NUEVOS REGISTROS DE HYMENOCHAETACEAE (FUNGI) ENCONTRADOS EN ÁRBOLES ENDÉMICOS, NATIVOS Y EXÓTICOS DE LA ZONA CENTRAL DE CHILE

Tesis

Entregada a La

Universidad de Valparaíso

En Cumplimiento Parcial De Los Requisitos

Para Optar Al Grado De

Magister en Ciencias Biológicas Mención Biodiversidad y Conservación

Instituto de Biología

Facultad De Ciencias

Por

Sebastián Mauricio Ponce Allendes

13 de marzo de 2023

Director de Tesis:

Pablo Conejeros Abraham.

INSTITUTO DE BIOLOGIA

FACULTAD DE CIENCIAS

UNIVERSIDAD DE VALPARAISO

INFORME DE APROBACION
TESIS DE MAGISTER

Se informa a la Escuela de Postgrado de la Facultad de Ciencias que la Tesis de Magister presentada por el candidato.

SEBASTIÁN MAURICIO PONCE ALLENDES

Ha sido aprobada por la comisión de Evaluación de la tesis como requisito para optar al grado de Magister en Ciencias Biológicas mención Biodiversidad y Conservación, en el examen de Defensa de Tesis rendido el día 28 de Marzo de 2023.

Directores de Tesis:

Prof.	Pablo Conejeros Abraham
Prof.	Carmen Ossa Barrientos

Comisión de Evaluación de la Tesis:

Prof.	Pablo Conejeros Abraham
Prof.	Carmen Ossa Barrientos
Prof.	Doris Oliva Ekelund
Prof.	Patricia Silva Flores

Dedicatoria: Dedico este trabajo a mi hijo Leftraru, quien me acompaña a disfrutar de lo interesante que es la observación de la naturaleza, y a mi madre María Paulina Allendes, quien siempre ha estado para apoyarme en las decisiones que tomo y que han conllevado a que sea un estudioso de los hongos.

.

AGRADECIMIENTOS

A Pablo Conejeros y Carmen Ossa, por su muy buena disposición y paciencia con la realización de este trabajo, a María José Dibán, y Patricia Silva, por su colaboración en los muestreos y muy buena disposición a las dudas relacionadas al reino Fungi y otras.

INDICE DE CONTENIDOS

RESUMEN 6
ABSTRACT.....7
I. INTRODUCCION 8
II. METODOLOGIA.....11
III. RESULTADOS.....21
IV. DISCUSION.....35
V. CONCLUSIONES.....42
VI. REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS.....44
VII. ANEXOS.....50

INDICE DE TABLAS

Tabla 1. Información de muestras utilizadas para análisis morfológicos y moleculares. 11
Tabla 2. Información de las secuencias obtenidas desde NCBI. 16
Tabla 3. Resultados de la determinación de secuencias mediante la herramienta Blast.....25

INDICE DE FIGURAS

Figura 1. Fotografías de las muestras recolectadas. 12
Figura 2. Árbol de maxima verosimilitud ilustrando la filogenia de *Inonotus*. Elaborado 27
Figura 3. Árbol de máxima verosimilitud ilustrando la filogenia de *Fomitiporia*.....29
Figura 4. Árbol de máxima verosimilitud ilustrando la filogenia de *Fulvifomes* 30
Figura 5. Árbol de máxima verosimilitud ilustrando la filogenia de *Hymenochaetopsis* 32
Figura 6. Árbol de máxima verosimilitud ilustrando la filogenia de *Arambarria* y *Phylloporia* 33
Figura 7. Representación filogenética de Hymenochaetaceae de Chile central continental en base a ITS.....34
Figura 8. Cuadro resumen con los resultados de las determinaciones realizadas a nivel más bajo posible. 35

RESUMEN

La familia Hymenochaetaceae corresponde a un grupo de hongos parásitos y degradadores de la madera de una gran gama de árboles y arbustos hospederos. En la zona central de Chile continental, hasta la fecha, se tiene registro de diez especies confirmadas de esta familia, y de cinco posibles especies, de las cuales aún no está clara su distribución, y cuyos registros en gran parte son de larga data (cercana a un siglo). En este trabajo se ha logrado encontrar y determinar taxonómicamente, mediante claves dicotómicas, y el marcador molecular de la región ITS, muestras de Hymenochaetaceae provenientes de distintos hospederos. Los análisis lograron determinar seis especies de las que no se tenía registro para la zona Centro de Chile, y dos en las que, si bien se poseía registro, no habían sido encontradas hasta ahora en los hospederos mencionados en este trabajo. En este marco se añaden *Inonotus quercustris* e *Hymenocheatopsis rigidula,* como nuevos registro Fungi para Chile. Se realizó una descripción morfológica de 11 muestras, y se obtuvieron sus filogenias a nivel de género mediante las secuencias amplificadas del marcador ITS, además se incluyó una filogenia comparada para la región ITS de las especies registradas para la zona central de Chile continental, junto con una clave dicotómica de reconocimiento de las especies descritas.

ABSTRACT

The Hymenochaetaceae family corresponds to a group of parasitic and wood-degrading fungi of a wide range of host trees and shrubs. In the central zone of continental Chile, to date, there have been records of ten confirmed species of this family, and five possible species, whose distribution is still unclear, and whose records are largely long-standing (for near a century). In this work, we have collected and taxonomically define, through dichotomous keys and the analysis of a molecular marker for the ITS region, samples of Hymenochaetaceae from different hosts. The analyzes allowed us to determinate six species for which there was no record for the Central Chilean zone, and other two for which, although there were records, they had not been found in the hosts associated here. In this framework, *Inonotus quercustris* and *Hymenocheatopsis rigidula* are added as a new Fungi record for Chile. A morphological description of 11 samples was carried out, and their phylogenies at the genus level were obtained through the amplified sequences of ITS. Also, the phylogeny for the ITS region of the species recorded for the central zone of continental Chile was included, together with a dichotomous key for species recognition.

I. INTRODUCCIÓN

Hymenochaetaceae es una familia propuesta por Donk (1948), perteneciente al reino Fungi, de la división Basidiomycota, clase Agaricomycetes, orden Hymenochaetales (Rugiero *et al.* 2015). Actualmente la familia cuenta con 46 géneros aceptados y alrededor de 700 especies distribuidos ampliamente en diversas regiones del mundo (He, y Dai, 2012; Wagner y Fischer, 2001; Wu *et al.* 2022). Se caracteriza por presentar basidiomas de diversas formas, con reacción xanthocroica, su himenio puede ser poroide compuesto por una capa de tubos, o liso (Larsson *et al.* 2006). Las especies de la familia usan un gran rango de especies de árboles vivos y/o madera en descomposición como hospederos, a pesar de lo cual, existen algunas especies con una relación altamente específica con su hospedero (Gilbertson y Ryvarden, 1986). La utilización de marcadores moleculares, como herramienta para el diagnóstico y comprensión de las relaciones entre los taxones, ha tenido un gran desarrollo en el reino Fungi. (Brown *et al.* 2014). Los marcadores para las regiones ITS propuestos por White (1990), han sido ampliamente utilizados, y se ha obtenido resultados para poder diferenciar a nivel de familia, género y especie.

Los hongos de la familia Hymenochaetaceae pueden causar importantes daños en la madera, ya sea como parásitos o saprobios, provocando pudrición conocida comúnmente como pudrición blanca (Wagner y Fischer, 2001). Se ha descrito que los briófitos pueden utilizar los carpóforos de hongos de esta familia como sustrato (Ardilés *et al.* 2009), y que las aves pueden usar los huecos generados por hongos de los géneros *Phellinus* e *Inonotus* en la madera, para la formación de nidos o sitios de descanso (Cockle *et al.* 2012). Por otro lado, algunas de las especies de esta familia tienen gran importancia por sus propiedades medicinales en patologías como el cáncer y la diabetes (Rony *et al.* 2013; Shon *et al.* 2003). Los basidiomas de las setas

contienen compuestos como inotodiol, betulina, ácido betulínico, que podrían tener un uso potencial como medicamentos y en aplicaciones biotecnológicas (Illana Esteban, 2011). Además, especies de esta familia están siendo estudiadas para su uso en la industria para decolorar productos de la industria textil debido a que producen enzimas ligninolíticas (Balán y Montero, 2001). Otro ejemplo, de uso de los hongos, es la especie recientemente descrita, *Phylloporia boldo*¸ que se distribuye en la zona central de Chile (Rajchenberg & Pildain, 2019) la que podría tener un rol potencial como agente microbiano (Riquelme, 2019).

En Chile la familia Hymenochaetaceae cuenta con una total de 31 especies descritas, principalmente registradas en la zona sur del país. En la zona central de Chile se han registrado sólo diez especies y gran parte de los registros para esta zona son de larga data (Anexo 1), se hace necesario que se realice mayor investigación sobre esta familia en Chile.

La zona central de Chile cuenta con un macrobioclima mediterráneo en el cual existen diversas formaciones de vegetación nativa, tales como bosques y matorrales espinosos, bosques y matorrales esclerófilos, y bosques caducifolios de algunas especies de *Nothofagus*. (Luebert & Pliscoff, 2017). Estas formaciones de vegetación son únicas en el mundo, presentando gran cantidad de especies endémicas (Moreira, 2013). Los hongos de estos ecosistemas han sido poco estudiados, y los esfuerzos de muestreo han resultado escasos, lo que es lamentable debido a la urbanización y el recambio vegetacional de bosque nativo por especies exóticas, cultivadas para diversos fines sean ornamentales, forestales o productivos. Estos cultivos exóticos han disminuido, fragmentado y degradado los ecosistemas nativos, lo que podría causar la invasión del ecosistema con nuevos patógenos y la disminución de especies de hongos poco conocidas o desconocidas (Vergara y Gayoso, 2004; Heredia *et al.* 2014).

En este trabajo se muestrearon hongos de la familia Hymenochaetaceae, encontrados en hospederos nativos, endémicos y exóticos de la zona central de Chile, con el objetivo aumentar la información de esta familia en la zona central de Chile, determinando las especies presentes, y registrando sus hospederos. Como objetivos específicos de esta investigación se realizó una descripción morfológica y clasificación preliminar de las muestras obtenidas; posteriormente se realizó determinación de las muestras mediante el marcador molecular ITS, comparando secuencias mediante blast (NCBI) y filogenias, procurando determinar al nivel más bajo posible; y finalmente se realizó una filogenia y clave taxonómica para las especies de Hymenochaetaceae registradas para en la zona central de Chile continental.

II. METODOLOGIA

Para este trabajo se utilizaron muestras colectadas entre junio del 2016 y octubre de 2022, desde las regiones de Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana y La Araucanía, sobre hospederos pertenecientes a formaciones esclerófilas, y de dos especies de árboles exóticos (Tabla 1 y Figura 1). Primeramente, se realizó una determinación preliminar a través de la información morfológica, típicamente usada para determinación de muestras de hongos, generando una clasificación taxonómica que luego fue corroborada usando información genética proveniente de las muestras con el marcador molecular ITS.

Tabla 1. *Información de muestras utilizadas para análisis morfológicos y moleculares.*

ID muestra	Hospedero	Fecha de colecta	Colector	Localidad	Coordenadas		Altura msnm
					Este	Norte	
T1	*Quillaja saponaria*	agosto 2022	S. Ponce	Limache	289224.39 m E	6349642.38 m S	566
T2	*Proustia cuneifolia*	septiembre 2020	S. Ponce, M.J. Diban	Maipú	328343.19 m E	6286750.89 m S	500
T2.4	*Proustia cuneifolia*	septiembre 2021	M.J. Diban	Combarbalá	290219.40 m E	6528374,5 m S	962
T3.4	*Lithraea caustica*	julio 2018	M.J. Diban	La Reina	359284.64 m E	6297035.32 m S	884
T4	*Baccharis sp.*	septiembre 2020	S. Ponce, M.J. Diban	Maipú	328343.19 m E	6286750.89 m S	500
T5	*Schinus latifolius*	julio 2018	S. Ponce	Cartagena	263166.13 m E	6287438.04 m S	58
T6	*Peumus boldus*	julio 2018	S. Ponce	Cartagena	261847.06 m E	6286034.99 m S	121
T14	*Schinus latifolius*	septiembre 2022	S. Ponce	Santo Domingo	255904.10 m E	6273400.92 m S	46
T17	*Pinus radiata*	marzo 2020	S. Ponce P. Silva	Angol	702131.41 m E	5833496.90 m S	104
T18	*Persea lingue*	marzo 2020	S. Ponce, P. Silva	Angol	703691.88 m E	5825225.43 m S	604
T26	*Acer negundo*	octubre 2022	S. Ponce	Limache	288095.94 m E	6347992.82 m S	106

- Msnm = Metros sobre el nivel del mar.

Descripción morfológica, cultural y determinación taxonómica preliminar.

Se realizó una descripción morfológica de 11 muestras, utilizando caracteres macro y microscópicos, se registraron los siguientes caracteres macroscópicos: forma, color y tipo de la superficie, color del himenio, consistencia del basidioma, reacción xhantocroica; los caracteres microscópicos observados fueron: tamaño, forma y color de las esporas, tipo de hifas en contexto y en himenio, reacciones químicas en reactivo Melzer. KOH, y número de poros por milímetro (lineal).

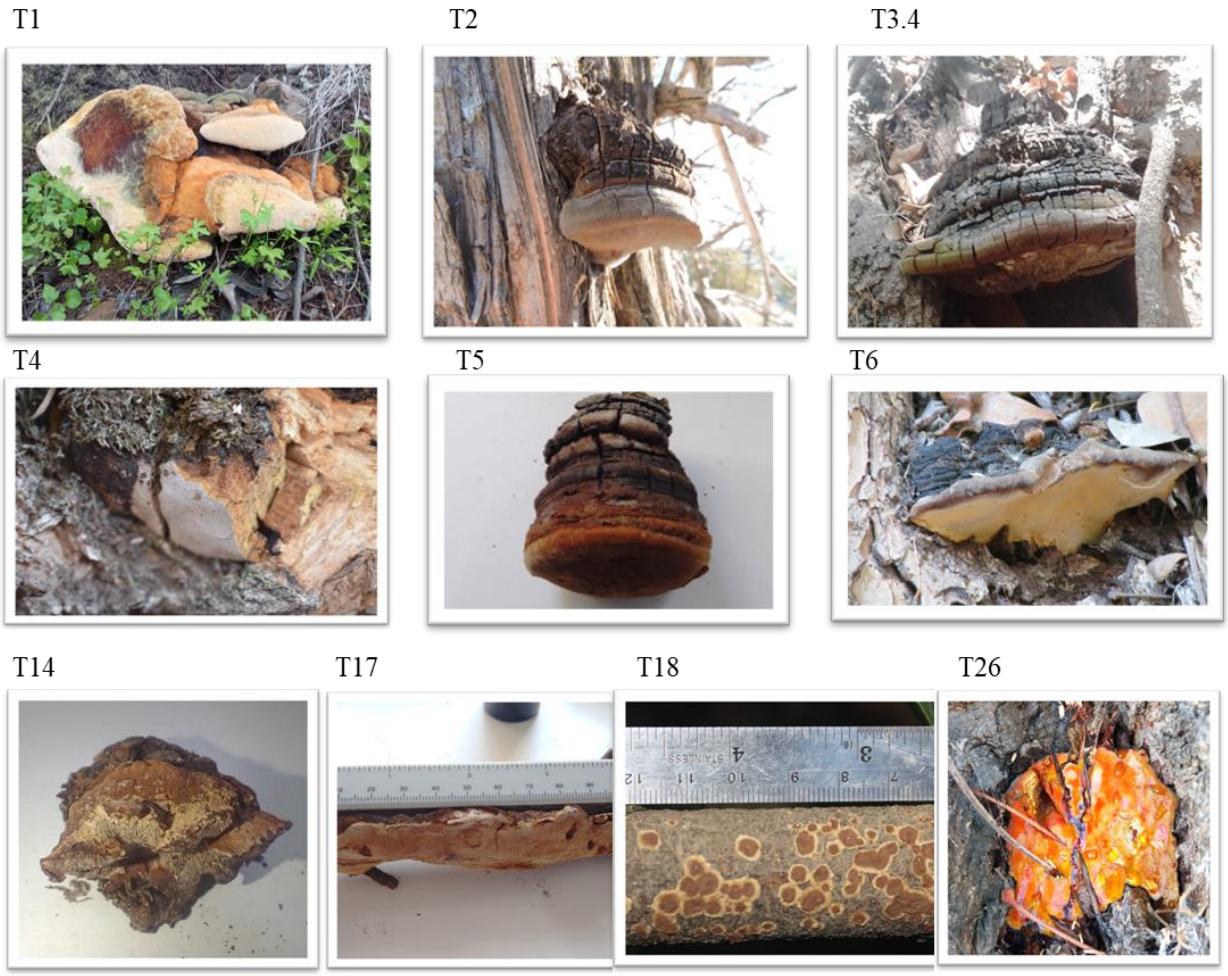

Figura 1. *Fotografías de las muestras recolectadas.*

Para la observación microscópica se realizaron preparados en portaobjetos de corte transversal del himenio de la muestra, utilizando para cada preparado los reactivos y tinciones: Melzer, azul de algodón, KOH (preparado al 5%), H_2O y floxina. Después de lo cual se clasificaron las muestras a nivel de género y especie en aquellos casos que fue posible, para lo cual, se utilizó una clave taxonómica para géneros poroides aceptados de Hymenochaetaceae (Wu *et al.* 2022). Para las muestras no poroides se utilizó clave e información proporcionada por Day (2010), He y Day (2012), y Parmasto (2010). Para determinar la distribución por región de los taxa estudiados, se consideraron los registros bibliográficos y los registros recopilados en que existieran coincidencias en las descripciones morfológicas.

Extracción, amplificación, electroforesis y secuenciación de ADN.

La extracción de ADN, amplificación y electroforesis se realizaron en los laboratorios de Ecología Evolutiva en Plantas, y laboratorio de Biotecnología Molecular de la Facultad de Ciencias de la Universidad de Valparaíso.

La extracción de ADN se realizó utilizando un protocolo de CTAB modificado (Ossa *et al.* 2016) desde especímenes secos. Se molieron 0,5 g de cada muestra en un molino de perlas marca Benchmark modelo Beadblaster™, se realizaron 4 ciclos de 15 segundos a una velocidad de 4.5 m/s.

Al material molido se le agregó 0,02 g de PVP (polivinilpirrolidona), y 0,8 mL de buffer TBVG (preparación para 100 mL TVBG: 25 mL dH2O, 10 mL Polyethyleneglycol 800 (10%), 10 mL Tris HCl pH 7.5 1 M, 28 mL NaCl 5M, 20 mL CTAB 10%, 4 mL EDTApH 8.0 500 mM, 3 mL SDS (10%)), se mezcló vigorosamente en vortex. Posteriormente, se realizó una incubación a 65°C por 12 hrs., para luego añadir 0,8 mL de cloroformo a cada muestra El contenido se mezcló

con vortex cuatro veces, dejando decantar la solución por 10 minutos cada vez. A continuación, se centrifugó a 10.000 rpm por 10 min a 4°C. e removieron 0,2 mL de sobrenadante, los que fueron depositados en tubos de 1,5 uL al que se añadió 20 uL de acetato de amonio 7.5 M, y 0.2 mL de isopropanol, el que se mezcló suavemente, para luego centrifugar a 10.000 rpm por 5 minutos a 4°C. Se eliminó el sobrenadante y se conservó el pellet, al cual se le agregó 1,5 mL de alcohol al 95%, se volvió a centrifugar a 10.000 rpm por 5 minutos a 4°C, se eliminó el sobrenadante y se dejó secar el pellet, para ser luego resuspendido en 50 uL de dH_2O a 4°C por 4 hrs. Se midió el contenido y calidad del ADN en Nanodrop ™ Lite Spectrophotometer, y se almacenó a -20 °C.

Para la amplificación de la región ITS se utilizaron los primers ITS1 (5´TCCGTAGGTGAACCTGCGG 3´) e ITS4 (5´ TCCTCCGCTTATTGATATGC 3´) (White *et al.* 1990), los cuales fueron incluidos en una master mix, considerando 20 uL de volumen total en cada microtubo, compuesta de 10 uL de SapphireAmp® fast pcr master mix, 1 uL primer ITS1, 1 uL ITS4, 6 uL de dH2O, y 2 uL de ADN extraído de cada muestra de hongo a una concentración de 50 ng/uL. El procedimiento para la amplificación PCR fue realizado de la siguiente forma: denaturación a 94°C por 3 min, seguido de 35 ciclos a 94°C por 10 s, 56°C por 20 s, y 72°C por 1 min, y extensión final a 72°C por 5 min. La amplificación de los fragmentos de la región ITS resultantes de la amplificación PCR fue verificada mediante electroforesis con gel de agarosa 1%. Los productos PCR fueron enviados a purificar y secuenciar a Macrogen Corea, y Macrogen Chile.

Determinación mediante marcador molecular ITS y representaciones filogenéticas.

Las secuencias obtenidas fueron editadas mediante el software Bioedit 7.2.5 (Hall, 2013) para obtener secuencias consenso entre las secuencias amplificadas con el cebador forward y el cebador reverse para cada muestra de producto PCR enviada a secuenciar, las que posteriormente fueron comparadas mediante la herramienta Blast en la plataforma NCBI (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi). Realizado el blast, se procedió a descargar y utilizar las 10 secuencias con mayor porcentaje de cobertura e identidad para ser alineadas mediante ClustalW en bioedit (Hall, 2013) y comparadas mediante filogenias realizadas con el software Mega 11 (Tamura *et al.* 2021). Además, se descargaron secuencias de la región ITS desde NCBI, para especies de Hymenochaetaceae de la zona central de Chile, las cuales fueron editadas y alineadas junto a las secuencias consenso. Con esta información se generaron primeramente 5 hipótesis filogenéticas para las secuencias obtenidas desde las muestras para corroborar su posición taxonómica, y una hipótesis filogenética para observar las agrupaciones de la especies registradas en la zona central de Chile, y así visualizar la totalidad de géneros que pueden estar presentes. Las hipótesis fueron realizadas con máxima verosimilitud, utilizando un bootstrap 500 iteraciones, dado que el objetivo era comparar las secuencias obtenidas para determinar su posición en agrupamientos con otras secuencias, y no obtener información de linaje, y para observar de mejor manera la distancia de escala entre secuencias no se utilizó secuencia de grupo externo en todas las filogenias realizadas, en el caso de las secuencias obtenidas que los resultados de las reconstrucciones filogenéticas sugieran que sean idénticas, se realizó una prueba de distancia (pairwise distance) mediante MEGA 11, para observar el valor de p-distance. La información sobre las secuencias obtenidas desde NCBI para las filogenias mediante ITS se encuentran en la Tabla 2.

Tabla 2. *Información de las secuencias obtenidas desde NCBI.*

Especie	**Localización**	**ID Voucher o Cepa**	**Genebank Accesión ITS**	**Publicación**
Fulvifomes nakasoneae	USA	JV 1109/62	MH390407	Sin publicar
Fulvifomes krugiodendri	USA	JV0904_1	NR_154019.1	Ji *et al.* 2017
Fulvifomes nakasoneae	USA	JV 0312/22.11	MH390410.1	Sin publicar
Phellinus rimosus	-	2392655	MH628255.1	Sin publicar
Fulvifomes acaciae	-	JV 0312/23.4-J	OP828594.1	Zhou *et al.* 2023
Fulvifomes sp.	China	CLZhao 11692	OM001204.1	Sin publicar
Fulvifomes centroamericanus	Guatemala	JV0611_III	KX960763.1	Ji *et al.* 2017
Fulvifomes elaeodendri	Sudáfrica	CMW48154	MH599097.1	Tchoumi, *et al.* 2020
Fulvifomes sp.	Tailandia	BBH:31109	JX104682.1	Sakayaroj *et al.* 2012
Nothophellinus andinopatagonicus	Chile	JV 1911/20	MZ484532.1	Wu, *et al.* 2022
Fulvifomes acaciae		JV 2203/71	OP828595.1	Zhou *et al.* 2023
Inonotus rickii	Argentina	BAFC 3319	GU016326.1	Robles *et al.* 2011
Inonotus sp.	India	BAB-5030	KR002878.1	Sin publicar
Inonotus quercustris	Argentina	0193	AY072026.1	Gottlieb et al,, 2002
Inonotus rickii	Italia	PF231	GU111921.1	De Simone *et al.* 2011
Inonotus rickii	Chile	HFUTA 0009/2014	KR905931.1	Sepúlveda *et al.* 2016
Inonotus rickii	China		FJ860053.1	
Inonotus rickii	Italia	PF232	GU111925.1	De Simone *et al.* 2011
Inonotus patouillardii	Argentina	2339	AY072024.1	Gottlieb et al, 2002
Inonotus patouillardii	India	Caw- 14	GQ249883.1	Singh *et al.* 2013
Inonotus cuticularis	República Checa	JV0609_22	MN318442.1	Sin publicar
Inonotus rickii	Francia	JV1612_21J	MN318436.1	Sin publicar
Inonotus rickii	China	URM 80460	KF147913.1	Sin publicar
Fomitiporia chilensis	Chile	BAFC:52942	NR_164591.1	Rajchenberg *et al.* 2019
Fomitiporia chilensis	Chile	CIEFAPcc587	MK131094.	Rajchenberg *et al.*

			1	2019
Fomitiporia chilensis	Chile	CIEFAPcc589	MK131095.1	Rajchenberg *et al.* 2019
Fomitiporia sp.	Argentina	CORDC00005291	MF615301.1	Morera *et al.* 2017
Fomitiporia neotropica	Brasil	FLOR 58562	KU663315.1	Alves-Silva., 2020
Fomitiporia conyana	Brasil	FLOR 58563	KU663301.1	Alves-Silva., 2020
Fomitiporia neotropica	Brasil	MUCL:54246	KF444697.1	Amalfi y Decock., 2014
Fomitiporia conyana	Brasil	FLOR 58548	KU663299.1	Alves-Silva., 2020
Fomitiporia capensis	Sudáfrica	FH43	JX297429.1	Cloete *et al.* 2014
Fomitiporia capensis	Sudáfrica	CMW48613	MH599112.1	Tchoumi, *et al.* 2020
Fomitiporia sp.	Sudáfrica	MUCL 53009	JQ087890.1	Amalfi, *et al* 2012
Fomitiporia tenuis	Uganda	MUCL 49948	GU461958.1	Amalfi *et al.* 2010
Fomitiporia torreyae	Japón	FFPRI421023b	LC651668.1	Toril *et al.* 2021
Fomitiporia lagerstroemiae	Vietnam	BJFC:025858	NR_168780.1	Sin publicar
Fomitiporia lagerstroemiae	Vietnam	BJFC 025858	MH930813.1	Sin publicar
Arambarria destruens	Argentina	MR12478	KP347538.1	Rajchemberg, *et al.* 2015
Arambarria destruens	Brasil	GAS1192	MH708497.1	Rajchemberg, *et al.* 2015
Arambarria destruens	Brasil	GAS1192	MH708497.1	Sin publicar
Arambarria destruens	Argentina	O5-71	MT076098.1	Molina *et al.* 2020
Arambarria destruens	Uruguay	CGP473	KY907683.1	Pildain *et al.* 2017
Arambarria destruens	Argentina	C. Urcelay 132	KY907677.1	Pildain *et al.* 2017
Arambarria destruens	Argentina	CIEFAPcc16	KY907680.1	Pildain *et al.* 2017
Fomitiporella mangrovei	Francia	JV 1612/25-J	MG657331.1	Ji, et al, 2018
Inonotus tenuissimus	France	JV 1612/25-J	KC456243.1	Ji, et al, 2018
Inonotus tenuissimus	China	Dai 12255	KC456243.1	Yu *et al.* 2013
Phylloporia dependens	China	Cui13763	MH151190.1	Sin publicar
Phylloporia ribis	Francia		KU198362.1	Decock *et al.* 2015
Phylloporia perangusta	China	BJFC:Dai18139	NR_171820.1	Sin publicar
Phylloporia tiliae	Pakistan	35humA	MN080232.	Sin publicar

			1	
Phylloporia oreophila	China	Cui2219	MH151196.1	Sin publicar
Phylloporia pectinata	Australia	113	MH151181.1	Sin publicar
Phylloporia terrestris	China	He2359	MH151189.1	Sin publicar
Inocutis jamaicensis	Argentina	1508	AY072029.1	Gottlieb et al,, 2002
Hymenochaetopsis rigidula	China	CLZhao 5661	MK269016.1	Sin publicar
Hymenochaetopsis rigidula	China	CLZhao 5669	MK269017.1	Sin publicar
Hymenochaetopsis rigidula	China	CLZhao 6259	MK404366.1	Sin publicar
Hymenochaetopsis rigidula	China	CLZhao 7789	MW959158.1	Sin publicar
Hymenochaetopsis rigidula	China	CLZhao 2818	MK404365.1	Sin publicar
Hymenochaetopsis tabacina	USA	Otto Miettinen X2657	MK514601.1	Miettinen *et al*. 2019
Hydnoporia tabacina	Canada	ACAD21011F mushroomobserver.org/452000	OL741474.1	Sin publicar
Hymenochaetopsis olivácea	USA	Otto Miettinen 16956.2 (H 7008916)	MK514610.1	Miettinen *et al*. 2019
Hymenochaetopsis tabacicina	Russia	Otto Miettinen X2661	MK514605.1	Miettinen *et al*. 2019
Hydnoporia rhododendri	Russia	Viacheslav Spirin 6450 (H)	MK514603.1	Miettinen *et al*. 2019
Hydnoporia rimosa	Russia	Viacheslav Spirin 5678 (H)	MK514594.1	Miettinen *et al*. 2019
Phellinus rimosus	Brasil	MB03	MH708518.1	Sin publicar
Phellinus rimosus	Brasil	MB01	MH708517.1	Sin publicar
Hymenochaete villosa	China	CLZhao5444	ON332079.1	Sin publicar
Hymenochaete villosa	China	CLZhao 3313	MK269014.1	Sin publicar
Hymenochaete rubiginosa	USA	Otto Miettinen 19066 (H)	MK757160.1	Miettinen *et al*. 2019
Hymenochaete rubiginosa	China	CLZhao 5748	MK269007.1	Sin publicar
Hydnoporia tabacina	USA	FLAS-F-69028	OP896833.1	Sin publicar
Fuscoporia	China	Dai16226	MN816743.	Chen *et al*. 2020

rhabarbarina			1	
Fuscoporia ferruginosa	China	JV 0509/151	MN816707.1	Chen *et al.* 2020
Fomitiporia sp.	Chile	FQ1648	ON908374.1	Sin publicar
Fomitiporia chilensis	Chile	CIEFAPcc519	NR_164591.1	Rajchenberg *et al.* 2019
Fomitiporia chilensis	Chile	CIEFAPcc587	MK131094.1	Rajchenberg *et al.* 2019
Fomitiporella umbrinella	Japon	PP85	LC333792.1	Fukuta *et al.* 2017
Fomitiporella umbrinella	Brasil	FLOR 51648	MK802943.1	Salvador-Montoya, *et al.* 2020.
Fomitiporella americana	Chile	MR12619	MH698973.1	Pildain *et al.* 2018
Fomitiporella americana	Chile	MR12615	MH698972.1	Pildain *et al.* 2018
Coltricia perennis	Pakistan	NwL43	MN892531.1	Sin publicar
Coltricia perennis	USA	JLF8917	MW021035.1	Sin publicar
Arambarria destruens	Uruguay	CGP474	KY907682.1	Pildain *et al.* 2017

Fuente: Elaboración propia usando datos de NCBI.

La elección del mejor modelo evolutivo estimado para los grupos de secuencias fue seleccionada usando el software jModeltest (Darriba *et al.* 2012). Para buscar el mejor modelo evolucionario de alineamiento, los análisis filogenéticos fueron realizados usando Maximum Likelihood (ML) bajo un criterio de información bayesiana (BIC) (Schwarz, 1978). Se utilizó como referencia de esta metodología el trabajo realizado por Wu *et al.* (2022). Los árboles iniciales para la búsqueda heurística se obtuvieron automáticamente mediante la aplicación de algoritmos Neighbor-Join y BioNJ a una matriz de distancias por pares estimadas utilizando el enfoque de Máxima Verosimilitud Compuesta (MCL), y luego seleccionando la topología con un valor de verosimilitud superior.

Clave de Hymenochaetaceae para las especies de la zona central de Chile continental

Con los resultados moleculares se logró determinar y corroborar la posición taxonómica de los taxa estudiados, tanto a nivel de género como de especies, lo que junto con la información

morfológica y de la literatura con claves ya existentes de Hymenochaetaceae (Defigio, 1970; Parmasto, 2010; He y Day, 2012, Pildain, *et al.* 2017; Rachjember, 2019 y Wu *et al.* 2022), sirvió de soporte para la construcción de una clave dicotómica para Hymenochaetaceae de la zona centro de Chile continental. Los caracteres morfológicos seleccionados para esta clave corresponden a características microscópicas que incluye información de las esporas: tamaño, color, forma, reacciones químicas; presencia o ausencia de setas, y características macroscópicas como forma del basidioma, hábito de crecimiento, presencia o ausencia de poros, presencia o ausencia de estípite y especie hospedera entre otros.

III. RESULTADOS

Descripción morfológica, cultural y determinación taxonómica preliminar.

Se presenta los resultados de la determinación taxonómica preliminar mediante caracteres morfológicos, utilizando las claves mencionadas en materiales y métodos, y la descripción morfológica de las muestras:

T1: ***Inonotus sp1***. Basidioma anual, creciendo sobre la base del tronco de *Quillaja saponaria*, forma semicircular, algo imbricado, de tamaño 42x31x31 cm, superficie amarillo-anaranjada, consistencia blanda, contexto café claro y oscuro hacia los tubos, exudando latex oscuro, KOH (+). Sistema hifal monomítico, setas ausentes, esporas globosas a elípticas de 7,5x5,5-6,5 µm, amarillo claras en H_2O y KOH, inamiloides, cianófilas, esporas conteniendo 1 o más gútulas. Localización por región: Valparaíso (VAL).

T2 y T2.4: ***Fomitiporia sp1*.** Basidioma perenne, creciendo sobre tronco de *Proustia cuneifolia*, forma ungulada, con superficie rimosa, color negro a gris oscuro o marrón oscuro. Himenio gris claro. Tamaño 10 x 7 x 5 cm. Consistencia dura, contexto KHO(+). Sistema hifal dimítico, himenio con poros circulares alcanzando 4 poros x mm, setas ausentes, esporas elípsoidales de 6-7,5x7,5-10 µm, hialinas en H_2O y KOH, dextrinoides, pared de las esporas no ornamentadas. Localización por región: Coquimbo (COQ), VAL, Metropolitana (MET).

T3.4: ***Fulvifomes sp1*.** Basidioma perenne, creciendo sobre troncos de *Litrhaea caustica*, forma ungulada, de superficie muy rimosa, de color café a negro oscuro. Himenio de color dorado. Tamaño 150x110x90 mm, consistencia dura, contexto KOH (+). Sistema hifal dimitico, himenio con poros circulares de 2 a 4 por mm, setas ausentes, esporas elipsoidales de 6-6,5 x 5 um,

doradas en H_2O, rojizas en KOH, inamiloides, acianófilas, pared de las esporas no ornamentadas. Localización por región: VAL, MET.

T4: ***Fomitiporia sp2.*** Basidioma perenne, creciendo sobre raíz expuesta de *Baccharis sp.* forma resupinada, himenio de color anaranjado. Tamaño 10 x 5 cm. Sistema hifal dimitico, himenio con poros circulares, 6 a 7 por mm, setas ausentes, esporas globosas de 3,5-5x3,5-4,5 um, hialinas en H_2O y KOH, amiloides, acianófilas. De pared no ornamentada. Localización por región: MET.

T5: ***Fulvifomes sp1.*** Basidioma perenne, creciendo sobre troncos de *Schinus latifolius*, forma ungulada, de superficie muy rimosa, de color marrón a negro oscuro. Himenio de color dorado. Tamaño 59x54x53 mm consistencia dura, contexto KOH (+). Sistema hifal dimitico, himenio con poros circulares de 5 a 6 por mm, setas ausentes, esporas elipsoidales, algunas globosas de 5-6x5,5-6µm, doradas en H_2O, rojizas en KOH, inamiloides, acianófilas, pared de las esporas no ornamentadas. Localización por región: VAL.

T6: ***Phylloporia cf. boldo*** Rajchenb. & Pildain. Basidioma perenne, creciendo sobre troncos de *Peumus boldus*, forma triqueta, a imbricada, superficie oscura formando halos concéntricos, contexto KOH (+). Tamaño 89x 55x 42 mm Sistema hifal dimítico. Himenio color amarillo con poros irregulares de 4 x milímetro. Esporas elipsoidales de color amarillo claro en H_2O, amarillo oro en KOH, inamiloides, cianófilas, de 5 - 5 x 6,5 µm, setas ausentes, se observan algunas incrustaciones en las hifas presentes en el himenio. Localicación por región de esta muestra (VAL).

T14: ***Fomitiporella cf. destruens***. Basidioma anual creciendo sobre ramas y tronco de *Schinus latifolius*, efuso-reflejo a imbricado, superficie marrón, aclarándose en los borde cercana a un

color amarillo, contexto KOH (+). Tamaño 20 x25x20x14 mm. Sistema hifal en contexto monomítico. Himenio gris claro, poros irregulares 2-3 x mm. Esporas elipsoidales 3-4,5 x 5,5-6 µm, color amarillo claro en H_2O, amarillo oro en KOH, inamiloides, acianófilas. Abundante presencia de basidiolas clavadas y en punta. Setas ausentes. Sistema hifal monomitico en Himenio. Distribución de esta muestra: VAL.

T17: *Fomitiporella cf. destruens*. Basidioma anual creciendo sobre ramas en descomposición de *Pinus radiata*, efuso- reflejo con el margen de color marrón, tornándose amarillo hacia el margen. Tamaño 12,6 x 0,25 x 0,10 cm. Himenio amarillo suave, poros circulares e irregulares, 3 x mm. Esporas elipsoidales 4,5-5 x 6 µm, amarillas claro en H_2O y KOH, inamiloides, acianófilas, abundante presencia de basidiolas clavadas y en punta. Setas ausentes. Observación sobre el sistema hifal del himenio dudosa, podría ser dimítico o monomítico. Distribución de esta muestra: ARA

T18: ***Hymenochaete rigidula* Berk. & M.A. Curtis**: Basidioma anual, creciendo sobre ramas de *Persea lingue*. Resupinado, himenio liso, sin poros, color marrón en los bordes amarillo, creciendo en forma de halos en el sustrato. Esporas hialinas cilíndricas 4-2 µm, inamiloides, acianófilas, setas presentes en el himenio 42-62,5 x 8-10 µm. Algunas rectas otras ligeramente curvadas. Distribución por región: ARA.

T26: *Inonotus rickii* (Pat.) D.A. Reid. Estado anamorfo anual creciendo sobre troncos de *Acer negundo*. Forma redondeada, algo esférica, color amarillo a anaranjado, exudando látex en forma de gotas color naranaja a rojizo. Microscópicamente presenta un sistema hifal monomítico, clamidosporas en forma de botella, y esféricas tamaño 10-15 x 10-12 µm. De colores amarillo claro y anaranjado, acianófilas. Muestras con la misma descripción fueron encontradas por el

autor en invierno del 2016 creciendo sobre *Acer negundo* y *Platanus sp.* en arboledas urbanas de la ciudad de Limache. Distribución por región: VAL.

Determinación mediante marcador molecular ITS y representaciones filogenéticas.

Se obtuvieron 11 secuencias de las muestras colectadas en Chile Central, y 88 desde GeneBank, y se realizaron cinco representaciones filogenéticas correspondiente a los alineamientos para corroborar la posición taxonómica de las muestras secuenciadas, y una representación filogenética que incluye las especies registradas para la zona central de Chile para visualizar la posición de secuencias y géneros presentes en la zona central de Chile.

Los resultados de la determinación de las secuencias consenso, mediante comparación por blast, junto con el soporte de filogenia se muestran en la Tabla 4, y Figuras 2-6 respectivamente. Los resultados de la selección de modelo con el software jmodelTest 2.1.1 concluyeron que paras las filogenias comprendidas en las Figuras 2 a 7 bajo un criterio de información Bayesiana (BIC) el modelo que mejor se ajusta a los conjuntos de secuencias utilizando máxima verosimilitud, corresponde a HKY (Hasegawa-Kishino-Yano) (Hasegawa *et al.* 1985), por lo cuál la historia evolutiva representada en las Figuras 2-7 se infirió utilizando el método de Máxima Verosimilitud y el modelo Hasegawa-Kishino-Yano. Se muestra el árbol con la probabilidad logarítmica más alta en cada una de las representaciones. Sólo se muestra el porcentaje de bootstrap en aquellos nodos superiores al 70%. Para la representación filogenética de la Figura 2 se muestra el árbol filogenético con la probabilidad logarítmica más alta (-1332,03). Se utilizó una distribución Gamma discreta para modelar las diferencias de tasas evolutivas entre sitios (5 categorías (+G, parámetro = 0,1276)). El árbol filogenético está dibujado a escala, con las

longitudes de las ramas medidas en número de sustituciones por sitio. Este análisis involucró 14 secuencias de nucleótidos. Hubo un total de 701 posiciones en el conjunto de datos final.

Respecto a las muestras T1 y T26, en la Figura 2 se observa que las secuencias de ITS se ambas muestras se encuentran posicionadas taxonómicamente en el género *Inonotus*, la muestra T1 fue determinada a nivel de especie como *Inonotus quercustris* (Blackwell & Gilbertson) en tanto que la muestra T26 se determinó como *Inonotus rickii* (Pat) D.A. Reid.

Las muestras T2 y T2.4, fueron determinadas como *Fomitiporia sp1*. en la identificación preliminar, sin embargo a nivel molecular los resultados obtenidos con el marcador ITS, muestran un bajo porcentaje de identidad, y cobertura de la secuencia (Tabla 3) los cuales en ningún caso superan el 90%, lo cual dificulta su correcta identificación.

Tabla 3. *Resultados de la determinación de secuencias mediante la herramienta Blast* y filogenias: *Se muestra el primer resultado más similar en cuanto a valor E, junto con él valor de cobertura y % de Identidad.*

ID muestra	Longitud de bases	Taxón determinado	Primer Blast más cercano	% Cobertura de la secuencia	E valor	% Identidad
T1	659	*Inonotus quercustris*	*Inonotus quercustris*	100	0.0	97.44
T2	472	*Hymenochaetaceae sp1.*	*Fomitiporia capensis*	84	8e-120	87.07
T2.4	484	*Hymenochaetaceae sp1.*	*Fomitiporia sp.*	86	5e-97	83.76
T3.4	717	*Fulvifomes sp1.*	*Fulvifomes nakasonae*	98	0.0	93.92
T4	232	*Fomitiporia sp2.*	*Fomitiporia chilensis*	99	8e-82	91.45
T5	712	*Fulvifomes sp1.*	*Fulvifomes nakasonae*	99	0.0	92.89
T6	778	*Phylloporia sp1.*	*Phylloporia dependens*	74	1e-169	88.19
T14	470	*Arambarria sp1*	*Arambarria destruens*	99	0.0	92.77
T17	236	*Arambarria sp2*	*Arambarria destruens*	89	2e-92	96.71
T18	662	*Hymenochaetopsis rigidula*	*Hymenochaetopsis rigidula*	99	0.0	98.18
T26	780	*Inonotus rickii*	*Inonotus rickii*	99	0.0	99.49

En la Figura 3 se muestra el árbol con la probabilidad logarítmica más alta (-1431,80) para las secuencias más similares a estas muestras y a la secuencia de T4 obtenidas como resultado del blast (NCBI). Se utilizó una distribución Gamma discreta para modelar las diferencias de tasas evolutivas entre sitios (5 categorías (+G, parámetro = 0,4559)). El árbol filogenético está dibujado a escala, con las longitudes de las ramas medidas en número de sustituciones por sitio. Este análisis involucró 19 secuencias de nucleótidos. Hubo un total de 419 posiciones en el conjunto de datos final. Se incluyó una secuencia de *Inonotus rickii* como outgroup. En esta representación se agrupan las secuencias de las muestras T2 y T2.4 dentro del mismo clado, con nodo de 100%, la cercanía de las secuencias vista en el árbol filogenético confirma que ambas muestras pertenecen a la misma especie, esto coincide con la determinación preliminar, mediante morfología. Sin embargo, dada la fuerte agrupación del resto de secuencias que corresponden con el género *Fomitiporia* y de la cuál quedan excluídas las secuencias de las muestras T2 y T2.4. No se confirma que estas secuencias se encuentren posicionadas taxonómicamente dentro del género *Fomitiporia*. Debido a esto se han reclasificado subiendo a nivel de familia como *Hymenochaetaceae sp1*. La secuencia de la muestra T4 se agrupa dentro de las secuencias del género *Fomitiporia*, y más cercana a *F. chilensis*, sin embargo, estos resultados no permiten aún determinar a nivel de especie esta muestra, se mantuvo la nomenclatura de T4 como *Fomitiporia sp2*. para no generar confusión con los nombres de la determinación preliminar de las muestras T2 y T2.4.

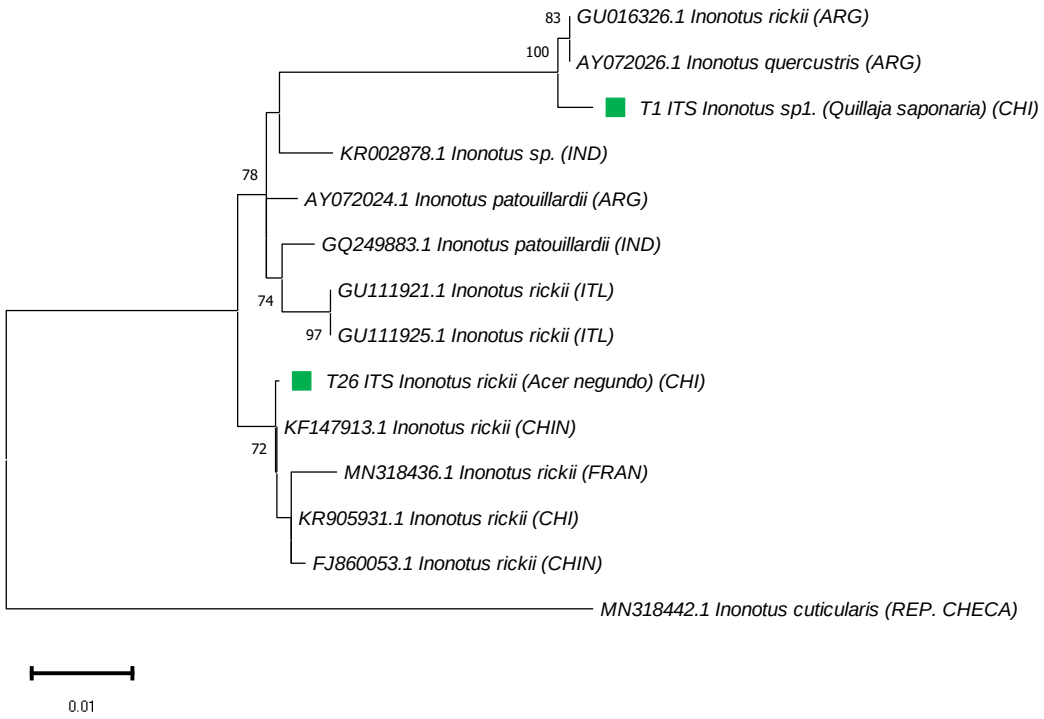

Figura 2. *Árbol de maxima verosimilitud ilustrando la filogenia de Inonotus. Elaborado con las secuencias de las muestras T1 y T26, y secuencias de GeneBank acorde a los resultados de Blast en base a secuencias ITS.* ■ *Secuencias propias de esta investigación.*

En la Figura 4 se muestra la representación filogenética con la probabilidad logarítmica más alta (-2928.84) para secuencias más similares a las secuencias de las muestras T3.4 y T5, como resultado del Blast (NCBI) 9 de ellas pertenecen al género *Fulvifomes* y otras tres determinadas como secuencias de *Phellinus rimosus*. Se utilizó una distribución Gamma discreta para modelar las diferencias de tasas evolutivas entre sitios (5 categorías (+G, parámetro = 0.5002)). El árbol está dibujado a escala, con las longitudes de las ramas medidas en número de sustituciones por sitio. Este análisis involucró 15 secuencias de nucleótidos. Las posiciones de codón incluidas fueron 1ª+2ª+3ª+sin codificación. Hubo un total de 751 posiciones en el conjunto de datos final. Se utilizó una secuencia de la especie *Nothophellinus andinopatagónicus* como outgrup. Las muestras T3.4 y T5, fueron determinadas taxonómicamente dentro del género *Fulvifomes*, no se

pudo determinar a nivel de especie, ya que él porcentaje de identidad de las secuencias obtenidas de Blast en NCBI fue inferior al 97 %, sin embargo, se destaca que pese a tener distintos árboles hospederos fueron agrupadas dentro de un mismo grupo con nodos de un bootstrap de 100 %, y morfológicamente son muy similares. Al observar la distancia de estas dos secuencias se comprobó que las secuencias eran idénticas (p-distance= 0,0000). Si bien estas muestras presentan distintos hospederos, y las diferencias morfológicas son mínimas, por los resultados moleculares, ambas muestras se determinaron como *Fulvifomes sp1*.

La Figura 5 muestra la filogenia de las secuencias de Hymenochaetopsis y similares, Se muestra el árbol filogenético con la probabilidad logarítmica más alta (-1253,32) para las 11 secuencias obtenidas como más similares al realizar blast (NCBI) y la secuencia de la muestra T18. Se utilizó una distribución Gamma discreta para modelar las diferencias de tasas evolutivas entre sitios (5 categorías (+G, parámetro = 0,1806)). Este análisis involucró 12 secuencias de nucleótidos. Las posiciones de codón incluidas fueron 1ª+2ª+3ª+sin codificación. Hubo un total sitios (5 categorías (+G, parámetro = 0,1806)). Este análisis involucró 12 secuencias de nucleótidos. Las posiciones de codón incluidas fueron 1ª+2ª+3ª+sin codificación. Hubo un total de 712 posiciones en el conjunto de datos final. No se incluyó outgroup. Se observa que la muestra T18, se agrupa fuertemente en el clado de la especie *Hymenochaetopsis rigidula*, y con la cual se obtuvo un 98,18 % de identidad, por lo cuál se determinó T18 como de esa especie.

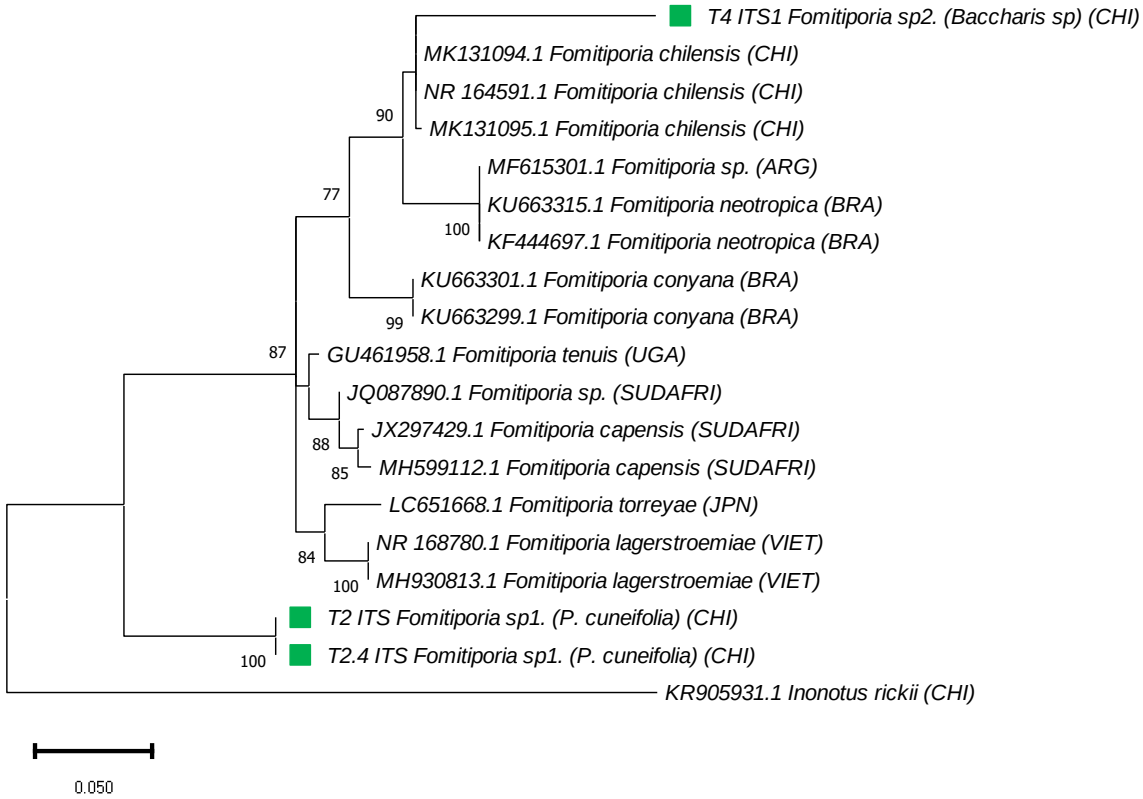

Figura 3. *Árbol de máxima verosimilitud ilustrando la filogenia de Fomitiporia. Elaborado con las secuencias de las muestras T2, T2.4 y T4, y secuencias de GeneBank acorde a los resultados de blast en base a secuencias ITS.* ■ *Secuencias propias de esta investigación.*

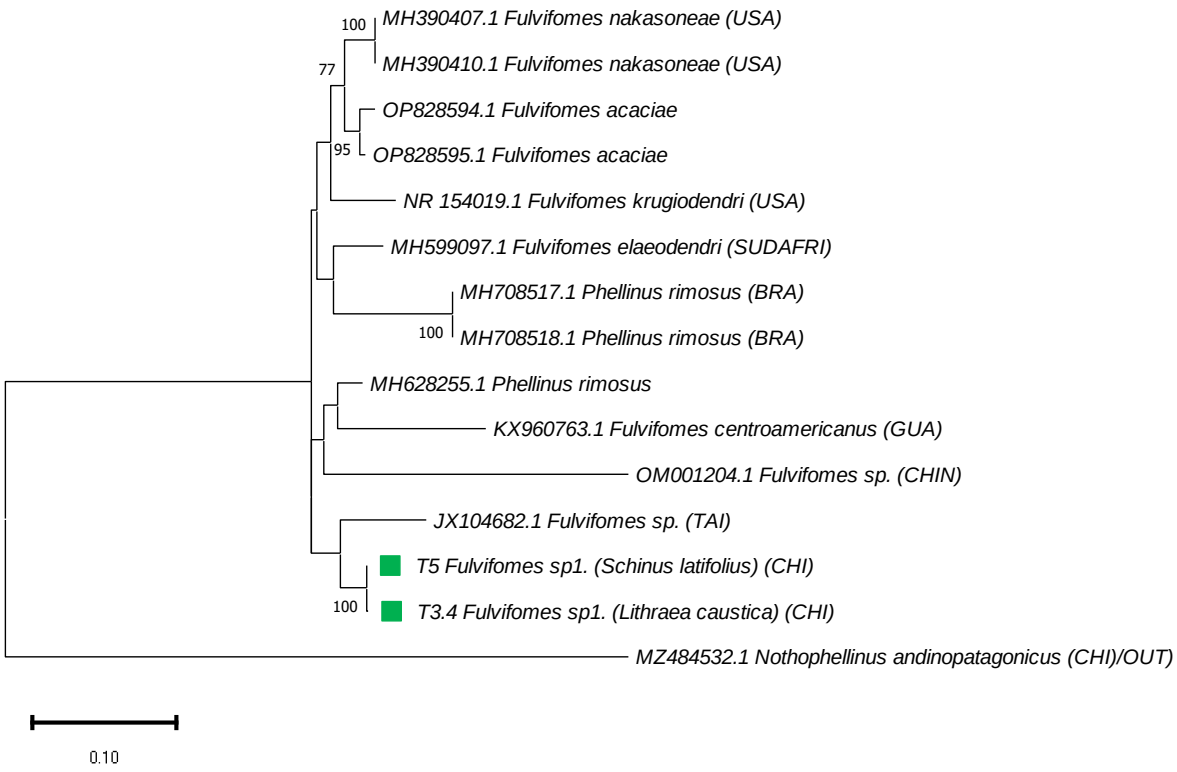

Figura 4. *Árbol de máxima verosimilitud ilustrando la filogenia de Fulvifomes. Elaborado con las secuencias de las muestras T3.4 y T5, y secuencias de GeneBank acorde a los resultados de Blast en base a secuencias ITS.* *Secuencias propias de esta investigación.*

Las muestras T6 y T14, se observan en la Figura 6, en una filogenia para las secuencias de los géneros *Arrambarria*, *Phylloporia* y géneros cercanos. Se utilizó una distribución Gamma discreta para modelar las diferencias de tasas evolutivas entre los sitios (5 categorías (+G, parámetro = 0,3064)). El modelo de variación de tasas permitió que algunos sitios fueran evolutivamente invariables ([+I], 36,62% de sitios). El árbol filogenético está dibujado a escala, con las longitudes de las ramas medidas en número de sustituciones por sitio. Este análisis involucró 18 secuencias de nucleótidos. Las posiciones de codón incluidas fueron 1ª+2ª+3ª+sin codificación. Hubo un total de 467 posiciones en el conjunto de datos final. No se incorporó secuencia outgroup. Se observa que la muestra T14 agrupa con el clado de *Arrambarria*

destruens, sin embargo dado que la identidad con la secuencia más similar resultó 92,77%, se consideró dejar la muestra a nivel de género. En cuanto a la muestra T6, que mediante taxonomía fue determinada como *Phylloporia cf. boldo*¸ no se pudo confirmar a nivel de especie mediante marcador ITS, dado que en Genebank no se encontró la secuencia ITS para esta especie, sin embargo, en el árbol filogenético la secuencia fue agrupada con *P. dependens.* La secuencia de la muestra T17 que fue determinada como *Arambarria sp2*. contiene una baja longitud de bases bien definida por la secuenciación, por lo cual no se incoorporó a la construcción del árbol filogenético para que no afectará los resultados.

En la Figura 7 se observa una filogenia agrupada de las secuencias de muestras registradas en este trabajo, y de secuencias de especies obtenidas en Genebank, las secuencias de Genebank corresponden a secuencias de las especies citadas en el Anexo 1. De esta manera esta filogenia está agrupando secuencias de géneros y especies de Hymenochaetaceae que se han reportado en la zona central de Chile (incluyendo las de este trabajo), la cual considera un registro actualizado de 12 géneros y 21 especies. Se muestra el árbol con la probabilidad logarítmica más alta (-5591,02). Se utilizó una distribución Gamma discreta para modelar las diferencias de tasas evolutivas entre sitios (5 categorías (+G, parámetro = 0,9202)). El árbol está dibujado a escala,

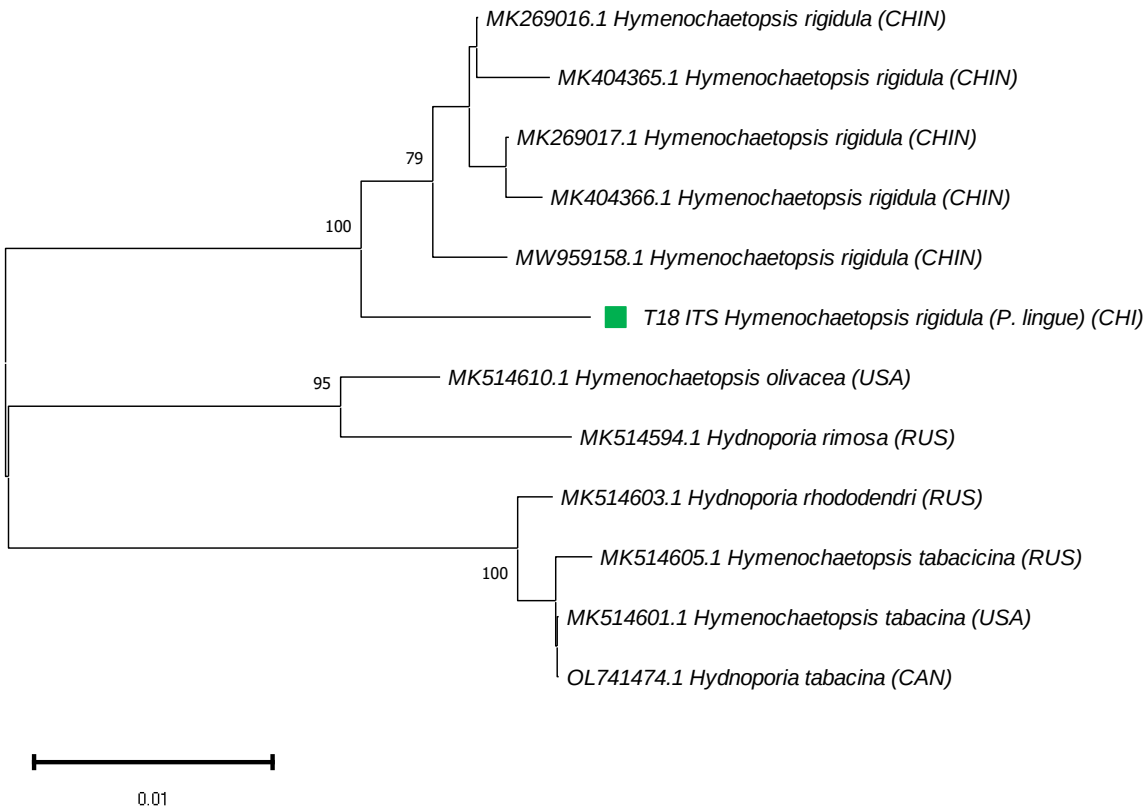

Figura 5. *Árbol de máxima verosimilitud ilustrando la filogenia de Hymenochaetopsis. Elaborado con las secuencias de las muestras T18, y secuencias de GeneBank acorde a los resultados de Blast en base a secuencias ITS.* ■ *Secuencias propias de esta invetigación.*

con las longitudes de las ramas medidas en número de sustituciones por sitio. Este análisis involucró 31 secuencias de nucleótidos. Las posiciones de codón incluidas fueron 1ª+2ª+3ª+sin codificación. Hubo un total de 599 posiciones en el conjunto de datos final. No se utilizó outgrup para esta representación filogenética.

En la Figura 8 se observa un cuadro resumen, con los resultados de los taxones determinados, sus hospederos y el origen de sus hospederos en Chile (endémico, nativo, exótico) seis nuevos registros de Hymenochaetaceae encontrados para la zona central de Chile, de ellos, tres

determinados a nivel de especie, dos a nivel de género y uno a nivel de familia, y siete nuevos hospederos registrados para especies de esta familia en Chile, tres de ellos árboles endémicos. tres nativos, y dos especies exóticas.

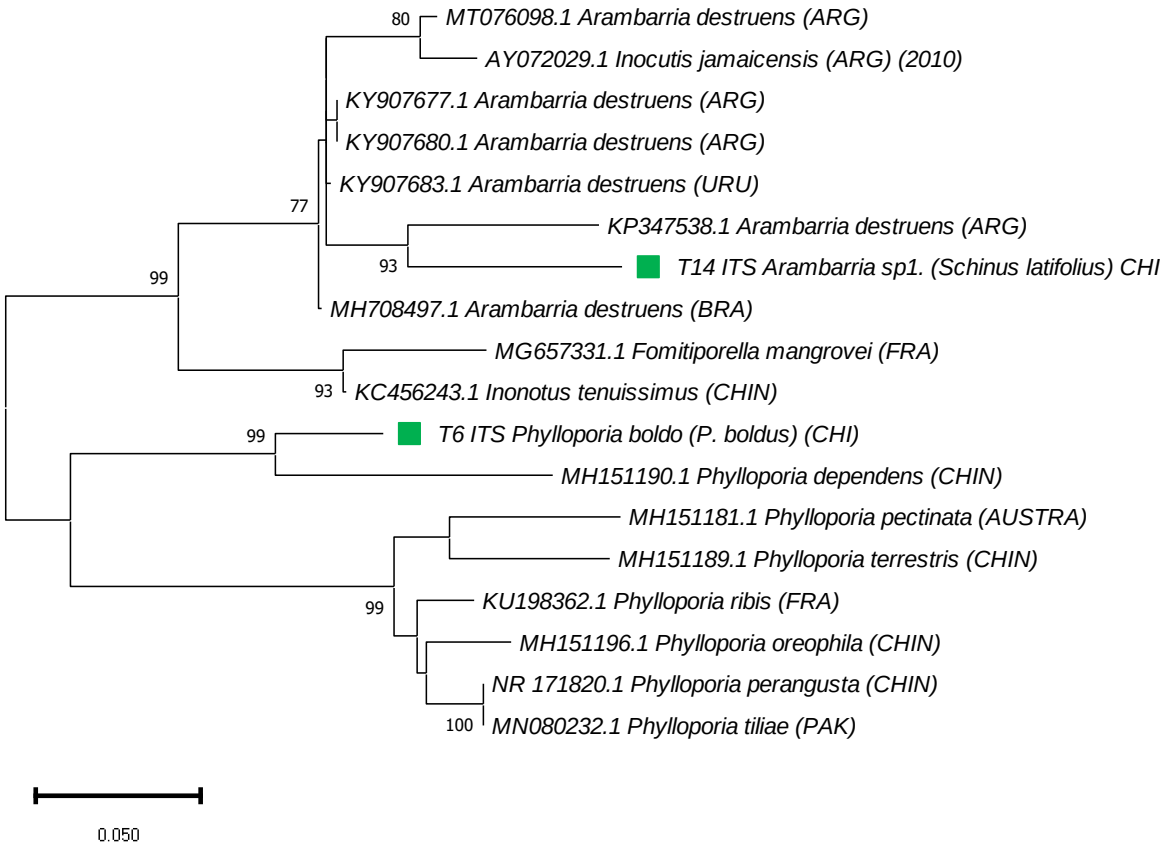

Figura 6. *Árbol de máxima verosimilitud ilustrando la filogenia de Arambarria y Phylloporia. Elaborado con las secuencias de las muestras T14 y T6, y secuencias de GeneBank acorde a los resultados de Blast en base a secuencias ITS.* ■ *Secuencias propias de esta investigación.*

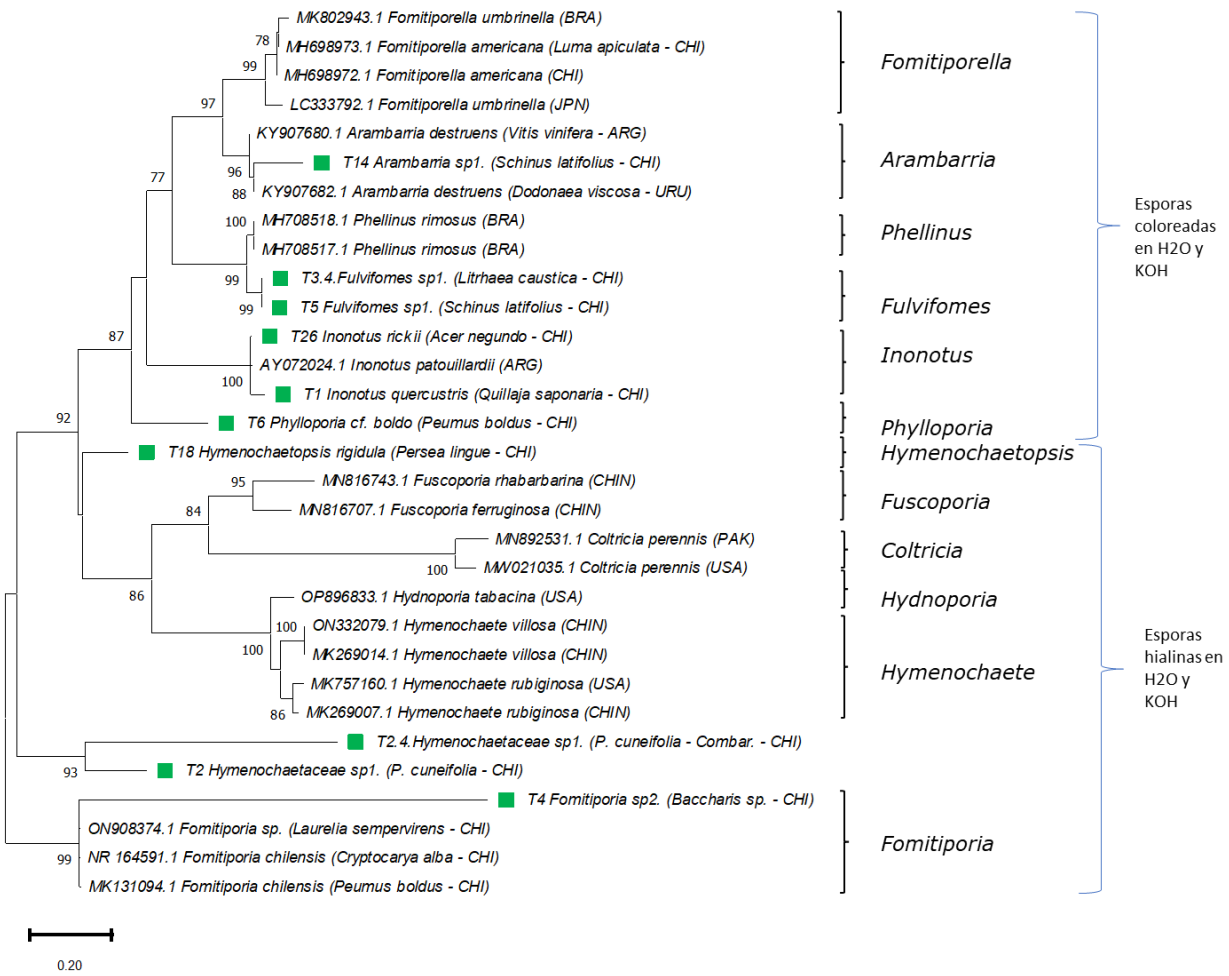

Figura 7. *Representación filogenética de Hymenochaetaceae de Chile central continental en base a ITS. Agrupa secuencias registradas en la zona central de Chile, junto con secuencias obtenidas de Genebank correspondientes a las especies reportadas y que no se tiene secuencia en Chile central, junto con la representación por género para los agrupamientos de las especies. Se asocia el carácter de coloración de las esporas a los géneros presentes.*

■ *Secuencias propias de esta investigación.*

ID Muestra	Taxa determinado	Hospedero
T1	*Inonotus quercustris* (Blackwell & Gilbertson)	*Quillaja saponaria*
T2	*Hymenochaetaceae sp1.*	*Proustia cuneifolia*
T2.4	*Hymenochaetaceae sp1.*	*Proustia cuneifolia*
T3.4	*Fulvifomes sp1.*	*Litrhaeae caustica*
T4	*Fomitiporia sp1.*	*Baccharis sp.*
T5	*Fulvifomes sp1.*	*Schinus latifolius*
T6	*Phylloporia cf. boldo*	*Peumus boldus*
T14	*Arambarria sp1.*	*Schinus latifolius*
T17	*Arambarria sp2.*	*Pinus radiata*
T18	*Hymenochaetopsis rigidula* (Berk. & M.A. Curtis) S.H. He & Jiao	*Persea lingue*
T26	*Inonotus rickii* (Pat) D.A. Reid.	*Acer negundo*

Endémico Nativo Exótico
Nuevos registros de Hymenochaetaceae para la zona central de Chile

Figura 8. Cuadro resumen con los resultados de las determinaciones realizadas a nivel más bajo posible.

Clave de Hymenochaetaceae para las especies de la zona central de Chile continental.

1. Esporas hialinas…….……..……...2

1´. Esporas de diferente coloración……..……...……..…….12

2. Basidioma estipitado……..……..…***Coltricia sp1.***

2´. Basidioma sésil …..…….……..…..……3

3. Basidioma con himenio liso… ……..……..……4

3´. Basidioma con himenio con poros…….…….……..… 8

4. Esporas > 4.2 µm de longitud……..…….……...5

4´. Esporas < 4.2 µm de longitud…….……..……..7

5. Esporas oblongas-elipsoidales, setas 35-85 x 5-7 µm……..***Hymenochaete rubiginosa*.**

5´. Esporas cilíndricas, alantoides a subalantoides…….……6

6. Esporas 4,8 – 6,1 x 1,8-2 µm, setas abundantes de 60-94,5 x 6-12 µm…….……***Hydnoporia tabacina.***

6´. Esporas 4,5-5,5 x 1,8-2,1 µm, setas abundantes de 45-65 x 8-11 µm……..…….……***Hymenochaetopsis rigidula***.

7. Basidioma pileado, esporas subalantoides 3-4,5 x 2-3 µm, hifas del contexto submoliniformes……...***Hymenochaete villosa.***

7´. Basidioma effuso-reflejo o resupinado con los márgenes elevados, esporas elipsoidales 2,5-4,2 x 1,8-2,5 µm ……..……...……..…***Hymenochaete resupinata.***

8. Basidioma con esporas amiloides o dextrinoides…….……9

8´. Basidioma con esporas sin reacción a Melzer…….……. 11

9. Basidioma pulvinado a efuso, con margen endurecido, creciendo sobre *Peumus boldus* y *Cryptocaria alba.*……...……***Fomitiporia chilensis.***

9´. Basidioma de otras características creciendo sobre hospederos diferentes……10

10. Basidiomas resupinados, esporas amiloides creciendo sobre *Baccharis sp*. ……***Fomitiporia sp2.***

10´. Basidiomas ungulados, con superficie oscura rimosa e himenio gris, esporas dextrinoides creciendo sobre *Proustia cuneifolia*……..***Hymenochaetaceae sp1.***

11. Basidiomas resupinado, setas himeniales presentes 35–90×7–9, hifas generativas con presencia de incrustaciones o cristales……..……..…***Fuscoporia ferruginosa.***

11´. Basidiomas efuso-reflejos a pileados, setas himeniales presentes 21-34 x 5-8 µm, himenio con inscrustaciones o cristales……..…….....***Fuscoporia rhabarbarina***.

12. Basidioma anual a bianual, de consistencia blanda……..……...…..…13

12´. Basidioma perenne, ……...……..……..16

13. Clamidosporas ausentes……...……..14

13´. Clamidosporas presentes…….…….……***Inonotus rickii.***

14. Basidioma resupinado a efuso-reflejo, ampliamente adherido al sustrato, esporas no acianófilas……...***Arambarria spp.***

14´. Basidioma con esporas elipsoidales, y acianófilas……..……...…..15

15. Basidioma con esporas elipsoidales de 5,5-7 x 4-5 µm amarillas a castañas, inamiloides, cianófilas de pared gruesa …….…….….***Inonotus patouillardii.***

15´. Basidioma con esporas elipsoidales amarillas a castañas 7-10 x 5-6,5 µm , inamiloides, cianófilas, con una o varias gútulas ……...***Inonotus quercustris.***

16. Basidiomas con esporas rojizas o castañas en KOH……,…..…….…….……17

16´. Basidiomas con esporas amarillas en KOH…….…….19

17. Basidiomas estrictamente resupinados, esporas elipsoidales a ampliamente elipsoidales de 4.5-5.5(6) × 3.5–4.5 µm ……. ***Fomitiporella spp.***

17´.Basidiomas ungulados…….……. 18

18. Basidioma con superficie rimosa, himenio con hifas con o sin incrustaciones o cristales, poros 2-4 x mm, esporas elipsoidales 6-6,5 x 5 um, creciendo en troncos de *Lithraea caustica* o *Schinus latifolius*……...…….....***Fulvifomes sp1***.

18´.Basidoma con superficie oscura rimosa, poros circulares 4-5 x mm, esporas 4,8-6,2x4,1-5 µm, elipsoidales a subglobosas…….....……***Phellinus rimosus***.

19. Basidiomas perenne, pileado, flabelado, dimidiado, o triqueto pudiendo en algunos casos ser ungulado o imbricado, himenio con poros circulares 4-5,5 x mm. Esporas > 5 µm, creciendo sobre troncos de *Peumus boldus*…….……***Phylloporia boldo.***

IV. DISCUSION

Como criterio para determinar a nivel de especies en hongos usando marcadores moleculares, se considera coincidencias sobre un 97 % de identidad, y 90% de cobertura (Blaalid *et al*. 2013; Li *et al*. 2020). Este criterio permitió determinar las especies de las muestras T1 (*Inonotus quercustris*), T18 (*Hymenochaetopsis rigidula*) y T26 (*Inonotus rickii*), lo cual fue confirmado con la posición y soporte de los nodos en las reconstrucciones filogenéticas. En el caso de la muestra T1 (*Inonotus quercustris*), no se había podido determinar a nivel de especie mediante la clave de Wu, *et al.* (2022), si bien en la clave mencionada la muestra resultaba muy cercana a *I. patouillardii*, e *I. quercustris*, descripciones sobre el tamaño de las esporas, la presencia de gútulas en la muestra, no coincidieron con las descripciones, ni distribución que aparece en la clave, sin embargo posterior a la determinación realizada para el marcador molecular ITS, se comparó con la descripción de esta especie registrada en Argentina (Gottlieb *et al*. 2002), coincidiendo con la descripción de *I. quercustris*. Este resultado descarta que la muestra T1 corresponda a la especie *I. patouillardii*, la cual se había registrado previamente en Chile (Spegazzini, 1921), también utilizando como hospedero un árbol de *Quillaja saponaria*. *Inonotus rickii*, sólo cuenta con un registro oficial para Chile, en la zona norte en la ciudad de Arica bajo el hospedero de *Schinus molle*. El hecho de reportarlo para la zona central de Chile aumenta los registros de distribución de este patógeno, y sus hospederos. Es probable que la aparición de este patógeno en esta zona se deba a la introducción de especies exóticas como parte del arbolado urbano. En el caso de las apariciones de este hongo en arbolado urbano en la comuna de Limache, su aparición se registró en varios individuos de *Acer negundo* y un individuo de *Platanus sp*. En la literatura se ha citado a *Inonotus rickii* como un hongo patógeno del arbolado urbano en árboles como *Acer negundo*, en Italia, *Platanus acerifolia*, *Morus sp.* y

Schinus areira en Argentina (Annesi *et al.*2003; Robles *et al.*2011; Heredia *et al.* 2014). Esto sugiere a que *I. rickii* podría tener una relación generalista sobre los hospederos que crece. Heredia *et al.* (2014) señala que hongos del tipo generalista pueden interactuar con árboles nativos y exóticos, lo cual podría posibilitar que a futuro *I. rickii* afecte a alguna(s) especie(s) nativa(s) de la zona central de Chile. Se observa una secuencia de *I. rickii* agrupada con otras especies de *Inonotus*, esto podría deberse a algún error de determinación de esa muestra.

Hymenochaetaceae sp1. y *Fomitiporia sp2.* fueron encontradas creciendo en hospederos nativos de Chile. Es importante destacar el *P. cuneifolia*, es un árbol endémico del cono Sur de Sudamérica con una distribución restringida que incluye a Chile, Argentina, Perú y Bolivia (Fabris, 1968; Sancho *et al.* 2018). Además, el hecho de que no se haya encontrado registro previo de las características de estas muestras en la literatura, sugiere que podría tratarse de una especie con interacción especialista no estudiada aún, lo cual implicaría que se trata de una especie endémica de Chile o el cono Sur de Sudamérica. Al observar la representación filogenética de la Figura 3, se observa que las especies de *Fomitiporia* se agrupan en un clado, y las muestras T2.4 y T2 en otro sin ninguna otra secuencia agrupada con estas, se observa la misma situación para estas dos secuencias en la Figura 7. Es importante poder profundizar en estas muestras con otros marcadores moleculares, para la región n-LSU además de ITS, los cuales han dado buenos resultados para determinar hongos, y también han sido utilizados en filogenias para Hymenochaetaceae, junto con el marcador tef1-α (Brown *et al.* 2014; Wu *et al.*2022). De esta manera se podría esclarecer si se trata de una nueva especie, o una ya conocida con la distribución mencionada. Por otro lado, *F. sp2* fue recolectada desde *Baccharis sp.* en la región metropolitana, Tapia (2005) que ha descrito las comunidades vegetacionales de Quebrada de la Plata, la cuál es una zona próxima a donde se encontró la muestra, mencionan dos especies

de Baccharis: *B. linearis y B. paniculata*. Dado que *Baccharis* es un género con un gran número de especies es importante tener en consideración las dos especies mencionadas como posibles hospederos de la muestra T4 para futuros estudios. Si bien el porcentaje de cobertura comparando con la secuencia más próxima es 99% con *F. chilensis*, la longitud de la secuencia de T4 resulta muy corta en comparación con el resto de las secuencias para el correcto análisis de la muestra, y se sugiere que en futuros estudios se requiere obtener una secuencia de mayor longitud para ITS y además de amplificar para el marcador nLSU. A pesar de la longitud de la secuencia, los resultados del árbol filogenético muestran una cercanía con *F. chilensis.* Esta especie aún no ha sido registrada como patógeno para hospederos de *Baccharis*, lo cual hace necesario continuar profundizando los estudios sobre esta muestra y especie.

Como se mencionó en los resultados de las muestras T3.4 (*Fulvifomes sp1*,) y T5 (*Fulvifomes sp1*.) se consideraron como muestras correspondientes a la misma especie. Se espera a futuro tener mayores antecedentes que permitan realizar la determinación específica. Si bien *Lithraea caustica* hospedero de T3.4 y *Schinus latifolius* hospedero de T5 son especies distintas, pertenecen a la misma familia (Anacardiaceae), y es sabido que especies de la familia Hymenochaetaceae pueden tener varias especies hospederas (Valenzuela *et al*, 2005), a su vez es importante mencionar que las coincidencias de identidad con las secuencias comparadas en NCBI son bajas, a pesar de la alta cobertura, y ambos hospederos corresponden a especies endémicas de Chile (Rodríguez *et al.* 2018). Rachjemberg (2022) menciona un espécimen no identificado de *Fulvifomes* (*F. gr. rimosus*) asociado a *Lithraea caustica* encontrado en la Región del Maule, sin embargo, no se encontró aun secuencia para la región ITS, ni descripción de este espécimen para realizar una comparación e incorporarlo a esta investigación. En la Figura 7, *Fulvifomes sp1*. aparece en un mismo clado con *Phellinus rimosus*, demostrando en esta

hipótesis que para el marcador ITS son muy próximas, lo cual podría interpretarse como del mismo género. Esto sumado a los antecedentes previos, resulta difícil de interpretar ya que los resultados de blast en cuanto a cobertura de identidad con la secuencia de *P. rimosus* no son suficientes para asignarla como la misma especie. También es importante considerar que *P. rimosus* ha tenido varios problemas de delimitación de especie, es considerado sinónimo con *Fulvifomes rimosus,* y está dentro de un complejo de varias especies denominado complejo taxonómico *Phellinus rimosus,* (Salvador-Montoya, 2020). Los resultados de este trabajo sugieren que las secuencias seleccionadas bajo el nombre de *P. rimosus*, están relacionadas en el mismo grupo que las secuencias de *Fulvifomes*. Es importante poder continuar profundizando con otros marcadores como n-LSU y Tef1- α que permitan identificar con mayor precisión las muestras de *Fulvifomes sp1.* ya que podría tratarse de una especie endémica y nueva para la ciencia.

Dado que no existe una clave de Hymenochaetaceae para las especies de Chile, y la clave de Hymenochaetaceae Global, de Wu *et al.* (2022) sólo considera géneros poroides, para la muestra T19 (*Hymenochaetopsis rigidula* (Berk. & M.A. Curtis) S.H. He & Jiao) se utilizó una clave para Hymenochaetaceae de especies de China (Day, 2010). Se determinó la muestra preliminarmente como *Hymenochaete rigidula,* sinónima de *Hymenochaetopsis rigidula*, sin embargo, dado que esta especie no estaba registrada para Chile. y es muy similar morfológicamente a *Hydnoporia tacacina,* que sí está registrada para Chile, la resolución la determinó el marcador molecular ITS con el porcentaje de identidad y agrupación de secuencias en la filogenia, las cuales coincidieron con *Hymenochaetopsis rigidula*. Este es un resultado importante dado que constituye el primer registro de esta especie para Chile, además fue encontrada sobre el hospedero *Persea lingue*, el cual es un árbol nativo de Chile (Rodríguez, 2018). Si bien esta muestra fue recolectada en las

cercanías de Angol, dentro de la zona Sur de Chile, en los límites del macrobioclima mediterráneo (Luebert & Pliscoff, 2017), en un parche mixto que incluye vegetación esclerófila (Rodríguez *et al.* 2018) se consideró para este estudio como parte de la zona centro de Chile.

Arambarria es un género recientemente descrito (Rajchemberg *et al.* 2015), que contiene 2 especies registradas *A. destruens* y *A. cognata*¸ el género surge de la identificación de especies presentes en la Patagonia Argentina que habían sido mal asignadas a la especie *Inocutis jamaicensis*. Estas especieshan sido registradas en países como Argentina, Chile y Uruguay en hospederos como *Diostea juncea, Lomatia hirsuta, Eupatorium buniifolium, Vitis vinífera*, y *Baccharis sp.* (estos dos último en Chile) (Pildain, 2017). T14 determinada preliminarmente como *Fomitiporella cf. destruens* si bien el resultado del Blast de NCBI para la secuencia arrojó como resultado más cercano una secuencia de la especie *Arrambaria destruens*, el % de identidad fue 92.77% lo cual es menor al 97% considerado para definir a nivel de especie, y al observar la agrupación en clados para las secuencias de *A. destruens* en la representación filogenética, se prefirió definir a nivel de género, resultando *Arambarria sp1*. Lo novedoso de este registro es que pertenece a una zona costera cercana a sector de las dunas de Santo Domingo, región de Valparaíso, creciendo sobre *Schinus latifolius*. Con estos hallazgos, *Schinus latifolius*, árbol endémico de Chile, contaría con registro de 2 hongos parásitos de la familia Hymenochaetaceae. No se encontraron secuencias bajo el nombre de *A. cognata* en NCBI secuenciadas con el marcador ITS. En cuanto a la secuencia de la muestra T17, determinada como *Arambarria sp2.* dada una secuenciación más pobre, no fue incorporada en la reconstrucción filogenética, por lo cual no pudo observarse agrupación significativa con secuencias cercanas determinadas por Blast. La secuencia más cercana para esta muestra fue de

la especie *Arambarria destruens* con 89% de cobertura y 96,71% de identidad. La información de la determinación taxonómica preliminar clasificó mediante la clave de Wu *et al*. (2022) esta muestra y a T14 como *Fomitiporella cf. destruens*. La clave mencionada no incorpora al género Arambarria, sin embargo, menciona a *A. destruens* como sinónimo de *Fomitiporella destruens*. Dado estos antecedentes se prefirió tener un criterio conservador, y determinar la muestra T17 como *Arambaria sp2*. Esta fue recolectada desde el hospedero *Pinus radiata*, lo cual comprueba la interacción generalista que puede tener el género *Arambarria*. Sin embargo, es necesario obtener una secuencia de mayor longitud de *Arambaria sp2.* para ITS, y/o utilizar otro marcador como n-LSU que permita completar este resultado, y poder identificarla a nivel de especie

En el caso de T6 (*Phylloporia* cf. *boldo*), la muestra coincidió casi completamente con la descripción taxonómica de la especie (Rajchamberg *et al.* 2019), se evaluó la reacción de las esporas al reactivo azul de algodón, resultando la muestra T6 con esporas acianófilas, esta reacción no sido mencionada en la descripción de la especie *P. boldo*, y dado que no se encontró secuencia para el marcador ITS en el Genebank, no se pudo comparar la secuencia con la secuencia de la especie *P. boldo*. es por estos motivos que se prefirió dejar en confer (cf.) para posterior confirmación bajo el marcador nLSU, del cual existen secuencias para *P. boldo* en el Genebank. La cobertura e identidad con las secuencias comparadas por medio del blast (NCBI) fueron bajas, sin embargo, en la Figura 6 se puede observar que la secuencia se agrupó con *Phylloporia dependens*.

En la figura 7, se observa la agrupación significativa en un clado para secuencias de *Fomitiporella*, en donde se ubicaron secuencias de *F. umbrinella* junto con *F. americana*. Si bien *F. umbrinella*, no ha sido indicada aún para Chile, y si *F. americana*, investigaciones recientes

sugieren de que se trataría de la misma especie (Salvador-Montoya *et al.* 2020), lo cual sería refrendado en esta tesis para el marcador ITS.

Resultan interesantes las incorporaciones al género *Inonotus,* dado que sólo se contaba con un registro de *I. patouillardii,* en 1921, para la zona de estudio y se aumentó a tres el número de especies de este género presentes en la zona central de Chile, incorporando a *I. quercustris* como nueva especie registrada para Chile. *I. quercustris* también ha sido registrado en países como Estados Unidos, México y Argentina (Gottlieb *et al*. 2002; Valenzuela *et al.* 2013; Wu, *et al* 2022). También es relevante la incorporación a *Hymenochaetopsis*, dado que es un género nuevo no sólo para la zona central, sino también para Chile. En Sudamerica *H. rigidula,* sólo ha sido reportada en Brasil, Colombia, y Venezuela (Ryvarden, 2022).

La clave taxonómica realizada incorpora la presencia de 19 taxas. En la Figura 7 se observa una fuerte agrupación para secuencias de los géneros *Fomitiporella, Arambarria, Phellinus, Fulvifomes, Inonotus,* y *Phylloporia*, resulta interesante mencionar que las especies que componen estos géneros presentan esporas coloreadas observadas en H_2O o KOH, el resto de géneros presentes en la Figura 7 presentan especies con esporas hialinas en H_2O o KOH. Esta observación fue considerada en la confección de la clave taxonómica. *Fomitiporia sp.* (número de acceso ON908374.1) registrada en NCBI, no tiene descripción morfológica publicada por lo que se ha excluido de esta clave. Dado que con anterioridad no existe ningún trabajo que agrupe los registros y especies de Hymenochaetaceae ya sea en forma de descripción morfológica o clave para Chile, la realización de esta clave taxonómica constituye una herramienta de gran importancia para el reconocimiento de las especies de Hymenochaetaceae de la zona central de Chile continental.

V. CONCLUSIONES

Las herramientas moleculares para la determinación de especies, son un gran avance de la tecnología, marcadores como ITS, junto con la taxonomía clásica, permiten resolver problemas de identidad y reconocimiento de especies de hongos, lo cual es de vital importancia para poder realizar investigaciones sobre estos organismos en Chile. Conocer las especies presentes en el entorno es el primer paso para poder visualizar y direccionar los esfuerzos de conservación. La incorporación de una clave taxonómica sobre las especies de Hymenochaetaceae presentes en la zona centro de Chile, que para su confección ha utilizado información obtenida a través del marcador molecular ITS, brinda una nueva herramienta que ayudará al reconocimiento de las especies de hongos en Chile.

Nuevos reportes han sido registrados en este trabajo para Hymenochaetaceae de Chile central, *Hymenochaetaeceae sp1*. y *Fulvifomes sp1*., muestras encontradas en hospederos endémicos de Chile podrían tratarse de nuevas especies para la ciencia, por lo cual es importante que se pueda seguir profundizando en su determinación con otros marcadores moleculares como nLSU, y Tef1- α. Se ha logrado registrar y determinar dos nuevos registros de especies para Chile (*Inonotus quercustris* e *Hymenochaetopsis rigidula*), y se ha logrado determinar la presencia de *I. rickii*, patógeno del árbolado urbano, en la zona centro de Chile. Con este trabajo el número de géneros de Hymenochaetaceae posibles de encontrar en la zona central de Chile continental asciende a 12 géneros, incluyendo como hospederos a especies endémicas, nativas, y exóticas.

Es importante poder aumentar los esfuerzos de muestreo sobre esta familia en Chile, registrar e identificar las especies de Hymenochaetaceae que interactúan con sus hospederos. Se logro determinar especies de Hymenochaetaceae generando el registro de 7 nuevos hospederos para especies de esta familia, tres de ellos árboles endémicos de Chile. Por lo que la determinación realizada no sólo aportará al conocimiento y conservación de los hongos en Chile, sino que también sirve de antecedente para realizar nuevas investigaciones que involucren las especies determinadas en este trabajo y las interacciones directas o indirectas que puedan surgir producto de la relación con sus hospederos.

VI. REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

Alves-Silva, G., Reck, M. A., da Silveira, R. M. B., Bittencourt, F., Robledo, G. L., Góes-Neto, A., & Drechsler-Santos, E. R. (2020). The Neotropical Fomitiporia (Hymenochaetales, Basidiomycota): the redefinition of F. apiahyna ss allows revealing a high hidden species diversity. *Mycological Progress*, *19*(8), 769-790.

Amalfi, M., Yombiyeni, P., & Decock, C. (2010). Fomitiporia in sub-Saharan Africa: morphology and multigene phylogenetic analysis support three new species from the Guineo-Congolian rainforest. *Mycologia*, *102*(6), 1303-1317.

Amalfi, M., & Decock, C. (2014). Fomitiporia expansa, an undescribed species from French Guiana. *Cryptogamie, Mycologie*, *35*(1), 73-85.

Amalfi, M., Raymundo, T., Valenzuela, R., & Decock, C. (2012). Fomitiporia cupressicola sp. nov., a parasite on Cupressus arizonica, and additional unnamed clades in the southern USA and northern Mexico, determined by multilocus phylogenetic analyses. *Mycologia*, *104*(4), 880-893.

Annesi, T., Coppola, R., & Motta, E. (2003). Decay and canker caused by Inonotus rickii spreading on more urban tree species. *Forest Pathology*, *33*(6), 405-412.

Ardiles Huerta, V., Osorio-Zúñiga, F., & Barrera Moscoso, E. (2009). Briofitas sobre carpoforos de hongos. *Gayana. Botánica*, *66*(1), 84-91.

Balan, D. S., & Monteiro, R. T. (2001). Decolorization of textile indigo dye by ligninolytic fungi. *Journal of Biotechnology*, *89*(2-3), 141-145.

Blaalid, R., Kumar, S., Nilsson, R. H., Abarenkov, K., Kirk, P. M., & Kauserud, H. (2013). ITS 1 versus ITS 2 as DNA metabarcodes for fungi. *Molecular ecology resources*, *13*(2), 218-224.

Brown, S. P., Rigdon-Huss, A. R., & Jumpponen, A. (2014). Analyses of ITS and LSU gene regions provide congruent results on fungal community responses. *Fungal Ecology*, *9*, 65-68

Cloete, M., Fischer, M., Mostert, L., & Halleen, F. (2014). A novel Fomitiporia species associated with esca on grapevine in South Africa. *Mycological Progress*, *13*, 303-311.

Cockle, K. L., Martin, K., & Robledo, G. (2012). Linking fungi, trees, and hole-using birds in a Neotropical tree-cavity network: Pathways of cavity production and implications for conservation. *Forest Ecology and Management*, *264*, 210-219.

Chen, Q., Du, P., Vlasák, J., Wu, F., & Dai, Y. C. (2020). Global diversity and phylogeny of Fuscoporia (Hymenochaetales, Basidiomycota). *Mycosphere*, *11*(1), 1477-1513.

Dai, Y. C. (2010). Hymenochaetaceae (Basidiomycota) in China. *Fungal diversity*, *45*(1), 131-343.

Darriba, D., Taboada, G. L., Doallo, R., & Posada, D. (2012). jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature methods*, *9*(8), 772-772.

Decock, C., Yombiyeni, P., & Memiaghe, H. (2015). Hymenochaetaceae from the Guineo-Congolian rainforest: Phylloporia flabelliforma sp. nov. and Phylloporia gabonensis sp. nov., two undescribed species from Gabon. *Cryptogamie, Mycologie*, *36*(4), 449-467.

Defigio, D. A. (1970). *A taxonomic analysis of the corticate species of the genus Hymenochaete*. Illinois State University.

De Simone, D., D'Amico, L., Bressanin, D., Motta, E., & Annesi, T. (2011). Molecular characterization of Inonotus rickii/Ptychogaster cubensis isolates from different geographic provenances. *Mycological Progress*, *10*, 301-306.

Donk, M. A. (1948). Notes on Malesian fungi. I. *Bulletin du Jardin Botanique de Buitenzorg Série*, *3*(17), 473-482.

Espinosa, M. (1917). Informe de encargado de la sección plantas criptógamas. *Boletín del Museo Nac. de Hist. Nat. Chile*, *10*, 186-187.

Espinosa, M. (1921). Sobre las especies chilenas del género Fomes. *Revista Chilena de Historia Natural*, *25*(1), 321-343.

Fabris, H. A. (1968). Revisión del género Proustia.(Compositae). *Revista del Museo de La Plata*, *11*(52), 23-49.

Fukuta, S., Nagai, H., Suzuki, R., Matsumoto, Y., Kato, S., Saka, N., ... & Miyake, N. (2017). Detection of Fomitiporia torreyae and Fulviformes umbrinellus by multiplex loop-mediated isothermal amplification (mLAMP) for diagnosis of Japanese pear dwarf. *Annals of Applied Biology*, *170*(2), 170-178.

Gilbertson, R. L., & Ryvarden, L. (1986). North American polypores. Vol. I. Abortiporus-Lindtneria. *North American polypores. Vol. I. Abortiporus-Lindtneria*.

Gottlieb, A. M., Wright, J. E., & Moncalvo, J. M. (2002). Inonotus sl in Argentina—morphology, cultural characters and molecular analyses. *Mycological Progress*, *1*(3), 299-313.

Hall, T. A. (2013). BioEdit v 7.2. 5: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT.

Hasegawa, M., Kishino, H., & Yano, T. A. (1985). Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of molecular evolution*, *22*, 160-174.

Heredia, F., Morera, G., Robledo, G., Cagnolo, L., & Urcelay, C. (2014). Interacciones entre hongos de la madera (Agaricomycete) y árboles nativos y exóticos de un ecosistema urbano (Córdoba, Argentina). *Bosque (Valdivia), 35*(3), 391-398.

He, S. H., & Dai, Y. C. (2012). Taxonomy and phylogeny of Hymenochaete and allied genera of Hymenochaetaceae (Basidiomycota) in China. *Fungal Diversity*, *56*(1), 77-93.

Illana-Esteban, C. (2011). Interés medicinal del "Chaga"(Inonotus obliquus). *Bol Soc Micol*, *35*, 175-185.

Ji, X. H., Wu, F., Dai, Y. C., & Vlasák, J. (2017). Two new species of Fulvifomes (Hymenochaetales, Basidiomycota) from America. *MycoKeys*, *22*, 1-13.
Ji, X. H., Vlasák, J., Tian, X. M., & Dai, Y. C. (2018). Three new species of Fomitiporella (Hymenochaetales, Basidiomycota) based on the evidence from morphology and DNA sequence data. *MycoKeys*, (30), 73.

Larsson, K. H., Parmasto, E., Fischer, M., Langer, E., Nakasone, K. K., & Redhead, S. A. (2006). Hymenochaetales: a molecular phylogeny for the hymenochaetoid clade. *Mycologia*, *98*(6), 926-936.

Li, S., Deng, Y. E., Wang, Z., Zhang, Z., Kong, X., Zhou, W., ... & Qu, Y. (2020). Exploring the accuracy of amplicon-based internal transcribed spacer markers for a fungal community. *Molecular Ecology Resources*, *20*(1), 170-184.

Luebert Bruron, F. J., & Pliscoff, P. (2017). Sinopsis bioclimática y vegetacional de Chile. (Vol. 2). Santiago, Chile: Editorial Universitaria.

Miettinen, O., Larsson, K. H., & Spirin, V. (2019). Hydnoporia, an older name for Pseudochaete and Hymenochaetopsis, and typification of the genus Hymenochaete (Hymenochaetales, Basidiomycota). *Fungal Systematics and Evolution*, *4*(1), 77-96.

Molina, L., Rajchenberg, M., de Errasti, A., Aime, M. C., & Pildain, M. B. (2020). Sapwood-inhabiting mycobiota and Nothofagus tree mortality in Patagonia: Diversity patterns according to tree species, plant compartment and health condition. *Forest ecology and management*, *462*, 117997.

Moreira-Muñoz, A. (2013). Diversidad y fragilidad del paisaje botánico de chile mediterráneo. *Revista del jardín botánico Chagual*. 11(1). 30-40.

Morera, G., Robledo, G., Ferreira-Lopes, V., & Urcelay, C. (2017). South American Fomitiporia (Hymenochaetaceae, Basidiomycota)'jump on'exotic living trees revealed by multi-gene phylogenetic analysis. *Phytotaxa*, *321*(3), 277-286.

Ossa, C. G., Larridon, I., Peralta, G., Asselman, P., & Pérez, F. (2016). Development of microsatellite markers using next-generation sequencing for the columnar cactus Echinopsis chiloensis (Cactaceae). *Molecular biology reports*, *43*, 1315-1320.

Palacios Allendes, V. (1966). Investigación de la actividad antibacteriana de hongos superiores de Chile. *Anales de la Facultad de Química y Farmacia*, *1955*, 106-113.

Parmasto, E. (2010). Clavariachaetaceae, a family of neotropical Hymenochaetales (Basidiomycota) including clavarioid, pileate and resupinate species. *Folia Cryptogamica Estonica*, *47*, 51-57.

Pildain, M. B., Pérez, G. A., Robledo, G., Pappano, D. B., & Rajchenberg, M. (2017). Arambarria the pathogen involved in canker rot of Eucalyptus, native trees wood rots and grapevine diseases in the Southern Hemisphere. *Forest Pathology*, *47*(6), e12397.

Pildain, M. B., Cendoya, R. R., Ortiz-Santana, B., Becerra, J., & Rajchenberg, M. (2018). A discussion on the genus Fomitiporella (Hymenochaetaceae, Hymenochaetales) and first record of F. americana from southern South America. *MycoKeys*, (38), 77.

Robles, C. A., Carmarán, C. C., & Lopez, S. E. (2011). Screening of xylophagous fungi associated with Platanus acerifolia in urban landscapes: Biodiversity and potential biodeterioration. *Landscape and urban planning*, *100*(1-2), 129-135.

Ruggiero, M. A., Gordon, D. P., Orrell, T. M., Bailly, N., Bourgoin, T., Brusca, R. C., ... & Kirk, P. M. (2015). A higher level classification of all living organisms. *PloS one*, *10*(4), e0119248.

Salvador-Montoya, C. A., Popoff, O. F., Góes-Neto, A., & Drechsler-Santos, E. R. (2020). Global phylogenetic and morphological reassessment of Fomitiporella sl (Hymenochaetales, Basidiomycota): taxonomic delimitation of Fomitiporella ss and segregation of Rajchenbergia, gen. nov. *Plant systematics and evolution*, *306*, 1-27.

Sancho, G., Katinas, L., Viera Barreto, J. N., Moreira-Muñoz, A., & Luebert, F. (2018). Phylogenetic relationships and generic reassessment of Proustia and allies (Compositae: Nassauvieae). *Taxon*, *67*(1), 113-129.

Sakayaroj, J., Preedanon, S., Suetrong, S., Klaysuban, A., Jones, E. G., & Hattori, T. (2012). Molecular characterization of basidiomycetes associated with the decayed mangrove tree Xylocarpus granatum in Thailand. *Fungal Diversity*, *56*, 145-156.

Sepúlveda, G., Huanca, W., Cárdenas, S., Belmonte, E., Torres, T., & Latorre, B. A. (2016). First report of Inonotus rickii causing decay and death in Schinus molle in Chile. *Plant Disease*, *100*(11), 2320.

Shon, M. Y., Kim, T. H., & Sung, N. J. (2003). Antioxidants and free radical scavenging activity of Phellinus baumii (Phellinus of Hymenochaetaceae) extracts. *Food chemistry*, *82*(4), 593-597.

Singh, S. K., Doshi, A., Pancholy, A., & Pathak, R. (2013). Biodiversity in wood-decay macro-fungi associated with declining arid zone trees of India as revealed by nuclear rDNA analysis. *European Journal of Plant Pathology*, *136*, 373-382.

Spegazzini, C. (1910). Ramillete de hongos chilenos. *Revista de la Facultad de Agronomia y Veterinaria*, *6*.

Spegazzini, C. (1917). Algunos hongos chilenos. *Revista chilena Historia Natural*, *21*(4-5), 117-126.

Spegazzini, C. (1917). Mycetes chilensis. Boletín de la academia nacional de ciencias de Córdova. 25: 1-124.

Schwarz, G. (1978). Estimating the dimension of a model. *The annals of statistics*, 461-464.

Rajchenberg, M., Pildain, M. B., Bianchinotti, M. V., & Barroetavena, C. (2015). The phylogenetic position of poroid Hymenochaetaceae (Hymenochaetales, Basidiomycota) from Patagonia, Argentina. *Mycologia*, *107*(4), 754-767.

Rajchenberg, M., Pildain, M. B., Madriaga, D. C., de Errasti, A., Riquelme, C., & Becerra, J. (2019). New Poroid Hymenochaetaceae (Basidiomycota, Hymenochaetales) from Chile. *Mycological Progress*, *18*, 865-877.

Rajchenberg, M. (2022). Artículo invitado an approach to the biogeography of polypore fungi (agaricomycotina, basidiomycota) in southern South América. *Darwiniana*, *10*(2), 451-479.

Riquelme Rivas, C. A. (2019). Phylloporia boldo sp. nov. Rajchenb & Pildain Composición química y su rol potencial como agente antimicrobiano.

Rodríguez, R., Marticorena, C., Alarcón, D., Baeza, C., Cavieres, L., Finot, V. L., ... & Marticorena, A. (2018). Catálogo de las plantas vasculares de Chile. *Gayana. Botánica*, *75*(1), 1-430.

Rony, K. A., Ajith, T. A., Mathew, J., & Janardhanan, K. K. (2013). The medicinal cracked-cap polypore mushroom *Phellinus rimosus* (higher Basidiomycetes) attenuates alloxan-induced hyperglycemia and oxidative stress in rats. *International Journal of Medicinal Mushrooms*, *15*(3).

Ryvarden, L., & Baltazar, J. M. (2022). Sinopsis de las especies de Hymenochaete (Hymenochaetaceae, Basidiomycota) con himenóforo liso en Sudamérica. *Lilloa*, 7-29.

Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, *38*(7), 3022-3027.

Tapia, D. (2005). Comunidades vegetales de la quebrada de La Plata, Región Metropolitana (Chile). *Chloris Chil. Año*, *8*(2).

Tchoumi, J. M. T., Coetzee, M. P. A., Rajchenberg, M., & Roux, J. (2020). Poroid Hymenochaetaceae associated with trees showing wood-rot symptoms in the Garden Route National Park of South Africa. *Mycologia*, *112*(4), 722-741.

Torii, M., Masuya, H., & Hattori, T. (2021). Temperature Characteristics of Two Fomitiporia Fungi Determine Their Geographical Distributions in Japan. *Forests*, *12*(11), 1580.

Valenzuela, R., Raymundo, T., & Cifuentes, J. (2005). La familia Hymenochaetaceae en México II. Especies poco conocidas del género Phellinus. *Scientia Fungorum*, (20), 13-19.

Valenzuela, R., Raymundo, T., & Cifuentes, J. (2013). The genus Inonotus sl (Hymenochaetales: Agaricomycetes) in Mexico. *Revista mexicana de biodiversidad*, *84*, 70-90.

Vergara, G., & Gayoso, J. (2004). Efecto de factores físico-sociales sobre la degradación del bosque nativo. *Bosque (Valdivia)*, *25*(1), 43-52.

Wagner, T., & Fischer, M. (2001). Natural groups and a revised system for the European poroid Hymenochaetales (Basidiomycota) supported by nLSU rDNA sequence data. *Mycological Research*, *105*(7), 773-782.

White, T. J., Bruns, T., Lee, S. J. W. T., & Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR protocols: a guide to methods and applications*, *18*(1), 315-322.

Wu, F., Zhou, L. W., Vlasák, J., & Dai, Y. C. (2022). Global diversity and systematics of Hymenochaetaceae with poroid hymenophore. *Fungal Diversity*, *113*(1), 1-192.

Yu, H. Y., Zhao, C. L., & Dai, Y. C. (2013). Inonotus niveomarginatus and I. tenuissimus spp. nov. Hymenochaetales, resupinate species from tropical China. *Mycotax*, *124*, 61-68.

Zhou, M., Ji, X. H., Liu, H. G., Miller, K., Yuan, Y., & Vlasák, J. (2023). Two new species of Hymenochaetaceae from tropical Asia and America. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, *12*, 1985.

VII. ANEXOS

Anexo 1. Especies de Hymenochaetaceae registradas para la zona central de Chile continental**.**

Nombre científico	**Synonimo registrado**	**Hospedero(s)**	**Región(es)**	**Fuente**
Arambarria destruens Rajchenb. & Pildain	*Arambarria destruens* Rajchenb. & Pildain	*Baccharis sp, Vaccinium corymbosum*	Metropolitana	Pildain *et al.* 2017
Coltricia sp.	*Coltricia sp.*	*Sin información*	Sin información	Palacios, 1966
Fomitiporella americana Y.C. Dai, X.H. Ji & Vlasák	*Fomitiporella americana* Y.C. Dai, X.H. Ji & Vlasák	*Drimis winteri, Eucryptia cordifolia, metrosiderus estipularis*	Valparaíso, Bio Bío	Pildain *et al.* 2018
Fomitiporia chilensis Rajchenb. & Pildain	*Fomitiporia chilensis* Rajchenb. & Pildain	*Peumus boldus, Lithraea caustica, Cryptocaria alba*	Bio Bío, Araucanía	Rajchenberg *et al.* 2019
Fomitiporia sp	*Fomitiporia sp*	*Laurelia serpenvivens*	(*)	NCBI (Rajchenberg, 2022)
Fuscoporia ferruginosa (Schrad.) Murrill	*Poria ferruginosa* (Schrd,) Fr.	*Drimis winteri*	Valparaíso	Spegazzini, 1917
Fuscoporia rhabarbarina (Berk.) Groposo, Log.-Leite & Góes-Neto	*Fomes rhabarbarinus* (Berk)	*Cryptocaria alba*	Valparaíso	Spegazzini, 1917
Hydnoporia tabacina (Sowerby) Spirin, Miettinen & K.H. Larss.	*Hymenochaete tabacina* (Sow) Lev.	*Drimis winteri*	Valparaíso	Spegazzini, 1917
Hymenochaete resupinata (Sw.) Parmasto	*Dichochaete setosa* (Sw: Fr.) Parmasto	*Sin información*	Sin información (*)	Parmasto, 2010
Hymenochaete rubiginosa (Dicks.) Lév.	*Hymenochaete rubiginosa* (Schrd.) Lev.	*Persea lingue*	Los Lagos (*)	Spegazzini, 1910
Hymenochaete villosa (Lév.) Bres.	*Hymenochaete villosum* (Lloyd).	*Sin información*	Sin información (*)	Espinoza, 1917
Inonotus patouillardii (Rick) Imazeki	*Polyporus fusco-badius* Bres.	*Quillaja saponaria*	Valparaíso	Spegazzini, 1921
Phellinus rimosus (Berk.) Pilát	*Fomes rimosus* (Berk.) Cooke	*Sin información*	Valparaíso, Metropolitana	Espinosa 1921
Phylloporia boldo Rajchenb. & Pildain	*Phylloporia boldo* Rajchenb. & Pildain	*Peumus boldus*	Metropolitana, Concepción	Rajchenberg *et al.* 2019

(*) Especies que se han registrado para Chile, pero que en la fuente no se menciona su localización, o especies que dada la distribución del hospedero registrado, podrían encontrarse en la zona Central de Chile.