



Presentación

Después de muchos años de realizar diversas actividades para los miembros de nuestra Asociación Micológica Salmantina Lazarillo (AMSL), antes denominada Sociedad Micológica Salmantina Lazarillo (SMSL), creo que es necesario llevar a cabo una labor de divulgación más estructurada y que pueda llegar a más personas, no solo a los miembros que acuden a las reuniones semanales, sino a todos los asociados y a sus familiares y amigos.

Por ello, emprendemos una nueva etapa en la que deseamos dejar plasmado por escrito todas las actividades de formación que se van realizando a lo largo de los años micológicos. También traeremos a estas páginas algunas de las actividades que hayamos ya llevado a cabo y que muchas veces los socios nos reclaman tenerlas por escrito.

No tendrá una periodicidad determinada sino que cada número llevará una fecha (mes y año) y saldrá cuando haya algo que se quiera transmitir a los asociados por considerarlo de interés, siendo así una forma flexible de formación en la que cualquier persona puede realizar aportaciones pertinentes.

Sobre el formato, simplemente indicar que nos atenderemos a las Normas del *Boletín Micológico Lazarillo*. Para consultar cualquier duda, preguntad al coordinador.

Se pretende que sean pequeñas colaboraciones de socios y allegados de una extensión no superior a las 12 páginas, aunque podrán publicarse números extras cuando la extensión del trabajo así lo requiera.

Para distinguir los diferentes tipos de actividades e informaciones, hemos establecido un código de colores que se muestra en la primera página de las Notas Micológicas, para que enseñada se sepa de qué trata el contenido. Así, el círculo de color situado a la izquierda del título del contenido puede ser:

- Roja: Biología de hongos.
- Naranja: Taxonomía, grupos y especies.
- Amarilla: Curiosidades sobre hongos.
- Verde: Plantas relacionadas con hongos y cuestiones sobre la naturaleza.
- Azul: Usos y gestión de los hongos.
- Marrón: Fuentes de información: bibliografía e Internet.
- Violeta: Otros temas no contemplados: filatelia de hongos, etc.

El Coordinador

Juan Manuel Velasco Santos
(Vicepresidente de la AMSL)

Diseño y maquetación: José Angel Hernández Melchor

La sistemática de hongos: ¿está en una nueva era de iluminación al alcance de la mano?

Extracto del artículo de David S. Hibbett & John W. Taylor titulado *Fungal systematics: is a new age of enlightenment at hand?* y publicado en la revista *Nature Reviews Microbiology* el 3 de enero de 2013 en forma *on line*.

Traducción: Juan M. Velasco Santos.

Redacción y arreglos: Juan M. Velasco Santos.

Resumen

Taxónomos de hongos persiguen una misión aparentemente imposible: descubrir y dar nombres a todas las setas, mohos y levaduras del mundo. Los taxónomos tienen una reputación de ser tradicionalistas, pero según describimos aquí, la comunidad ha acogido recientemente la modernización de sus reglas de nomenclatura descartando la necesidad de descripción latina, apoyando la publicación electrónica y poniendo fin al sistema dual de nomenclatura, que usa diferentes nombres para las fases sexual (teleomorfo) y asexual (anamorfo) de especies pleomórficas. El siguiente, y más difícil, paso será el desarrollo de normas de la comunidad para la clasificación basada en la secuencia de nucleótidos.

Introducción

Los taxónomos crean el lenguaje de la biodiversidad, lo que permite la comunicación sobre diferentes organismos entre los científicos básicos y aplicados, educadores, estudiantes y público en general. Este trabajo esencial es especialmente difícil en grupos morfológicamente crípticos y en los hiperdiversos, como el reino Hongos (*Fungi*). Se aceptan aproximadamente unas 100.000 especies de hongos en la taxonomía actual, pero hay más de 400.000 nombres de las especies de hongos -incluyendo numerosos sinónimos- registrados en la literatura micológica, y es probable que millones de nuevas especies aún esperan una descripción. Por lo tanto, un reto para la taxonomía moderna de hongos es cómo eliminar los nombres publicados redundantes, al mismo tiempo que existe una aceleración de la nomenclatura de las especies recién descubiertas. Para regular el nombramiento de los hongos, los micólogos se adhieren al Código Internacional de Nomenclatura Botánica. El código proporciona estabilidad a una disciplina potencialmente caótica, pero sólo se actualiza una vez cada 7 años y sólo en las reuniones de la Sección de Nomenclatura

durante el Congreso Internacional de Botánica (CIB, IBC en inglés), que hace que el código sea lento para adaptarse a las prácticas modernas en sistemática. Los elementos fúngicos del código que han sido criticados como arcaicos incluyen el sistema dual de nomenclatura, que crea diferentes nombres para los hongos anamorfos (formas asexuales) y los teleomorfos (formas sexuales) de la misma especie (Fig. 1), y el requisito de especímenes tipo con existencia real o física, lo que complica los esfuerzos para clasificar los taxones que se descubren a través de la metagenómica (estudio de genomas de hongos que se encuentran en el suelo, agua o seres vivos y que no producen fases de reproducción conocidas).

En el período previo a la última reunión del IBC, en julio de 2011, un grupo vocal y bien organizado de micólogos lanzó un lema: 'Uno hongo, un nombre', campaña destinada a poner fin al sistema de la doble nomenclatura. El movimiento culminó con la publicación de '*La declaración de Amsterdam sobre la nomenclatura de hongos*' (por 88 coautores de 26 países), lo que sugiere que si la doble nomenclatura fue retenida en el código botánico, podría ser necesario crear un MycoCode separado para el reino Hongos. Independientemente, algunos micólogos ya habían comenzado a publicar nuevos nombres de hongos que ignoraron la morfología reproductiva, poniendo las especies sexuales y asexuales en el mismo género y, por lo tanto, deliberadamente sin tener en cuenta el código. Frente a la desobediencia de nomenclatura y la amenaza de la secesión, la Sección de la Nomenclatura del 2011 en el IBC votó para abolir el sistema dual de nomenclatura de hongos. Al mismo tiempo, y en respuesta a la presión de otros activistas, la sección de la nomenclatura también votó a favor de eliminar la descripción latina (en inglés ahora será suficiente), para permitir la publicación de nuevos nombres en las revistas *on line* (por Internet); previamente, se requería de impresión en papel y el registro de nuevos nombres de hongos en una base de datos de acceso público, como Index Fungorum o MycoBank. Por último, el propio código se cambió de nombre a **Código Internacional de Nomenclatura para Algas, Hongos y Plantas**

(CIN o ICN en inglés). Para muchos científicos, éstos pueden parecer similares, -medidas de sentido común-, pero para algunos taxónomos de hongos, los cambios fueron un terremoto.

Un nombre, un hongo

El sistema de nomenclatura dual para especies de hongos pleomórficas surgió en el siglo XIX, influenciado por el uso de la morfología sexual en la clasificación de las plantas por Linneo. A pesar de que es ilógico asignar varios nombres a una sola especie, el sistema de nomenclatura dual persistió, en parte debido a la morfología de las estructuras reproductivas sexuales que se supone que es superior a la de las formas asexuales para inferir las relaciones evolutivas de los hongos. Sin embargo, las características sexuales perdieron su preeminencia para la clasificación de los hongos a finales de 1980, cuando se hizo la PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa, técnica para secuenciar los nucleótidos de un ácido nucleico: ADN o ARN) del ADN accesible a micólogos viendo las variaciones moleculares que se interpretan como variaciones sistemáticas. Más de 20 años después, el sistema de nomenclatura dual fue finalmente abolido.

Como es siempre el caso, el trabajo duro comienza después de la revolución. Para los micólogos, esto significa elegir los nombres de miles de especies de hongos pleomórficas. Algunas opciones serán difíciles. Por ejemplo, el género anamórfico *Penicillium* (con géneros teleomórficos como *Eupenicillium* y *Talaromyces*) contiene hongos tan importantes como *Penicillium rubens* (la fuente original de la penicilina), *Penicillium marneffeii* (el agente causante de una enfermedad que define el SIDA en Tailandia), y *Penicillium camemberti* y *Penicillium roqueforti* (utilizados para hacer los quesos Camembert y Brie, y Roquefort, respectivamente). Sin embargo, *Penicillium* spp., como está delimitado tradicionalmente, es parafilético, así como pleomórfico, por lo que estas especies bien conocidas no todas pueden permanecer en este género histórico.

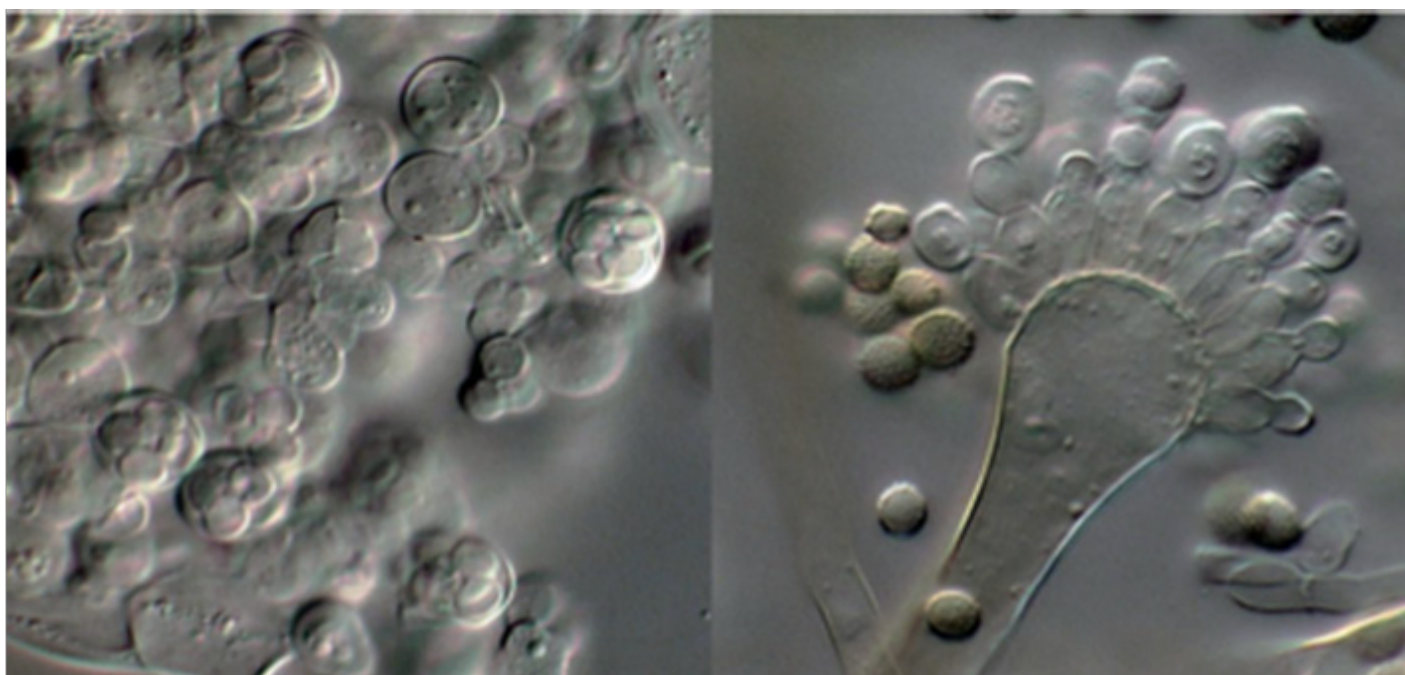


Fig. 1. Dos nombres, un hongo. *Eurotium herbariorum* es un hongo pleomórfico el cual tiene una fase de reproducción sexual mediante ascosporas (el teleomorfo; a la izquierda) y otra fase de reproducción asexual mediante conidios (el anamorfo, a la derecha), este se denomina *Aspergillus glaucus*. Imágenes cortesía de Paul F. Cannon, Royal Botanic garden, Kew, London, UK. Y del Centre for Agricultural Bioscience International (CABI).

Clasificación de secuencias ambientales

Ahora que la doble nomenclatura ha sido abolida, el siguiente gran reto para la taxonomía fúngica es desarrollar estrategias para la clasificación de secuencias ambientales. Nadie sabe cuántas especies sin nombre ya se han detectado a través de estudios de metagenómica –en un estudio reciente se apuntan 85.000 nuevas especies, tantas como hongos conocidos y descritos en la actualidad, entre 80.000 y 100.000–, y este hecho por sí solo indica la necesidad de una base de datos centralizada de las especies que se basan en secuencias ambientales, pero ya en 2007 el número de grupos de genes rRNA estrechamente relacionados (especies moleculares) que han sido descubiertos con la química de Sanger se ha acercado al número de especies que se describen a partir de especímenes, y la tasa de descubrimiento de especies moleculares ha aumentado, seguramente por la aplicación de la secuenciación de última generación en la metagenómica.

Los estudios ambientales han revelado no sólo las especies individuales, sino también grandes clados de hongos, como la clase *Archaeorhizomycetes*, del phylum *Ascomycota*, que contiene un grupo diverso de hongos que habitan la Tierra. Las secuencias de los miembros de *Archaeorhizomycetes* han sido publicadas en más de 50 estudios independientes, y pueden ser agrupados en más de 100 entidades a nivel de especie. Sin embargo, sólo una especie, *Archaeorhizomyces finlayi*, se ha descrito formalmente, basado en un cultivo que se obtuvo a partir de raíces de coníferas. Un ejemplo similar es proporcionado por el phylum *Rozellomycota* (también conocido como *Cryptomycota*), un gran clado de hongos acuáticos y que habitan en el suelo, el cual se conoce casi en su totalidad a partir de secuencias ambientales.

Lecciones de taxonomía procariota

Muchos de los desafíos a los que se enfrentan los taxónomos de micología son paralelos a los que se enfrentan los investigadores que estudian los procariotas (bacterias), pero las prácticas de nomenclatura adoptadas para los dos grupos son a menudo divergentes. Una diferencia clave entre los códigos de nomenclatura para los procariotas y hongos es que el código procariota especifica los medios técnicos para reconocer nuevas especies, y todas las especies nuevas se registran en la *Revista Internacional de Microbiología Sistemática y Evolutiva*, mientras que el CIN no especifica ninguna técnica particular para el reconocimiento de especies de hongos, que pueden ser publicados en diversos lugares. Bajo el CIN, la aceptación de las especies de hongos se deja a la comunidad de científicos de la micología; los nuevos nombres son aceptados y usados por otros micólogos y aparecen en la literatura, o simplemente se ignoran. El sistema altamente regulado para procariotas promueve la uniformidad en los criterios de reconocimiento de especies y preserva la estabilidad de nombres, pero también puede limitar la tasa de descripción de especies. Por el contrario, para los hongos existe el sistema de *laissez-faire* (dejad hacer) tanto en los criterios de reconocimiento de especies que no son uniformes (por ejemplo, muchas descripciones de nuevas especies carecen de soporte de datos moleculares), como en la extensa sinonimia, un desafío permanente en la recopilación de nuevos nombres (aunque el nuevo requisito para el registro de nombres va a resolver este problema) y en los frecuentes cambios en las clasificaciones a

nivel de especie. Al mismo tiempo, la sistemática de los hongos promueve rápidos cambios taxonómicos para reflejar los nuevos descubrimientos y los avances en la reconstrucción filogenética.

Los cambios en las clasificaciones de las especies de hongos a menudo se producen cuando se descubre la evidencia de la diversidad genética dentro de táxones morfológicos. Por ejemplo, podría tener lectores sorprendidos al enterarse de que la especie de *Penicillium* de Alexander Fleming, *Penicillium chrysogenum*, es ahora conocido como *P. rubens*, pero el cambio se hizo necesario cuando los datos, filogenéticos y de genética de poblaciones mostraron que *P. chrysogenum* albergaba varias especies genéticamente aisladas. Los micólogos de más edad pueden quejarse de tener que aprender un nuevo nombre, pero la nueva clasificación refleja el estado actual del conocimiento, y los nuevos estudiantes no serán molestados por el cambio. Por el contrario, en la bacteria arquea *Sulfolobus islandicus* se demostró que comprende varias especies aisladas genéticamente de acuerdo con las técnicas de genética de poblaciones, que mostraron aislamiento genético por la distancia y también evidencia de especiación ecológica, pero estas especies se quedaron sin nombre, en parte porque la técnica, ahora anticuada, de hibridación ADN–ADN se habría requerido para las descripciones de especies formales. Es cierto que hay grandes desafíos en la determinación de los límites de las especies de bacterias y arqueas, sobre todo en el caso de que haya una amplia transferencia horizontal de genes. Sin embargo, las diferencias en la práctica de la nomenclatura para las bacterias y arqueas frente a los hongos, pueden ser parte de la razón por la que el número de nuevas especies descritas por año es aproximadamente el doble para los hongos que para los procariotas. El CIN aumentará la centralización de la autoridad taxonómica para los hongos, aunque los criterios básicos para el reconocimiento de las especies de hongos se mantendrán sin restricciones. Es importante que a medida que se implementan las nuevas normas del CIN, la Comisión General (comisión facultada para conservar o rechazar nombres de táxones de hongos, así como para modificar el CIN) actúa con moderación y no hace nada para impedir el progreso en la descripción de las especies nuevas de hongos.

Los micólogos también pueden aprender de la experiencia de los investigadores bacterianos con respecto a la clasificación de las secuencias ambientales. El requisito de que exista un cultivo tipo vivo para la descripción de especies de bacterias o arqueas es comparable a la exigencia de una muestra de tipo físico (holotipo) para nombrar las especies fúngicas. Para habilitar el nombramiento de bacterias que carecen de cultivo, pero que son conocidas por “más que una mera secuencia”, Murray y Schleifer sugirieron utilizar el prefijo *Candidatus*, lo que indica que el nombre es provisional. Esta recomendación se ha adjuntado al código bacteriano, pero menos de 400 bacterias y arqueas han sido descritas como especies *Candidatus*. Si los micólogos desean adoptar una nueva categoría similar a *Candidatus* para dar cabida a la gran cantidad de especies descubiertas a través de secuencias ambientales, como se ha sugerido, se tendrá que encontrar la manera de facilitar la taxonomía de alto rendimiento.

El futuro de la taxonomía fúngica

Veinticinco años después de la primera descripción de la PCR, la taxonomía de hongos a nivel de especie se pone al día con la revolución molecular. El cambio ha llegado poco a poco

y ha sido impulsado por las acciones de los micólogos radicales, que burlaron y subvertieron el código nombrando taxones basados en anamorfos o secuencias ambientales. Tales actos individuales de rebelión iluminan el camino a seguir, pero en última instancia, la taxonomía molecular fúngica es una empresa de grupo que puede tener éxito sólo con el apoyo y la participación de la amplia comunidad de micólogos. Los defensores de la taxonomía unitaria trabajaron eficazmente como una comunidad para derogar la doble nomenclatura y ahora se están organizando para resolver los nombres correctos de montones de especies de hongos pleomórficos. Los partidarios de la taxonomía molecular basada en la secuencia de nucleótidos (o bases) no la han unificado tanto. La publicación de *P. cryptodigmaticus* demuestra que es "legalmente" posible, bajo el código, describir nuevas especies en base a secuencias (siempre y cuando un tipo nominal se deposite en alguna parte), pero se necesita un esfuerzo de la comunidad para desarrollar los protocolos ampliamente aceptados y necesarios para un movimiento de masas hacia la taxonomía molecular basada en secuencias, seguramente a través de flujos de trabajo automatizados.

Por lo menos un tema difícil parece haber sido resuelto: el espaciador transcrito interno (ITS), región del gen rRNA nuclear, ha sido propuesto como el locus de **código de barras de hongos** y se está utilizando para la delimitación de especies basada en secuencias en estudios ambientales para muchos grupos de hongos. Sin embargo, otros temas clave siguen siendo problemáticos. Se lee que las secuencias proporcionadas por las ITS y la subunidad grande (LSU) rRNA, filogenéticamente tratable, no pueden obtenerse hasta que haya mejoras en la secuenciación de última generación. La regla de oro para la delimitación de especies en los hongos es el **método de concordancia genealógica**, que utiliza múltiples *loci* genéticos

para evaluar los límites de recombinación. Estos enfoques no son aplicables en los conjuntos de datos ambientales, que por lo general utilizan loci únicos amplificados de ADN agrupados. Por otra parte, con el fin de llevar a cabo la delimitación de especies en muestras ambientales, las consecuencias de la heterogeneidad intragenómica en genes multicopia rRNA, así como el error debido al conflicto entre el árbol gen frente al árbol especie, tendrá que ser determinado empíricamente en relación con los conjuntos de datos multigenes. Los nombres de las especies conocidas sólo de secuencias ambientales pueden requerir una nueva categoría taxonómica comparable a la situación *Candidatus* para las bacterias y arqueas, o un sufijo de identificación, por ejemplo, ENAS (secuencia de ácidos nucleicos del medio ambiente) o eMOTU (unidad taxonómica operativa molecular del medio ambiente). La realidad de la secuencia de errores podría prevenir la denominación hasta que la misma secuencia se encuentre en un segundo momento y por un grupo de investigación diferente. Por último, las bases de datos micológicas como MycoBank deben prepararse para una llegada masiva de nuevas especies, sobre todo si se desarrollan los flujos de trabajo automatizados para describir los hongos a partir de secuencias de ácidos nucleicos ambientales. Dada la tasa de descubrimiento de especies, los micólogos no tienen otros 25 años para reflexionar sobre el problema.

Autores

David S. Hibbett is at The Biology Department, Clark University, Worcester, Massachusetts 01610, USA.

John W. Taylor is at The Department of Plant and Microbial Biology, University of California, Berkeley, California 94720, USA.

El código de ADN en hongos no es perfecto

En esta era de nuevas tecnologías, los investigadores utilizan con frecuencia para la identificación de las especies pequeños fragmentos de genoma (ADN de un organismo), como si se tratase de las líneas negras en un código de barras. Sin embargo, en un artículo publicado en MycoKeys, en el que participan investigadores de la Universidad de Göteborg (Suecia), del Real Jardín Botánico-CSIC (España), de la Universidad de Uppsala (Suecia), y de la Universidad de Tartu (Estonia), se ha detectado que una de las regiones del ADN designadas como código de barras genético puede presentar una anomalía.

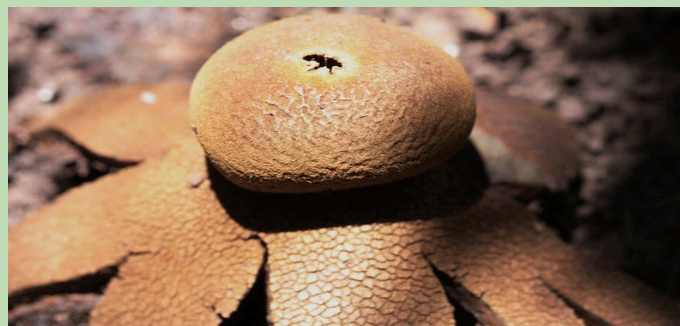
La herramienta de identificación conocida como el código de barras de ADN, se basa en confrontar el fragmento de ADN (barcode) de una muestra desconocida, con una o más secuencias de muestras bien identificadas; lo que permite la identificación rápida, para los investigadores que lo necesiten. Esta herramienta es especialmente útil, para la identificación de organismos poco visibles, o con pocos caracteres morfológicos para su identificación, tales como los hongos.

En los hongos, se utilizan como código de barras de ADN las secuencias de ITS, que presentan dos separadores internos transcritos llamados ITS1 e ITS2. Lo más relevante de la secuencia ITS es que no hay genes insertados en la región, por lo que se desarrolla sin ningún tipo de restricciones y, por lo tanto, cambia muy rápidamente. Debido a esta propiedad, el ITS se utiliza para diferenciar entre miles de especies de hongos.

Sin embargo, hace más de diez años se observó que algunas especies tenían muy diferente la región ITS1, incluso entre

especies estrechamente relacionadas, lo que parecía sugerir que algún proceso desconocido estaba complicando el análisis del código de barras, y desde luego otros tipos de análisis de parentesco, si la extraña parte en ITS1 no se excluía.

Ahora, los autores del trabajo volvieron a hacer nuevas extracciones de ADN de tres especies para comprobar que, los investigadores anteriores, no habían cometido un error. A pesar de cambiar el método de extracción y los especímenes, siempre obtuvieron el mismo resultado: la secuencia de ITS1 era idéntica a las secuencias antiguas, y presentaban una zona anómala en la región ITS1. El código de ADN en hongos no es perfecto.



Astraeus sirindhorniae, *Lactarius luridus* y *Russula olivacea* han sido las especies estudiadas

ROSENBLAND, M.A. *et al.* (2016). *Micokeys*, doi: 10.3897/micokeys@8579