, en base a comparaciones con secuencias disponibles en GenBank. No todos los hongos se identificaron a nivel de especie. Secuencias de los géneros *Sistotrema* sp. , *Ganoderma* sp. y *Amauroderma* sp. presentaron diferencias respecto a otros especímenes del mismo género encontrados en el Ecuador y con información obtenida en GenBank, lo que sugiere que podría tratarse de especies nuevas. Las relaciones filogenéticas no fueron resueltas para todos los grupos, sin embargo, el uso de secuencias ITS se aplicaron con éxito para el levantamiento de una línea base de la diversidad de hongos de los Parques descritos, presentando información que aporta a la conservación de este grupo de organismos.

Palabras clave: Diversidad, hongos, ITS, Llanganates, parque nacional, Sangay.

2 ABSTRACT

In Ecuador efforts for the conservation of biological diversity are made, partly through the establishment of the National System of Protected Areas (SNAP), of which the Sangay National Park and the Llanganates National Park are part of. A team of researchers from the QCAM Fungarium of Pontificia Universidad Catolica del Ecuador collected fungal specimens in the aboved mentioned National Parks, and the sequences of the internal transcribed spacer region (ITS1-5.8S-ITS2) of the ribosomal DNA (rDNA) were obtained. The analysis of the sequences allowed the taxonomic identification of the fungi sampled using bioinformatics tools. Phylogenetic relationships among the sampled individuals were done, thus contributing with basic information necessary to design and implement conservation measures of the biological diversity of fungi. A total 33 samples from Sangay National Park and 65 from Llanganates National Park were identified and maximum likelihood phylogenetic trees were obtained with high bootstrap support (greater than 70) in most of its branches, for orders: Russulales, Xylariales, Auriculariales and Cantharellales, Polyporales and Agaricales. Additionally, fungi of orders Boletales, Hypocreales, Helotiales and Hymenochaetales were identified, based on comparison with sequences available in GenBank. Not all fungi were identified to species level. Sequences of the genera *Sistotrema* sp., *Ganoderma* sp. and *Amauroderma* sp. showed differences with other samples of the same genera from Ecuador and those obtained from GenBank, which suggests that those could be new species. Phylogenetic relationships were not resolved for all groups, nevertheless, analyses of ITS sequences were successfully done, and a baseline of diversity of fungi for the Parks was obtained, presenting information to contribute to the conservation of this group of organisms.

Keywords: Diversity, fungi, ITS, Llanganates, National Park, Sangay.

3 INTRODUCCIÓN

El término biodiversidad o diversidad biológica en su escala más baja, incluye la información genética codificada dentro del ADN de una población o especie; en un nivel intermedio se puede hacer referencia al número de especies que existen en una determinada comunidad ecológica o área geográfica; mientras que en una escala mayor, la biodiversidad es la variedad de tipos de hábitat que está presente en un paisaje terrestre o marino, junto con los organismos vivos que lo ocupan. Se puede apreciar la importancia de la diversidad biológica al atribuirle un valor intrínseco aplicado a todo lo que tenga cualidades únicas e irremplazables, es así que las especies y comunidades ecológicas naturales deben conservarse independientemente de su utilidad o servicios que puedan brindar al ser humano o al ecosistema. Sin embargo, varios elementos de la biodiversidad son valiosos como fuentes de alimentos, medicinas, materiales y energía, de manera que la biodiversidad también posee un valor utilitario (Michalos, 2014).

En el Ecuador se realizan esfuerzos para la conservación de su diversidad biológica, parte de esta es el establecimiento del Sistema Nacional de Áreas Protegidas (SNAP) que está conformado por Parques Nacionales, Reservas Ecológicas, Biológicas, de Producción de Fauna, Refugios de Vida Silvestre, y Áreas Nacionales de Recreación y de Caza y Pesca, distribuidos en el territorio nacional. Los Parques Nacionales Sangay y Llanganates (Figura 1), cubren áreas de 517765 ha y 219707 ha, respectivamente (Ministerio del Ambiente del Ecuador, 2007). El Parque Nacional Sangay se considera como una unidad de conservación de alta prioridad en los Andes Tropicales, debido a su elevada biodiversidad y su alto endemismo (Bajaña, Rivas, Sánchez, & Suárez, 2002). A su vez, el Parque Nacional Llanganates también es considerado como un área de notable endemismo, su alta prioridad de conservación se debe al carácter único de la biodiversidad que presenta y a la amenaza

constante que esta enfrenta (Ministerio del Ambiente del Ecuador, 2013). A pesar de los múltiples esfuerzos por estudiar la diversidad biológica de estos parques, su diversidad micológica es aún desconocida.

Dentro de las iniciativas para la conservación de los Parques Nacionales, la Secretaría de Educación Superior, Ciencia, Tecnología e Innovación (SENESCYT), financia el Proyecto Nacional de Caracterización Genética y Análisis Bioinformático de la Biodiversidad del Parque Nacional Podocarpus, Parque Nacional Sangay, Parque Nacional Yacuri y Parque Nacional Llanganates - Arca de Noé, mismo que es liderado por investigadores de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador (PUCE). El proyecto tiene como objetivo generar un sistema centralizado de información, dado que la magnitud real de la diversidad biológica del Ecuador es todavía desconocida.

El Fungario QCAM de la PUCE participa en el proyecto Arca de Noé, y cuenta con colecciones de hongos muestreados en los Parques Nacionales Sangay y Llanganates, de los cuales se han obtenido secuencias de ADN de las regiones del espaciador transcrito interno ITS1-5.8S-ITS2 del ADNr (ADN ribosómico). El análisis de las secuencias obtenidas permitirá identificar a los especímenes con ayuda de herramientas bioinformáticas, para posteriormente estudiar las relaciones filogenéticas entre los individuos encontrados en los Parques Nacionales descritos y así contribuir con información base sobre su diversidad biológica necesaria para diseñar e implementar medidas para la conservación de hongos.

El estudio y la conservación de hongos está tomando cada vez un papel más importante dentro de la Biología de la Conservación. Esta disciplina científica no solo trata problemas de especies individuales, sino que analiza estrategias basadas en la integridad de los

ecosistemas. En especial, si se considera que la amplia diversidad de hongos cumple roles protagónicos en los ecosistemas y son proveedores de servicios ambientales, justifica su estudio y conservación. Los hongos juegan un papel determinante en la dinámica de los ecosistemas, son ampliamente conocidos como descomponedores de materia orgánica siendo esenciales en el ciclo del carbono; la descomposición de materia vegetal es fundamental para la liberación de nutrientes, de manera que los hongos constituyen la base de la cadena alimenticia (Heilmann-Clausen et al., 2015). A su vez, este reino mega diverso tiene gran influencia en la estructura de comunidades de plantas, animales y bacterias ya que establecen relaciones de parasitismo y mutualismo con estos (Peay, Kennedy, & Bruns, 2008). Su contribución a la diversidad de organismos en los ecosistemas terrestres es clave, es así que, debido a las diferentes morfologías que presentan los hongos éstos sirven de hábitat para artrópodos y aves. Así mismo, los hongos proporcionan la principal fuente de alimento para numerosos organismos incluyendo orquídeas, insectos y mamíferos; muchas de estas asociaciones son específicas entre determinadas especies, de manera que la conservación de hongos tiene una influencia directa sobre todos estos organismos (Heilmann-Clausen et al., 2015).

La conservación de hongos se puede realizar a varias escalas, desde especies hasta hábitats completos, por lo tanto, existen diversas estrategias para su conservación. Una de las estrategias es la designación de áreas para la protección de hongos, de manera que entender y documentar la diversidad de los hongos presentes en estas zonas pueda sustentar los aspectos de su conservación. El conocimiento de las especies o taxas que están presentes en las áreas protegidas es necesario para determinar sus prioridades de conservación. Un elemento básico centrado a esta necesidad es el levantamiento de información de calidad que viene dado por un muestreo efectivo y un adecuado análisis y gestión de los datos obtenidos

(Plantlife International, 2008). Es así que, el conocimiento de la diversidad y taxonomía de hongos en base a un análisis molecular y filogenético, es prioritario, así como la investigación que conlleve a una mejor comprensión de la distribución y vínculos existentes entre diferentes taxas (Plantlife International, 2008).

En vista de que los hongos representan un estilo de vida tanto en el mundo microscópico como macroscópico, gran parte de la teoría ecológica que deriva de macroorganismos es aplicable al estudio de los hongos. Sin embargo, al igual que otros microorganismos, las comunidades fúngicas son altamente diversas y su descripción es escasa debido en gran medida a su naturaleza críptica, por lo que con el empleo de herramientas moleculares aplicadas a ecología fúngica se ha comenzado a reconciliar con éxito la brecha macro y microscópica (Peay et al., 2008).

Antes de la llegada de las herramientas moleculares, la identificación de la mayoría de especies de hongos dependía de la disponibilidad de las estructuras de fructificación en el campo o la capacidad de generación de cultivos en laboratorio. Aunque estos métodos pueden resultar eficaces, en algunos casos estos no son ideales, dado que los cultivos pueden consumir mucho tiempo y recursos, y en ocasiones la identificación se basaba en conceptos morfológicos que podrían ser incorrectos, dada a la plasticidad fenotípica que tienen ciertas especies. La aplicación de técnicas moleculares se ha vuelto tan generalizada que en esencia la ecología de hongos se ha convertido en ecología molecular (Peay et al., 2008).

La base de datos de hongos recolectados en los Parques Nacionales Sangay y Llanganates es una valiosa herramienta para su conservación. Los análisis de sus secuencias del ADNr permiten la identificación taxonómica de los hongos gracias a métodos basados en biología

molecular, y permiten también realizar estudios filogenéticos (Lin et al., 2007). En la actualidad se aplican varias técnicas moleculares para la identificación de hongos, siendo la secuenciación del espaciador transcrito interno (ITS) del ADN ribosómico (ADNr) un marcador muy utilizado y considerado como el código de barras para el reino Fungi (Schoch et al., 2014).

Las regiones ITS para la identificación de especies fúngicas reúne múltiples ventajas sobre otras regiones del genoma, como por ejemplo: poseen sitios altamente conservados que se encuentran adyacentes a regiones muy variables, debido al alto número de copias presentes es fácil su amplificación incluso a partir de pequeñas cantidades de ADN, y existe gran disponibilidad de numerosas secuencias para su comparación en bases de datos públicas, lo que en gran medida facilita la identificación de muestras desconocidas (Peay et al., 2008). De igual manera, las regiones del ITS junto con las secuencias 5.8S han sido ampliamente utilizadas para estimar relaciones filogenéticas por medio de análisis de alineamiento de secuencias mediante estudios comparativos del ADNr (Chiang & Schaal, 2000; Göker, Riethmüller, Voglmayr, Weiss, & Oberwinkler, 2004; Matsumoto, Kageyama, Suga, & Hyakumachi, 1999). De esta manera, al analizar las secuencias ITS1-5.8S-ITS2 de los hongos colectados en los Parques Nacionales Sangay y Llanganates, se logrará identificarlos mediante técnicas moleculares y análisis filogenético, y estimar la diversidad de hongos presentes en estas dos áreas del SNAP.

Adicionalmente al análisis de las regiones ITS para la identificación taxonómica de hongos, se pueden emplear otros loci para estos propósitos como son: el factor de elongación de la traducción 1- α (TEF1 α), la subunidad grande de ribosoma (LSU) y la subunidad pequeña del ribosoma (SSU). Sin embargo, la región ITS del ADNr es el principal código de barras

para el reino Fungi (Stielow et al., 2015).

Al estudiar la descripción de la categoría “Parques Nacionales” que consta en el Plan Estratégico del Sistema Nacional de Áreas Protegidas del Ecuador 2007-2016 (Ministerio del Ambiente del Ecuador, 2007), se puede evidenciar que las acciones prioritarias implican la investigación y monitoreo ambiental. Dicho esto, la presente investigación aporta directamente con el cumplimiento de estas acciones. De igual forma, dentro de la definición que se propone para “Parques Nacionales”, se indica que sus ambientes deberán mantenerse poco alterados. Cabe mencionar que para estudiar el nivel de disturbios o alteraciones que afecten a los hongos presentes en los Parques, es importante contar con una línea base sobre su diversidad, de manera que al generar este conocimiento se está contribuyendo a su conservación. De esta forma se pondrá a disposición del SNAP información especializada, sistematizada y de fácil acceso, que aporte para la toma de decisiones en la gestión de los Parques Nacionales. El Plan Estratégico del SNAP (2007), menciona que muchas de las investigaciones que se llevan a cabo en las áreas protegidas no se vinculan con las necesidades de manejo, por lo que no apoyan a la toma de decisiones. En este sentido, la presente investigación permitirá conocer la diversidad y las relaciones filogenéticas de hongos colectados en el Parque Nacional Sangay (PS) y en el Parque Nacional Llanganates (PL), y de esta manera aportar con información necesaria para el manejo de estas áreas prioritarias para la conservación.

La información sobre biodiversidad, recursos naturales y culturales que actualmente se tiene sobre las áreas protegidas no es suficiente para cumplir en su totalidad con los objetivos de conservación del SNAP. En parte, esto se debe a que no se cuenta con recursos financieros y humanos suficientes para apoyar la generación y difusión de información sobre áreas

protegidas (Ministerio del Ambiente del Ecuador, 2007). Es así que los esfuerzos para proporcionar conocimiento sobre los distintos grupos taxonómicos que se encuentran en los Parques Nacionales Sangay y Llanganates, fortalecen al SNAP desde un enfoque que integra los objetivos de conservación de la biodiversidad y los recursos naturales con los objetivos de desarrollo científico y técnico del país. De esta manera, se participa de forma directa en la conservación de los Parques Nacionales Sangay y Llanganates contribuyendo con la asistencia técnica, para superar las carencias de conocimiento sobre biodiversidad fúngica.

El presente trabajo tiene como objetivo aportar con la conservación de los hongos del Parque Nacional Sangay y del Parque Nacional Llanganates mediante análisis de su diversidad, basados en taxonomía molecular, para esto se analizaron especímenes de un muestreo exploratorio de hongos dentro de los parques mencionados. Estos se identificaron al nivel taxonómico mediante el análisis de las secuencias de las regiones ITS1-5.8S-ITS2 del ADNr, y se determinaron las relaciones filogenéticas de los individuos muestreados dentro y entre los Parques Nacionales Sangay y Llanganates, y con secuencias mundiales disponibles en la base de datos GenBank.

4 MATERIALES Y MÉTODOS

4.1 LEVANTAMIENTO DE LA INFORMACIÓN.

Como parte del proyecto “Arca de Noé”, el equipo de trabajo del Fungario QCAM realizó salidas de campo durante los meses de enero y febrero de 2015 para recolección de especímenes en los Parques Nacionales Sangay (PS) (Figura 2) y Llanganates (PL) (Figura 3) respectivamente. En los muestreos se realizó la recolección de cuerpos fructíferos de macrohongos encontrados durante caminatas de 3 horas por día, manteniéndose registros de latitud, longitud y altitud de cada espécimen colectado, así como de la descripción del tipo de hábitat, sustrato en el que se encontró y características morfológicas de espécimen. En base a las descripciones morfológicas, un equipo de investigadores del Fungario QCAM realizó una identificación taxonómica preliminar de los hongos recolectados.

Posteriormente se efectuó la extracción de ADN de los especímenes recolectados usando un kit comercial (Wizard Genomic DNA Purification kit, Promega, Madison, Wisconsin) según las indicaciones del fabricante. Se amplificó la región ITS1-5.8S-ITS2 mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) con los cebadores ITS1F o ITS1 e ITS4B o ITS4 (Gardes & Bruns, 1993). Una vez amplificados los fragmentos, estos fueron enviados para ser secuenciados a la empresa Macrogen Inc. (Corea). Se contó con secuencias correspondientes a 37 especímenes provenientes PS y a 67 especímenes del PL. Adicionalmente, se contó con secuencias de las regiones ITS1-5.8S-ITS2 del ADNr de hongos colectados en el Parque Nacional Yasuní que pertenecen al Fungario QCAM y que se utilizaron para comparación.

4.2 IDENTIFICACIÓN MOLECULAR

Las secuencias de ADN obtenidas fueron editadas con el programa Geneious R8 (Biomatter Ltd. 2005-2012). Inicialmente se ensambló una secuencia consenso a partir de las secuencias sentido y antisentido de cada espécimen (entre 500 a 700 pares de bases aproximadamente), correspondientes a las regiones ITS1-5.8S-ITS2 del ADNr, misma que se alineó con secuencias disponibles públicamente en GenBank entre los meses de diciembre de 2015 a febrero de 2016, a través de la herramienta Blastn (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>).

Se realizó una asignación al nivel taxonómico menor por homología directa de las secuencias con los resultados de la búsqueda en Blastn, (Christa, Händeler, Schäberle, König, & Wägele, 2014). Los alineamientos que presentaron 100% de cobertura y como mínimo 99% de identidad con una secuencia previamente reportada en GenBank, permitieron identificar al hongo como perteneciente a ese taxón determinado. Una vez obtenida la identificación molecular en base a las regiones ITS, se compararon los resultados con la identificación morfológica previamente realizada, para reiterar la designación taxonómica.

4.3 ANÁLISIS FILOGENÉTICO

Las secuencias consenso obtenidas se agruparon por órdenes, estas fueron primeramente alineadas con el programa Geneious R8 para posteriormente ajustar el alineamiento de manera manual con el programa Mesquite versión 3.04 (Maddison & Maddison, 2015). Se incluyeron secuencias públicas disponibles en GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>) que correspondían a especímenes que dieron la mayor homología al compararlas con las secuencias de los individuos recolectados. En caso de haber secuencias disponibles en el Fungario QCAM de especímenes recolectados en el Parque Nacional Yasuní, estos también fueron incluidas en el análisis. Los árboles

filogenéticos se construyeron en base a un criterio de máxima verosimilitud (ML) con el programa Geneious R8 usando el plugin PhyML, el cual selecciona el árbol que posee la mayor probabilidad para explicar los cambio nucleotídicos que se observan entre las diferentes secuencias analizadas (Freeman & Herron, 2004). El modelo de sustitución para ML se obtuvo empleando el programa jModelTest 2.1.4 (Darriba, Taboada, Doallo, & Posada, 2012; Guindon & Gascuel, 2013) bajo el criterio “Corrected Akaike Information Criterion” (AICc) (Akaike, 1973; Posada, 2008). Se empleó un *bootstrap* de 100 réplicas. El programa Mesquite versión 3.04, fue empelado para colapsar las ramas que presenten valores de *bootstrap* menores a 50. Los grupos externos incluidos en cada árbol y los modelos de sustitución respectivos se encuentran en la Tabla 1.

Algunos especímenes no fueron incluidos en los árboles filogenéticos debido que al agruparlos por orden o clase el total de individuos resultó muy bajo (menor a cuatro). Estos casos se detallan en la Tabla 2.

5 RESULTADOS

5.1 IDENTIFICACIÓN DE LOS INDIVIDUOS COLECTADOS EN LOS PARQUES NACIONALES SANGAY Y LLANGANATES

Se identificaron un total de 33 individuos del Parque Nacional Sangay y 65 del Parque Nacional Llanganates. De los 98 hongos analizados, 45 se identificaron a nivel de especie, 47 a nivel de género y 6 a nivel de familia.

Para la construcción de los árboles filogenéticos únicamente se consideraron 29 secuencias que provienen del PS y 63 provienen del PL agrupadas por órdenes (Russulales, Xylariales, Polyporales, y Agaricales), para el caso de la clase Agaromycetes para los órdenes Auriculariales y Cantharellales, donde hubo un total de cuatro especímenes, estos se agruparon en un solo árbol. Las secuencias restantes quedaron asociadas de la siguiente forma: dos secuencias para el orden Boletales (*Suillus luteus* del PS), dos secuencias para el orden Hypocreales (identificados como miembros de las familias Clavicipitaceae y Ophiocordycipitaceae), una secuencia para el orden Helotiales (*Lachnum* sp. del PS) y una secuencia para el orden Hymenochaetales (*Hymenochaete* sp. del PL), de manera que el número de secuencias por orden no justificó la realización de árboles filogenéticos.

Los códigos de colección de cada hongo, las coordenadas geográficas de longitud y latitud de los sitios de recolección, parque nacional en el que se recolectó el espécimen, identificación taxonómica, tipo de análisis molecular realizado para cada espécimen, accesión de GenBank y porcentajes de cobertura e identidad se detalla en la Tabla 2.

5.2 ANÁLISIS FILOGENÉTICO

Se obtuvieron 5 árboles filogenéticos enraizados para los siguientes órdenes: Russulales, Xylariales, Auriculariales y Cantharellales, Polyporales, y Agaricales. El número de secuencias usadas en cada árbol se detalla en la Tabla 1, así como el modelo de sustitución y el grupo externo empleado.

El análisis filogenético del orden Russulales se indica en la Figura 4. Este presenta dos clados hermanos, cada uno conformado por un solo género, ambos de la familia Russulaceae. El género *Russula* se encontró tanto en el PS como en el PL, con *R. pumila* y *Russula* respectivamente. Igualmente, el género *Lactarius* se encontró en los dos parques: *L. omphaliiformis* en PS y *L. cuspidoaurantiacus* en PL.

En cuanto al orden Xylariales, su análisis filogenético (Figura 5) muestra que todos los especímenes pertenecieron al género *Xylaria* y que se agruparon en dos clados hermanos identificados como A y B en la figura 5, con valores de *bootstrap* altos (mayores a 70). Cada clado tiene representantes de los dos Parques. En el clado A todos los individuos lograron ser identificados a nivel de especie (*X. enterogena* y *X. telfairii*), y cada especie formó un clado hermano. En el clado B cada especie también formó un clado hermano con valores de *bootstrap* sobre 75 (*X. fissilis*, *X. curta* y *X. schweinitzii*). Solo un espécimen de PS no pudo ser identificado a nivel de especie, y formó su propio clado.

El análisis filogenético de los órdenes Auriculares y Cantharellales (Clase Agaromycetes) se muestra en la Figura 6. Se formaron dos clados hermanos con valores de *bootstrap* igual o mayor a 98, el primero incluyó al género *Sistotrema* (familia Hydnaceae) del orden Cantharellales, con únicamente un espécimen del PS identificado hasta nivel de género, y el

segundo clado incluyó especímenes del género *Auricularia*, familia Auriculariaceae del orden Auriculariales todas del PL. Para *Auricularia* se identificó dos especies, *A. subglabra* y *A. fuscosuccinea*,

El análisis filogenético del orden Polyporales se muestra en la Figura 7, esta imagen se dividió en dos secciones (A y B) para observar mejor los detalles del análisis. En la Sección A (Figura 8), se muestra un clado monofilético (valor de *bootstrap* 99) que agrupa a la familia Fomitopsidaceae con dos individuos de PL del género *Fomitopsis*, uno de ellos identificado a nivel de especie (*F. ostreiformis*), también se observa un segundo clado monofilético (valor de *bootstrap* 82) que agrupa a los especímenes de la familia Meruliaceae y familia Meripilaceae. En la familia Meruliaceae se ubicó un individuo del PS (*Bjerkandera adusta*) diferente de aquellos reportados en el PY. En cuanto a la familia Meripilaceae hay dos individuos del PS, *Rigidoporus cf. ulmarius* semejante a un representante del PY, y en otro clado con un espécimen de *Rigidoporus cf. vincetus*, también cercana al espécimen del PY.

Un clado abarcó a todos los especímenes de las familias Ganodermataceae y Polyporaceae, identificado como sección B (Figura 7) y su ampliación se muestra en la figura 9. Se contempla un clado (valor de *bootstrap* de 100) con todos los individuos de la familia Ganodermataceae, hermano del clado de la familia Polyporaceae. Dentro de los varios clados que reúnen al género *Ganoderma*, existió un clado (valor de *bootstrap* 96) conformado únicamente por dos individuos, uno del PS y el otro del PL, que mostró ser diferente especie, no identificada, de los demás clados con especímenes del PY y de otros lugares del mundo. Los especímenes del género *Amauroderma* se ubicaron en varios clados por especie, y los especímenes del PS fueron diferentes de los demás (se distinguen de especímenes

provenientes de PY o Brasil), formando un solo clado con *bootstrap* de 100, representando una posible especie nueva. No hubo registros de individuos del PL para el género *Amauroderma*.

La sección B del árbol filogenético del orden Polyporales (Figura 9) también muestra los individuos de la familia Polyporaceae que se agruparon en un solo clado monofilético (valor de *bootstrap* de 97); a su vez, cada género se agrupa en su propio clado monofilético. En el PL se encontraron los especímenes: *Panus strigosus*, *Lentinus* sp., *Favolus* sp., *Trametes elegans*, *T. versicolor* y *T. hirsuta*., mientras que *Polyporus tricholoma* se encontró en PS y PL. Adicionalmente, en el PS se encontró *Lentinus citrinus* y *Tinctoporellus* sp.

El análisis filogenético del orden agaricales se muestra en la Figura 10, su árbol se dividió en dos secciones, A y B (Figuras 11 y 12, respectivamente). En la sección A (Figura 11) se muestra un clado con individuos de PS y PL del género *Hygrocybe* (familia Tricholomatacea). Se observó otro clado (*bootstrap* de 86) que incluyó especímenes de los géneros: *Pluteus* (Familia Pluteaceae), *Entoloma* (Familia Entolomataceae), *Mycena* (Familia Mycenaceae) y *Filoboletus* (familia Tricholomatacea), todos colectados en el PL. En otro grupo monofilético (*bootstrap* de 94) se incluyó una politomía de tres grupos: uno con un individuo de *Inocybe* (familia Cortinariaceae), otro con un individuo de *Coprinopsis* (familia Psathyrellaceae) y finalmente un grupo con dos individuos del género *Crepidotus* (familia Inocybaceae), todos de PL. Un clado hermano a esta politomía presenta un grupo monofilético con un individuo de *Cyathus* (familia Agaricaceae), otro con un individuo solo identificado a nivel de familia Lepiotaceae y uno de *Leucocoprinus* (Familia Agaricaceae). Se encontró a *Psilocybe*, *Gymnopilus lepidotus*, *Pholiota lucifera* y un individuo del género

Hypholoma del PL, y para el PS se identificaron individuos de la familia Strophariaceae, uno de *Pholiota*, dos de *Stropharia* y uno de *Hypholoma*.

En la sección B (Figura 12) se ubicó un tercer grupo monofilético de la familia Agaricales con un clado monofilético (*bootstrap* de 95) con los siguientes individuos: *Oudemansiella* (familia Physalacriaceae) del PS y *Armillaria puiggarrii* (familia Physalacriaceae) del PL. Un segundo clado monofilético (*bootstrap* de 61) contiene los individuos *Chondrostereum purpureum* (familia Cyphellaceae), *Marasmiellus*, *Gymnopus impudicus*, y *Gymnopus* sp., y *G. omphalodes* (familia Omphalotaceae), *Campanella*, *Chaetocalathus liliputamus*, *Marasmius* (familia Marasmiaceae), y dos individuos solo a nivel de familia Marasmiaceae muestreados en el PL; y en el PS se reporta *Hohenbuehelia*, *Pleurotus djamor* (familia Pleurotaceae), *Marasmiellus* (familia Omphalotaceae) y un individuo a nivel de familia (Marasmiaceae).

6 DISCUSIÓN

Un total de 45 individuos se identificaron a nivel de especie, 47 a nivel de género y 6 especímenes a nivel de familia, demostrando una importante diversidad de hongos en PS y PL. En el PS se identificaron 9 especies diferentes y en el PL 23, adicionalmente en PS se cuenta con 15 géneros sin identificar su especie y en PL 22, de manera que si se logra identificar a nivel de especie cada uno de estos, la diversidad registrada sería mayor. El uso de secuencias ITS se ha aplicado con éxito para el estudio de taxonomía molecular y levantamiento de una línea base de la diversidad de hongos presente en los Parques Nacionales Sangay y Llanganates. Las relaciones filogenéticas entre los individuos colectados en PS y PL en su mayoría muestran altos soportes de *bootstrap* en las ramas de los árboles, y de igual manera un gran número de los géneros identificados se agrupan en clados monofiléticos. Sin embargo, no todas las relaciones filogenéticas se resolvieron para todos los grupos, y en casos específicos que se detallan a continuación, este estudio sugiere la necesidad de revisiones futuras de asignaciones taxonómicas. El conocimiento de la diversidad biológica de los hongos presentes en PS y PL aporta información que contribuye a la conservación micológica.

6.1 ORDEN RUSSULALES

El análisis de las secuencias de las regiones ITS1-5.8S-ITS2 del ADNr permitió determinar que en PS y PL se identificaron los taxones *Russula* y *Lactarius* de la familia Russulaceae (orden Russulales), la distribución de estos géneros ha sido reportada desde zonas tropicales hasta zonas frías, principalmente formando micorrizas ectotróficas con árboles forestales. Mediante análisis morfológicos, las diferencias entre *Russula* y *Lactarius* se basan en la presencia de esferocistos entre las células alargadas de la trama y en la presencia o ausencia de látex, esta última característica se dificulta con especímenes secos, de manera que los

análisis de taxonomía molecular son necesarios (Shimono, Kato, & Takamatsu, 2004). Los dos especímenes identificados de *Russula*, uno del PS y otro del PL, se ubicaron en clados hermanos, al igual que las dos especies de *Lactarius* (*L. omphaliformis* y *L. cuspidaurantiacus*), una de cada Parque. Estos datos sugieren que la diversidad biológica interespecífica tanto de *Russula* como de *Lactarius* del PS podría difererir del PL. Sin embargo, un mayor número de colecciones son necesarias para establecer esta diferencia. La literatura ha indicado que el género *Russula* no ha recibido la suficiente atención en cuanto a sus descripciones taxonómicas (Buyck & Adamčík, 2011; Shimono et al., 2004), los especímenes reportados en este estudio contribuyen a llenar este vacío. Incluso Lin y sus colaboradores (2007) sugieren que se podrían describir muchas nuevas especies y esto probablemente aumentaría la diversidad mundial de *Russula* a varios miles de especies (Buyck & Adamčík, 2011), de manera similar podría ocurrir con *Lactarius*, en especial si en futuros estudios se incrementa el esfuerzo de muestreo para este orden en particular.

6.2 ORDEN XYLARIALES

Fue posible designar a todos los especímenes del orden Xylariales como individuos del género *Xylaria*. Este género es probablemente el más grande en la familia Xylariaceae, aunque debido a la falta de información documentada aún no se conoce el número real de las especies de *Xylaria* (Hsieh et al., 2010a). De los 10 registros de *Xylaria* ocho pertenecen a PL y dos a PS, esto podría deberse al esfuerzo de muestreo que fue diferente en cada Parque; sin embargo, se pudo apreciar que en los dos parques hay especímenes de *X. telfairii*, pero solo en PL hay registros de *X. enterogena* y *X. schweinitzii*, *X. curta* y *X. fissilis*. Adicionalmente, en PS hay un reporte de *Xylaria* en el que no fue posible identificar la especie, esta secuencia coincide con una previamente reportada también para el Ecuador

(Thomas, Vandegrift, Ludden, Carroll, & Roy, 2016) en un bosque nublado de la provincia de Imbabura, también identificado únicamente a nivel de género.

Se estima que existen 35 géneros de la familia Xylariaceae (Lee, Ko, & Jung, 2000) de estos, apenas uno ha sido registrado en los PS y PL (*Xylaria*). Sin embargo, estudios anteriores (Toapanta, 2014) reportan la presencia de *Camillea* sp. y de ningún otro espécimen del orden Xylariales en el PY confirmando el hecho de que los estudios en relación a la diversidad biológica de este orden en los Parques Nacionales del Ecuador son escasos. Si se realizan más estudios se esperaría encontrar mayor diversidad de familias, géneros y especies dentro del orden Xylariales, en especial si se toma en cuenta que la distribución de *Xylaria* se ha reportado como cosmopolita (Lee et al., 2000; Zoberi, 1972). También es importante tomar en cuenta que las secuencias de GenBank que resultaron con mayor similitud a los especímenes de PS y PL corresponden a especímenes provenientes de Ecuador, específicamente de Imbabura (Thomas et al., 2016).

Diferentes especies del género *Xylaria* se han incluido en una serie de estudios filogenéticos moleculares relativos a la familia Xylariaceae, la mayoría de estos análisis se basaron exclusiva o principalmente en la región ITS (Hsieh et al., 2010b; Lee et al., 2000; Peláez, González, Platas, Sánchez Ballesteros, & Rubio, 2008; Thomas et al., 2016), secuencias que resultaron útiles para sugerir la identidad de los taxones. Estudios de la variabilidad intraespecífica de *Xylaria* usando las regiones ITS1-5.8S-ITS2 indican que para el caso de *Xylaria hypoxylon* se muestra un valor de 24.2%, lo que supone ser bastante alto en relación a otros grupos taxonómicos (Nilsson, Kristiansson, Ryberg, Hallenberg, & Larsson, 2008), revelando la verdadera diversidad fúngica dentro del género *Xylaria*.

6.3. ÓRDENES AURICULARES Y CANTHARELLALES (CLASE AGARICOMYCETES)

Las secuencias de los órdenes Auriculariales y Cantharellales se analizaron juntas considerando que, según Hibbett (2007) mostrado en *The Tree of Life Web Project*, estos dos órdenes se encuentran ubicados en la misma politomía en el árbol de la clase Agaricomycetes, a diferencia de lo que ocurre con los órdenes Russulales, Polyporales e Hymenochaetales, también descritos en este trabajo y que pertenecen a la clase indicada. El árbol de ML construido para estos dos órdenes (Figura 6) fue semejante al obtenido por Hibbett (2007), en que los dos clados monofiléticos (cada uno de ellos formado únicamente por un orden específico con valores de *bootstrap* bastante altos) nacen de un nodo que no muestra valor de soporte de *bootstrap*, de manera que esto puede interpretarse como una politomía.

En cuanto al orden Auriculariales, en este estudio únicamente se reportó el género *Auricularia*. Hay registros de su distribución alrededor del mundo (Miles & Chang, 2004), en Europa, Asia y América (Montoya-Alvarez et al., 2011). A pesar de su distribución cosmopolita (Looney, 2013), no hubo registros de este género en PS, lo que corrobora el hecho de que queda mucho que explorar en los Parques Nacionales. Para el PL, se identificó a *A. fuscosuccinea* y *A. subglabra* junto con especímenes provenientes de Costa Rica y del sureste de Estados Unidos. Ligera variación genética se ha encontrado en la región ITS entre colecciones de *A. fuscosuccinea* de diferentes localidades a lo largo del continente americano, lo que puede sugerir un alto nivel de flujo de genes entre poblaciones (Looney, 2013). A pesar de algunos estudios realizados, las relaciones filogenéticas dentro del género sigue siendo poco claras (Montoya-Alvarez et al., 2011) y recientemente se ha realizado la descripción de nuevas especies (Wu, Yuan, Rivoire, & Dai, 2015).

Dentro del orden Cantharellales únicamente hubo un registro en los Parques de interés, este provino de PS. Se trató del género *Sistotrema*, cuya ubicación en el árbol mostró diferencias con miembros del mismo género provenientes de Corea y Perú, éstas fueron los especímenes con mayor identidad en la búsqueda Blastn. Esto podría sugerir que se trata de una especie no descrita. Existen estudios taxonómicos y filogenéticos del género (Marino, Scattolin, Bodensteiner, & Agerer, 2008; Moncalvo et al., 2006), y descripciones recientes de nuevas especies (Kotiranta & Larsson, 2013). Se espera que en estudios posteriores se pueda hallar más registros de especímenes de estos órdenes en los dos Parques y esto podría conducir a la descripción de nuevas especies.

6.4. ORDEN POLYPORALES

Los hongos Polyporales encontrados en PS y PL fueron diversos, pocos taxones se repitieron en los dos parques y algunos solo tenían un individuo como representante. Esto coincide con Gilbert, Ferrer, y Carranza (2002) y Toapanta (2014) cuyos estudios reportan muestreos en zonas tropicales en donde se encontraron especies como únicos registros, la frecuencia de especies para estos grupos taxonómicos indica que pocas especies son comunes, lo que podría evidenciar la alta diversidad típica en estos ecosistemas.

La comprensión de las relaciones evolutivas entre diferentes especies y géneros de este grupo ha sido un desafío (Binder et al., 2013). En el estudio realizado por Hibbett y Donoghue (1995) se indica que históricamente el orden Polyporales han tenido una serie de reasignaciones taxonómicas. En zonas tropicales los hongos de este orden han sido poco estudiados. En un esfuerzo para conocer la diversidad de este orden en el PY, Toapanta (2014) indica que la diversidad de Polyporales es alta y que se podría encontrar mayor

número de especies si se amplía el muestreo; lo propio podría ocurrir en PS y PL. Las secuencias del PY del árbol filogenético del orden Polyporales (Figura 7) fueron colectadas para el estudio de Toapanta (2014) y forman parte de la colección de Fungario QCAM. En ese estudio también se señala que queda mucho por estudiar en diferentes ecosistemas ecuatorianos en referencia a la diversidad de Polyporales.

Cabe destacar que un clado con muy alto soporte de *bootstrap* agrupó únicamente a dos individuos identificados a nivel de género como *Ganoderma* encontrados en los dos parques, y lo mismo ocurrió con un clado del género *Amauroderma* de PS. No hubo coincidencias con secuencias disponibles en GenBank. Estos hongos de la familia Ganodermataceae podrían considerarse potenciales nuevas especies, mismas que podrían describirse al realizar estudios detallados sobre estas.

6.5. ORDEN AGARICALES

Al igual que para el orden Polyporales respecto a la frecuencia de las especies encontradas en las áreas recorridas en cada Parque, en el análisis del orden Agaricales para el PS y PL la mayoría de especies solo se encontraron en uno de los dos parques, y generalmente hubo un solo registro por taxón, sugiriendo una alta diversidad presente en estos ecosistemas. De los 40 taxones ubicados dentro de la familia, apenas 9 se identificaron a nivel de especie y los demás deberán ser estudiados en más detalle para confirmar si corresponden a especies nuevas.

La clasificación taxonómica y evolutiva del orden Agaricales se ha ido transformando, en especial con las interpretaciones de estudios de sistemática molecular (Hibbett & Donoghue, 1995; Matheny et al., 2006; Moncalvo, Lutzoni, Rehner, Johnson, & Vilgalys, 2000). Se han

descrito nuevas especies (Takahashi, 2001, 2004) y géneros, o se han reubicado taxones en base a análisis de filogenia molecular (Matheny et al., 2006; Matheny, Moncalvo, & Redhead, 2007). En el presente estudio, la mayoría de registros correspondieron al PL destacándose varios especímenes que se ubicaron como únicos individuos en una rama específica, lo que podría significar especies nuevas. También se pudo observar especies que presentaron una mayor frecuencia como *A. puiggarii* y *G. omphalodes*. Es posible que estas especies fueron más conspicuas o frecuentes, o que su época de fructificación coincidió con la época de muestreo. Al igual que para los otros órdenes mencionados anteriormente, colecciones adicionales son necesarias para confirmar la diversidad y abundancia de las especies.

En el PS se destacaron dos individuos del género *Stropharia* y dos del género *Hygrocybe* que podrían ser una nueva especie, puesto que se ubicaron en un clado monofilético alejado de las secuencias más similares disponibles en el GenBank. Esto indica la relativamente escasa información disponible sobre estos taxones, sobre todo en ecosistemas tropicales.

6.6. APORTES A LA CONSERVACIÓN DE LOS HONGOS

Adicionalmente a los especímenes reportados en los árboles filogenéticos de ML en PS y PL se encontraron individuos de los órdenes Boletales, Hymenochaetales, Helotiales e Hypocreales. Si se consideran todos los taxones reportados previamente se podría inferir que la diversidad biológica de hongos en PS y PL es alta, sin embargo se requieren futuros estudios para estimar valores específicos. Se han arrojado datos en los que se estima existen alrededor de 1,5 millones de especies de hongos a nivel mundial, este número podría estar subestimado si se toma en cuenta que se pueden hallar hongos endófitos, asociados a insectos o a otras matrices (Fröhlich & Hyde, 1999; Hawksworth, 1991), consideración que también

es pertinente para el presente estudio puesto que si se amplía el muestreo a este tipo de sustratos es muy probable encontrar una diversidad de hongos mayor, en especial si emplean métodos de secuenciación de alto rendimiento técnicas que han permitido a Blackwell (2011) sugerir que existen alrededor de 5.1 millones de especies de hongos. Los resultados descritos en el presente estudio permitieron establecer una línea base sobre la diversidad biológica de hongos en PS y PL mediante análisis basados en taxonomía molecular.

El solo hecho de generar la línea base de la diversidad fúngica presentes en PS y PL representa una importante contribución a la conservación de los hongos. Estos Parques al ser Áreas Naturales Protegidas en Ecuador ofrecen escenarios ideales para la conservación de los hongos. Esta información cobra mayores alcances si se considera que el presente trabajo aporta a los objetivos de conservación del SNAP al presentar los análisis de la línea base de la diversidad biológica de hongos presente en PS y PL, sobre todo si se toma en cuenta que dentro de las acciones prioritarias del Plan Estratégico del Sistema Nacional de Áreas Protegidas del Ecuador 2007-2016 se encuentra la investigación y monitoreo ambiental. A pesar de que la magnitud de la diversidad biológica del Ecuador no se conoce en su totalidad, y mucho menos si se trata de estimar la diversidad de hongos, esta investigación contribuye de manera directa al Proyecto “Arca de Noé” para generar un sistema centralizado de información que permita a futuro tomar decisiones en cuanto a hábitats importantes para la conservación de los hongos.

Se podría proceder de manera similar a lo ya establecido en Reino Unido en donde se conoce que ciertos hábitats, como hayas y pinos del Bosque Caledonio, están dentro de la lista de “Áreas Importantes de Hongos” (Plantlife International, 2008). La línea base de la diversidad de hongos encontrados en PS y PL puede conducir a establecer riesgo o amenaza en los

hongos y a identificar nichos específicos y requisitos nutricionales de las especies raras y amenazadas, con lo que se podría generar nuevas políticas de gestión para que estos hábitats sean manejados manteniendo un equilibrio entre los requisitos generales de las comunidades de hongos y los de otros grupos taxonómicos.

Tanto PS como PL se consideran zonas de alta prioridad de conservación en donde se refleja un alto endemismo (Bajaña et al., 2002; Ministerio del Ambiente del Ecuador, 2013). En la presente investigación varios de los taxones identificados se mostraron como clados separados y no se logró identificar a los especímenes hasta nivel de especie al compararlos con secuencias reportadas en GenBank. Estos taxones únicamente se identificaron a nivel de género o familia, y es posible que se trate de nuevas especies. Inclusive, si se realizan estudios adicionales, se podría llegar a determinar que se trata de especies de hongos endémicos para esta región, sumando mayor peso a las razones por las que se deben conservar los hongos en el PS y PL.

No existe duda de la importancia de los hongos en la salud y el bienestar del planeta (Plantlife International, 2008). Los hongos son un importante componente de la biodiversidad global y controlan las velocidades de los procesos claves en el ecosistema (Peay et al., 2008), no solamente contribuyen al ciclo de los nutrientes y la fertilidad del suelo, sino también, son fuente de metabolitos y medicamentos valiosos, así como de alimento, y en ocasiones son reconocidos y conservados por su belleza (Kendrick, 2001; Plantlife International, 2008). Para conocer los aportes de los diferentes hongos en el ecosistema que se hallan en PS y PL y sus potenciales usos, primeramente es necesario identificar las especies. Ese es el principal aporte de este estudio, sin embargo, queda mucho por descubrir si se logra identificar

muestras microscópicas en las que no hay el desarrollo de cuerpo fructíferos visibles, como pueden ser especies del suelo o endófitas (Nilsson et al., 2008).

Dentro de los hongos encontrados en PS y PL se pueden destacar algunos que presentan roles ecológicos importantes, como por ejemplo los Polyporales, que son actores clave en el ciclo del carbono, siendo muy eficientes en la descomposición de la lignina, jugando un papel clave en el reciclaje de nutrientes en los ecosistemas forestales. (Binder et al., 2013). Así mismo, *Xylaria*, es un hongo simbiote no micorrízico que brinda funciones ecosistémicas para la salud de las plantas, y es además un descomponedor (Thomas et al., 2016). Los hongos son conocidos por producir una gran variedad de enzimas extracelulares con diferentes actividades catalíticas, complementarias para degradar materiales lignocelulósicos, capacidades que pueden ser aprovechadas por la biotecnología para la producción de biocombustibles (Berrin et al., 2012). Así mismo, muchos hongos tienen propiedades medicinales o nutricionales (*Ganoderma* sp., *Armillaria* sp.) (Chun-yu, Di, Ping, & Yan, 2004; Jia, Dong, Lu, Guo, & Wei, 2009; Wachtel-Galor, Yuen, Buswell, & Benzie, 2011), y ciertamente podrían existir una serie de aplicaciones que quedan por ser descubiertas.

Para la conservación de los hongos se han desarrollado varios objetivos y metas (Plantlife International, 2008), siendo el primero de ellos comprender y documentar la diversidad de especies de hongos, paso que se inicia al conocer la línea base de la diversidad de hongos del PS y PL. Se espera que a futuro se desarrollen investigaciones adicionales para la descripción de potenciales especies nuevas que se han identificado en este trabajo. Otros objetivos para la conservación pretenden desarrollar métodos de monitoreo e investigación orientada a identificar las exigencias ecológicas de los hongos, prácticas de manejo del suelo

que favorezcan estas condiciones, así como promover el uso de la diversidad de hongos de forma sostenible, e impulsar la educación y la concienciación de la importancia de la diversidad de hongos, para finalmente tener la capacidad de conservar dicha diversidad. Indudablemente quedan muchos pasos que tomar en función de la conservación de los hongos, en general algo se conoce sobre estos organismos pero queda mucho por descubrir, sobre todo en relación a su conservación. Está pendiente una tarea enorme y compleja, los avances de nuestra comprensión sobre este Reino se pueden lograr si se inicia con el conocimiento de la diversidad de hongos presentes en un sitio.

7 LITERATURA CITADA

- Akaike, H. (1973). Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In: Petrov, B.N., Csaki, F. (Eds.), 2nd International Symposium on Information Theory. Akademiai Kiado, Budapest, Hungary, pp. 267–281.
- Bajaña, F., Rivas, J., Sánchez, D., & Suárez, L. (2002). Informe de la evaluación inicial del Parque Nacional Sangay como Sitio de Patrimonio Natural de la Humanidad. Ministerio del Ambiente, Fundación Natura, EcoCiencia y UICN-Sur. Quito-Ecuador.
- Berrin, J.-G., Navarro, D., Couturier, M., Olivé, C., Grisel, S., Haon, M., ... Lesage-Meessen, L. (2012). Exploring the natural fungal biodiversity of tropical and temperate forests toward improvement of biomass conversion. *Applied and Environmental Microbiology*, 78(18), 6483–6490. <http://doi.org/10.1128/AEM.01651-12>
- Binder, M., Justo, A., Riley, R., Salamov, A., Lopez-Giraldez, F., Sjökvist, E., ... Hibbett, D. S. (2013). Phylogenetic and phylogenomic overview of the Polyporales. *Mycologia*, 105(6), 1350–1373. <http://doi.org/10.3852/13-003>
- Blackwell, M. (2011). The fungi: 1, 2, 3 ... 5.1 million species? *American Journal of Botany*, 98(3), 426–438. <http://doi.org/10.3732/ajb.1000298>
- Buyck, B., & Adamčík, S. (2011). Type Studies in *Russula* Subgenus *Heterophyllidia* from the Eastern United States. *Cryptogamie, Mycologie*, 32(2), 151–169. <http://doi.org/10.7872/crym.v32.iss2.2011.151>
- Chiang, T.-Y., & Schaal, B. A. (2000). The internal transcribed spacer 2 region of the nuclear ribosomal DNA and the phylogeny of the moss family Hylocomiaceae. *Plant Systematics and Evolution*, 224(3-4), 127–137. <http://doi.org/10.1007/BF00986338>

- Christa, G., Händeler, K., Schäberle, T. F., König, G. M., & Wägele, H. (2014). Identification of sequestered chloroplasts in photosynthetic and non-photosynthetic sacoglossan sea slugs (Mollusca, Gastropoda). *Frontiers in Zoology*, *11*(1), 15. <http://doi.org/10.1186/1742-9994-11-15>
- Chun-yu, Y., Di, F., Ping, W., & Yan, M. (2004). Preparation technology of ultra-fine powders of *Auricularia auricular*. *Journal of Forestry Research*, *15*(2), 150–152. <http://doi.org/10.1007/BF02856752>
- Darriba, D., Taboada, G. L., Doallo, R., & Posada, D. (2012). jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* *9*(8), 772.
- Freeman, S., & Herron, J. (2004). *Evolutionary analysis*. Estados Unidos: Imprenta Pearson Prentice Hall. Pp. 142, 562, 63.
- Fröhlich, J., & Hyde, K. D. (1999). Biodiversity of palm fungi in the tropics: are global fungal diversity estimates realistic? *Biodiversity & Conservation*, *8*(7), 977–1004. <http://doi.org/10.1023/A:1008895913857>
- Gardes, M., & Bruns, T. D. (1993). ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes--application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology*, *2*(2), 113–118.
- Gilbert, G. S., Ferrer, A., & Carranza, J. (2002). Polypore fungal diversity and host density in a moist tropical forest. *Biodiversity & Conservation*, *11*(6), 947–957. <http://doi.org/10.1023/A:1015896204113>
- Göker, M., Riethmüller, A., Voglmayr, H., Weiss, M., & Oberwinkler, F. (2004). Phylogeny of *Hyaloperonospora* based on nuclear ribosomal internal transcribed spacer sequences. *Mycological Progress*, *3*(2), 83–94. <http://doi.org/10.1007/s11557-006-0079-7>

- Guindon, S., & Gascuel, O. (2013). A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood". *Systematic Biology* 52: 696-704.
- Hawksworth, D. L. (1991). The fungal dimension of biodiversity: magnitude, significance, and conservation. *Mycological Research*, 95(6), 641–655.
[http://doi.org/10.1016/S0953-7562\(09\)80810-1](http://doi.org/10.1016/S0953-7562(09)80810-1)
- Heilmann-Clausen, J., Barron, E. S., Boddy, L., Dahlberg, A., Griffith, G. W., Nordén, J., ... Halme, P. (2015). A fungal perspective on conservation biology. *Conservation Biology*, 29(1), 61–68. <http://doi.org/10.1111/cobi.12388>
- Hibbett, D. S. (2007). Agaricomycetes. Mushroom-Forming Fungi. Version 20 April 2007. <http://tolweb.org/Agaricomycetes/20535/2007.04.20> in The Tree of Life Web Project. Retrieved April 28, 2016, from <http://tolweb.org/>
- Hibbett, D. S., & Donoghue, M. J. (1995). Progress toward a phylogenetic classification of the Polyporaceae through parsimony analysis of mitochondrial ribosomal DNA sequences. *Canadian Journal of Botany*, 73(S1), 853–861.
<http://doi.org/10.1139/b95-331>
- Hsieh, H.-M., Lin, C.-R., Fang, M.-J., Rogers, J. D., Fournier, J., Lechat, C., & Ju, Y.-M. (2010a). Phylogenetic status of Xylaria subgenus Pseudoxylaria among taxa of the subfamily Xylarioideae (Xylariaceae) and phylogeny of the taxa involved in the subfamily. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 54(3), 957–969.
<http://doi.org/10.1016/j.ympev.2009.12.015>
- Hsieh, H.-M., Lin, C.-R., Fang, M.-J., Rogers, J. D., Fournier, J., Lechat, C., & Ju, Y.-M. (2010b). Phylogenetic status of Xylaria subgenus Pseudoxylaria among taxa of the subfamily Xylarioideae (Xylariaceae) and phylogeny of the taxa involved in the subfamily. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 54(3), 957–969.
<http://doi.org/10.1016/j.ympev.2009.12.015>

- Jia, X.-N., Dong, W., Lu, W.-D., Guo, L.-Z., & Wei, Y.-X. (2009). In vivo immunostimulatory and tumor-inhibitory activities of polysaccharides isolated from solid-state-cultured *Trametes robiniophila* Murrill. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 25(11), 2057–2063. <http://doi.org/10.1007/s11274-009-0109-0>
- Kendrick, B. (2001). Fungi: Ecological Importance and Impact on Humans. In *eLS*. John Wiley & Sons, Ltd. Retrieved from <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/9780470015902.a0000369.pub2/abstract>
- Kotiranta, H., & Larsson, K.-H. (2013). *Sistotrema luteoviride* sp. nov. (Cantharellales, Basidiomycota) from Finland. *Acta Mycologica*, 48(2), 219–225.
- Lee, J. S., Ko, K. S., & Jung, H. S. (2000). Phylogenetic analysis of Xylaria based on nuclear ribosomal ITS1-5.8S-ITS2 sequences. *FEMS Microbiology Letters*, 187(1), 89–93. [http://doi.org/10.1016/S0378-1097\(00\)00181-6](http://doi.org/10.1016/S0378-1097(00)00181-6)
- Lin, X., Lu, C., Huang, Y., Zheng, Z., Su, W., & Shen, Y. (2007). Endophytic fungi from a pharmaceutical plant, *Camptotheca acuminata*: isolation, identification and bioactivity. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 23(7), 1037–1040. <http://doi.org/10.1007/s11274-006-9329-8>
- Looney, B. (2013). Systematics of the genus *Auricularia* with an emphasis on species from the southeastern United States. *North American Fungi*. <http://doi.org/10.2509/naf2013.008.006>
- Maddison, W. P., & Maddison, D. R. (2015). Mesquite: a modular system for evolutionary analysis. Version 3.04 <http://mesquiteproject.org>.
- Marino, E. D., Scattolin, L., Bodensteiner, P., & Agerer, R. (2008). *Sistotrema* is a genus with ectomycorrhizal species – confirmation of what sequence studies already

- suggested. *Mycological Progress*, 7(3), 169–176. <http://doi.org/10.1007/s11557-008-0562-4>
- Matheny, Curtis, J. M., Hofstetter, V., Aime, M. C., Moncalvo, J.-M., Ge, Z.-W., ... Hibbett, D. S. (2006). Major clades of Agaricales: a multilocus phylogenetic overview. *Mycologia*, 98(6), 982–995.
- Matheny, Moncalvo, J.-M., & Redhead, S. A. (2007). Agaricales. Version 09 May 2007. <http://tolweb.org/Agaricales/20551/2007.05.09> in The Tree of Life Web Project. Retrieved April 28, 2016, from <http://tolweb.org/>
- Matsumoto, C., Kageyama, K., Suga, H., & Hyakumachi, M. (1999). Phylogenetic relationships of *Pythium* species based on ITS and 5.8S sequences of the ribosomal DNA. *Mycoscience*, 40(4), 321–331. <http://doi.org/10.1007/BF02463876>
- Michalos, A. C. (Ed.). (2014). Biological Diversity. In *Encyclopedia of Quality of Life and Well-Being Research* (pp. 406–406). Dordrecht: Springer Netherlands. Retrieved from http://link.springer.com/10.1007/978-94-007-0753-5_100295
- Miles, P. G., & Chang, S.-T. (2004). *Mushrooms: Cultivation, Nutritional Value, Medicinal Effect, and Environmental Impact*. CRC Press.
- Ministerio del Ambiente del Ecuador. (2007). Políticas y Plan Estratégico del Sistema Nacional de Áreas Protegidas del Ecuador 2007-2016. Quito-Ecuador.
- Ministerio del Ambiente del Ecuador. (2013). Plan de Manejo Parque Nacional Llanganates. Quito-Ecuador.
- Moncalvo, J.-M., Nilsson, R. H., Koster, B., Dunham, S. M., Bernauer, T., Matheny, P. B., ... Vilgalys, R. (2006). The cantharelloid clade: dealing with incongruent gene trees and phylogenetic reconstruction methods. *Mycologia*, 98(6), 937–948. <http://doi.org/10.3852/mycologia.98.6.937>

- Moncalvo, Lutzoni, F. M., Rehner, S. A., Johnson, J., & Vilgalys, R. (2000). Phylogenetic relationships of agaric fungi based on nuclear large subunit ribosomal DNA sequences. *Systematic Biology*, *49*(2), 278–305.
- Montoya-Alvarez, A., Hayakawa, H., Minamya, Y., Fukuda, T., López-Quintero, C., & Franco-Molano, A. (2011). Phylogenetic relationships and review of the species of *Auricularia* (fungi: Basidiomycetes) in Colombia. *Caldasia*, *33*(1), 55–66.
- Nilsson, R. H., Kristiansson, E., Ryberg, M., Hallenberg, N., & Larsson, K.-H. (2008). Intraspecific ITS Variability in the Kingdom Fungi as Expressed in the International Sequence Databases and Its Implications for Molecular Species Identification. *Evolutionary Bioinformatics Online*, *4*, 193–201.
- Peay, K. G., Kennedy, P. G., & Bruns, T. D. (2008). Fungal Community Ecology: A Hybrid Beast with a Molecular Master. *BioScience*, *58*(9), 799–810. <http://doi.org/10.1641/B580907>
- Peláez, F., González, V., Platas, G., Sánchez Ballesteros, J., & Rubio, V. (2008). Molecular phylogenetic studies within the Xylariaceae based on ribosomal DNA sequences. *Fungal Diversity*, *31*, 111–134.
- Plantlife International. (2008). Saving the forgotten kingdom: A strategy for the conservation of the UK's fungi | Publications. Retrieved June 14, 2015, from http://www.plantlife.org.uk/publications/saving_the_forgotten_kingdom_a_strategy_for_the_conservation_of_the_uk
- Posada, D. (2008). jModelTest: Phylogenetic Model Averaging. *Molecular Biology and Evolution*, *25*(7), 1253–1256. <http://doi.org/10.1093/molbev/msn083>
- Schoch, C. L., Robbertse, B., Robert, V., Vu, D., Cardinali, G., Irinyi, L., ... Federhen, S. (2014). Finding needles in haystacks: linking scientific names, reference specimens

- and molecular data for Fungi. *Database: The Journal of Biological Databases and Curation*, 2014. <http://doi.org/10.1093/database/bau061>
- Shimono, Y., Kato, M., & Takamatsu, S. (2004). Molecular phylogeny of Russulaceae (Basidiomycetes; Russulales) inferred from the nucleotide sequences of nuclear large subunit rDNA. *Mycoscience*, 45(5), 303–316. <http://doi.org/10.1007/S10267-004-0189-5>
- Stielow, J. B., Lévesque, C. A., Seifert, K. A., Meyer, W., Irinyi, L., Smits, D., ... Robert, V. (2015). One fungus, which genes? Development and assessment of universal primers for potential secondary fungal DNA barcodes. *Persoonia - Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*. <http://doi.org/10.3767/003158515X689135>
- Takahashi, H. (2001). Notes on new Agaricales of Japan 3. *Mycoscience*, 42(4), 355–360. <http://doi.org/10.1007/BF02461218>
- Takahashi, H. (2004). Two new species of Agaricales from southwestern islands of Japan. *Mycoscience*, 45(6), 372–376. <http://doi.org/10.1007/s10267-004-0199-3>
- Thomas, D. C., Vandegrift, R., Ludden, A., Carroll, G. C., & Roy, B. A. (2016). Spatial Ecology of the Fungal Genus *Xylaria* in a Tropical Cloud Forest. *Biotropica*, 48(3), 381–393. <http://doi.org/10.1111/btp.12273>
- Toapanta, C. (2014). *Diversidad del orden Polyporales en un área de bosque intervenido y un área de bosque primario en la Estación Científica Yasuní*. Pontificia Universidad Católica del Ecuador, Quito.
- Wachtel-Galor, S., Yuen, J., Buswell, J. A., & Benzie, I. F. F. (2011). *Ganoderma lucidum* (Lingzhi or Reishi): A Medicinal Mushroom. In I. F. F. Benzie & S. Wachtel-Galor (Eds.), *Herbal Medicine: Biomolecular and Clinical Aspects* (2nd ed.). Boca Raton (FL): CRC Press/Taylor & Francis. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK92757/>

Wu, F., Yuan, Y., Rivoire, B., & Dai, Y.-C. (2015). Phylogeny and diversity of the *Auricularia mesenterica* (Auriculariales, Basidiomycota) complex. *Mycological Progress*, *14*(6), 1–9. <http://doi.org/10.1007/s11557-015-1065-8>

Zoberi, M. (1972). *Tropical Macrofungi*. Springer. 10.1007/978-1-349-01618-1

8 FIGURAS

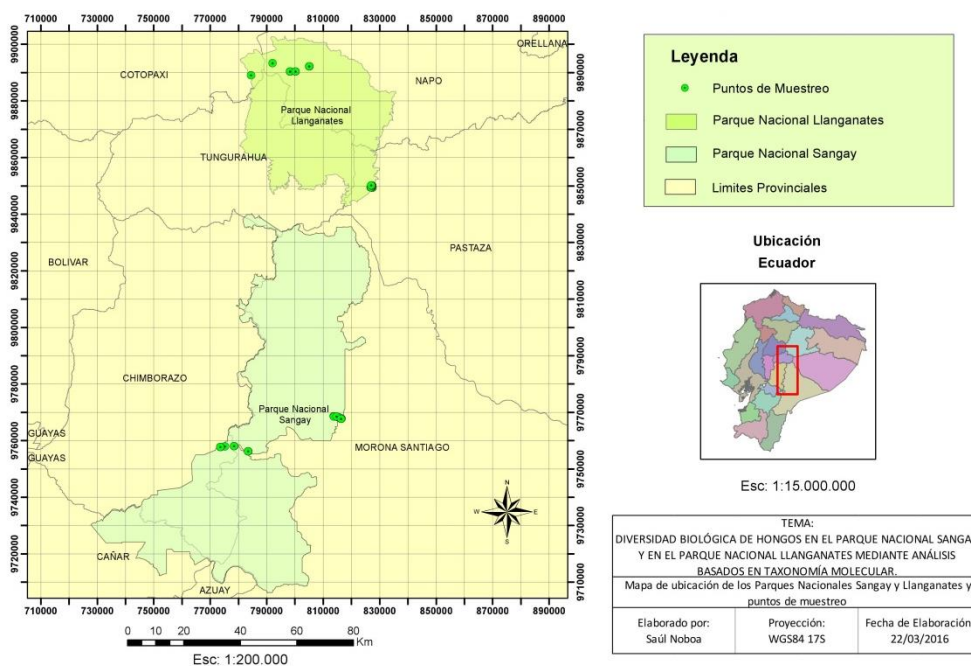


Figura 1 Mapa de ubicación del Parque Nacional Sangay y del Parque Nacional Llanganates y puntos de muestreo de especímenes fúngicos.

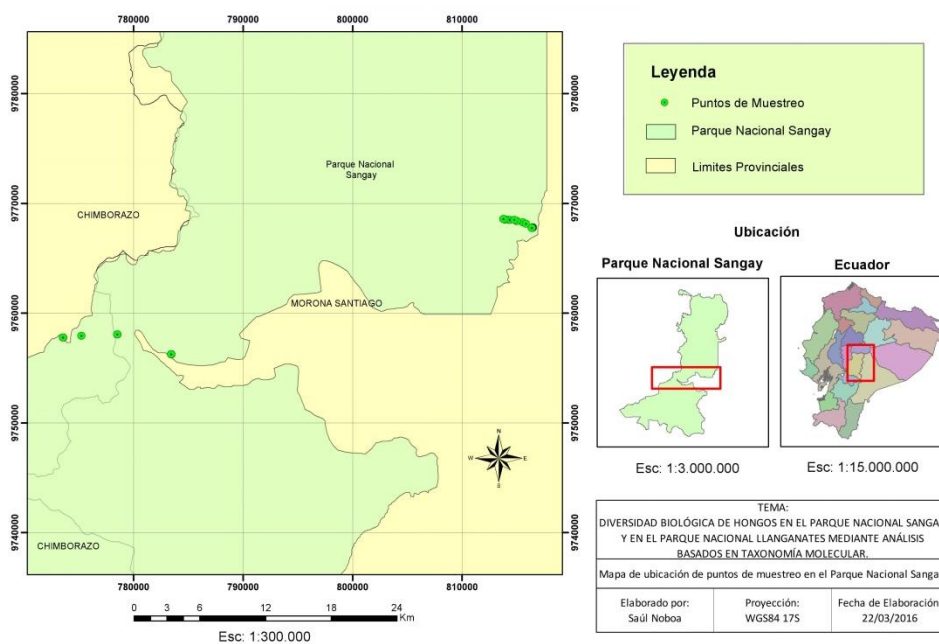


Figura 2 Mapa de ubicación de puntos de muestreo de especímenes fúngicos en el Parque Nacional Sangay.

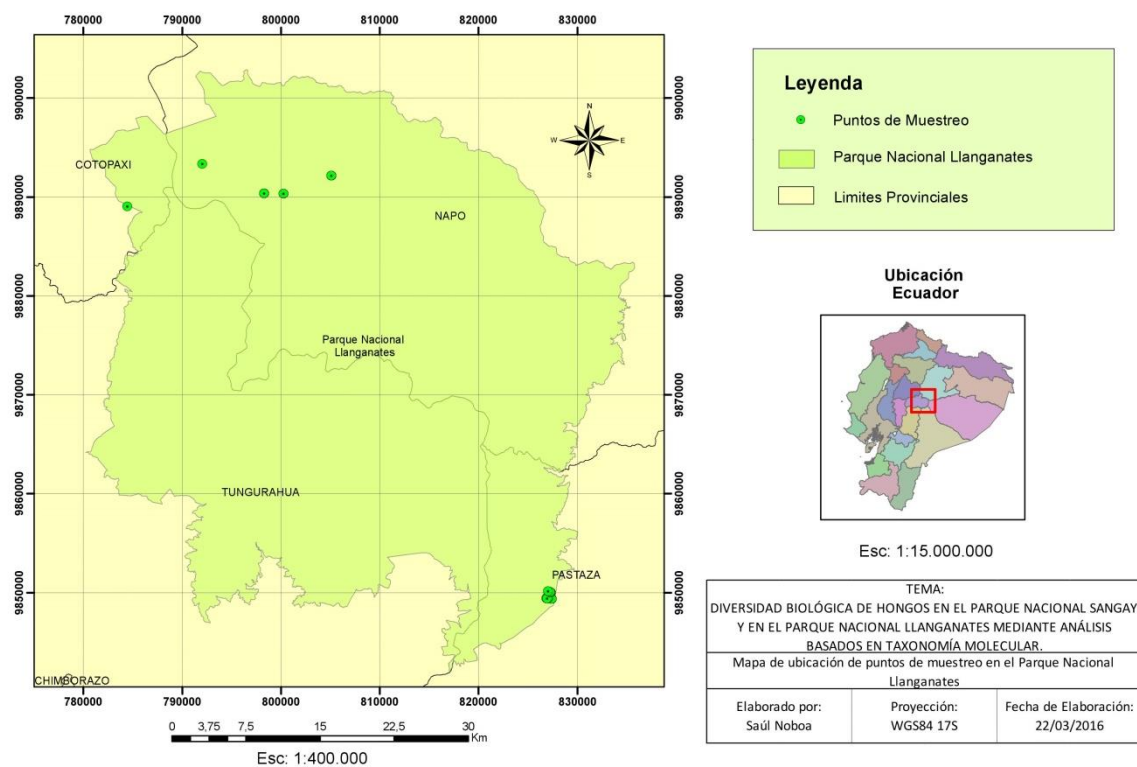


Figura 3 Mapa de ubicación de puntos de muestreo de especímenes fúngicos en el Parque Nacional Llanganates.

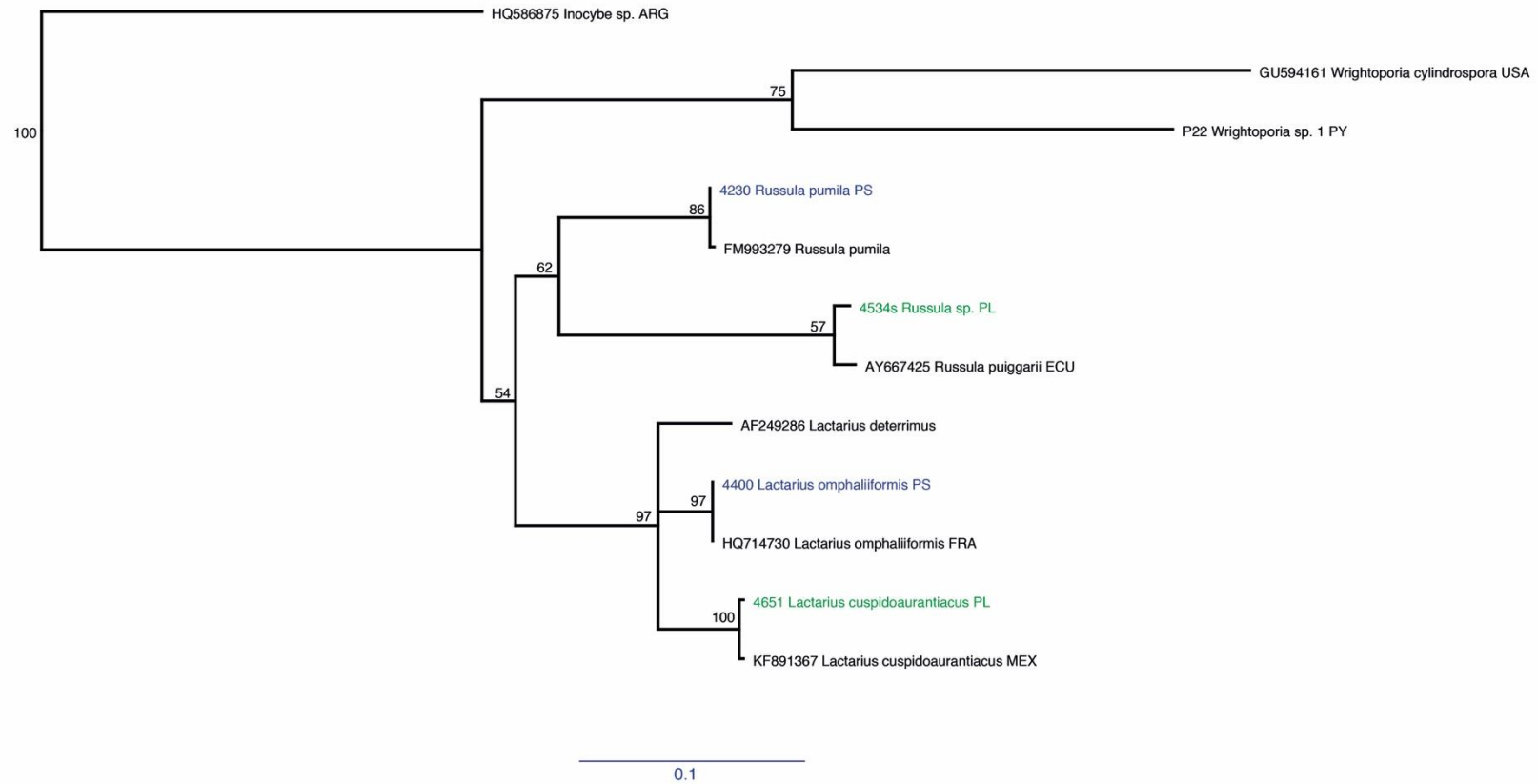


Figura 4 Árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Russulales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a secuencias de la región ITS. Los individuos colectados en el Parque Nacional Sangay (PS) se muestran en color azul, los individuos colectados en el Parque Nacional Llangantes (PL) se muestran en color verde, los individuos en color negro corresponden a secuencias tomadas del Genbank o del Fungario QCAM. Valores de bootstrap menores de 50 no se muestran.

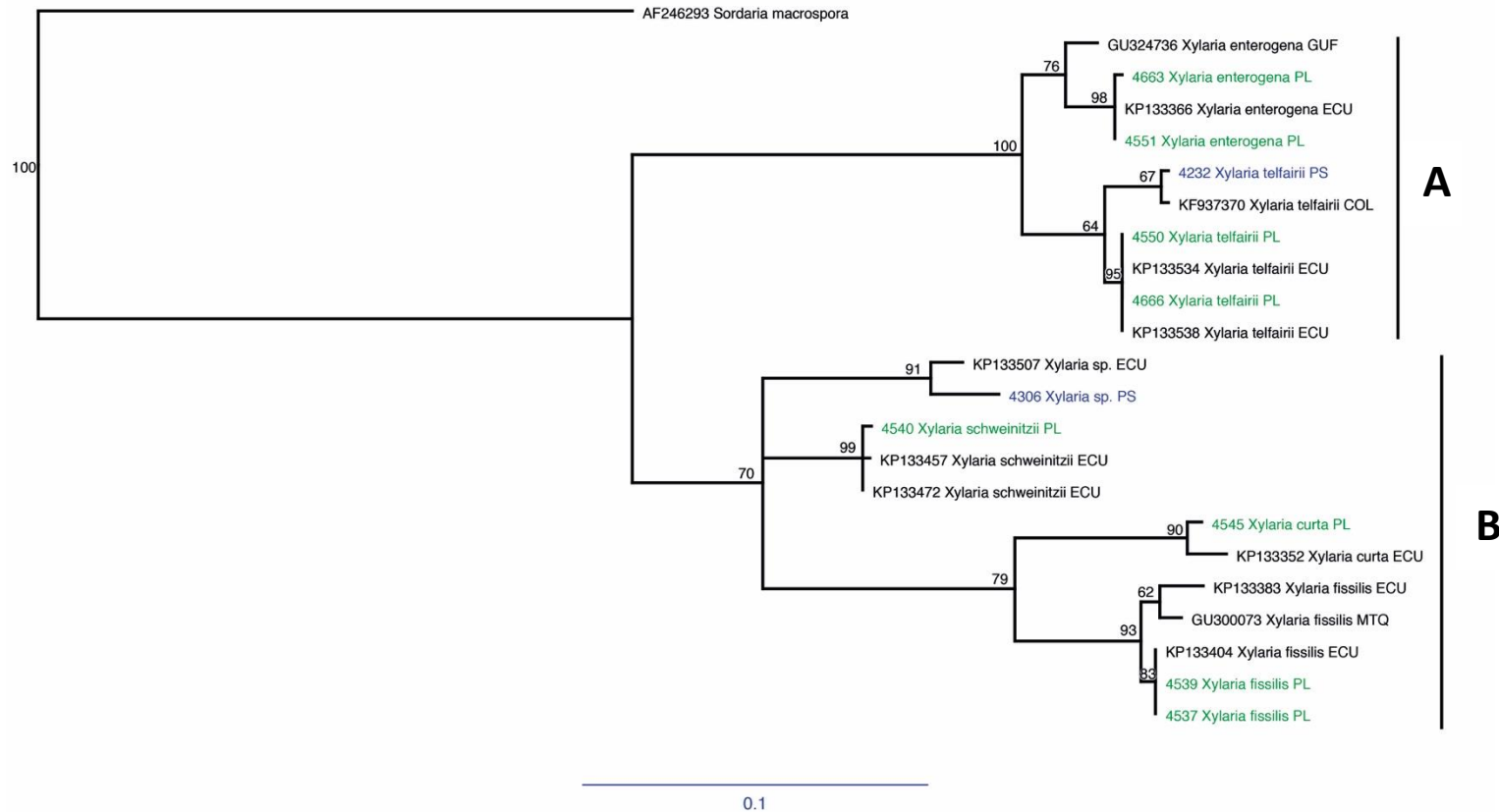


Figura 5 Árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Xylariales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a secuencias de la región ITS. Los individuos colectados en el Parque Nacional Sangay (PS) se muestran en color azul, los individuos colectados en el Parque Nacional Llanganes (PL) se muestran en color verde, y los individuos en color negro corresponden a secuencias tomadas del Genbank o del Fungario QCAM. Valores de bootstrap menores de 50 no se muestran

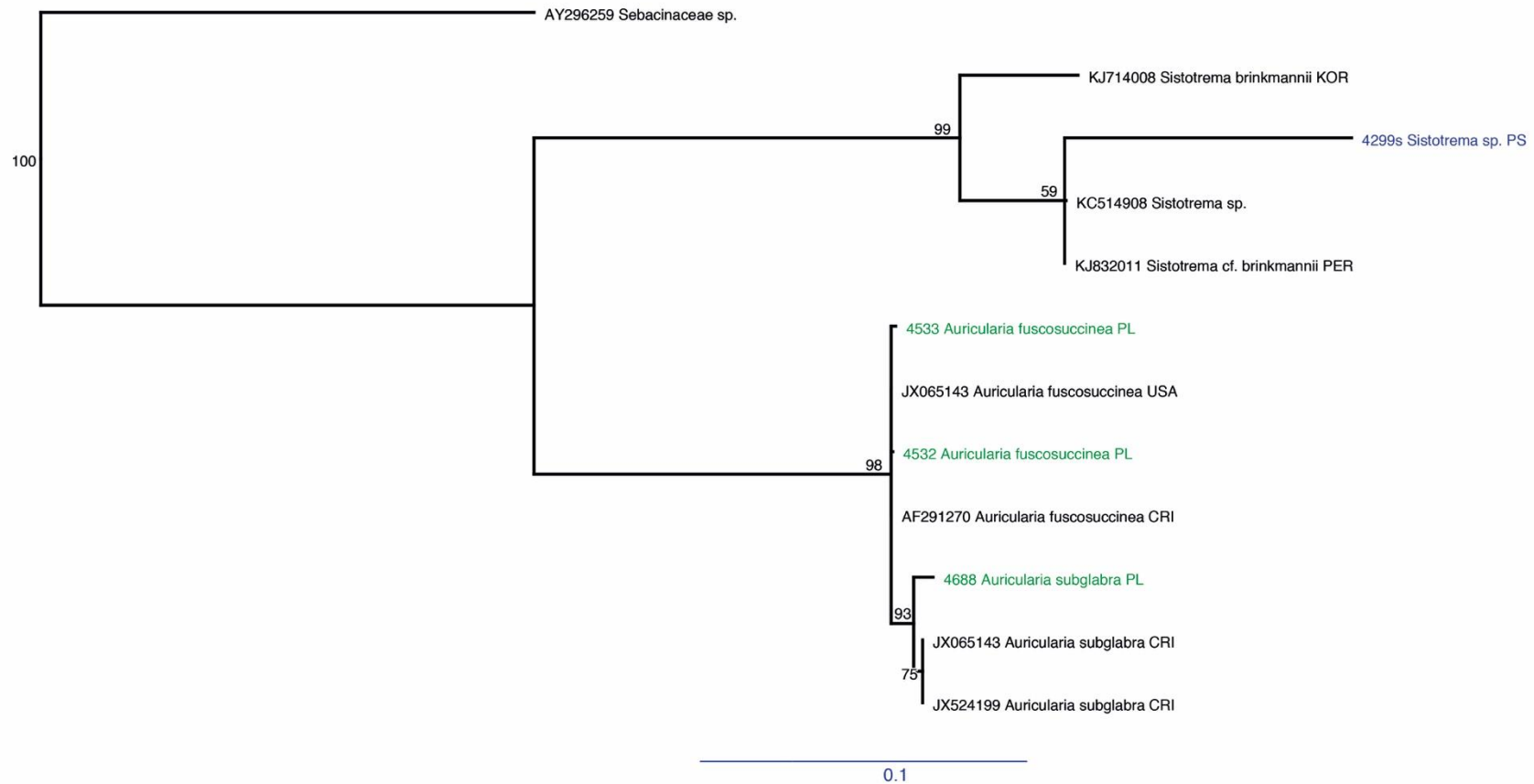


Figura 6 Árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes de los órdenes Auriculares y Cantharellales (Clase Agaromycetes) obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS. Los individuos colectados en el Parque Nacional Sangay (PS) se muestran en color azul, los individuos colectados en el Parque Nacional Llanganes (PL) se muestran en color verde y los individuos en color negro corresponden a secuencias tomadas del Genbank. Valores de bootstrap menores de 50 no se muestran.

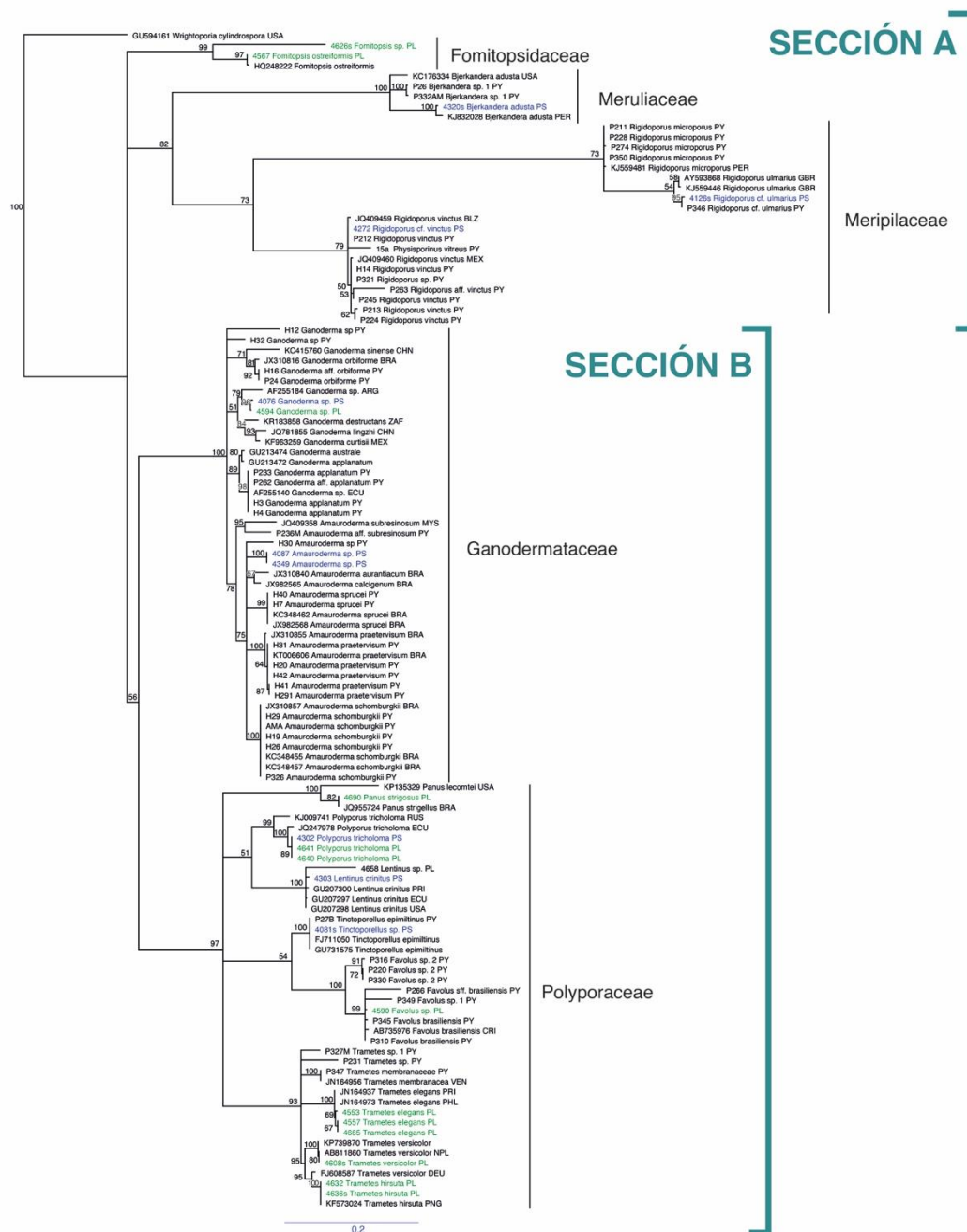


Figura 7 Árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Polyporales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS. Los individuos colectados en el Parque Nacional Sangay (PS) se muestran en color azul, los individuos colectados en el Parque Nacional Llanganes (PL) se muestran en color verde, los individuos colectados en el Parque Nacional Yasuní (PY) se muestran en color rojo y los individuos en color negro corresponden a secuencias tomadas del Genbank. Valores de bootstrap menores de 50 no se muestran.

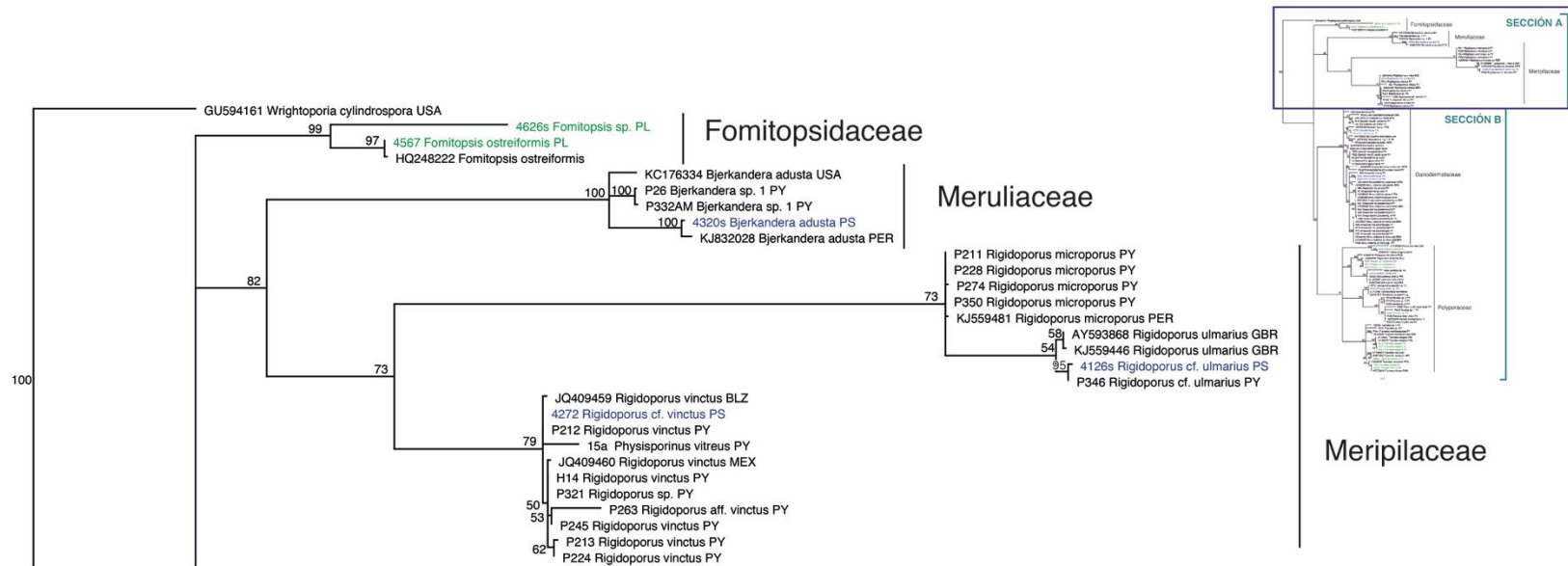


Figura 8 Vista parcial, Sección A, del árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Polyporales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS. Los individuos colectados en el Parque Nacional Sangay (PS) se muestran en color azul, los individuos colectados en el Parque Nacional Llanganes (PL) se muestran en color verde, los individuos colectados en el Parque Nacional Yasuní (PY) se muestran en color rojo y los individuos en color negro corresponden a secuencias tomadas del Genbank. Valores de bootstrap menores de 50 no se muestran

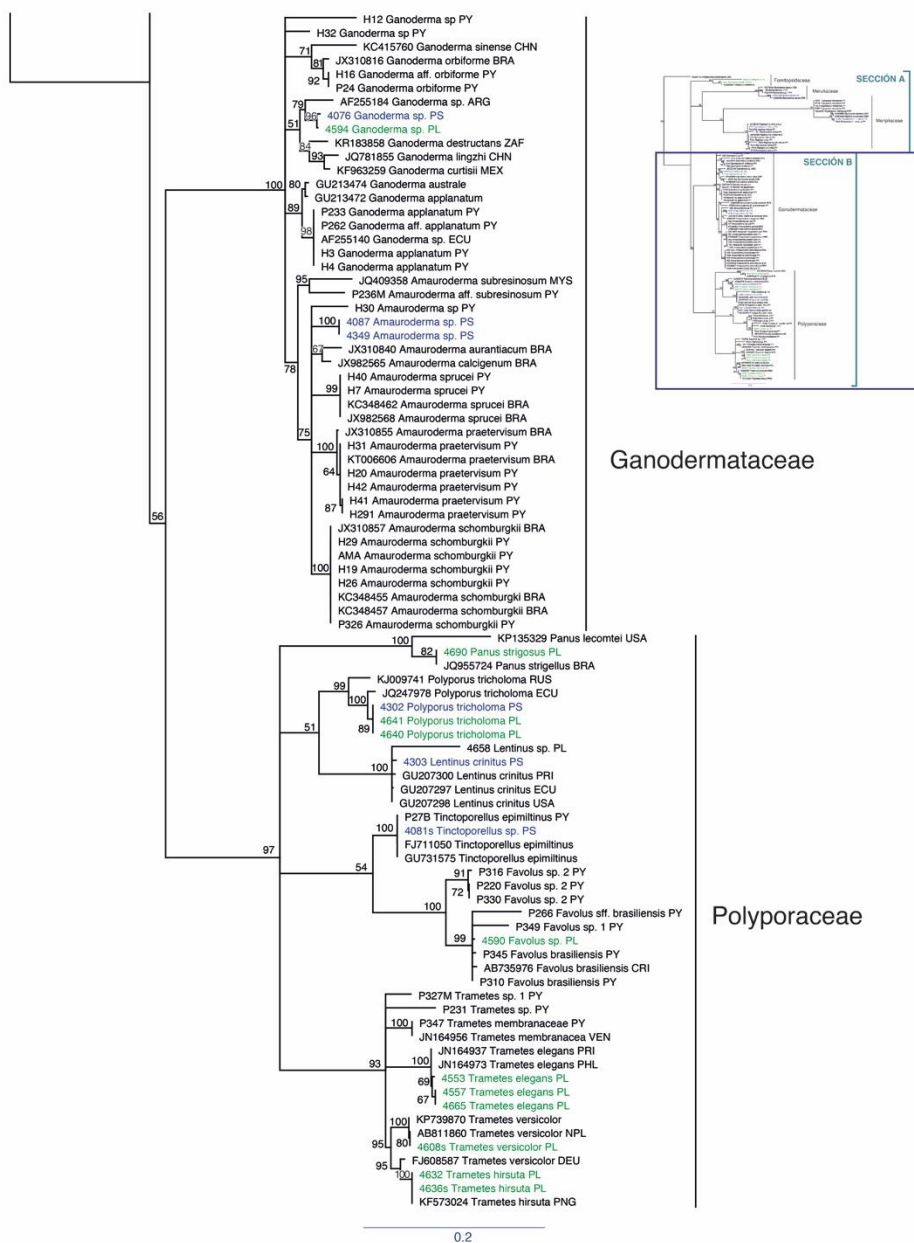


Figura 9 Vista parcial, Sección B, del árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Polyporales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS.

Los individuos colectados en el Parque Nacional Sangay (PS) se muestran en color azul, los individuos colectados en el Parque Nacional Llanganes (PL) se muestran en color verde, los individuos colectados en el Parque Nacional Yasuní (PY) se muestran en color rojo y los individuos en color negro corresponden a secuencias tomadas del Genbank. Valores de *bootstrap* menores de 50 no se muestran.

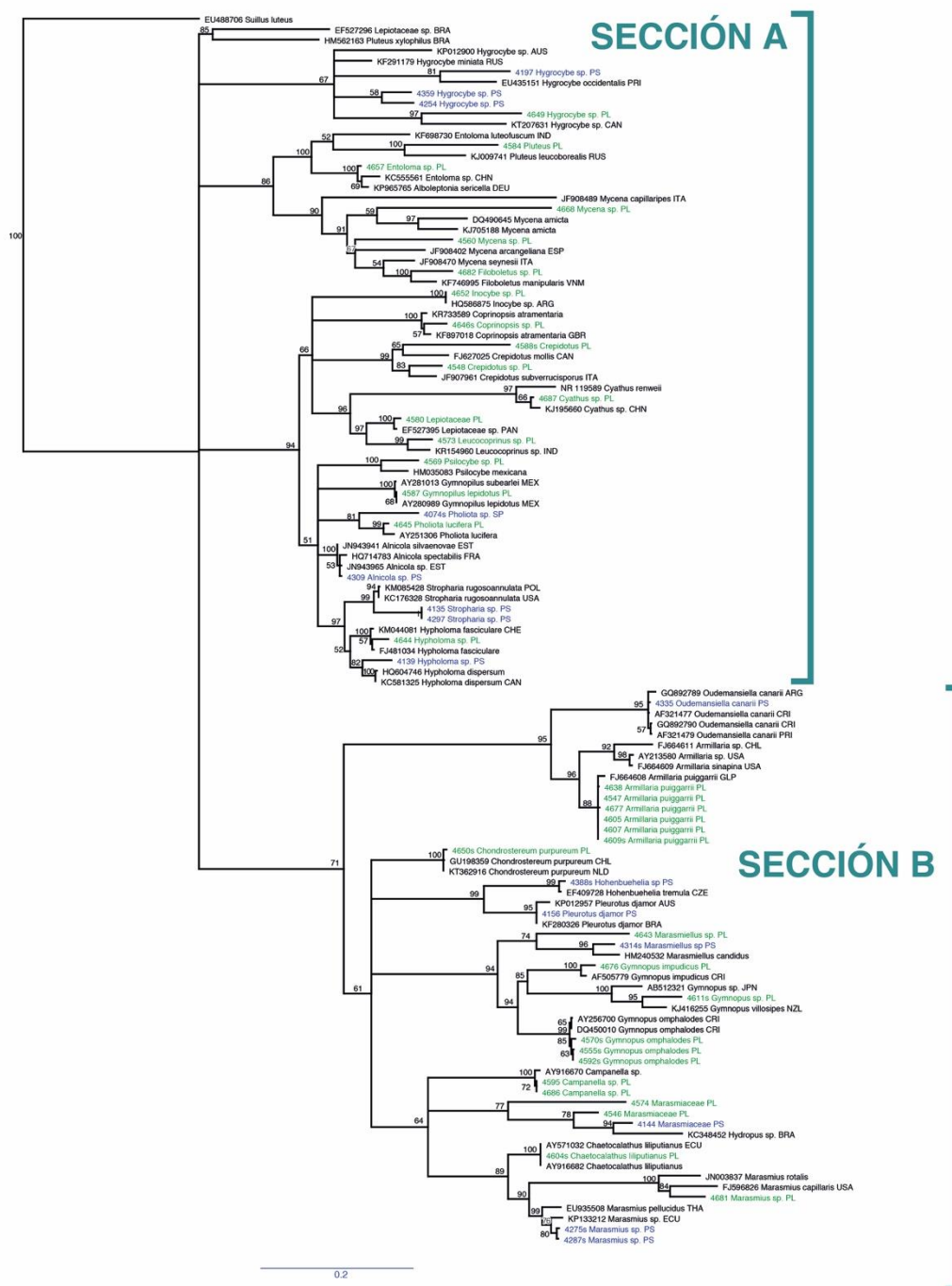


Figura 10 Árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Agaricales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS. Los individuos colectados en el Parque Nacional Sangay (PS) se muestran en color azul, los individuos colectados en el Parque Nacional Llangantes (PL) se muestran en color verde, los individuos en color negro corresponden a secuencias tomadas del Genbank. Valores de bootstrap menores de 50 no se muestran

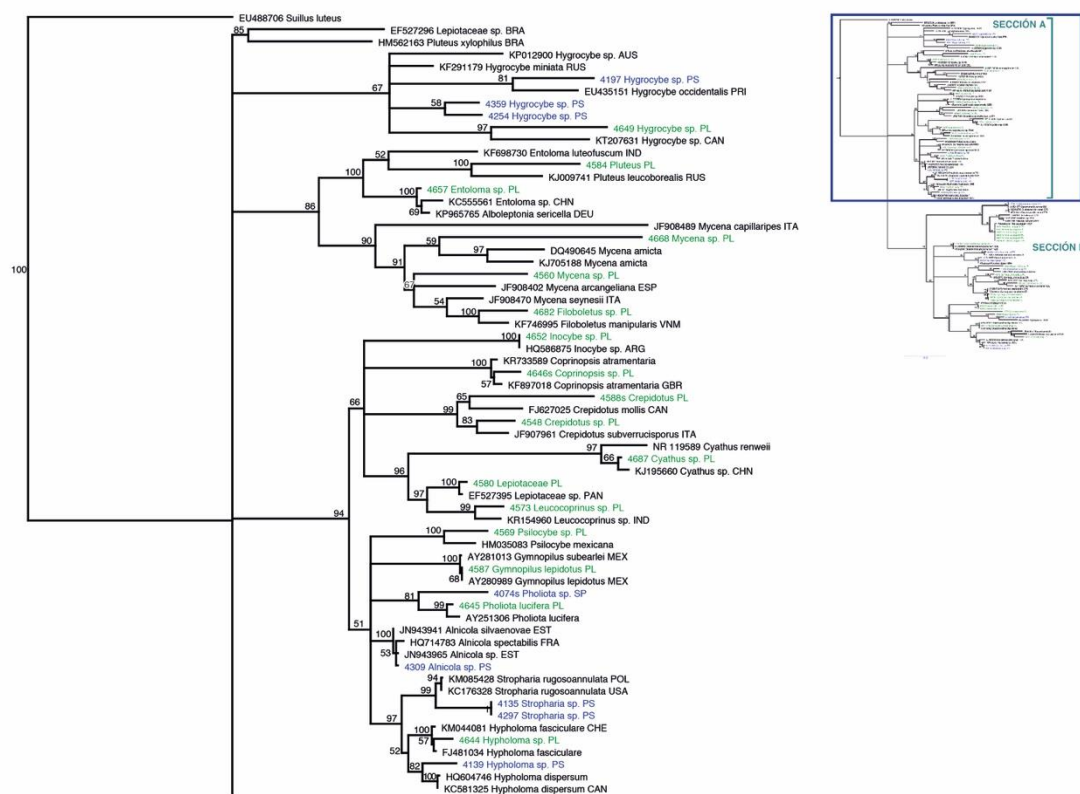


Figura 11 Vista parcial, Sección A, del árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Agaricales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS. Los individuos colectados en el Parque Nacional Sangay (PS) se muestran en color azul, los individuos colectados en el Parque Nacional Llanganes (PL) se muestran en color verde, los individuos en color negro corresponden a secuencias tomadas del Genbank. Valores de bootstrap menores de 50 no se muestran

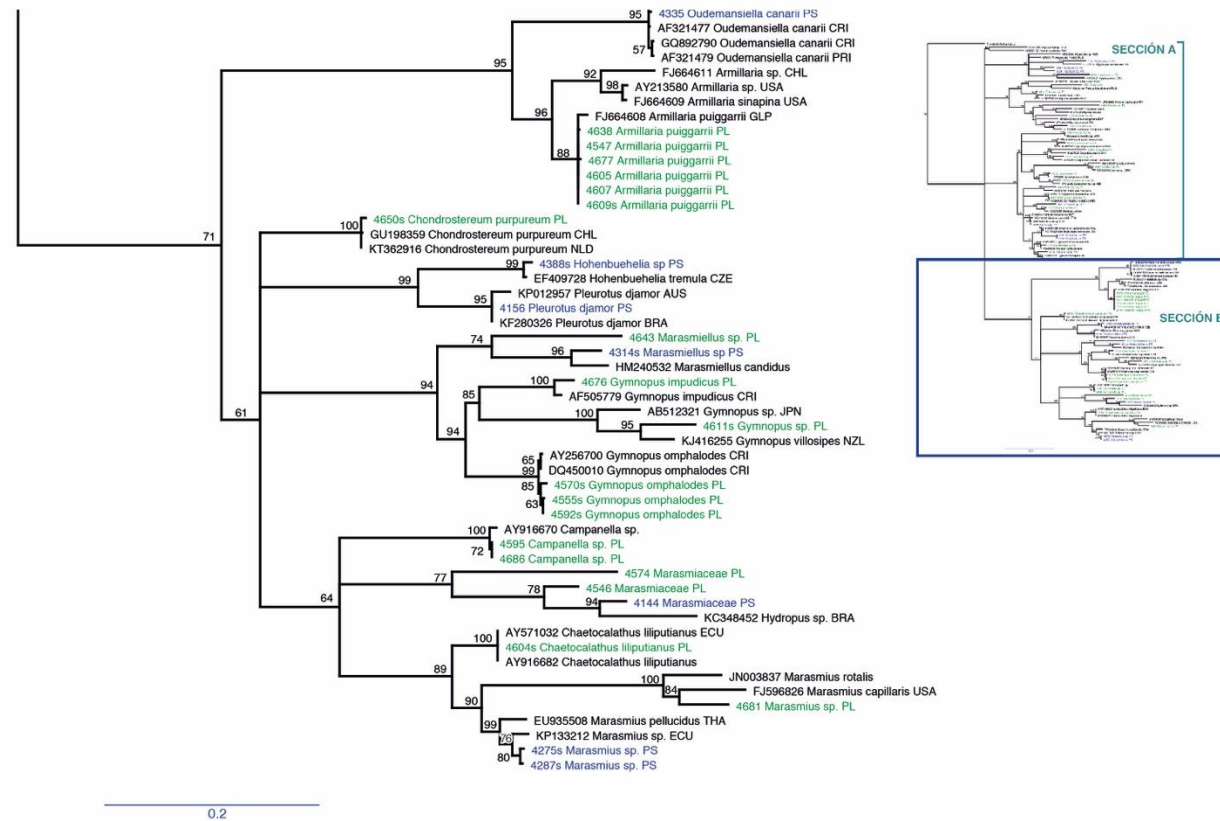


Figura 12 Vista parcial, Sección B, del árbol filogenético de máxima verosimilitud de especímenes del orden Agaricales obtenidos en los Parques Nacionales Sangay y Llangantes, en base a la secuencia de la región del ITS. Los individuos colectados en el Parque Nacional Sangay (PS) se muestran en color azul, los individuos colectados en el Parque Nacional Llanganes (PL) se muestran en color verde, los individuos en color negro corresponden a secuencias tomadas del Genbank. Valores de bootstrap menores de 50 no se muestran.

9 TABLAS

Tabla 1 Modelos de sustitución usados para el análisis de Máxima Verosimilitud de los órdenes de hongos colectados en los Parques Nacionales Sangay y Llanganates, grupo externo empleado para en el árbol filogenético y número de secuencias analizadas.

Orden	Modelo de sustitución ^a	Grupo externo ^b	Número total de secuencias analizadas ^c	Número de secuencias provenientes del Parque Nacional Sangay	Número de secuencias provenientes del Parque Nacional Llanganates
Russulales	012345	HQ586875 <i>Inocybe sp.</i>	12	2	2
Xylariales	010232	AF246293 <i>Sordaria macrospora</i>	23	2	8
Auriculares y Cantharellales (Clase Agaromycetes)	010232	AY296259 <i>Sebacinaceae</i>	12	1	3
Polyporales	010212	GU594161 <i>Wrightoporia cylindrospora</i>	116	9	13
Agaricales	010212	EU488706 <i>Suillus luteus</i>	116	15	36

^aModelo obtenido con el programa JModel Test 2.1.4.

^bSecuencias de la región ITS fueron obtenidas de GenBank (National Center for Biotechnology Information - NCBI, 2016).

^cSe consideran secuencias de la región ITS de hongos colectadas por el Fungario QCAM y obtenidas de GenBank (National Center for Biotechnology Information - NCBI, 2016).

Tabla 2 Hongos colectados en los Parques Nacionales Sangay y Llanganates. Se muestra código de colección, lugar de muestreo, identificación taxonómica, tipo de análisis realizado, accesión de GenBank y valores de cobertura e identidad.

Código de Colección	Latitud	Longitud	Lugar de Colección Parque Nacional	Orden	Familia	Género/Especie	Análisis Realizado	Accesión de GenBank	Cobertura e Identidad (%)
4230	S2 12.1764	W78 27.115	Sangay	Russulales	Russulaceae	<i>Russula pumila</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Russula pumila</i> FM993279.1	100 99
4400	S2 12.1764	W78 27.115	Sangay	Russulales	Russulaceae	<i>Lactarius omphaliiformis</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Lactarius omphaliiformis</i> HQ714730.1	100 99
4534s	S1 21.323	W78 03.550	Llanganates	Russulales	Russulaceae	<i>Russula puiggarii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Russula puiggarii</i> AY667425.1	100 98
4651	S0 59.468	W78 18.149	Llanganates	Russulales	Russulaceae	<i>Lactarius cuspidaurantiacus</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Lactarius cuspidaurantiacus</i> KF891367.1	100 99
4232	S2 12.1764	W78 27.115	Sangay	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria telfairii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Xylaria telfairii</i> KF937370.1	100 99
4306	S2 12.1764	W78 27.115	Sangay	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Xylaria sp.</i> KP133507.1	98 98
4537	S1 21.323	W78 03.550	Llanganates	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria fissilis</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Xylaria fissilis</i> GU300073.1	99 98
4539	S1 21.323	W78 03.550	Llanganates	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria fissilis</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Xylaria fissilis</i> GU300073.1	100 98
4540	S1 21.323	W78 03.550	Llanganates	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria schweinitzii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Xylaria schweinitzii</i> KJ572197.1	100 99
4545	S1 21.282	W78 03.597	Llanganates	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria curta</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Xylaria curta</i> KP133352.1	100 98

4550	S1 21.270	W78 03.649	Llanganates	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria telfairii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Xylaria telfairii</i> GU324737.1	100 100
4551	S1 21.270	W78 03.649	Llanganates	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria enterogena</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Xylaria enterogena</i> GU324736.1	100 98
4663	S1 21.285	W78 03.595	Llanganates	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria enterogena</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Xylaria enterogena</i> GU324736.1	100 98
4666	S1 21.236	W78 03.703	Llanganates	Xylariales	Xylariaceae	<i>Xylaria telfairii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Xylaria telfairii</i> GU324737.1	100 99
4532	S1 21.323	W78 03.550	Llanganates	Auriculariales	Auriculariaceae	<i>Auricularia fuscosuccinea</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Auricularia fuscosuccinea</i> JX065143.1	100 99
4533	S1 21.323	W78 03.550	Llanganates	Auriculariales	Auriculariaceae	<i>Auricularia fuscosuccinea</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Auricularia fuscosuccinea</i> AF291270.1	100 99
4688	S1 21.627	W78 03.799	Llanganates	Auriculariales	Auriculariaceae	<i>Auricularia subglabra</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Auricularia subglabra</i> JX524199.1	100 99
4299s	S2 11.3570	W78 32.4521	Sangay	Cantharellales	Hydnaceae	<i>Sistotrema sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Sistotrema sp.</i> KC514908.1	99 92
4076	S2 05.920	W78 09.374	Sangay	Polyporales	Ganodermataceae	<i>Ganoderma sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Ganoderma curtisii</i> KF963259.1	100 96
4081s	S2 05.917	W78 09.361	Sangay	Polyporales	Polyporaceae	<i>Tinctoporellus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Tinctoporellus epimiltinus</i> GU731575.1	100 100
4087	S2 05.707	W78 09.670	Sangay	Polyporales	Ganodermataceae	<i>Amauroderma sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Amauroderma aurantiacum</i> JX310840.1	100 94
4126s	S2 05.579	W78 10.112	Sangay	Polyporales	Meripilaceae	<i>Rigidoporus cf. ulmarius</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Rigidoporus ulmarius</i> AY593868.1	100 97
4272	S2 05.517	W78 10.247	Sangay	Polyporales	Meripilaceae	<i>Rigidoporus cf. vinctus</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Rigidoporus vinctus</i> JQ409459.1	99 99
4302	S2 12.1764	W78 27.115	Sangay	Polyporales	Polyporaceae	<i>Polyporus tricholoma</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Polyporus tricholoma</i> JQ247978.1	100 99
4303	S2 12.1764	W78 27.115	Sangay	Polyporales	Polyporaceae	<i>Lentinus crinitus</i>	Blanstn /	<i>Lentinus crinitus</i>	100

							Árbol Filogenético	GU207297.1	99
4320s	S2 05.916	W78 09.375	Sangay	Polyporales	Meruliaceae	<i>Bjerkandera sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Bjerkandera adusta</i> KJ832028.1	100 99
4590	S1 21.584	W78 03.665	Llanganates	Polyporales	Polyporaceae	<i>Favolus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Favolus brasiliensis</i> AB735976.1	89 99
4553	S1 21.270	W78 03.649	Llanganates	Polyporales	Polyporaceae	<i>Trametes elegans</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Trametes elegans</i> JN164973.1	100 99
4557	S1 21.323	W78 03.550	Llanganates	Polyporales	Polyporaceae	<i>Trametes elegans</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Trametes elegans</i> JN164937.1	100 99
4567	S1 21.665	W78 03.497	Llanganates	Polyporales	Fomitopsidaceae	<i>Fomitopsis ostreiformis</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Fomitopsis ostreiformis</i> HQ248222.1	100 99
4594	S1 21.584	W78 03.665	Llanganates	Polyporales	Ganodermataceae	<i>Ganoderma sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Ganoderma sp</i> AF255184.1	100 96
4608s	S1 21.636	W78 03.737	Llanganates	Polyporales	Polyporaceae	<i>Trametes versicolor</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Trametes versicolor</i> AB811860.1	100 100
4626s	S0 58.473	W78 15.537	Llanganates	Polyporales	Fomitopsidaceae	<i>Fomitopsis sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Fomitopsis cajanderi</i> KC507158.1	97 87
4632	S0 58.473	W78 15.537	Llanganates	Polyporales	Polyporaceae	<i>Trametes hirsuta</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Trametes hirsuta</i> KF573024.1	100 100
4636s	S0 58.473	W78 15.537	Llanganates	Polyporales	Polyporaceae	<i>Trametes sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Trametes hirsuta</i> KF573024.1	100 100
4640	S0 58.473	W78 15.537	Llanganates	Polyporales	Polyporaceae	<i>Polyporus tricholoma</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Polyporus tricholoma</i> JQ247978.1	100 100
4641	S0 58.473	W78 15.537	Llanganates	Polyporales	Polyporaceae	<i>Polyporus tricholoma</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Polyporus tricholoma</i> JQ247978.1	100 100
4658	S1 21.275	W78 03.643	Llanganates	Polyporales	Polyporaceae	<i>Lentinus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Lentinus crinitus</i> GU207300.1	99 91
4665	S1 21.275	W78 03.643	Llanganates	Polyporales	Polyporaceae	<i>Trametes sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Trametes elegans</i> JN164937.1	100 99

4690	S1 21.654	W78 03.747	Llanganates	Polyporales	Polyporaceae	<i>Panus strigellus</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Panus strigellus</i> JQ955724.1	100 99
4074s	S2 05.886	W78 09.326	Sangay	Agaricales	Strophariaceae	<i>Pholiota sp.</i>	^b Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Pholiota multicingulata</i> LC098735.1	92 93
4135	S2 11.3570	W78 32.4521	Sangay	Agaricales	Strophariaceae	<i>Stropharia sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Stropharia rugosoannulata</i> KC176328.1	100 90
4139	S2 11.273	W78 31.548	Sangay	Agaricales	Strophariaceae	<i>Hypholoma sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Hypholoma dispersum</i> KC581325.1	100 94
4144	S2 11.202	W78 29.782	Sangay	Agaricales	Marasmiaceae	^a N/I	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Hydropus funebris</i> JQ694112.1	90 91
4156	S2 05.892	W78 09.338	Sangay	Agaricales	Pleurotaceae	<i>Pleurotus djamor</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Pleurotus djamor</i> KF280326.1	100 99
4197	S2 05.518	W78 10.490	Sangay	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Hygrocybe sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Hygrocybe miniata</i> KF291179.1	98 82
4254	S2 05.504	W78 10.689	Sangay	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Hygrocybe sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Hygrocybe sp.</i> KP012900.1	52 87
4275s	S2 05.518	W78 10.490	Sangay	Agaricales	Marasmiaceae	<i>Marasmius sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Marasmius pellucidus</i> EU935508.1	100 97
4287s	S2 05.473	W78 10.780	Sangay	Agaricales	Marasmiaceae	<i>Marasmius sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Marasmius pellucidus</i> EU935508.1	100 95
4297	S2 11.3570	W78 32.4521	Sangay	Agaricales	Strophariaceae	<i>Stropharia sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Stropharia rugosoannulata</i> KM085428.1	98 90
4309	S2 11.202	W78 29.782	Sangay	Agaricales	Bolbitiaceae	<i>Alnicola silvaenovae</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Alnicola silvaenovae</i> JN943941.1	100 99
4314s	S2 11.202	W78 29.782	Sangay	Agaricales	Omphalotaceae	<i>Marasmiellus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Marasmiellus candidus</i> HM240532.1	100 95
4335	S2 05.897	W78 09.334	Sangay	Agaricales	Physalacriaceae	<i>Oudemansiella canarii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Oudemansiella canarii</i> GQ892790.1	100 98
4349	S2 05.644	W78 09.811	Sangay	Agaricales	Ganodermataceae	<i>Amauroderma sp.</i>	Blanstn /	<i>Amauroderma calcigenum</i>	100

							Árbol Filogenético	JX982565.1	93
4359	S2 05.509	W78 10.680	Sangay	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Hygrocybe sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Hygrocybe miniata</i> KF291179.1	100 81
4388s	S2 05.485	W78 10.775	Sangay	Agaricales	Pleurotaceae	<i>Hohenbuehelia sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Hohenbuehelia tremula</i> EF409728.1	100 99
4546	S1 21.270	W78 03.649	Llanganates	Agaricales	Marasmiaceae	N/I	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Hydropus sp.</i> KC348452.1	100 91
4547	S1 21.270	W78 03.649	Llanganates	Agaricales	Physalacriaceae	<i>Armillaria puiggarrii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Armillaria puiggarrii</i> FJ664608.1	100 98
4548	S1 21.270	W78 03.649	Llanganates	Agaricales	Inocybaceae	<i>Crepidotus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Crepidotus subverrucisporus</i> JF907961.1	100 91
4555s	S1 21.323	W78 03.550	Llanganates	Agaricales	Omphalotaceae	<i>Gymnopus omphalodes</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Gymnopus omphalodes</i> DQ450010.1	100 99
4560	S1 21.665	W78 03.497	Llanganates	Agaricales	Mycenaceae	<i>Mycena sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Mycena arcangeliana</i> JF908402.1	100 93
4569	S1 21.665	W78 03.497	Llanganates	Agaricales	Strophariaceae	<i>Psilocybe sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Psilocybe yungensis</i> KC669301.1	100 97
4570s	S1 21.587	W78 03.667	Llanganates	Agaricales	Omphalotaceae	<i>Gymnopus omphalodes</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Gymnopus omphalodes</i> DQ450010.1	100 99
4573	S1 21.587	W78 03.667	Llanganates	Agaricales	Agaricaceae	<i>Leucocoprinus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Leucocoprinus sp.</i> KR154960.1	100 95
4574	S1 21.553	W78 03.724	Llanganates	Agaricales	Marasmiaceae	N/I	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Gerronema nemorale</i> EU883594.1	100 89
4580	S1 21.553	W78 03.724	Llanganates	Agaricales	Lepiotaceae	N/I	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Lepiotaceae sp.</i> EF527384.1	100 99
4584s	S1 21.587	W78 03.667	Llanganates	Agaricales	Pluteaceae	<i>Pluteus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Pluteus leucoborealis</i> KJ009741.1	99 84
4587	S1 21.665	W78 03.497	Llanganates	Agaricales	Strophariaceae	<i>Gymnopilus lepidotus</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Gymnopilus lepidotus</i> AY280989.1	100 100

4588	S1 21.584	W78 03.665	Llanganates	Agaricales	Inocybaceae	<i>Crepidotus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Simocybe sp.</i> HQ533028.1	100 86
4592s	S1 21.584	W78 03.665	Llanganates	Agaricales	Omphalotaceae	<i>Gymnopus omphalodes</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Gymnopus omphalodes</i> DQ450010.1	100 99
4595	S1 21.584	W78 03.665	Llanganates	Agaricales	Marasmiaceae	<i>Campanella sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Campanella sp.</i> AY916670.1	100 97
4604s	S1 21.636	W78 03.737	Llanganates	Agaricales	Marasmiaceae	<i>Chaetocalathus liliputianus</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Chaetocalathus liliputianus</i> AY916682.1	100 100
4605	S1 21.636	W78 03.737	Llanganates	Agaricales	Physalacriaceae	<i>Armillaria puiggarrii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Armillaria puiggarrii</i> FJ664608.1	100 99
4607	S1 21.636	W78 03.737	Llanganates	Agaricales	Physalacriaceae	<i>Armillaria puiggarrii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Armillaria puiggarrii</i> FJ664608.1	100 99
4609s	S1 21.636	W78 03.737	Llanganates	Agaricales	Physalacriaceae	<i>Armillaria puiggarrii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Armillaria puiggarrii</i> FJ664608.1	100 98
4611s	S1 21.636	W78 03.737	Llanganates	Agaricales	Omphalotaceae	<i>Gymnopus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Gymnopus villosipes</i> KJ416255.1	100 93
4638	S0 58.473	W78 15.537	Llanganates	Agaricales	Physalacriaceae	<i>Armillaria puiggarrii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Armillaria puiggarrii</i> FJ664608.1	100 98
4643	S0 59.451	W78 19.205	Llanganates	Agaricales	Omphalotaceae	<i>Marasmiellus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Marasmius alliaceus</i> DQ450004.1	100 91
4644	S0 59.451	W78 19.205	Llanganates	Agaricales	Strophariaceae	<i>Hypholoma sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Hypholoma fasciculare</i> FJ481034.1	100 97
4645	S0 59.451	W78 19.205	Llanganates	Agaricales	Strophariaceae	<i>Pholiota lucifera</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Pholiota lucifera</i> AY251306.1	100 98
4646s	S0 59.451	W78 19.205	Llanganates	Agaricales	Psathyrellaceae	<i>Coprinopsis sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Coprinopsis atramentaria</i> KR733589.1	99 96
4649	S0 59.451	W78 19.205	Llanganates	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Hygrocybe sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Hygrocybe psittacina</i> EU784342.1	97 89
4650s	S0 59.468	W78 18.149	Llanganates	Agaricales	Cyphellaceae	<i>Chondrostereum purpureum</i>	Blanstn /	<i>Chondrostereum purpureum</i>	100

							Árbol Filogenético	GU198359.1	99
4652	S0 59.468	W78 18.149	Llanganates	Agaricales	Cortinariaceae	<i>Inocybe sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Inocybe sp.</i> HQ586875.1	100 96
4657	S0 57.840	W78 22.577	Llanganates	Agaricales	Entolomataceae	<i>Entoloma sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Entoloma sp.</i> KC555561.1	100 95
4668	S1 21.236	W78 03.703	Llanganates	Agaricales	Mycenaceae	<i>Mycena sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Mycena amicta</i> DQ490645.1	65 89
4676	S1 21.588	W78 03.663	Llanganates	Agaricales	Omphalotaceae	<i>Gymnopus impudicus</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Gymnopus impudicus</i> AF505779.1	100 99
4677	S1 21.588	W78 03.663	Llanganates	Agaricales	Physalacriaceae	<i>Armillaria puiggarrii</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Armillaria puiggarrii</i> FJ596826.1	100 98
4681	S1 21.551	W78 03.729	Llanganates	Agaricales	Marasmiaceae	<i>Marasmius sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Marasmius capillaris</i> FJ596826.1	100 94
4682	S1 21.638	W78 03.765	Llanganates	Agaricales	Tricholomataceae	<i>Filoboletus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Filoboletus manipularis</i> KF746995.1	99 87
4686	S1 21.642	W78 03.761	Llanganates	Agaricales	Marasmiaceae	<i>Campanella sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Campanella sp.</i> AY916670.1	100 99
4687	S1 21.627	W78 03.799	Llanganates	Agaricales	Agaricaceae	<i>Cyathus sp.</i>	Blanstn / Árbol Filogenético	<i>Cyathus sp.</i> KJ195660.1	100 98
4221	S2 11.3570	W78 32.4521	Sangay	Boletales	Suillaceae	<i>Suillus luteus</i>	Blanstn	<i>Suillus luteus</i> EU488706.1	100 100
4654	S1 00.179	W78 26.661	Llanganates	Boletales	Suillaceae	<i>Suillus luteus</i>	Blanstn	<i>Suillus luteus</i> KT447171.1	100 100
4146s	S2 05.917	W78 09.361	Sangay	Helotiales	Hyaloscyphaceae	<i>Lachnum sp.</i>	Blanstn	<i>Lachnum lushanense</i> JF937582.1	100 93
4647	S0 59.451	W78 19.205	Llanganates	Hymenochaetales	Hymenochaetaceae	<i>Hymenochaete sp.</i>	Blanstn	<i>Hymenochaete tongbiguanensis</i> KF908248.1	100 93
4308s	S2 12.1764	W78 27.115	Sangay	Hypocreales	Clavicipitaceae	N/I	Blanstn	<i>Lecanicillium fusisporum</i>	100

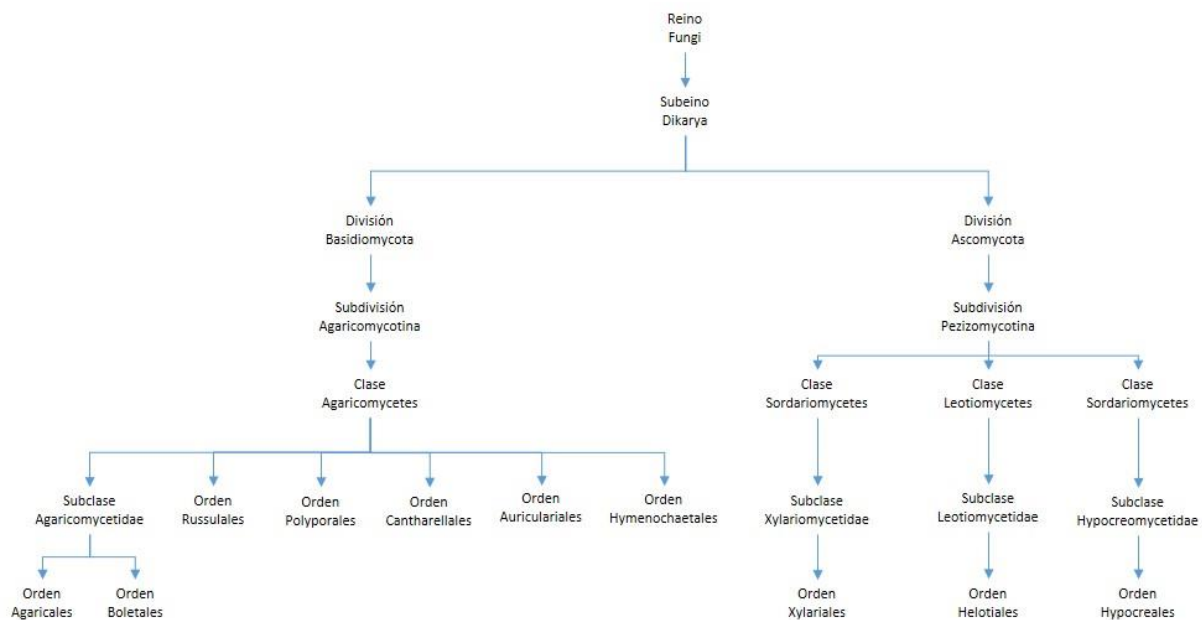
								EU284721.1	93
4354	S2 05.575	W78 10.135	Sangay	Hypocreales	Ophiocordycipitaceae	N/I	Blanstn	<i>Tolypocladium</i>	100
								KF747257.1	99

^aN/I = No identificado.

^bSe empleó la herramienta Blastn (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>) que permitió comparar secuencias disponibles en GenBank.

10 ANEXOS

Anexo 1. Organigrama de la clasificación taxonómica de los órdenes hallados en PS y PL, en base a la descrita en *The Tree of Life Web Project* (<http://tolweb.org/tree/>).



Anexo 2. Código de tres letras para los países citados en los árboles filogenéticos de ML.

Nombre del País	Código ISO ALPHA-3
Argentina	ARG
Australia	AUS
Belice	BLZ
Brasil	BRA
Canadá	CAN
Suiza	CHE
Chile	CHL
China	CHN
Colombia	COL
Costa Rica	CRI
República Checa	CZE
Alemania	DEU
Ecuador	ECU
España	ESP
Estonia	EST
Francia	FRA
Reino Unido de Gran Bretaña e Irlanda del Norte	GBR
Guadalupe	GLP
Guayana francesa	GUF
India	IND
Italia	ITA

Japón	JPN
República de Corea	KOR
México	MEX
Martinica	MTQ
Malasia	MYS
Países Bajos	NLD
Nepal	NPL
Nueva Zelanda	NZL
Panamá	PAN
Perú	PER
Filipinas	PHL
Papúa Nueva Guinea	PNG
Polonia	POL
Puerto Rico	PRI
Federación Rusa	RUS
Tailandia	THA
Estados Unidos de América	USA
Venezuela (República Bolivariana de)	VEN
Vietnam	VNM
Sudáfrica	ZAF