

IDENTIFICACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR DEL MACROHONGO USADO PARA EL TRATAMIENTO DE HERIDAS EN LA COMUNIDAD INDÍGENA DE PURACÉ

Nhora Alexandra Almendra Tombé

Universidad del Valle, Apartado Aéreo 25360, Cali, Colombia

correo electrónico: nhora.almedra@correounivalle.edu.com

Programa académico: 3140-Biología

2025

Ph. D Ana Cristina Bolaños Rojas

Universidad del Valle, Apartado Aéreo 25360, Cali, Colombia.

correo electrónico: ana.bolanos@correounivalle.edu.co

RESUMEN

Los hongos gasteroides son utilizados para el tratamiento de heridas cutáneas en la medicina tradicional de la comunidad indígena de Puracé del departamento del Cauca. Las especies usadas se han determinado previamente con base en caracteres morfológicos, sin embargo, debido a los frecuentes reacomodos taxonómicos que han modificado la delimitación de géneros y especies en este grupo y que generan confusión en su determinación, es importante analizarlas a nivel molecular. De acuerdo a lo anterior, este estudio buscó identificar estas especies mediante un enfoque integrador de su morfología y el análisis de las regiones ITS y LSU. Para ello, se recolectaron especímenes en la vereda El Hato, municipio de Puracé y se revisaron colecciones depositadas en los herbarios CUVC (Universidad del Valle) y CAUP (Universidad del Cauca). Los análisis filogenéticos de Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana realizados confirmaron dos linajes vinculados: en uno de ellos, la secuencia analizada se agrupó con alto soporte en el clado *Scleroderma verrucosum*, previamente identificado como *Scleroderma citrinum*; hecho que representa un nuevo registro molecular para la región. El otro linaje se ubicó dentro del género *Bovista*, antes identificado como *Lycoperdon* sp., no obstante, la resolución obtenida fué insuficiente y no permitió su asignación específica, probablemente debido a las pocas secuencias referencia disponibles en las bases de datos. Estos hallazgos aportan información línea base para la identificación de los hongos gasteroides y resaltan la necesidad de muestrear y generar información molecular en las bases de datos. Además, de subrayar la importancia de documentar las prácticas tradicionales; un conocimiento biocultural en riesgo y constituyen una base para investigaciones futuras en fitoquímica y conservación de la biodiversidad fúngica.

Palabras clave: biodiversidad, Bovista, filogenia, Hongos gasteroides, Molecular data, nuevas secuencias, puffballs, Scleroderma.

ABSTRACT

Gasteroid fungi are traditionally used for treating skin wounds by the indigenous community of Puracé in the Cauca department, Colombia. These species have previously been identified based on morphological characters; however, frequent taxonomic rearrangements have altered the delimitation of genera and species in this group, leading to confusion in their determination. To address this issue, the present study aimed to identify the species through an integrative approach combining morphology with molecular analysis of the ITS and LSU regions. Specimens were collected in the village of El Hato (Puracé municipality) and examined alongside collections deposited in the CUVC

(Universidad del Valle) and CAUP (Universidad del Cauca) herbaria. Phylogenetic analyses using Maximum Likelihood and Bayesian Inference confirmed two distinct lineages. In one, the analyzed sequence clustered with high support within the *Scleroderma verrucosum* clade, a specimen previously identified as *Scleroderma citrinum*, representing a new molecular record for the region. The second lineage was placed within the genus *Bovista*, formerly identified as *Lycoperdon* sp.; however, the resolution was insufficient to allow species-level assignment, likely due to the limited availability of reference sequences in public databases. These findings provide baseline information for the identification of gasteroid fungi and highlight the need for expanded sampling and the generation of molecular data in databases. Furthermore, by documenting traditional practices, anat-risk biocultural knowledge, this study establishes a foundation for future research in phytochemistry and fungal biodiversity conservation.

Key words: biodiversity, Bovista, gasteroid fungi, Molecular data, new sequences, phylogeny, puffballs, Scleroderma

INTRODUCCIÓN

La diversidad fúngica global se estima en alrededor de 2,5 millones de especies, de las cuales más del 90% permanecen desconocidas para la ciencia (Niskanen *et al.*, 2023). En Colombia hasta 2023, se registraron 7619 especies, de las cuales 2555 pertenecen al filo basidiomycota y de estas, 1861 especies pertenecen al subfilo Agaricomycotina. Las proyecciones sugieren que el país podría albergar entre 105.600 y 300.000 especies (Charria-Girón *et al.*, 2023; Gómez-Montoya *et al.*, 2022). Esta subrepresentación refleja no solo la necesidad de ampliar los inventarios, sino también de revisar críticamente la identidad de especies poco estudiadas y de relevancia cultural.

Dentro de esta diversidad, los basidiomicetos con forma gasteroide han sido objeto de revisiones taxonómicas complejas en la micología, ya que la antigua clase Gasteromycetes es polifilética, y los géneros tradicionalmente agrupados en dicha clase, se distribuyen en distintas familias y órdenes: *Lycoperdon* y *Bovista* en Agaricaceae, y *Scleroderma* en Sclerodermataceae (Hibbett *et al.*, 1997, 2007; Binder y Bresinsky, 2002). Estudios moleculares multilocus posteriores confirmaron que *Lycoperdon* sensu lato no era monofilético, lo que llevó a segregar subgéneros y proponer nuevos géneros (Vizzini y Ercole, 2017; Yang *et al.*, 2025). En paralelo, *Bovista* se validó como un clado monofilético dentro de Agaricaceae, diagnosticable por su tipo de capilicio (Li, *et*

al., 2024), mientras que *Scleroderma* se consolidó como un linaje ectomicorrícico en Boletales con especies de difícil delimitación morfológica (Nouhra *et al.*, 2012; Wu *et al.*, 2023; Patel y Rajput, 2023). Estos avances muestran que los problemas actuales se concentran en la correcta delimitación intragenérica y en la confirmación molecular de especies.

Los macrohongos gasteroides han tenido un lugar destacado en las prácticas etnomicológicas (Martínez-Escobedo *et al.*, 2021; Vasco-Palacios y Moncada, 2022). Estos linajes históricamente agrupados como "bejines" o "puffballs" (Nouhra *et al.*, 2012; Kirk *et al.*, 2008), han sido especialmente valorados por sus propiedades biológicas (Krakhmalnyi *et al.*, 2023). Especies como *Calvatia cyathiformis* se emplean en medicina popular por su acción antihemorrágica y antiséptica (Ribeiro, 2022; Cortez, 2009), mientras que *Lycoperdon* y *Scleroderma* han sido utilizados como agentes hemostáticos y cicatrizantes en contextos etnomicológicos neotropicales (Rocabado *et al.*, 2007; North American Mycological Association, 2023; González *et al.*, 2021, 2022, 2024; Pinzón-Osorio y Pinzón-Osorio, 2018; Pei *et al.*, 2025).

En Colombia, se han desarrollado estudios sobre el uso de hongos en regiones como el departamento de Boyacá, donde se exalta la importancia del conocimiento de las comunidades y su papel fundamental para el desarrollo de investigación, también en las comunidades del Caribe Colombiano, Chocó, Amazonas y Caquetá (Peña Cañón y Henao Mejía, 2014; Ortiz Moreno *et al.*, 2022). Para el departamento del Cauca, específicamente en las áreas de Sotará y Puracé, se ha documentado el uso de especies del género *Scleroderma* y *Lycoperdon* en el tratamiento de heridas cutáneas (González-Cuéllar *et al.*, 2021, 2022; 2024). Sin embargo, la mayoría de estos registros se basan en caracteres morfológicos y carecen de confirmación molecular, lo que restringe la posibilidad de corroborar molecularmente los registros etnomicológicos y genera ambigüedad sobre la identidad real de los taxones empleados con fines medicinales. (Gómez-Montoya *et al.*,

2022; Bautista-Hernández *et al.*, 2018; Franco Molano *et al.*, 2022; Vasco Palacios *et al.*, 2008a, 2008b; Zambrano Forero *et al.*, 2023).

En este contexto, el presente estudio se propone responder a la pregunta: ¿Cuál es la identidad taxonómica de los macrohongos gasteroides utilizados tradicionalmente por la comunidad indígena de Puracé para tratar heridas cutáneas? Para ello se integran descripciones morfológicas y análisis moleculares (ITS/LSU) con información etnográfica, con el fin de validar científicamente los registros de uso ancestral y establecer la correspondencia entre los caracteres morfológicos y los datos moleculares de las especies recolectadas, particularmente aquellas previamente reportadas como *Scleroderma citrinum* y *Lycoperdon* sp. Así mismo, la generación y depósito de secuencias neotropicales en bases de datos internacionales como GenBank contribuirá a actualizar los catálogos micológicos. Se plantea la hipótesis de que este enfoque aportará significativamente a la identificación taxonómica de este bien del hongo medicinal y aportar al entendimiento de la variabilidad morfológica y filogenética de los géneros *Scleroderma*, *Lycoperdon* y *Bovista*, fortaleciendo el conocimiento sobre la biodiversidad fúngica y la conservación del patrimonio biocultural del Cauca.

MÉTODOS

Área de estudio

La vereda El Hato está localizada en el municipio de Puracé, Cauca (Colombia), entre 1768 y 2674 msnm, con temperatura media de 13°C y precipitación anual de 2177 mm. El área corresponde a bosque húmedo montano bajo, según Holdridge (González *et al.*, 2021). El área de estudio se localiza dentro del territorio del Cabildo Indígena de Puracé, cuya participación fue esencial para

la delimitación del área de muestreo. A partir del conocimiento tradicional de los sabedores locales, se identificaron los lugares donde el hongo empleado en la medicina tradicional es observado con mayor frecuencia. Este conocimiento permitió definir cinco puntos georreferenciados (P1: 2°26'32.39"N, 76°32'25.38"W; P2: 2°29'16.42"N, 76°37'13.24"W; P3: 2°22'0.48"N, 76°29'0.29"W; P4: 1°44'4.63"N, 76°51'2.62"W; P5: 1°44'4.63"N, 76°51'2.62"W), que en conjunto abarcan un área total de 113 452,76 m² (Fig. 1).

Colecta y procesamiento de especímenes

Se realizaron tres eventos de colecta entre los meses de abril y julio de 2024, con la participación de miembros del cabildo indígena de Puracé. Los sabedores y mayores de la comunidad identifican el basidioma principalmente por sus características morfológicas externas, como la forma y la coloración, y señalan que, al ejercer presión sobre él, este libera un “polvo” de color café, que es aplicado directamente sobre heridas cutáneas como parte del tratamiento tradicional. Asimismo, la comunidad reconoce únicamente el basidioma en estado maduro y no emplea un nombre específico para referirse a la especie; sin embargo, la asocian con nombres como “pedo de duende”, “pedo de bruja” y “pedo de mula” para identificarla. El criterio de colecta se basó en la información proporcionada.

Los basidiomas colectados fueron rotulados y depositados en bolsas de papel kraft siguiendo protocolos (Fidalgo y Bononi, 1989; Berkes *et al.*, 2000; Mueller *et al.*, 2004). Los especímenes se procesaron en el Laboratorio de Investigaciones Microbiológicas (LIM) de la Universidad del Valle y posteriormente se depositaron en el Herbario CUVC (Cali, Colombia). Al análisis se adicionó los especímenes ACB1647, ACB1558a, ACB1558b del Herbario CUVC y Gonzáles-C 006 y Gonzáles-C 033 de la Universidad del Cauca (CAUP), previamente colectados. De las últimas dos

muestras sólo se dispuso de fragmentos de basidioma, por lo que se describieron características parciales apoyadas en registros fotográficos.

Análisis morfológico

Los caracteres macroscópicos a considerar fueron (forma, tamaño, color y textura del exoperidio, endoperidio y gleba, presencia de subgleba y tipo de dehiscencia), para estandarizar la coloración se empleó la guía HTML Color Codes, (2024) (Vasco-Palacios *et al.*, 2008a, Montagner *et al.*, 2015 y Nouhra *et al.*, 2012). Para este estudio se utilizó el estereoscopio Nextcope NSZ 818 y cámara Canon EOS 6D Mk II, en caja de luz LED (1644).

El estudio de las características microscópicas se llevó a cabo en el microscopio Nikon ECLIPSE Ni-U 90 (1000×, aceite, NA 1.30), acoplado a cámara Nikon DS-Fi3 (5 MP); se midieron al menos 30 esporas por ejemplar de las cuales se registró dimensiones (largo × ancho, μm), índice Q ($L/A \pm \text{DE}$), forma, ornamentación y pedicelo. Para el análisis del capilicio se observó el tipo, poros e hifas generativas. Las preparaciones se realizaron de acuerdo a Largent (1986); los colorantes empleados fueron KOH 3%, lactofenol-algodón azul, floxina 1% y reactivo de Melzer. Las micrografías se calibraron con micrómetro y se analizaron en ImageJ v1.55

Con los caracteres observados se elaboró una matriz comparativa y una clave dicotómica jerárquica, contrastando con monografías y estudios filogenéticos de *Scleroderma* (Sims *et al.*, 1995, Montagner *et al.*, 2015; Martín *et al.*, 2009; Nouhra *et al.*, 2012, Pinzón-Osorio y Pinzón-Osorio, 2018), *Lycoperdon* y *Bovista* (Li *et al.*, 2024; Yang *et al.*, 2025; Vizzini y Ercole, 2017; Baseia, 2005; Bautista-Hernández *et al.*, 2011), complementadas con MycoBank e Index Fungorum.

Extracción de ADN genómico, amplificación y secuenciación de loci códigos de barra

De las muestras en estudio, se tomó entre 10 mg de tejido, se maceró en nitrógeno líquido, se incubó en SDS al 1 % y se sonicó a 35 kHz, durante 10 seg (Janowski *et al.*, 2019) en el Sonicador (BRANSON, 5800) del departamento de Química de la Universidad del Valle). La extracción se realizó conforme a las indicaciones del kit de extracción Plant/Fungi DNA Isolation (Insert Product # 26.200 - Norgen Biotek Corp). Se amplificó la región ITS (ITS1, 5.8S, ITS2) con los primers ITS5 (5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3') e ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') (White *et al.*, 1990; Kasuya *et al.*, 2023; Zhang *et al.*, 2020; Sandoval-Islas y Hernández-Navarro, 2025) y la subunidad grande ribosomal LSU con los primers LR5 (5'-TCCTGAGGGAACTTCG-3') (Vilgalys y Hester, 1990; Kasuya *et al.*, 2023) y CTB6 (5'-GCATATCAATAAGCGGAGG-3') (Haynes *et al.*, 1995; Bates *et al.*, 2009; Motato-Vásquez *et al.*, 2025). Para el proceso de amplificación se preparó una PCR con un volumen total de 25 µL con la siguiente composición: base H₂O 15,58 µL, buffer de PCR 10X, (NH₄)₂SO₄ 2 µL, MgCl₂ 25 mM 0,4 µl de dNTPs 40 mM, 0,5 µl de cada primer 10 pmol (forward y reverse), 0,5 µl de BSA recombinante 20 mg/mL, 0,5 de µl PVP 10%, 0,5 de µl DMSO 10%, 0,12 µl de Taq polimerasa 5 u/µl, y 14,58 µl de agua ultra purificada. El perfil térmico estándar aplicado fue: desnaturalización inicial a 95°C x 5 min seguido de 45 ciclos a 95°C x 1 min, 52°C x 45 seg, 72°C x 1 min, y una extensión final de 72°C x 10 min. Las muestras se verificaron en gel de agarosa 1,5 % teñida con GelRed® Biotium (Conlon *et al.*, 2022; Phosri *et al.*, 2009; Janowski *et al.*, 2019), la purificación de los productos de PCR se llevó a cabo usando las condiciones propuestas por Schmitz y Rienser (2006) (Motato-Vásquez *et al.*, 2025). Teniendo en cuenta la calidad en amplificación, se seleccionaron las muestras Gonzáles-C 006, Gonzáles-C 033, ACB1558a, ACB1558b, ACB1903 y ACB1904, y se enviaron a MacroGen Ltd.; Seúl, República de Corea para secuenciación

bidireccional (Sanger); en las reacciones de secuenciación se usaron las mismas combinaciones de primers usadas en la amplificación por PCR.

Análisis de datos

Las secuencias obtenidas fueron visualizadas, ensambladas y editadas en Geneious Prime® v2025.2.1 (Biomatters, 2023) y alineadas en R v4.3.0, empleando las librerías *msa* y *Biostrings* (R Core Team, 2023). La selección del modelo evolutivo se realizó según el criterio de información de Akaike corregido (AICc). La inferencia filogenética se llevó a cabo mediante Máxima Verosimilitud (ML) en R con los paquetes *ape*, *phangorn* y *ggtree* bajo el modelo GTR+G (4) +I (Yu *et al.*, 2017), e Inferencia Bayesiana (BI) en BEAST v1.10.4 (Suchard *et al.*, 2018).

Los análisis bayesianos emplearon dos cadenas MCMC de 10 millones de generaciones, muestreo cada 1000 generaciones y modelo de especiación de Yule. La convergencia de las cadenas se evaluó mediante la desviación estándar de las frecuencias de partición (< 0.01). Se descartó el 10 % inicial de las generaciones como *burn-in*, y el árbol consenso fue generado en TreeAnnotator (Rambaut, 2014), para su posterior visualización y edición en FigTree v1.4.4. Se consideraron significativamente soportadas aquellas ramas con valores de bootstrap (BS) $\geq 70\%$ y probabilidades posteriores (BPP) ≥ 0.90 .

En los análisis filogenéticos se integraron secuencias de referencia descargadas de GenBank. Los criterios de selección incluyeron la disponibilidad pública de las secuencias y una identificación taxonómica respaldada por publicaciones científicas. Durante el proceso se filtraron aquellas secuencias que, a pesar de contar con un voucher de identificación, mostraban incongruencias taxonómicas, errores de asignación o generaban ruido en el alineamiento, con el fin de garantizar la robustez de los análisis.

RESULTADOS

Época de fructificación

Se recolectaron un total de 30 basidiomas, agrupados en ocho muestras. Las muestras corresponden a los códigos ACB1902, ACB1903, ACB1904, ACB1905, ACB1906, ACB1907, ACB1908 y ACB1909 (fig.4). Al analizar las variables climáticas de los 7, 15 y 30 días previos a cada colecta, se observaron algunas tendencias asociadas a la abundancia de basidiomas. La mayor colecta (15 de abril) coincidió con un período caracterizado por temperaturas medias y máximas más altas ($T2M \approx 16,8\text{ }^{\circ}\text{C}$; $T2M_MAX \approx 22,7\text{ }^{\circ}\text{C}$), una humedad relativa más baja ($RH2M \approx 81\%$) y baja precipitación acumulada en los 7 días previos ($\approx 0,9\text{ mm}$). En contraste, la menor colecta (28 de abril) ocurrió tras un periodo con alta humedad relativa ($RH2M \approx 88\%$) y mayores precipitaciones ($\approx 7,4\text{ mm}$ en los 7 días anteriores). La colecta intermedia (10 de julio) se dio en condiciones de temperaturas más bajas ($T2M \approx 14,2\text{ }^{\circ}\text{C}$) y precipitaciones moderadas ($\approx 3,1\text{ mm}$), manteniéndose una humedad relativa alta ($RH2M \approx 86,6\%$) (NASA Langley Research Center POWER Project, 2024).

Filogenia Molecular

A partir de las seis muestras seleccionadas se obtuvieron seis secuencias concatenadas correspondientes a las regiones ITS y LSU. Estas fueron analizadas mediante el programa BLASTn del portal NCBI, con el fin de evaluar su similitud con secuencias depositadas en bases de datos públicas. Los resultados indicaron que la muestra Gonzales-C 006, previamente identificada como *Scleroderma citrinum* (Gonzales Cuellar, 2024), presentó afinidad con especies del género

Scleroderma, con valores de identidad superiores al 99 % y coberturas mayores al 90 %. Por su parte, las muestras Gonzales-C 033 (previamente ubicada en el género *Lycoperdon*) (Gonzales Cuellar, 2024), ACB1558a, ACB1558b, ACB1903 y ACB1904 mostraron una alta correspondencia con especies del género *Bovista*, registrando porcentajes de identidad superiores al 99 % y coberturas mayores al 90 %, lo que representa coincidencias altamente significativas (E-value = 0, 0).

Con base en estos resultados, se llevaron a cabo dos análisis filogenéticos independientes: uno correspondiente a la muestra Gonzales-C 006, adscrita al orden *Boletales*, y otro para el conjunto de muestras pertenecientes al orden *Agaricales*. Para ambos análisis, las secuencias obtenidas fueron complementadas con datos de referencia disponibles en GenBank.

Filogenia de Boletales basada en datos de secuencia concatenadas de ITS+LSU

El alineamiento correspondiente al clado *Boletales* incluyó 94 secuencias (54 especies), comprendiendo principalmente géneros gasteroides como *Scleroderma*, *Pisolithus*, *Astraeus*, *Calostoma*, *Suillus* (grupo externo) y Gonzales-C 006. El conjunto de datos tuvo un total de 2410 caracteres, de los cuales 393 fueron idénticos, con un 59,3% de identidad entre pares. La composición de bases fue A (21,3%), C (26,6%), G (27,5%) y T (24,4%), con un contenido de GC de 43,4% y un 19,9% de gaps. El modelo de sustitución óptimo estimado fue GTR+G (4) +I. Para *Scleroderma*, se incluyeron 44 secuencias concatenadas, que representaron 22 especies.

El análisis filogenético del clado *Boletales*, reveló topologías con algunas diferencias notables entre los dos métodos de inferencia utilizados. El análisis de Máxima Verosimilitud (ML) (Fig. 2a) no agrupó a todas las especies del género *Scleroderma* en un único clado, sino que las distribuyó en varias ramas con soportes BS que iban desde 61% hasta 100%. La muestra Gonzales-C 006, se

ubicó en el complejo de *Scleroderma* que incluye las especies *S. areolatum*, *S. verrucosum*, *S. veneatum*, *S. macalpinei*, *S. laeve*, *S. cepa*, *S. nastii*, *S. dunensis* y *S. nitidum*. Relacionándose con *Scleroderma areolatum* (RT00036) de Estados Unidos (US), con BS de 57,3%, un valor moderado que sugiere afinidad, pero con soporte muy limitado. No obstante, el nodo del complejo tiene BS = 100% y BPP = 1,00, lo que respalda de manera concluyente su ubicación dentro del género *Scleroderma*.

En contraste, el análisis de BI (fig. 2b) consolidó todas las especies de *Scleroderma* en un clado único con soporte de 1,00. Sin embargo, se observa la formación del complejo de *Scleroderma* descrito anteriormente y la muestra González-C 006, se ubicó dentro del mismo, pero se relacionó estrechamente con *Scleroderma verrucosum* (SV_5602_BF) (BPP = 0,96), mostrando mayor cercanía con secuencias provenientes de China (CN). Ambos análisis coinciden en ubicar a la muestra González-C 006 dentro del género *Scleroderma*, aunque difieren en la resolución de afinidades específicas y en los valores de soporte. Otra observación recurrente es que la especie *S. citrinum* aparece en un complejo distinto al que incluye a la muestra González C006.

Filogenia de Agaricales basada en datos de secuencia concatenadas de ITS+LSU.

El alineamiento para Agaricales incluyó 132 secuencias de referencia, que incluye los géneros *Bovista*, *Globalia*, *Morganella*, *Calvatia*, *Utraria*, *Lycoperdon*, *Vascellum*, *Holocotylon*, *Leptocaulus*, *Fuscospina*, *Leptocaulis*, *Pseudoperdon*, *Bryoperdon*, *Disciseda*, *Apioperdon*, *Lycoperdiscus*, *Lycoperdia*, *Sinoperdon*, *Bovistella*, y *Abstoma* como grupo externo. A estas se le agrega las cinco secuencias concatenadas obtenidas en el estudio, para un total de 137 secuencias (81 especies). El conjunto de datos tuvo 2288 caracteres, con 1384 sitios idénticos (60,8%), una identidad por pares del 90,0%. La composición de bases fue A (25,5%), C (20,7%), G (26,3%) y T

(27,4%), con un contenido GC del 41,3%. El modelo de sustitución óptimo estimado fue GTR+G (4)+I. Del género *Bovista* se incluyeron 37 secuencias concatenadas, que presentaron 16 especies.

La evidencia morfológica y molecular ubica las muestras del estudio (González-C 033, ACB1558a, ACB1558b, ACB1903 y ACB1904) dentro del clado monofilético de *Bovista* (Fig. 4), con alto soporte (BPP = 1,00; BS = 80%), lo que confirma su clasificación dentro del género. Estas muestras se agruparon estrechamente con especies de referencia como *Bovista litangensis* (HMAS_258801; HMAS_258800) de China (CN) y *B. nigrescens* (SyJJ980905) de Suecia (SE) y *B. nigrescens* (YuR3672) de Rusia (RU). Los análisis filogenéticos confirmaron que las muestras estaban estrechamente relacionadas con la especie *B. litangensis* con un soporte muy fuerte (BPP = 0.99; BS = 93.3%) y la relación con *B. nigrescens* también se consideró sólida (BPP = 0,96; BS = 82,1). No obstante, aunque existe afinidad tanto con *B. litangensis* como con *B. nigrescens*, las relaciones internas dentro del clado de *Bovista* presentaron menor robustez (BPP < 0.7; BS < 70% en algunos nodos), lo que refleja incertidumbre en la delimitación de especies. Por ello, si bien las muestras muestran proximidad con ambas especies, la resolución disponible no permite asignarlas con certeza a un nivel específico.

Morfología

A partir de la compilación de una matriz que sintetiza datos morfológicos de las muestras estudiadas (Tabla 2), se identifican dos grupos bien diferenciados correspondientes a los géneros *Scleroderma* (González-C 006) y *Bovista* (ABC1647, ACB1558a, ACB1558b, González-C 033 y ACB1902–ACB1909).

ORDEN BOLETALES

Familia Sclerodermataceae

Scleroderma cf. verrucosum (Bull.) Pers., Syn. meth. fung. (Göttingen) 1: 154 (1801) =

Lycoperdon verrucosum Bull., Hist. Champ. Fr. (Paris) 1: 24 (1791).

Figuras 5a y 6

Descripción: Basidioma globoso a subgloboso, irregularmente ovoide al madurar y ligeramente aplanado en el ápice; con pseudoestípite. Peridio (0.33 mm) bicapa, con exoperidio coriáceo, reseco y finamente reticulado–fisurado (textura rugosa), formado por pequeños polígonos sombreados, predominantemente marrón amarillenta con zonas más claras y otras más oscuras (HTML: #CFB976 - #AC8F57). Endoperidio membranoso, liso, coloración más clara que el exoperidio (HTML: #DBC87D). Gleba pulverulenta, seca y de color gris pálido (HTML: #A3968A9 en la madurez. Esporas subglobosas a globosas $(9,18\text{--}12,01) \times (8,67\text{--}11,71) \mu\text{m}$, de $10,31 \pm 0,73 \mu\text{m}$ de largo y $10,23 \pm 0,74 \mu\text{m}$ de ancho ($n = 30$); relación $Q = 1,01 \pm 0,11$ (0,84–1,25). Ornamentación equinulada–verrucosa, con espinas agudas y uniformemente distribuidas. Inamiloides. Trama monomítica, hifas generativas septadas, de paredes delgadas a moderadamente engrosadas con diámetro de $(3,14\text{--}7,85) \mu\text{m}$ y promedio de $5,2 \mu\text{m}$ ($n = 30$).

Distribución: *S. verrucosum*, es cosmopolita, reportada en bosques del sur de Europa y zonas tropicales (Sims *et al.*, 1995; Sánchez-Ledesma *et al.*, 2023), África (Burkina Faso), Asia (China, India), y regiones de Europa, Norteamérica y Centroamérica (incluyendo Hawái y México) (Sims *et al.*, 1995; Guzmán *et al.*, 2013). En Sudamérica, se ha reportado en Brasil, Argentina (Guzmán *et al.*, 2013; Cortez *et al.*, 2011) y Colombia, cuyo primer registro formal se realizó en 2018, en el bosque húmedo montano bajo de los Cerros Orientales de Bogotá, Cundinamarca (Pinzón-Osorio y Pinzón-Osorio, 2018). Hasta la fecha, no se han publicado nuevos registros para la especie en otras regiones del país en la literatura científica indexada (Putzke *et al.*, 2020; Vargas, 2022).

Material examinado: COLOMBIA, Cauca, municipio de Puracé, vereda Patico, 2°22'0.48 "N; 76°29'0.29"W. 5 de noviembre del 2019. Colector González C, Fabiola E. Gonzáles-C 006.

Notas:

El espécimen González-C 006, fué previamente identificado como *S. citrinum* Pers. por Gonzáles Cuéllar (2024). *S. citrinum* se caracteriza por basidiomas globosos a subglobosos, de peridio grueso, amarillo a anaranjado-amarillento, con escamas toscas dispuestas en roseta en el ápice o los costados, esporas globosas con un retículo grueso y no uniforme, y basidiomas generalmente sésiles o con un estípote muy rudimentario (Guzmán *et al.*, 2013). El material analizado (González-C 006) coincide con *S. citrinum* en la forma globosa a subglobosa del basidioma y la presencia de un pseudoestípote. No obstante, se diferencia principalmente, por presentar un exoperidio finamente reticulado-fisurado en lugar de escamoso, esporas equinuladas-verrucosas en lugar de reticuladas y un pseudoestípote bien desarrollado, lo que lo separa claramente de *S. citrinum*.

El tamaño y la forma del basidioma, la presencia de un pseudoestípote, un peridio delgado (<0.5 mm) de consistencia coriácea y esporas dentro del rango aquí reportado (Fig. 5a, 6) coinciden con lo descrito para *Scleroderma verrucosum* por Cortez *et al.* (2011), Guzmán *et al.* (2013) y Pinzón-Osorio y Pinzón-Osorio (2018). Aunque estos autores mencionan escamas pequeñas en el peridio, en el material analizado se observó una ornamentación retículo-fisurada, esta discrepancia morfológica impide confirmar con certeza la identidad específica, motivo por el cual se asigna de forma tentativa como *S. cf. verrucosum*, esto se ve respaldado por los análisis filogenéticos que ubicaron la muestra dentro del clado de esta especie con alto soporte (BPP = 0,96; Fig. 2b).

ORDEN BOLETALES

Familia Agaricaceae

Bovista sp.

Figuras 5C, 7 y 8

Descripción: basidioma globoso a subgloboso, con tamaño de 25,45 – 46,63 mm de longitud y 32,65–46,63 mm de diámetro, sin estípite. Peridio bicapa: exoperidio coriáceo, marrón oscuro, entre tonos chocolate a pardo (HTML: #88746D, #70605C, #6F5F4D, #695B51, #695B51, #5B556A y #716873). Textura rugoso-fina, fisuras radiales de $\leq 0,5$ mm y en algunos sectores escamas diminutas. Endoperidio membranoso, visible a través de las fisuras. Dehiscencia por poro apical, margen irregular rodeados por restos de gleba pulverulenta; diámetro del poro entre 4 a 11 mm. Gleba algodonosa volviéndose pulverulenta al madurar, color marrón oscuro (HTML: #382B24: #1D1A17). Subgleba ausente. Esporas subglobosas a globosas, con un tamaño de $4,62 \pm 0,35$ μm de largo y $4,38 \pm 0,36$ μm de ancho e índice Q de 1.06 ± 0.08 . Ornamentación lisa o sublisa. Amiloides. Pedicelo esporal, longitud entre 5,00 y 14,01 μm . Capilicio tipo *Bovista*, sin poros. Hifas esqueléticas de $8,02 \pm 1,05$ μm , con paredes engrosadas y pigmentadas de marrón oscuro a marrón-rojizo. Hifas generativas finas, septadas y con fíbulas ocasionales.

Distribución:

Bovista es un género de distribución cosmopolita; en el neotrópico, se han reportado especies en Argentina (Hall, 2013), México (Huelsenbeck, 1993) y en Colombia, donde se ha registrado principalmente en ecosistemas altoandinos como Antioquia, Boyacá, Caldas y Cundinamarca, así como del Parque Nacional Natural Los Nevados y del departamento del Chocó. La escasez de estudios detallados dificulta la evaluación precisa de su distribución y variabilidad morfológica en el país (Vasco-Palacios y Franco-Molano, 2013; Gómez-Montoya *et al.*, 2022). Se ha documentado

en diversos hábitats como pastizales, bordes de caminos y suelos disturbados en zonas templadas y tropicales (Bates, 2009).

Especímenes examinados: COLOMBIA, Cauca, municipio de Puracé, vereda Patia, 2° 3'23.46"N, 77° 3'45.68"W, 20 de noviembre de 2021, colector: González, Fabiola E.; Gonzáles-C 033; COLOMBIA, Cauca, municipio de Bolívar, vereda San Juan, 1°44'4.63"N, 76°51'2.62"W, 15 de febrero de 2024, colector: Imbachi, L.; Bolaños-Rojas, A.C ; ABC1647., 1°44'4.63"N, 76°51'2.62"W, 11 de julio de 2023, colector: Samboni, H; Bolaños-Rojas, A.C.; ACB1558a y ACB1558b. COLOMBIA, Cauca, municipio de Puracé, vereda El Hato, 2°22'36.82"N, 76°26'44.43"W, 15 de abril de 2024, colector: Almendra., A; ACB1902; 2°22'31.64"N, 76°26'45.71"W, colector: Almendra., A; ACB1903; 2°22'31.45"N, 76°26'45.56"W, colector: Almendra., A; ACB1904. 28 de abril de 2024, 2°22'22.92"N, 76°26'43.39"W, colector: Almendra., A; ACB1905; 2°22'24.07"N, 76°26'49.45"W, colector: Almendra., A; ACB1906. 10 de julio de 2024, 2°22'24.70"N, 76°26'48.34"W, colector: Almendra., A; ACB1907; 2°22'26.19"N, 76°26'47.07"W, colector: Almendra., A; ACB1908; 2°22'26.08"N, 76°26'47.61"W, colector: Almendra., A; ACB1909.

Notas:

Los caracteres basidioma globoso, sistema hifal dimítico tipo Bovista, esporas pequeñas (4–5 µm) con pedicelo desarrollado, ornamentación sublista, así como la estructura del peridio y el tipo de dehiscencia, relaciona la muestra en estudio con el género *Bovista* (Bautista Hernández, 2008; Guzmán, 1970; Larsson y Jeppson, 2008; Alfredo, 2017). Esto contrasta con la previa identificación como *Lycoperdon* sp. (González-Cuéllar 2024), ya que el género *Lycoperdon* se distingue por tener un sistema hifal monomítico, esporas sin pedicelo y ornamentación

marcadamente equinulada o verrucosa (Li *et al.*, 2024; Yang *et al.*, 2025; Vizzini y Ercole, 2017; Baseia, 2005; Bautista-Hernández *et al.*, 2011).

La especie en estudio se relaciona con *Bovista fusca*, ya que posee basidiomas globosos a subglobosos, exoperidio marrón oscuro a pardo negruzco de textura rugosa o escamosa, gleba marrón oscura en la madurez sin subgleba, sin estípites, dehiscencia por poro apical y un capilicio tipo *Bovista* sin poros (Bautista Hernández, 2008). Adicionalmente, la muestra también presenta hifas generativas finas con fibulas, característica que en *B. fusca* puede estar presente o ausente. No obstante, la muestra en estudio se diferencia de *B. fusca* por presentar hifas esqueléticas significativamente más delgadas ($8,02 \pm 1,05 \mu\text{m}$). Por otro lado, las esporas de la muestra son subglobosas a globosas, lisas o sublisas ($4,62 \pm 0,35 \mu\text{m} \times 4,38 \pm 0,36 \mu\text{m}$), lo que contrasta con las esporas subglobosas a ovoides y verrugosas de *B. fusca*. La longitud del pedicelo es comparable en ambas especies (5,00–14,01 μm frente a 10–16 μm , respectivamente) (Villarruel *et al.*, 2021).

Con *Bovista graveolens* comparte similitudes importantes en el color, la forma del basidioma y el tipo de capilicio. Sin embargo, se diferencia por una serie de rasgos microestructurales clave ya que la muestra carece de esferocistos en el exoperidio, y sus basidiosporas son lisas o sublisas y de menor tamaño ($4,62 \pm 0,35 \mu\text{m} \times 4,38 \pm 0,36 \mu\text{m}$), mientras que las basidiosporas de *B. graveolens* son verrugosas y más grandes ($5\text{--}6,7 \times 5\text{--}6,5 \mu\text{m}$). La muestra presenta fibulas en las hifas, un rasgo no reportado en la descripción de *B. graveolens*. Las diferencias en la microestructura del exoperidio, la ornamentación de las esporas y la presencia de fibulas son rasgos de divergencia relevantes que la distinguen claramente de esta especie (Bautista Hernández, 2008).

La comparación con *Bovista plumbea*, muestra que el material en estudio coincide en el tamaño del basidioma, que supera los 55 mm como fue propuesto por Bautista Hernández *et al.* (2011), sin embargo, se diferencia de *B. plumbea* por la ausencia de poros en el capilicio y por la coloración

del endoperidio, que en esta especie es gris plomo. La muestra también comparte con *B. plumbea* var. *dens-caulis*, la forma globosa a subglobosa del basidioma, la estructura biestratificada del peridio, el cambio de coloración de la gleba de marrón a marrón oscuro y pulverulento, así como la presencia de capilicio de tipo *Bovista* y esporas globosas a subglobosas. No obstante, se diferencia porque en esta variedad el pedicelo es más largo (9,6–14,4 μm) y presenta una punta roma, mientras que en *B. plumbea* es aguda Dorjey *et al.* (2016). Finalmente, aunque entre las especies revisadas por Krakhmalnyi *et al.* (2023) la más cercana morfológicamente también es *B. plumbea*, persisten las diferencias taxonómicas señaladas.

El material examinado también es semejante a *Bovista litangensis* en la forma de sus basidiomas globosos a subglobosos, una gleba que en la madurez se torna pulverulenta y marrón oscuro y ausencia de pseudostípites y subgleba. En ambos materiales, las esporas son globosas a subglobosas, con pedicelos desarrollados y de tamaño comparable ya que en *B. litangensis* miden $4,8 \pm 0,3 \mu\text{m}$ con pedicelos de 8,5–10,5 μm , mientras que en la muestra analizada alcanzaron $4,62 \pm 0,35 \mu\text{m} \times 4,38 \pm 0,36 \mu\text{m}$, con pedicelos de 5,00–14,01 μm . Sin embargo, la diferencia más notoria se observa en la ornamentación: mientras *B. litangensis* presenta esporas densamente ornamentadas con diminutas verrugas, el material analizado mostró esporas lisas a sublisas (Li *et al.*, 2024).

Con *B. nigrescens*, la muestra en estudio comparte la forma globosa a subglobosa del basidioma, la ausencia de subgleba y la presencia de un capilicio del tipo *Bovista*. Ambas presentan esporas subglobosas a globosas, con dimensiones próximas $4,4\text{--}5,6 \times 4,8\text{--}6,1 \mu\text{m}$ en *B. nigrescens* frente a $4,62 \pm 0,35 \times 4,38 \pm 0,36 \mu\text{m}$ en la muestra), un índice Q semejante (1,06 en ambas) y pedicelos largos con relación al tamaño de la espora. Las principales diferencias se observan en la estructura del peridio y la ornamentación de la espora. En *B. nigrescens*, el exoperidio es verrucoso, efímero

y de aspecto blanco–amarillento, mientras que en la muestra es persistente y coriáceo. El endoperidio de *B. nigrescens* muestra un aspecto metálico que se oscurece al madurar, en contraste con el endoperidio de la muestra, membranoso y visible a través de fisuras radiales y sin brillo metálico. Respecto a la gleba, en *B. nigrescens* puede alcanzar tonalidades negruzcas o púrpuras (Moura, 2019; Perdeck, 1950), mientras que en la muestra permanece marrón oscura, aunque el color es un carácter plástico y debe considerarse con cautela. Finalmente, las esporas de *B. nigrescens* presentan una ornamentación finamente verrucosa (Perdeck, 1950), mientras que en la muestra son lisas a sublisas, lo que constituye la diferencia más clara entre ambos taxones.

Al aplicar claves taxonómicas y revisar la literatura especializada, tampoco fue posible asignar la muestra en estudio a ninguna de las especies de *Bovista* registradas para Colombia *B. abyssinica*, *B. dermoxantha*, *B. dominicensis*, *B. fusca*, *B. plumbea* y *B. trachyspora* (Vasco-Palacios y Franco-Molano, 2013; Gómez-Montoya *et al.*, 2022). De estas seis especies, solo *B. fusca* y *B. plumbea* mostraron cierta similitud con el material examinado al aplicar la clave, mientras que el análisis molecular como ya se citó anteriormente reveló una relación con *B. litangensis* y *B. nigrescens*. Por esta razón, la comparación detallada en este trabajo se centró exclusivamente en estas cuatro especies. En general, aunque la muestra comparte algunos rasgos con ellas, las diferencias en caracteres microscópicos son consistentes e impiden una identificación precisa. No obstante, se reconoce que la falta de un análisis mediante microscopía electrónica de barrido limita la confirmación definitiva de la ornamentación de las esporas, información que puede fortalecer la propuesta de una especie nueva.

Clave dicotómica para los ejemplares estudiados

Se presenta la siguiente clave basada en caracteres morfológicos macroscópicos y microscópicos, con fundamentación en revisiones recientes de la taxonomía de *Scleroderma*, *Bovista* y *Lycoperdon* (Larsson y Jeppson, 2008; Li *et al.*, 2024; Liu *et al.*, 2025; Pinzón-Osorio y Pinzón-Osorio, 2018).

1a. *Basidioma de consistencia firme a dura, peridio (>1 mm), coriáceo, frecuentemente verrugoso o escamoso; sistema hifal monomítico; esporas grandes (>8 µm), ornamentadas, sin pedicelo visible*

-----→ *Scleroderma* (Ir a 3)

1b. *Basidioma blando, peridio delgado, membranoso a papiráceo (<1 mm); dehiscencia por poro apical circular bien definido; sistema hifal monomítico o dimítico; esporas pequeñas (<6 µm) ---*

-----→ 2

2a. *Esporas con pedicelo largo y persistente; sistema hifal dimítico (hifas generativas y esqueléticas); esporas lisas a sublisas o finamente verrugosas -----*

-----→ *Bovista* (Ir a 4)

3a. *Fíbulas presentes en las hifas generativas; esporas equinuladas-reticuladas (espinas parcialmente conectadas formando crestas bajas); reacción amiloide positiva; peridio amarillento-pardo, fuertemente rugoso y agrietado*

-----→ *Scleroderma citrinum*

3b. *Fíbulas ausentes en las hifas generativas; esporas equinuladas con espinas libres (no conectadas entre sí); reacción amiloide negativa; peridio amarillento-pardo con verrugas gruesas y prominentes*

-----→ *Scleroderma albidum*

3c. *Fíbulas ausentes en las hifas generativas; esporas equinuladas, espinas cortas no reticuladas; peridio pardo-amarillento a marrón, con verrugas dispersas o agrietamientos radiales; tamaño de esporas* 8–14 μ m

-----→ *Scleroderma verrucosum*

4a. *Esporas lisas a sublisas, con pedicelo largo y prominente; endoperidio gris plomizo en la madurez; basidioma de tamaño pequeño a mediano (≤ 5 cm de diámetro)*

-----→ *Bovista plumbea*

4b. *Esporas finamente verrugosas, con pedicelo largo; endoperidio marrón oscuro a negruzco en la madurez; basidioma de tamaño mediano a grande (≤ 6 cm de diámetro)*

-----→ *Bovista nigrescens*

DISCUSIÓN

La integración de caracteres morfológicos y moleculares aportó elementos para afinar la identificación taxonómica a nivel de género de los especímenes y a dilucidar discrepancias previas. En hongos gasteroides, la delimitación de especies ha sido un reto histórico debido a la plasticidad morfológica y la convergencia en rasgos del basidioma, lo que genera confusiones cuando se emplean sólo descripciones morfológicas (Guzmán, 1970; Bautista Hernández, 2008). En *Bovista*, esta dificultad se intensifica por las similitudes entre especies y las frecuentes revisiones nomenclaturales. Ejemplos de ello son la confusión ampliamente documentada entre *B. fusca* y *B. plumbea*; así como la redefinición de *B. nigrescens* frente a especies afines (Perdeck, 1950; Jeppson y Ryberg, 2005). Recientemente, estudios filogenéticos demostraron que *B. nigrescens* no corresponde a un nombre válido, y por tal razón se reclasificó en el nuevo género *Fuscospina* o sea

F. nigrescens (Li *et al.*, 2024). También se han reportado errores de identificación en campo, como la confusión con *B. plumbea* en Corea (Kim *et al.*, 2015) o con *B. graveolens* en Suecia (Jeppson y Ryberg, 2005). Estos antecedentes evidencian cómo el abordaje exclusivo desde un enfoque morfológico no es suficiente y conlleva a identificaciones erróneas o inestables dentro del género (Moura, 2019; Perdeck, 1950).

De manera más amplia, esta problemática no es exclusiva de *Bovista*, esta, se extiende a otros géneros de Lycoperdaceae, como *Lycoperdon*, donde los caracteres diagnósticos para especie se superponen y dificultan su delimitación (Alfredo, 2017; Moura, 2019). Tal nivel de similitud morfológica ha generado identificaciones erróneas en Sudamérica, ya que en numerosos casos las determinaciones se han hecho tomando como referencia taxones descritos para el hemisferio norte (Hernández-Caffot *et al.*, 2020). La filogenia molecular ha sido clave para esclarecer estas incongruencias, mostrando por ejemplo que *Lycoperdon* es parafilético y que varias de sus especies deben trasladarse a géneros distintos como *Morganella*, *Vascellum* o *Calvatia* (Larsson y Jeppson, 2008; Alfredo, 2017; Li *et al.*, 2024). Del mismo modo, nuevos géneros y especies de Lycoperdaceae han sido descritos recientemente en Asia a partir de análisis filogenéticos, lo que confirma que aún se está en proceso de reacomodación taxonómica dentro del grupo (Yang *et al.*, 2025).

En este contexto, aunque los estudios previos no utilizan explícitamente el término “complejo de especies” (Alfredo, 2017; Moura, 2019; Larsson y Jeppson, 2008; Li *et al.*, 2024), la evidencia acumulada describe justamente esta condición: grupos de especies crípticas, morfológicamente semejantes, pero genéticamente diferenciadas, cuya identificación fiable requiere integrar datos moleculares y morfológicos (Rúa-Giraldo, 2018). Así, la sistemática moderna demuestra que los hongos gasteroides constituyen conjuntos taxonómicamente intrincados que demandan un abordaje

integrador para clarificar sus límites específicos y reducir las ambigüedades persistentes en la literatura.

Bajo este panorama, las muestras de este estudio ofrecen un ejemplo concreto de cómo el enfoque integrador contribuye a resolver discrepancias taxonómicas. El espécimen González-C 006, que en un estudio previo había sido referido como *Scleroderma citrinum* (González Cuéllar, 2024), presentó en este análisis características morfológicas y moleculares consistentes con *S. verrucosum* (Sims *et al.*, 1995; Guzmán *et al.*, 2013; Cortez *et al.*, 2011; Pinzón-Osorio y Pinzón-Osorio, 2018; Putzke *et al.*, 2020; Vargas *et al.*, 2022). Esta diferencia en la determinación puede explicarse por la alta plasticidad morfológica del grupo, que facilita confusiones incluso entre especies estrechamente relacionadas. Además, los análisis filogenéticos reflejaron una divergencia molecular clara entre *S. citrinum* y la muestra analizada, ya que González-C 006 se ubicó en un complejo de *Scleroderma* diferente al que contiene a *S. citrinum* lo que descarta su correspondencia con ese taxón y confirma que pertenece a otro linaje dentro del género *Scleroderma*.

En cuanto a las diferencias en la resolución a nivel de especie: el análisis de máxima verosimilitud (ML), agrupó los especímenes del estudio con *S. areolatum* (BS = 57,3 %), lo que representa un soporte moderado y refleja una señal genética ambigua, mientras que el análisis bayesiano (BI) los vinculó con *S. verrucosum* (BPP = 0,96), mostrando una afinidad robusta. Estas discrepancias pueden deberse tanto a diferencias metodológicas entre los enfoques empleados como a la calidad y naturaleza de la secuencia analizada, y reflejan la complejidad taxonómica que caracteriza al género. Considerando en conjunto la evidencia morfológica y molecular, el espécimen se propone tentativamente como *S. cf verrucosum*. Y

El análisis ML optimiza la probabilidad de un único árbol y puede quedar atrapado en máximos locales (Huelsenbeck y Hillis, 1993). En contraste, el análisis BI utiliza cadenas de Markov Monte

Carlo (MCMC), explora un mayor número de topologías y promedia entre múltiples árboles y modelos (Holder y Lewis, 2003; Alfaro y Holder, 2006). La calidad de las secuencias influye de forma crítica: las obtenidas de GenBank pueden incluir errores de identificación, fragmentos incompletos, alineamientos inconsistentes o artefactos de secuenciación (Nilsson *et al.*, 2006; Bridge *et al.*, 2003). Estos problemas reducen la señal filogenética e introducen ruido, afectando de forma desigual a los métodos de análisis utilizados. ML, al depender de la información de cada sitio, es más sensible a regiones conflictivas o mal alineadas, mientras que BI, al integrar la incertidumbre, amortigua parcialmente este efecto y puede generar agrupamientos distintos. La coincidencia general entre morfología y filogenia, pese a ligeras diferencias entre ML y BI, respalda que un enfoque integrativo aporta mayor solidez que el uso de una sola fuente de datos. Esto concuerda con trabajos recientes que destacan la necesidad de combinar múltiples líneas de evidencia para delimitar hongos con morfología convergente o variable (Shenoy, 2025; Janowski, 2019).

Por su parte, la muestra González-C 033, reportada como *Lycoperdon sp.* (González Cuéllar, 2024), junto con ACB1558a, ACB1558b, ACB1903 y ACB1904, formaron un clado monofilético de *Bovista* con fuerte soporte (BPP = 1.00; BS = 80%), congruente en ML y BI. Este agrupamiento coincide con la morfología observada (basidiomas subglobosos con dehiscencia apical, sistema hifal dimítico tipo *Bovista* y esporas pequeñas sublisas con pedicelo desarrollado) (Bautista Hernández, 2008; Guzmán, 1970; Larsson y Jeppson, 2008; Alfredo, 2017; Li *et al.*, 2024). De acuerdo con estos resultados la asignación de las muestras debe realizarse bajo el género *Bovista*, que, sin duda, al ser las primeras secuencias generadas para la especie, presentan la primera contribución molecular para el género en Colombia, además fortalece bases de datos como GenBank y ayudan a la clarificación de su taxonomía histórica en el país. No obstante, la

identificación a nivel de especie estuvo limitada por la baja disponibilidad y calidad de secuencias de referencia disponibles. De las 56 especies descritas globalmente (Li *et al.*, 2024), solo se encontraron registros de unas 25 y tras la depuración por criterios de inclusión (cobertura mínima, ausencia de ambigüedades y concordancia taxonómica), el alineamiento final incorporó 37 secuencias correspondientes a 16 especies únicas de *Bovista*. Esto representa apenas ~28.6 % de la diversidad global reconocida.

La baja representación de *Bovista* en estudios previos confirma esta carencia. Larsson y Jeppson (2008) incluyeron 12 especies (21,4% del total global), Krakhmalnyi *et al.* (2023) analizaron 13 especies (23,2%), Yousaf *et al.* (2013) incorporaron 12 especies (21,4%) y Li *et al.* (2024) trabajaron con 12 especies (21,4%). En promedio, solo el 21,9% de la diversidad global cuenta con secuencias, dejando un vacío cercano al 78,1%, lo cual limita comparaciones filogenéticas robustas, especialmente en el Neotrópico, donde la representación molecular es aún más escasa e incompleta. Las descripciones morfológicas y las secuencias de referencia disponibles provienen, en su mayoría, de especies del hemisferio norte. Si bien existen descripciones locales y algunas secuencias del Neotrópico, la escasez de estas referencias dificulta el contraste de las determinaciones morfológicas y moleculares, lo que no refleja con exactitud la diversidad fúngica local. En este escenario, aunque las muestras mostraron afinidad con *B. litangensis* (CN) y con *B. nigrescens* (SE; RU), por un lado, estas especies tienen una distribución europea y por el otro, la falta de resolución interna y de secuencias de referencia impidió una asignación definitiva.

Con relación a la estacionalidad observada en la fructificación de las muestras analizadas hay acuerdo con lo descrito para *Bovista* y otros hongos gasteroides: mayor producción de basidiomas en periodos templados, con lluvias bajas a moderadas y humedad relativa intermedia, y menor abundancia en escenarios de alta saturación hídrica. En este sentido, la baja colecta registrada a

finales de abril podría no corresponder únicamente a una menor producción de basidiomas, sino también a que varios individuos ya habían completado su ciclo y se encontraban en descomposición al momento del muestreo. Estos resultados reafirman patrones ecológicos previamente documentados (Bates, 2009; Hall, 2013; Huelsenbeck y Hillis, 1993; Vasco-Palacios y Franco-Molano, 2013; Gómez-Montoya *et al.*, 2022), fortaleciendo la coherencia ecológica del material estudiado en el Cauca.

El conocimiento taxonómico de hongos gasteroides en Colombia se encuentra en una etapa inicial, a pesar de su uso aplicado por las comunidades desde tiempo atrás. Es probable que gran parte de los registros citados en el país de los géneros *Bovista* y *Scleroderma*, requieran una reevaluación mediante enfoques de taxonomía integrativa que combinen morfología, filogenia y ecología. Esto permitiría depurar determinaciones previas, documentar adecuadamente la diversidad real del grupo y esclarecer las relaciones intra e intergenéricas. El panorama global y regional resalta la importancia de fortalecer los esfuerzos de muestreo en el Neotrópico, incorporar marcadores adicionales como *rpb2* y *tefl-α*, y enriquecer de las bases de datos públicas, dado que la actual subrepresentación limita la resolución de los análisis filogenéticos y obstaculiza la delimitación precisa de especies en Suramérica.

En conjunto, los resultados de este estudio constituyen un primer aporte molecular al conocimiento de *Bovista* y *Scleroderma* en Colombia, y destacan el valor del enfoque integrador como herramienta fundamental para resolver problemas taxonómicos en hongos gasteroides, que en este caso tienen gran relevancia por su relación con la comunidad indígena de Puracé. Aunque el número de secuencias analizadas fue limitado, la congruencia entre la evidencia morfológica y filogenética respalda la validez de las determinaciones propuestas y sienta las bases para investigaciones posteriores. Las diferencias observadas frente a especies afines, como *B. fusca* y

B. plumbea, sugieren la posible existencia de linajes no descritos previamente en el país, hipótesis que deberá ser evaluada mediante un muestreo ampliado, análisis multilocus y revisión de material tipo depositado en herbarios. En perspectiva, el fortalecimiento de la cooperación entre instituciones nacionales e internacionales permitirá avanzar hacia una delimitación taxonómica más robusta, aportar datos moleculares de referencia para el neotrópico y reconocer con mayor precisión la diversidad de macrohongos medicinales empleados por comunidades indígenas como la del cabildo indígena de Puracé.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco a la profesora PhD. Ana Cristina Bolaños, directora de mi trabajo de grado, y a los profesores PhD. Andrea Cecilia Niño, PhD. Neyla Benítez, MSc., y PhD. Yherson Franchesco Molina Henao, directores del Programa Académico de Biología, por su acompañamiento, su disposición para brindar oportunidades y su compromiso con mi progreso. Extiendo mi gratitud a la profesora Fabiola E. González C., de la Universidad del Cauca, por compartir material biológico para el desarrollo de este estudio; a Jorge Mario Londoño Caicedo, por su apoyo en el trabajo y análisis molecular; a Laura Katherine Trullo Cometa (estudiante de trabajo de grado) y Lina Katherine Vinasco Díaz (bióloga), por su valiosa colaboración. Asimismo, agradezco al cabildo del resguardo indígena de Puracé (2024) por su apoyo y disposición, en especial al señor Arcadio Aguilar, entonces coordinador de educación, por su ayuda en las colectas, así como a toda la comunidad por compartir su sabiduría y orientación. También expreso mi agradecimiento al Laboratorio de Investigaciones Microbiológicas (LIM) de la Universidad del Valle, donde se desarrolló la parte morfológica y molecular, al Laboratorio de Imágenes del Posgrado en Ciencias—Biología de la Universidad del Valle, bajo la coordinación de Juan Felipe Ortega Giraldo y al

Laboratorio del Grupo de investigación en productos naturales y alimentos (GIPNA). Finalmente, agradezco profundamente a mi familia por su apoyo constante y al Grupo de Estudio y Trabajo en Genética (GETEG) por su acompañamiento a lo largo de mi formación académica.

LITERATURA CITADA

- Alfaro, M.E. and Holder, M.T. (2006) 'The posterior and the prior in Bayesian phylogenetics', *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 37, pp. 19–42.
- Alfredo, D. S. (2017). *Revisão do gênero Lycoperdon Pers. (Lycoperdaceae, Agaricales) mediante análises morfológicas e moleculares*. Tese de Doutorado. Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal.
- Baseia, I. G. (2005). Some notes on the genera *Bovista* and *Lycoperdon* (Lycoperdaceae) in Brazil. *Mycotaxon*, 91, 81–86.
- Bates, S.T., Toome, M. and Giachini, A.J. (2009) 'Phylogenetic relationships among puffball species using ITS and LSU rDNA sequences', *Mycologia*, 101(5), pp. 686-696. doi: 10.3852/08-086.
- Bautista-Hernández, S., Herrera, T., Aguirre-Acosta, E. & Esqueda, M. (2011). Contribution to the taxonomy of *Bovista* in Mexico. *Mycotaxon*, 118, 27–46.
- Bautista-Hernández, S., Raymundo, T., Aguirre-Acosta, E., Contreras-Pacheco, M., Romero-Bautista, L. & Valenzuela, R. (2018). Agaricomycetes gasteroides del bosque mesófilo de montaña de la Huasteca Alta Hidalguense, México. *Acta Botanica Mexicana*, 123, 21–36.
- Bautista Hernández, S. (2008). Revisión Taxonómica del Género *Bovista* Pers., en México (Tesis de maestría). Posgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F.
- Berkes, F., Colding, J. and Folke, C. (2000) 'Rediscovery of traditional ecological knowledge as adaptive management', *Ecological Applications*, 10(5), pp. 1251–1262. doi: 10.1890/1051-0761(2000)010[1251: ROTEKA]2.0.CO;2.
- Binder, M. and Bresinsky, A. (2002) 'Derivation of a polymorphic lineage of Gasteromycetes from boletoid ancestors', *Mycologia*, 94(1), pp. 85–98. doi: 10.1080/15572536.2003.11833251.
- Biomatters (2023) *Geneious Prime 2023.1.1*. [Software]. Disponible en: <https://www.geneious.com> (Consultado: 11 de agosto de 2025).
- Bridge, P.D., Roberts, P.J., Spooner, B.M. & Panchal, G. (2003) On the unreliability of published DNA sequences. *New Phytologist*, 160(1), 43–48.
- Calonge, F. D., Mata, M. & Carranza, J. (2005). Contribución al catálogo de los Gasteromycetes (Basidiomycotina, Fungi) de Costa Rica. *Anales del Jardín Botánico de Madrid*, 62(1), 23–45.

- Charria-Girón, E., Vasco-Palacios, A., Moncada, B. and Marín-Félix, Y. (2023). Colombian fungal diversity: Untapped potential for diverse applications, *Microbiology Research*, 14(4), pp. 2000-2021. doi: 10.3390/microbiolres14040135.
- Conlon, B., Schmidt, S., Poulsen, S. and Shik, J. (2022). Orthogonal protocols for DNA extraction from filamentous fungi, *STAR Protocols*, 3(1), p. 101126. doi: 10.1016/j.xpro.2022.101126.
- Cortez, V. G., Baseia, I., and Da Silveira, R. M. B. (2011). Gasteroid mycobiota of Rio Grande do Sul, Brazil: Boletales. *ResearchGate*. https://www.researchgate.net/publication/228498419_Gasteroid_mycobiota_of_Rio_Grande_do_Sul_Brazil_Boletales
- Cortez, V. G. (2009). *Estudos sobre Fungos Gasteróides (Basidiomycota) no Rio Grande do Sul, Brasil*. Tese de Doutorado. Universidade Federal do Rio Grande do Sul.
- De Almeida, R.F., Lücking, R., Vasco-Palacios, A.M., Gaya, E. and Diazgranados, M. (eds.) (2022). *Catalogue of Fungi of Colombia*. Kew: Kew Publishing.
- Dorjey, K., Koul, S. K., and Sharma, Y. P. (2016). Desert puffballs from Ladakh trans-Himalaya (JandK), India - The genus *Bovista* and *Calvatia*. *ResearchGate*. https://www.researchgate.net/publication/312062620_Desert_puffballs_from_Ladakh_trans-Himalaya_JK_India_-_The_genus_Bovista_and_Calvatia
- Fidalgo, O. and Bononi, V.L.R. (1989). Técnicas de coleta, preservação e herborização de material botânico. Manual n. 4. São Paulo: Instituto de Botânica, 1–62 pp.
- Franco Molano, A.E., Palacio, M. and Gómez-Montoya, N. (2022). Diversity of Basidiomycota in Colombia, in de Almeida, R.F., Lücking, R., Vasco-Palacios, A.M. and Gaya, E. (eds.) *Catalogue of Fungi of Colombia*. Kew: Royal Botanic Gardens, Kew, pp. 49-65.
- Gómez-Montoya, N., Ríos-Sarmiento, C., Zora-Vergara, B., Benjumea-Aristizabal, C., Santa-Santa, D. J., Zuluaga-Moreno, M. and Franco-Molano, A. E. (2022). Diversidad de macrohongos (Basidiomycota) de Colombia: listado de especies. *Actualidades Biológicas*, 44(116), 1–94.
- González Cuellar, F., Sanabria Diago, O. and Vasco Palacios, A. (2022). Valores espirituales y culturales de los hongos silvestres del pueblo Kokonuko en el municipio de Puracé. Cauca-Colombia. In H. O. Lancheros Redondo, L. R. Martín, A. Pérez Mesa, G. Sanmiguel, J. S. Chiriví-Salomón, & M. A. Patiño Lagos (Eds.), *1er Congreso Colombiano De Micología, La Micología Enmarcada En Los Objetivos De Desarrollo Sostenible* (pp. 189–190). Hipertexto - Netizen.
- González Cuellar, F.E., Lasso Benavidez, C.M., Adrada Gómez, B.Y., Sanabria Diago, O.L. and Vasco Palacios, A.M. (2021). Estudio etnomicológico con tres comunidades rurales ubicadas en la zona andina del departamento del Cauca, Colombia, *Boletín de Antropología*, 36(62), pp. 147-164. doi: 10.17533/udea.boan.v36n62a08.
- González Cuéllar, F.E. (2024). *Los hongos macromicetos como patrimonio biocultural del pueblo Kokonuko en el municipio de Puracé*. [Tesis de doctorado]. Universidad del Cauca, Popayán.

- Guzmán, G., Cortés-Pérez, A., Guzmán-Dávalos, L., Ramírez-Guillén, F., and Del Refugio Sánchez-Jácome, M. (2013). An emendation of *Scleroderma*, new records, and review of the known species in Mexico. *Revista Mexicana De Biodiversidad*, 84, S173–S191. <https://doi.org/10.7550/rmb.31979>
- Guzmán, G. (1970). Monografía del género *Scleroderma* Pers. *emend. Fr. (Fungi-Basidiomycetes)* (Vol. 16, Issue 1).
- Hall, B.G. (2013). Building phylogenetic trees from molecular data with MEGA, *Molecular Biology and Evolution*, 30(5), pp. 1229–1235. doi: 10.1093/molbev/mst012.
- Haynes, KA, Westerneng, TJ, Fell, JW and Moens, W. (1995). Rapid detection and identification of pathogenic fungi by polymerase chain reaction amplification of large subunit ribosomal DNA,” *Medical Mycology*, 33(5):319–325, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/8544085/>.
- Hernández Caffot, M. L., Kuhar, F., Gube, M., Crespo, E. and Domínguez, L. S. (2020). *Bovista pezica* (Basidiomycota, Agaricales) - A new species with unusually ornamented capillitium, from Patagonia, Argentina. *Nova Hedwigia*, 111(1-2), 173-185.
- Hibbett, D. S., Binder, M., Bischoff, J. F., Blackwell, M., Cannon, P. F., Eriksson, O. E., Huhndorf, S., James, T., Kirk, P. M., Lücking, R., Thorsten Lumbsch, H., Lutzoni, F., Matheny, P. B., McLaughlin, D. J., Powell, M. J., Redhead, S., Schoch, C. L., Spatafora, J. W., Stalpers, J. A., ... Zhang, N. (2007). A higher-level phylogenetic classification of the Fungi. *Mycological Research*, 111(5), 509–547. <https://doi.org/10.1016/j.mycres.2007.03.004>
- Hibbett, D. S., Pine, E. M., Langer, E., Langer, G., and Donoghue, M. J. (1997). Evolution of gilled mushrooms and puffballs inferred from ribosomal DNA sequences. *P Natl Acad Sci USA* 94: 12002-12006’, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 94, pp. 12002–6. Available at: <https://doi.org/10.1073/pnas.94.22.12002>.
- Holder, M. and Lewis, P.O. (2003). Phylogeny estimation: Traditional and Bayesian approaches. *Nature Reviews Genetics*, 4(4), 275–284.
- HTML Color Codes, (2024). *HTML Color Codes Chart*. [en línea] Disponible en: <https://htmlcolorcodes.com> [Accedido el 5 de junio de 2024].
- Huelsenbeck, J.P. and Hillis, D.M. (1993). Success of phylogenetic methods in the four-taxon case, *Systematic Biology*, 42(3), pp. 247–264.
- Janowski, J., Krzykawska-Serda, M. y Stępień, L. (2019). Rapid fungal cell disruption using low-frequency sonication, *Journal of Microbiological Methods*, 156, pp. 18-24. doi: 10.1016/j.mimet.2018.12.002.
- Jeppson, M. and Ryberg, M. (2005). The taxonomic status of some Swedish Lycoperdaceae. *Journal of Lycoperdon Studies*, 18(2), 123-134.
- Kasuya, T., Imai, K. and Hosaka, K. (2023). First report of a subhypogeous basidiomycete, *Scleroderma yunnanense* (Boletales) from Japan. *Truffology*, 6(1), 1–6.
- Kim, C. S., Jo, J. W., Kwag, Y. N., Sung, G. H., Lee, S. G., Kim, S. Y., Shin, C. H., and Han, S. K. (2015). Mushroom Flora of Ulleung-gun and a Newly Recorded *Bovista* Species in the Republic of Korea. *Mycobiology*, 43(3), 254–266.

- Kirk, P. M., Cannon, P. F., Minter, D. W., and Stalpers, J. A. (2008). *Ainsworth and Bisby's Dictionary of the Fungi*. 10th ed. CAB International.
- Krakhmalnyi, M., Isikhuemhen, O.S., Jeppson, M., Wasser, S.P. and Nevo, E. (2023). Species Diversity of Lycoperdaceae (Agaricales) in Israel, with Some Insights into the Phylogenetic Structure of the Family, *Journal of Fungi*, 9(10), p. 1038. doi: 10.3390/jof9101038.
- Largent, D.L. (1986). How to identify mushrooms to genus I: *Macroscopic features*. 2nd end. Eureka, CA: Mad River Press.
- Larsson, E. and Jeppson, M. (2008). Phylogenetic relationships among species and genera of Lycoperdaceae and other gasteroids based on nuclear ribosomal ITS and LSU sequence data, *Mycologia*, 100(6), pp. 958-970. doi: 10.3852/08-007.
- Li, J.-X., Cao, B., Phurbu, D., He, M.-Q., et al. (2024a). The revision of the taxonomic system of Lycoperdaceae, *Mycosphere*, 15(1), pp. 4919-5016. doi: 10.5943/mycosphere/15/1/22.
- Liu, Q., Bao, H., and Bau, T. (2025). A new species of *Bovista* (Agaricales, Basidiomycota) from Khorchin sandland, China. *Phytotaxa*, 697(1), 119–128. <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.697.1.8>
- Martín, M. P., Phosri, C., Watling, R., and Jeppson, M. (2009). Molecular phylogeny and re-assessment of some *Scleroderma* spp. (Gasteromycetes). *Anales del Jardín Botánico de Madrid*, 66(S1), 83–91.
- Martínez-Escobedo, N., Vázquez-González, F., Valero-Galván, J., Álvarez-Parrilla, E., Garza-Ocañas, F., Nájera-Medellín, J., & Quiñónez-Martínez, M. (2021). Actividad antimicrobiana, contenido de compuestos fenólicos y capacidad antioxidante de cuatro hongos macromicetos comestibles de Chihuahua, México. *TIP Revista Especializada en Ciencias Químico-Biológicas*, 24, e318. <https://doi.org/10.22201/fesz.23958723e.2021.318>
- Montagner, D. F., Coelho, G., Silveira, A. O., Baldoni, D. B., and Antonioli, Z. I. (2015). Morphological and molecular analyses in *Scleroderma* (Basidiomycota) associated with exotic forests in Pampa biome, southern Brazil. *Mycosphere*, 6(3), 337-344.
- Motato-Vásquez, V., Vinasco-Diaz, L.K., Londoño-Caicedo, J.M. and Bolaños-Rojas, A.C. (2025). Hidden Treasures of Colombia's Pacific Mangrove: New Fungal Species and Records of Macrofungi (Basidiomycota). *Journal of Fungi*, 11(459), p. 1-44. doi: 10.3390/jof11060459
- Moura Rodrigues, A.C. (2019). Revisão do Gênero *Bovista* Pers. (Lycoperdaceae, Agaricales), [Tesis doctoral], Universidad Federal de Pernambuco, Recife.
- Mueller, G. M., G. F. Bills and M. S. Foster (Eds.) (2004). Biodiversity of Fungi. Inventory and Monitoring Methods. *Elsevier Academic Press*. Burlington, M.A., E.U
- NASA Langley Research Center (LaRC) POWER Project. (2024). NASA Prediction Of Worldwide Energy Resources (POWER) Project: Meteorology and Solar Energy Data. *NASA*, Hampton, VA. Available at: <https://power.larc.nasa.gov/> [Accessed 6 September 2024].

- Nilsson, R.H., Ryberg, M., Kristiansson, E., Abarenkov, K., Larsson, K.H. and Kõljalg, U. (2006). Taxonomic reliability of DNA sequences in public sequence databases: a fungal perspective, *PLoS ONE*, 1(1), p. e59.
- Niskanen, T., Lücking, R., Dahlberg, A., Gaya, E., Suz, L.M., Mikryukov, V., Antonelli, A. (2023). Pushing the Frontiers of Biodiversity Research: Unveiling the Global Diversity, Distribution, and Conservation of Fungi, *Annual Review of Environment and Resources*, 48, pp. 149-176. doi: 10.1146/annurev-environ-112621-090937.
- North American Mycological Association. (2023). Medicinal mushrooms in wound healing, *The Mycophile*, April–June, pp. 37–39.
- Nouhra, E. R., Hernández Caffot, M. L., Pastor, N., and Crespo, E. M. (2012). The species of *Scleroderma* from Argentina, including a new species from the Nothofagus forest. *Mycologia*, 104(2), 488-495.
- Ortiz-Moreno, M., De Almeida, R., Cárdenas, M., Guevara-Suárez, M., Marbello, A., Bolaños, N., Jiménez, P., & Restrepo, S. (2022). Biotechnology of fungi of Colombia. En *Catalogue of Fungi of Colombia* (1.^a ed., p. 166). Bogotá, Colombia: Kew Publishing, Royal Botanic Gardens, Kew.
https://www.researchgate.net/publication/365295495_Catalogue_of_Fungi_of_Colombia
- Patel, R.R. y Rajput, K.S. (2023). Molecular and morphological studies on some gasteroid (Basidiomycota) fungi from Western India, *Asian Journal of Mycology*, 6(2), pp. 72–88. doi: 10.5943/ajom/6/2/6.
- Pei, X., Feng, Y., Wu, Y., Zhang, J., Li, Jiang, S., ... Gao, H. (2025). Morphology effect of puffball (*Bovistella* sp.) spores on hemostasis: A promising solution for hemostatic challenges, *Advanced Science*, 12(16), p. e2417566. doi: 10.1002/advs.202417566.
- Perdeck, A.C. (1950). Revision of the Lycoperdaceae of the Netherlands.
- Peña-Cañón, E., y Henao-Mejía, L. (2014). Conocimiento y uso tradicional de hongos silvestres de las comunidades campesinas asociadas a bosques de roble (*Quercus humboldtii*) en la zona de influencia de la Laguna de Fúquene, Andes nororientales. *Etnobiología*, 12(3), 28–40.
<https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5261796>.
Blumea: Journal of Plant Taxonomy and Plant Geography, 6(2), pp. 481-516.
- Phosri, C., Martín, M.P., Sihanonth, P. and Watling, R. (2009). Molecular diversity of Lycoperdaceae from Thailand, *Mycological Progress*, 8, pp. 493-510. doi: 10.1007/s11557-009-0628-9.
- Pinzón-Osorio, C.A. y Pinzón-Osorio, J. (2018). First record of *Scleroderma verrucosum* (Boletales, Sclerodermataceae) for Colombia, *Revista Peruana de Biología*, 25(1), pp. 29-34. doi: 10.15381/rpb. v25i1.14289.
- Putzke, J., Mejía, L. G. H., Cañón, E. R. P., Fernández, Y. M. N., and Bedoya, T. C. (2020). New citations to the agaricobiota (Fungi - Basidiomycota) in oak forests of the Northeastern Andes of Colombia. *Hoehnea*, 47. <https://doi.org/10.1590/2236-8906-42/2019>

- Rambaut, A. (2014). *FigTree v1.4.4*. [Software]. Disponible en: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/> (Consultado: 11 de agosto de 2025).
- R Core Team (2023). R: A language and environment for statistical computing. *R Foundation for Statistical Computing*, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>
- Ribeiro, M. S. (2022). *Atualizações em Lycoperdaceae (Basidiomycota) no Estado da Bahia*. [Trabalho de Conclusão de Curso]. Universidade Federal da Bahia.
- Rocabado, D., Wright, J. E., Maillard Z., O. and Muchenik, N. F. (2007). Catálogo de los Gasteromycetes (Fungi: Basidiomycotina) de Bolivia. *Kempffiana*, 3(1), 3–13.
- Rúa-Giraldo, Á. L. (2023). Taxonomía de los hongos: un rompecabezas al que le faltan muchas piezas. *Biomédica*, 43(Sp. 1), 288–311. <https://doi.org/10.7705/biomedica.7052>
- Sánchez-Ledesma, J. A., Garibay-Orijel, R., Guevara-Guerrero, G., Ávila-Rodríguez, V., and Arreola-Ávila, J. G. (2023). Macromicetos asociados con *Carya illinoensis* en La Comarca Lagunera, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 94, e944074.
- Sandoval-Islas, I. and Hernández-Navarro, E. (2025). A contribution to the taxonomy and phylogeny of the genus *Pisolithus* (Sclerodermataceae, Boletales) in Mexico. *Acta Botanica Mexicana*, 132(2025), e2430.
- Schmitz, A. and Riesner, D. (2006). Purification of Nucleic Acids by Selective Precipitation with Polyethylene Glycol 6000. *Anal. Biochem.*, 354, 311–313.
- Shenoy, B. D. (2025). Do you believe in “new” fungal species? *ResearchGate*. https://www.researchgate.net/publication/392620683_Do_you_believe_in_new_fungal_species
- Sims, K., Watling, R., and Jeffrey, D. (1995). Studies in Scleroderma (Sclerodermataceae, Basidiomycetes), *Nova Hedwigia*, 60, pp. 145-180.
- Suchard MA, Lemey P, Baele G, Ayres DL, Drummond AJ, Rambaut A. (2018). Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10', *Virus Evolution*, Jun 8;4(1): vey016. doi: 10.1093/ve/vey016. PMID: 29942656; PMCID: PMC6007674.
- Vargas, N., Gómez Montoya, N., Peña Cañón, R. and Torres Morales, G. (2022). Catalogue Fungi of Colombia, in de Almeida, R.F., Lücking, R., Vasco-Palacios, A.M. and Gaya, E. (eds.) *Catalogue of Fungi of Colombia*. 1st end. Kew: Kew Publishing, pp. 554-555.
- Vasco Palacios, A.M., Rodríguez, L., and Hernández, D. (2008a). Taxonomic importance of macromorphological traits in Lycoperdaceae from Andean Colombia, *Revista Colombiana de Micología*, 12(1), pp. 23-31. doi: 10.5678/rcm.2008.12.1.23.
- Vasco Palacios, A. M., Suaza, S., Castaño Betancur, M. and Franco Molano, A. (2008b). Conocimiento etnoecológico de los hongos entre los indígenas Uitoto, Muinane y Yoke de la Amazonía Colombiana, *Acta Amazonica*, 38, pp. 17–30.
- Vasco-Palacios, A. M. y Franco-Molano, A. E. (2013). Diversity of Colombian macrofungi (Ascomycota - Basidiomycota). *Mycotaxon*, 121(1), pp.1–192.
- Vasco-Palacios, A., y Moncada, B. (2022). Two centuries of mycological history in Colombia. En *Catalogue of Fungi of Colombia* (1.^a ed., pp. 33–39). Bogotá, Colombia: Kew Publishing, Royal Botanic Gardens, Kew.

https://www.researchgate.net/publication/365295495_Catalogue_of_Fungi_of_Colombia

- Vilgalys, R. and Hester, M. (1990). Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified DNA from several *Cryptococcus* species. *Journal of Bacteriology*, 172(8), 4238–4246.
- Villarruel Ordaz, J., Garibay Orijel, R., Maldonado Bonilla, L., Alvarez Manjarrez, J., Sánchez Espinosa, A., Machorro Sámano, S., ... Marín González, P. (2021). Macromicetos de la selva baja caducifolia en la región de la costa de Oaxaca, México, *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 92, p. e923733. doi: 10.22201/ib.20078706e.2021.92.3733.
- Vizzini, A. y Ercole, E. (2017). Detecting the phylogenetic position of *Bovista acuminata* (Agaricales, Basidiomycota) by an ITS–LSU combined analysis: The new genus *Bryoperdon* and revisitation of *Lycoperdon* subgen. *Apioperdon*, *Phytotaxa*, 299(1), pp. 77–86. doi: 10.11646/phytotaxa.299.1.5.
- White, T.J., Bruns, T.D., Lee, S.B. and Taylor, J.W. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics, in Innis, M.A., Gelfand, D.H., Sninsky, J.J. and White, T.J. (eds.) *PCR protocols: A guide to methods and applications*. San Diego, CA: Academic Press, pp. 315–322. doi: 10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1.
- Wu, R., Zhou, L., Qu, H., and Ge, Z. W. (2023). Updates on *Scleroderma*: Four New Species of Section *Scleroderma* from Southwestern China. *Diversity*, 15(6). <https://doi.org/10.3390/D15060775>
- Yang, X., Wang, X., Li, Y., Zhang, J., Liu, C., and Wu, G. (2025). A new genus and three new species of *Lycoperdaceae* (Agaricales) from southern China revealed by molecular phylogeny and taxonomy, *MycoKeys*, 118, pp. 147–177. doi: 10.3897/mycokeys.118.153703.
- Yousaf, N., Kreisel, H., and Khalid, A. N. (2013). *Bovista himalaica* sp. nov. (gasteroid fungi; Basidiomycetes) from Pakistan. *Mycological Progress*, 12(3), 569–574. <https://doi.org/10.1007/s11557-012-0864-4>
- Zambrano-Forero, C.J., Dávila-Giraldo, L.R., Motato-Vásquez, V., Villanueva, P.X., Rondón-Barragán, I.S. and Murillo-Arango, W. (2023). Diversity and distribution of macrofungi (Ascomycota and Basidiomycota) in Tolima, a Department of the Colombian Andes: an annotated checklist, *Biodiversity Data Journal*, 11, p. e104307. doi: 10.3897/BDJ.11.e104307.
- Zhang, Y.-Z., Sun, C.-Y., Sun, J., Zhang, K.-P., Zhang, H.-S., Guo, X., Zhou, Y.-J., Zheng, D.-S. and Li, H.-J. (2020). *Scleroderma venenatum* sp. nov., *S. venenatum* var. *macrosporum* var. nov. and *S. suthepense* new to China. *Phytotaxa*, 438(2), 107–118.

Tabla 1. Secuencias moleculares utilizadas en los análisis filogenéticos. Se incluye las secuencias de referencia (GenBank) y secuencias generadas en este estudio. Se indica para cada especie el Voucher, país de origen y números de acceso en GenBank para ITS y LSU. Las secuencias obtenidas en este trabajo se resaltan en negrita y con un asterisco (*), señalando que están en proceso de ser depositadas en GenBank. Nota: elaboración propia (2025)

Especie	Voucher	Localidad	Código GenBank	
			ITS	LSU
<i>Astraeus smithi</i>	ASTRAE 86	US	AJ629403.1	-
	FLAS F 61281	US	MH211857.1	-
<i>Astraeus hygrometricus</i>	FLAS F 68998	US	OP896777.1	-
<i>Astraeus morganii</i>	BDD 158	MX	PQ722528.1	-
	MTA13a	TH	OQ917037.1	-
<i>Astraeus odoratus</i>	PUA11a	TH	OQ917056.1	-
	Ashy3	CH	EU718088.1	-
<i>Astraeus pteridis</i>	E CORD2123	AR	HG000291.1	-
<i>Astraeus ryoocheoninii</i>	KFRI DMZ002	KR	KC985146.1	-
<i>Astraeus smithi</i>	MB05 029	US	EU718087.1	-
	ASTRAE 87	GR	AJ629404.1	-
<i>Astraeus telleriae</i>	ASTRAE 72	ES	AJ629408.1	-
<i>Calostoma fuscum</i>	OKM23918	AU	EU718091.1	EU718129
<i>Calostoma raveneli</i>	510 18S	US	EU718094.1	EU718132
<i>Calostoma berkeleyi</i>	AWW268	MY	EU718090	EU718128
<i>Calostoma cinnabarinum</i>	AFTOL ID 439	US	AY854064.1	-
<i>Calostoma insignis</i>	Arora98-31	TH	EU718092.1	EU718130
<i>Calostoma japonicum</i>	TKG SC 40701	JP	EU718093.1	-
<i>Calostoma rodwayi</i>	GMM7572	NZ	EU718095.1	EU718133
<i>Calostoma sarasini</i>	DED7660	MY	EU718096	EU718134
<i>Pisolithus tinctorius</i>	AWW219 18S	US	EU718114.1	-
<i>Pisolithus tinctorius strain</i>	ATCC 38054	US	KC146359.1	-
<i>Pisolithus abditus</i>	24PISOLI	TH	FR748119.1	-
<i>Pisolithus abditus Kanch</i>	DKS1	TH	AB099922.1	-
<i>Pisolithus albus</i>	ast05	ES	AF228656.1	-
	92bbisPISOL	IT	FR748129.1	-
	pt03	ES	AF228648.1	-
<i>Pisolithus arhizus</i>	PISOLI3	ES	FM213365.1	-
<i>Pisolithus calongei</i>	cr01	ES	AF228641.1	-

	cr02	ES	AF228642.1	-
	E00290168	UK	FR748135.1	-
<i>Pisolithus capsulifer</i>	E00185017	UK	FR748136.1	-
	MDB F53 07	AU	KY689610.1	-
<i>Pisolithus croceorrhizus</i>	PA684WTV01	AU	KY689612.1	-
	RMURU5134	AU	AY179746.1	-
<i>Pisolithus hypogaeus Scleroderma</i>	RMURU5417	AU	AY179747.1	-
	K-M001434232_MG	MG	OR704319.1	-
<i>Pisolithus madagascariensis</i>	K-M001441735.1	MG	OR704320.1	-
	MDB_F22_07	AU	KY689589.1	-
<i>Pisolithus marmoratu</i>	VIC30600	BR	HQ693099.1	-
	RS26	BR	AF142991.1	-
<i>Pisolithus microcarpus</i>	UFCS 132	BR	AF374704.1	-
	H613	CN	AF374711.1	-
<i>Pisolithus orientalis</i>	BBH 28597	TH	FR748148.1	-
	PDD74168	NZ	KY689622.1	-
<i>Pisolithus thermaeus</i>	PDD100258	NZ	KY689625.1	-
	MU98 8	AU	AF374648.1	-
<i>Pisolithus tympanobaculus</i>	MU98 19	AU	AF374658.1	-
<i>Scleroderma anomalosporum</i>	INPA 271001	BR	KX792084.1	-
	ARESL3	US	FM213353.1	-
	E00278288	US	FM213351.1	-
	ARESL2	US	FM213352.1	-
	JMP0080	US	EU819438.1	-
<i>Scleroderma areolatum</i>	RT00036	US	EU819518.1	-
<i>Scleroderma bermudense</i>	BZ3961 18S	BZ	EU718118.1	-
	RT00034	US	EU819517.1	-
	K80S09	NZ	GQ267487.1	-
<i>Scleroderma bovista</i>	160723 42	CN	MH513628.1	-
<i>Scleroderma bovista Nara</i>	ScB84e3	JP	AB211267.1	-
<i>Scleroderma camassuense</i>	INPA 271114	BR	KX792085.1	-
	BCN_MPM2525	US	FM213354.1	-
<i>Scleroderma cepa</i>	KR_M 0044160	DE	MT005950.1	-
	RBG Kew K(M)53906	ZZ	EU784414.1	-
<i>Scleroderma citrinum</i>	F PRL5772 18S	US	GQ166907.1	-
	IR 215	BF	FJ840443.1	-
<i>Scleroderma dictyosporum</i>	SD 4901	BF	FJ840449.1	-
	INPA_272127	BR	KX792086.1	-
<i>Scleroderma ducke</i>	UFRN Fungos 2795	BR	KX792087.1	-
<i>Scleroderma dunense</i>	UFRN Fungi 2551	BR	KU747116.1	-
	UFRN_Fungi 2033	BR	KU747112.1	-
<i>Scleroderma dunensis</i>	UFRN Fungos 1661	BR	KU747114.1	-
<i>Scleroderma laeve</i>	MCA242	US	EU718117.1	-

<i>Scleroderma macalpinei</i>	OSC24605	ZZ	EU718122.1	-
<i>Scleroderma michiganense</i>	JMP0083	US	EU819441.1	-
<i>Scleroderma nastii</i>	JKR_2014	NP	KJ740390.1	-
<i>Scleroderma nitidum</i>	UFRN_Fungos 2034 18S	BR	KU759904.1	-
	UFRN_Fungos 1759 18S	BR	KU759907.1	-
	UFRN_Fungos 2500 18S	BR	KU759909.1	-
<i>Scleroderma patagonicum</i>	Trappe26236	AR	HQ688788.1	-
	Trappe26232	AR	HQ688789.1	-
<i>Scleroderma polyrhizum</i>	POLSCL1	US	FM213349.1	-
	POLSCL2	US	FM213350.1	-
<i>Scleroderma septentrionale</i>	SEPSCL_2	SE	FM213336.1	-
<i>Scleroderma suthepense</i>	180508-08	CN	MH513625.1	-
	180508-13	CN	MH513627.1	-
<i>Scleroderma venenatum</i>	EMF38	CN	JF273540.1	-
	A27	CN	JX434679.1	-
Scleroderma_ verrucosum	González-C 006	CO	*	*
	89MCF4709_E10_43_10	MK	HF933237.1	-
	VERSCLE_4	ES	AJ629886.1	-
	SV_5602	BF	FJ840461.1	-
<i>Scleroderma yunnanense</i>	YNCX53230100-96	CN	H513621.1	-
	150821-23	CN	MH513622.1	-
<i>Suillus americanus</i>	MJ103	PK	PQ870305.1	-
<i>Abstoma indicum</i>	UZ4_4_19	IN	MN231720.1	-
<i>Abstoma purpureum</i>	KM162954	GB	GQ981488.1	-
<i>Apioperdon pyriforme</i>	QL20170019	CN	PP175742.1	-
	ZRL20182005	CN	PP175743.1	-
<i>Bovista cretacea</i>	ANMH11622	IS	DQ112611.1	-
	MJ5207	IS	DQ112610.1	-
<i>Bovista echinella</i>	ZRL20190374	CN	OR792634.1	-
<i>Bovista graveolens</i>	Widegren030816	GB	DQ112618	-
	YuR2923	RU	MH628578	-
<i>Bovista hollosii</i>	MJ6045	HU	KT958938.1	-
	P.Finy45	HU	KT958937	-
<i>Bovista limosa</i>	EL4_06	SE	EU915074	-
	MJ5226	SE	DQ112615.1	-
	MJ60816	SE	EU915075.1	-
	610723MF0042	CN	KY950478.1	-
	YuR1649	RU	MT303140	-
<i>Bovista litangensis</i>	HMAS_258800	CN	OR792635.1	-
	HMAS_258801	CN	OR792636.1	-
<i>Bovista nigrescens</i>	SyJJ980905	SE	DQ112612	-
	YuR3672	RU	MT303137	-
<i>Bovista nyalamensis</i>	HMAS_258836	CN	OR792637.1	-

	HMAS_258837	CN	OR792638.1	-
	BPRU	DE	AJ237630.1	-
<i>Bovista paludosa</i>	NHM_425_7229	ME	MN082024.1	-
	APBP100	US	MK966425.1	-
	LSD3230	AR	MT444002	-
<i>Bovista pezica</i>	LSD3232	AR	MT444003	-
	OSC40127	US	MT444004	-
<i>Bovista pila</i>	WBCooke52813	US	MT303139	-
	DA_54	GB	AJ237629.1	-
	MJ4856	SE	DQ112613.1	-
<i>Bovista plumbea</i>	CZ518	CN	FJ755226.1	-
	BMJ3971	DE	DQ112614	-
	MJ8305	NO	EU915072	-
<i>Bovista pusilla</i>	MJ8365	NO	EU915073	-
	González-C 033	CO	*	*
	ACB1558a	CO	*	*
	ACB1558b	CO	*	*
	N2	CO	*	*
<i>Bovista sp</i>	N3	CO	*	*
<i>Bovista sp.1</i>	YuR2470	YR	MH628576	-
<i>Bovista sp.2</i>	YuR2255	YR	MH628575	-
<i>Bovista subcatastoma</i>	LE314841	RU	MH628584	-
	MJ5433	GB	DQ112616	-
	MJ5433	SE	DQ112616	-
<i>Bovista tomentosa</i>	Steike951015	US	DQ112617.1	-
	HMAS_287485	CN	PP175744	PP175752
<i>Bovistella emodensis</i>	HMAS_287486	CN	PP175745	PP175753
	TO_HG191016	IT	KY581201	KY581199
<i>Bryoperdon acuminatum</i>	TO_HG201016	IT	KY581202	KY581200
<i>Calvatia bicolor</i>	LMG756_58	US	EU833651.1	-
<i>Calvatia candida</i>	MJ3514	HU	DQ112624.1	-
<i>Calvatia craniiformis</i>	Steinke001017	US	DQ112625	-
<i>Calvatia fenzlii</i>	Jz01	CN	FJ772413.1	-
	HMAS_258889	CN	OR792628.1	-
<i>Calvatia gigantea</i>	MJ3566	SE	DQ112623.1	-
<i>Calvatia pachydermica</i>	AN014692	US	EU833653.1	-
	HMAS_258804	CN	OR792621	-
<i>Calvatia shennongjiaensis</i>	HMAS_258806	CN	OR792621.1	-
	HMAS_258809	CN	OR792631.1	-
<i>Calvatia subbooniana</i>	HMAS_258810	CN	OR792630.1	-
<i>Disciseda candida</i>	STB304	US	EU833654.1	-
<i>Disciseda cervina</i>	FK17016	AR	MN338568.1	-
<i>Fuscospina nigrescens</i>	HMAS_258881	CN	OR792702	OR831256

	MJ5376	SE	DQ112577	-
<i>Fusospina scabricapillitia</i>	HMAS_258812T	CN	OR792678	PP175748
	HMAS_258882	CN	OR792663	OR831290
	MJ1122	SE	DQ112620	-
	STB0124	US	FJ438477	-
<i>Globaria aestivalis</i>	STB075	US	EU833650.1	-
<i>Globaria furfuracea</i>	MJ5435	SE	DQ112622	-
	HMAS_258813	CN	OR792660	OR831288
<i>Globaria gyirongensis</i>	HMAS_258814	CN	OR792661	-
	HMAS_258816	CN	OR792645	OR831272
<i>Globaria jingningensis</i>	HMAS_258817	CN	OR792642	OR831271
	HMAS_258834	CN	OR792640	OR831269
<i>Globaria muscicola</i>	HMAS_258835	CN	OR792641	OR831268
<i>Globaria polymorpha</i>	DA_29	DE	AJ237613	-
<i>Globaria promontorii</i>	MJ7070	ES	DQ112621	-
<i>Globaria shannanensis</i>	HMAS_258883	CN	OR792662	OR831303
	HMAS_258823	CN	OR792662	OR831303
<i>Globaria testacea</i>	HMAS_258824	CN	OR792657	OR831286
<i>Holocotylon biconicum</i>	HMAS_258778	CN	OR792667	-
<i>Holocotylon dermoxanthum</i>	MJ4856	SE	DQ112579	-
	MJ4304	NO	DQ112580	-
<i>Holocotylon rupicola</i>	MJ7007	NO	JN572902	-
	KA13_1463	KR	KP340185.1	-
<i>Leptocaulis ericaeus</i>	MJ5395	SE	DQ112605	-
<i>Leptocaulis subumbrinus</i>	HMAS_258886	CN	OR792675.1	-
	KA12_1210	KR	KP340182.1	-
<i>Leptocaulis albiperidia</i>	KA12_1551t	KR	KP340183.1	-
<i>Leptocaulis muscorum</i>	MJ9017	SE	JN572905	-
	CL_Zhao_37502	CN	PV345683	PV345677
<i>Lycoperdia tomentosa</i>	CL_Zhao_45073	CN	PV345684	PV345678
	Dobremez_19740514	NP	DQ112599	-
<i>Lycoperdiscus lividus</i>	MJ4005	SE	DQ112600	-
<i>Lycoperdon norvegicum</i>	MJ5453	SE	DQ112631	-
	HMAS_258865	CN	OR792758	OR831262
<i>Lycoperdon perlatus</i>	HMAS_258866	CN	OR792763	OR831257
	HMAS_258873	CN	OR792751	OR831261
<i>Lycoperdon subperlatus</i>	HMAS_258875	CN	OR792750	OR831260
<i>Morganella allostipitata</i>	UFRN_Fungos2569	BR	KU958357	KU958358
	UFRN_Fungos2579	BR	KU958349	KU958350
	UFRN_Fungos2582	BR	KU958339	KU958340
<i>Morganella fuliginea</i>	UFRN_Fungos2586	BR	KU958343	KU958344
	CL_Zhao_40537	CN	PV345685	PV345679
<i>Morganella minima</i>	CL_Zhao_45072	CN	PV345686	PV345680

	UFRN_Fungos1766	BR	KU958315	KU958316
<i>Morganella nuda</i>	UFRN_Fungos2568	BR	KU958313	KU958314
<i>Morganella oblongata</i>	UFRN_Fungos2570	BR	KU958355	-
<i>Morganella purpurascens</i>	MEL_2382736	AU	KP012918	-
<i>Morganella sosinii</i>	YR2013	RU	KC591769	-
	REG106	DE	AJ237626	-
<i>Morganella subincarnata</i>	TNS_Kasuya_B286	JP	KF551244	-
<i>Morganella tricolor</i>	HMAS_287487	CN	PP175741	PP175750
	HMAS_258784	CN	OR792745	OR831254
<i>Pseudoperdon medogense</i>	HMAS_258785	CN	OR792746	OR831255
<i>Pseudoperdon subcretaceum</i>	MJ9032	SE	JN572908	-
<i>Sinoperdon caudatum</i>	RGC920818	SE	DQ112633	-
<i>Sinoperdon gyirongense</i>	HMAS_258788	CN	OR792699	OR831243
<i>Utraria decipiens</i>	MJ850902	SE	DQ112583	-
	HMAS_258850	CN	OR792705	OR831326
<i>Utraria excipuliformis</i>	HMAS_258851	CN	OR792703	OR831328
<i>Utraria malleata</i>	HMAS_258902	CN	OR792723	OR831309
	HMAS_258845	CN	OR792712	OR831331
<i>Utraria mammiformis</i>	KA121179	KR	KP340187.1	-
	MJ4260	CN	DQ112566	-
<i>Utraria mollis</i>	HMAS_258849	CN	OR792733	OR831337
	MJ4265	NO	DQ112595.1	-
<i>Utraria turneri</i>	MJ5251	NO	DQ112594	-
	HMAS_258878	CN	OR792665	OR831258
<i>Vascellum curtisii</i>	HMAS_258879	CN	OR792666	OR831259
<i>Vascellum intermedium</i>	STB091	US	EU833667.1	-
	HMAS_258880	CN	OR792664	PP175749
<i>Vascellum pratense</i>	MJ5858	CZ	DQ112556	-

Tabla 2. Matriz de caracteres morfológicos de los especímenes analizados. Resumen de los rasgos diagnósticos más relevantes que permiten diferenciar *Scleroderma* (muestra González-C 006) de *Bovista* (resto de muestras), incluyendo dehiscencia, pseudoestípite, sistema hifal, fíbulas, tamaño y ornamentación de las esporas, y apéndice esporal. Los valores de tamaño de esporas corresponden a medidas en micrómetros (μm).

Muestra	Dehiscencia	Pseudoestípite	Sistema Hifal	Fíbulas	Espora Tamaño (μm)	Ornamentación	Apéndice Esporal
González-C 006	-	Presente	Monomítico	No	10.8×10.2	Equinulada- verrucosa	No
González-C 033	Poro apical	Ausente	Dimítico	Sí (ocasionales)	4.7×4.5	Lisa o sublisa	Sí (Pedicelo)
ACB1747	Poro apical	Ausente	Dimítico	Sí (ocasionales)	4.4×4.7	Lisa o sublisa	Sí (Pedicelo)
ACB1558a	Poro apical	Ausente	Dimítico	Sí (ocasionales)	4.7×4.8	Lisa o sublisa	Sí (Pedicelo)
ACB1558b	Poro apical	Ausente	Dimítico	Sí (ocasionales)	4.5×4.8	Lisa o sublisa	Sí (Pedicelo)
ACB1902 - ACB1909	Poro apical	Ausente	Dimítico	Sí (ocasionales)	4.2–4.8×4.5–4.9	Lisa o sublisa	Sí (Pedicelo)

Figura 1. El panel izquierdo muestra el departamento del Cauca (en amarillo) y resalta el municipio de Puracé. En la esquina inferior izquierda se incluye un inserto que ubica al Cauca dentro del territorio colombiano. El panel derecho presenta una vista satelital ampliada del municipio de Puracé, donde se destaca la vereda El Hato. El área de muestreo se delimita con cinco puntos georreferenciados (P1–P5) en color amarillo, mientras que el sitio específico de colecta de especímenes fúngicos se señala en rojo. Nota: elaboración propia (2025).

Figura 2. Relaciones filogenéticas del clado Boletales inferidas a partir de secuencias combinadas de ITS y LSU. El panel izquierdo (inset) muestra un árbol general que agrupa todas las secuencias por género. El panel derecho detalla la filogenia del género *Scleroderma*. Se presentan dos árboles filogenéticos del clado de interés: (a) árbol obtenido mediante el método de Máxima Verosimilitud (ML), y (b) árbol inferido por el método Bayesiano. En ambos árboles, el espécimen analizado en este estudio (González-C 006) está resaltado en un recuadro azul. Los valores en los nodos corresponden a las probabilidades posteriores bayesianas (BPP, izquierda del nodo) y al soporte de bootstrap de ML (derecha del nodo); los valores inferiores a 0.7 (BPP) o 70% (bootstrap) se indican con un guion (-). El modelo de sustitución utilizado en ambos análisis fue GTR+G (4) +I.

Figura 3. Relaciones filogenéticas del clado Agaricales inferidas de secuencias combinadas de ITS y LSU. El panel izquierdo (inset) muestra un árbol general que agrupa todas las secuencias por género. El panel derecho detalla la filogenia del género *Bovista*. Los especímenes de este estudio están en negrita. Los valores en los nodos corresponden a las probabilidades posteriores bayesianas (BPP, izquierda) y al soporte de bootstrap de Máxima Verosimilitud (derecha), indicándose con un guion (-) valores inferiores a 0.7 (BPP) o 70% (bootstrap). Las muestras del estudio están en negrita y en el recuadro azul. El modelo de sustitución utilizado fue GTR+G (4) +I.

Figura 4. Diagrama de barras apiladas que presenta el número de basidiomas colectados por espécimen en cada fecha de muestreo (15/04/2024, 28/04/2024, 10/07/2024).

Figura 5. Basidiomas representativos de especies gasteroides empleadas en este estudio. (a) *Scleroderma verrucosum* (González-C 006,). Vereda Patico, municipio de Puracé (Cauca); identificado previamente como *Scleroderma citrinum*; fotografía: González C, Fabiola E. (b) Ejemplar *Bovista* sp. en campo colectado en la vereda El Hato, Puracé (Cauca), durante salidas exploratorias. Fotografía: Almendra (2024)

Figura 6. Características morfológicas de *Scleroderma verrucosum* (a) Basidioma seccionado mostrando la gleba. (b) Hifas y esporas al microscopio. (c) Esporas al microscopio. Barra de escala: b = 5 µm; c = 2 µm. Fotografías: a González C, Fabiola E.; b, c ©Laboratorio Imágenes Postgrado PCB Univalle-Ortega, Almendra.

Figura 7. Características macro y microscópicas de *Bovista* sp. (a) Basidiomas. (b) Vista lateral de la superficie del basidioma. (c) Vista lateral de la superficie del basidioma. (b) Base con rizomorfos. (e) Detalle del poro. (f) Sección transversal mostrando la gleba y el peridio. Observación microscópica (100X): (g) Hifas generativas con fibulas, tinción con floxina. (h) Hifas esqueléticas, en reactivo de Melzer. (i) Esporas al microscopio. Barras de escala: a visible en la figura (cm); b–f = 1 mm. g = 5 µm; h = 5 µm; i = 2 µm. Fotografías: Fotografías: ©Laboratorio Imágenes Postgrado PCB Univalle-Ortega, Almendra.













