



MARASMIUS MAGNUS (MARASMIACEAE, BASIDIOMYCOTA) EN ARGENTINA

Natalia A. Ramírez , Bárbara R. de Madrignac  & Nicolás Niveiro* 

Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE - CONICET), Sargento Cabral 2131, CP 3400, Corrientes, Corrientes, Argentina;
* niconiveiro@gmail.com (autor corresponsal).

Abstract. Ramírez, N. A.; B. R. de Madrignac & N. Niveiro. 2021. *Marasmius magnus* (Marasmiaceae, Basidiomycota) in Argentina. *Darwiniana*, nueva serie 9(2): 273-281.

Within the framework of a study on the diversity of agaricoid fungi from the Argentinian Atlantic Forest, specimens were collected which correspond morphologically and phylogenetically with *Marasmius magnus*, a recently described species from Brazil. The aim of this work is to register, describe and illustrate *M. magnus* based on specimens collected in Misiones. This species is characterized by its large basidiomata that can exceed 100 mm in diameter, the coloration of the pileus, reddish brown towards the center, with orange tones towards the margin, ending in a whitish marginal line, its oblong to sub-cylindrical basidiospores, relatively short, and distant lamellae with fertile elements at the edge, without cheilocystidia.

Keywords. Agaricales; Diversity; Haematocephalii; Phylogeny; Taxonomy.

Resumen. Ramírez, N. A.; B. R. de Madrignac & N. Niveiro. 2021. *Marasmius magnus* (Marasmiaceae, Basidiomycota) en Argentina. *Darwiniana*, nueva serie 9(2): 273-281.

En el marco de un estudio sobre la diversidad de hongos agaricoides de la Selva Atlántica argentina, se colectaron especímenes que se corresponden morfológica y filogenéticamente con *Marasmius magnus*, una especie recientemente descrita para Brasil. El objetivo del presente trabajo es registrar, describir e ilustrar a *M. magnus* con base en especímenes colectados en la provincia de Misiones. Esta especie se caracteriza por sus basidiomas grandes que pueden superar los 100 mm de diám., la coloración del píleo rojiza amarronada hacia el centro, con tonalidades anaranjadas hacia el margen, finalizando en una línea marginal blanquecina, sus basidiosporas oblongas a subcilíndricas, relativamente cortas y laminillas distantes cuyo margen presenta elementos fértiles, sin queilocistidios.

Palabras clave. Agaricales; Diversidad; Filogenia; Haematocephalii; Taxonomía.

INTRODUCCIÓN

El género *Marasmius* Fr. (Marasmiaceae, Agaricales) está representado por aproximadamente 600 especies de distribución mundial (He et al., 2019), siendo más diverso en las regiones tropicales y subtropicales (Kirk et al., 2008). Este género se caracteriza por sus basidiomas generalmente pequeños a medianos, de consistencia membranácea

y reviviscentes al rehidratarse, caracteres que lo hacen soportar condiciones de sequía estacionaria o elevadas temperaturas (Singer, 1986). En Argentina, *Marasmius* fue estudiado principalmente por Singer & Digilio (1951), Singer (1965, 1976), Raitelhuber (2004), Lechner & Papinutti (2011), Papinutti & Lechner (2011), Niveiro et al. (2018) y Ramírez et al. (2021), conociéndose actualmente más de 90 especies para el norte del país (Niveiro & Albertó, 2013).

En el marco de un proyecto de investigación que trata sobre explorar la diversidad de hongos agaricoides de la Selva Atlántica argentina, se colectaron ejemplares que han sido identificados como *Marasmius magnus* A.C. Magnago & J.S. Oliveira, una especie llamativa por su tamaño y coloración, recientemente descrita para el sur de Brasil (Magnago et al., 2016). El objetivo del presente trabajo es registrar a *M. magnus* para la funga argentina, describirla, ilustrarla, y discutir sobre los caracteres diferenciales de especies similares.

MATERIALES Y MÉTODOS

Colección, análisis morfo-anatómico e identificación

Los ejemplares fueron colectados en la provincia de Misiones, en el Parque Provincial Saltos del Moconá y P. P. Salto Encantado. Los mismos fueron fotografiados y descritos macroscópicamente “in situ”. Para la identificación taxonómica se analizaron macro y microscópicamente los ejemplares siguiendo los criterios y terminología propuesta por Vellinga (1988) y Lodge et al. (2004). Los colores siguen los códigos de Korerup & Wanscher (1978). Para el análisis microscópico, se realizaron cortes a mano alzada a fin de observar los elementos del revestimiento piléico, del contexto del píleo y del pie, basidiosporas, basidios, cistidios y trama himenoforal. Los cortes fueron montados en una solución de hidróxido de potasio (KOH 5%) teñidos con floxina acuosa al 1%, y reactivo de Melzer (Wright & Albertó, 2002). Las medidas de todas las estructuras microscópicas se realizaron mediante fotografías tomadas del microscopio con cámara incorporada Leica EC3 utilizando el software ImageJ (Schneider et al., 2012), y se proporcionan los intervalos del valor mínimo – máximo. Para las basidiosporas se brinda además el valor promedio (\bar{x}), el coeficiente Q (longitud/diámetro), el valor medio del coeficiente Q (\bar{Qx}), el número de esporas medidas (n), y el número de basidiomas de los cuales se han medido las esporas (N). Los autores de los nombres científicos se indican de acuerdo al Index Fungorum - Authors of Fungal Names (2021) mientras que las siglas de los herbarios según Thiers (2021). El material colectado fue procesado y posteriormente depositado como referencia en la colección micológica del Instituto de Botánica del Nordeste (CTES).

Extracción, amplificación y secuenciación de ADN

El procesado del material se llevó a cabo en el laboratorio del IBOL (International Barcode of Life Project) ubicado en el Instituto de Botánica del Nordeste. La extracción del ADN se realizó a partir de pequeños trozos de tejido fúngico (principalmente del ápice del estípite o del contexto del píleo), previamente deshidratado y conservado en gel de sílice. Para ello, se utilizó el protocolo establecido por el “Barcode of Life Project” (Schoch et al., 2012, www.boldsystems.org).

La región espaciadora del transcrito ribosomal interno (ITS), la cual fue sugerida como marcador universal para el estudio de los hongos (Ivanova et al., 2008; Schoch et al., 2012), fue amplificada mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) utilizando los primers ITS1-F (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3') e ITS4-B (5'-CAGGAGACTTGTACACGTCCAG-3') (Gardes & Bruns, 1993). Para la PCR, se utilizó el protocolo modificado de Ivanova & Grainger (2006), cuyas concentraciones finales fueron 5% de trealosa, 1X de buffer, 2.5 mM de $MgCl_2$, 0.2 μM de cada cebador (directo y reverso), 0.2 mM de dNTPs, 1U de Platinum Taq Polimerasa (Invitrogen), y 30-50 ng/ μl de DNA templado. Las condiciones de la reacción fueron las siguientes: 94 °C durante 5 min, seguido de 35 ciclos de desnaturalización a 94 °C durante 30 s, alineamiento a 56 °C durante 30 s y elongación a 72 °C durante 45 s; seguido de una extensión final a 72 °C durante 10 min. El producto amplificado fue revelado mediante una electroforesis en gel de agarosa 1% y posteriormente secuenciado en el Canadian Centre for DNA Barcoding (CCDB).

Alineamiento y análisis filogenético

La secuencia obtenida fue ensamblada y editada manualmente utilizando el software Geneious 9.1.4 (Kearse et al., 2012) y depositada en la base de datos del Genbank. Para la construcción de la matriz, se seleccionaron las secuencias más afines (90-100 % de similitud y e-value = 0.0) a través de la herramienta BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), sumado a las secuencias pertenecientes a la sección *Globulares*, subsección *Globulares* de

acuerdo a los criterios determinados por Oliveira et al. (2020). Secuencias de *M. leveilleanus* (Berk.) Sacc. & Trotter, *M. tenuissimus* (Sacc.) Singer, *M. nigrobrunneus* (Pat.) Sacc., *M. graminum* (Lib.) Berk., *M. ruforotula* Singer, y *M. nigrobrunneus* f. *cinnamoneus* Wannathes, Desjardin & Lumyong fueron seleccionadas como grupo externo (Oliveira et al., 2020). Todas las secuencias utilizadas en este estudio se listan en la Tabla 1. El alineamiento se realizó en línea mediante el software MAAFT v.7, bajo el criterio Q-INS-i (Katoh & Standley, 2013). El mismo fue editado manualmente usando MEGA6 (Tamura et al., 2013).

Los análisis de Máxima Verosimilitud (MV) como el de Inferencia Bayesiana (IB), se realizaron a través del portal CIPRES (Miller et al., 2010). Para ello, se utilizaron las matrices enteras y/o subdivididas en tres particiones (ITS1, 5.8S e ITS2). El análisis de MV se llevó a cabo mediante RaxML-HPC v.8 (Stamatakis, 2014). El modelo de sustitución de nucleótidos empleado para generar 1000 réplicas fue GTRGAMMA, mientras que el resto de los parámetros permanecieron por defecto. Sólo se obtuvo el árbol mejor puntuado, y se accedió a la confianza de los nodos mediante *Rapid bootstrapping* (BS). El análisis de IB se realizó utilizando MrBayes 3.2.7a (Ronquist & Huelsenbeck, 2003; Ronquist et al., 2012). El modelo evolutivo se estimó aplicando el criterio de información de Akaike (AIC) obtenido mediante jModelTest2 v.1.6. (Guindon & Gascuel, 2003; Darriba et al., 2012). Se establecieron dos corridas independientes, cada una de ellas a partir de árboles aleatorios con cuatro cadenas independientes y simultáneas (temp = 0,2). Se llevaron a cabo un total de 2×10^7 generaciones, muestreando un árbol cada 1000 generaciones. De todos los árboles muestreados, el 25% fue descartado, mientras que los restantes se utilizaron para reconstruir un árbol de consenso con la regla de la mayoría del 50% y para estimar los valores de probabilidad posterior (PP) de las ramas. Los árboles generados a partir de los análisis se visualizaron en el programa FigTree v.1.4.2. (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>) y se editaron en CoreDRAW® 2018.

RESULTADOS

Análisis filogenético

La matriz incluyó 47 secuencias pertenecientes a 12 taxones clasificados dentro de la sección *Globulares* subsección *Globulares*, más el grupo externo (Oliveira et al., 2020). El alineamiento resultó en un total de 817 caracteres, de los cuales 533 eran sitios conservados, 267 variables y 201 parsimonioso-informativos. Los mejores modelos de sustitución fueron estimados como HKY+G, TPM1 y TIM3+G para ITS1, 5.8S e ITS2 respectivamente.

El análisis de Máxima Verosimilitud arrojó un árbol con la misma topología que la Inferencia Bayesiana, por lo que se exhibe únicamente este último con los valores de soporte de PP / BS para apoyar los respectivos nodos compatibles entre ambos (Fig. 1). Nuestra filogenia apoya que la secuencia NIV3096 es conespecífica con *Marasmius magnus*, con valores de soporte de PP = 1 y BS = 100 (Fig.1). Dicha especie se encuentra relacionada con otros miembros de la serie *Brunneospermi* dentro de la subsección *Globulares*.

Taxonomía

Marasmius magnus A. C. Magnago & J. S. Oliveira, *Phytotaxa* 266(4): 275. 2016. Tipo: Brasil, Santa Catarina, Florianópolis, Morro da Lagoa, Trilha do Jipe, growing on decomposing leaf litter in Atlantic Forest, 20/III/2014, A. C. Magnago 1001 (FLOR 5563). Figs. 2-3.

Pileo 20-60 mm de diám., convexo a umbonado, campanulado cuando joven, superficie seca, glabra o finamente aterciopelada, levemente estriada, marrón rojizo (8E8 a 8E5) en el centro, con estrías rojo pastel (8A4) a rojo grisáceo (8C6), las cuales se observan claramente en especímenes jóvenes, especímenes sobremaduros generalmente uniformemente coloreados con sectores más oscuros, marrón oscuro (8F4 a 8F7); margen entero, levemente ondulado, recto a levemente recurvado, formando una característica línea marginal blanca (1A1) la cual se va perdiendo en la madurez (Fig. 2). Contexto delgado, hasta 3 mm de espesor, blanquecino (1A1), membranáceo.

Tabla 1. Set de datos de secuencias de ITS de *Marasmius* utilizadas en los análisis filogenéticos, clasificadas por grupos infragenéricos ss. Oliveira et al. (2020). El doble guión (--) indica que esa especie no fue asignada a ninguna serie. Las secuencias disponibles en GenBank se encuentran en: **a**, Oliveira et al. (2020); **b**, Razaq et al. (2013); **c**, Wannathes et al. (2009); **d**, Antonin et al. (2010); **e**, Kiyashko et al. (2014); **f**, Magnago et al. (2016); **g**, Este estudio; **h**, Seok et al. (GenBank); **i**, Matheny et al. (2006); **j**, Boskovic & Galovic (GenBank); **k**, Wang et al. (2015); **l**, Schoch et al. (2012); **m**, Antonin et al. (2014).

Especie	Sección/Subsección/Serie	Voucher	ITS
<i>M. pallidibrunneus</i> ^a	Globulares/Globulares/--	MC4706	KP635186
<i>M. albimyceliosus</i> ^b	Globulares/Globulares/Brunneospermi	KP-13	HF546218
<i>M. albimyceliosus</i> ^c	Globulares/Globulares/Brunneospermi	NW422	EU935544
<i>M. brunneospermus</i> ^d	Globulares/Globulares/Brunneospermi	BRNM714568	FJ904966
<i>M. brunneospermus</i> ^d	Globulares/Globulares/Brunneospermi	BRNM714569	FJ904967
<i>M. brunneospermus</i> ^d	Globulares/Globulares/Brunneospermi	KG 237	FJ904968
<i>M. brunneospermus</i> ^d	Globulares/Globulares/Brunneospermi	KPM-NC 0005011	FJ904969
<i>M. fusicystidiosus</i> ^d	Globulares/Globulares/Brunneospermi	BRNM714567	FJ917624
<i>M. macrocystidiosus</i> ^e	Globulares/Globulares/Brunneospermi	LE295996	KF774136
<i>M. magnus</i> ^f	Globulares/Globulares/Brunneospermi	FLOR55928	KX228849
<i>M. magnus</i> ^f	Globulares/Globulares/Brunneospermi	FLOR55963	KX228846
<i>M. magnus</i> ^f	Globulares/Globulares/Brunneospermi	ICN179251	KX228847
<i>M. magnus</i> ^f	Globulares/Globulares/Brunneospermi	ICN179252	KX228848
<i>M. magnus</i> ^f	Globulares/Globulares/Brunneospermi	FLOR55929	KX228850
<i>M. magnus</i>^g	Globulares/Globulares/Brunneospermi	N. Niveiro 3096	MZ293494
<i>M. nigrodiscus</i> ^e	Globulares/Globulares/Silvicolae	Halling 9236	KF774137
<i>M. nigrodiscus</i> ^e	Globulares/Globulares/Silvicolae	TENN49976	KF774138
<i>M. nigrodiscus</i> ^e	Globulares/Globulares/Silvicolae	TENN59556	KF774139
<i>M. nigrodiscus</i> ^e	Globulares/Globulares/Silvicolae	TENN049828	KF774140
<i>M. silvicola</i> ^a	Globulares/Globulares/Silvicolae	JO357	KP635194
<i>M. silvicola</i> ^a	Globulares/Globulares/Silvicolae	JO362	KP635195
<i>M. silvicola</i> ^a	Globulares/Globulares/Silvicolae	JO366	KP635196
<i>M. maximus</i> ^h	Globulares/Globulares/Wynnearum	ASIS21445	KF668300
<i>M. maximus</i> ^d	Globulares/Globulares/Wynnearum	BRNM714570	FJ904976
<i>M. maximus</i> ^d	Globulares/Globulares/Wynnearum	BRNM714571	FJ904977
<i>M. maximus</i> ^d	Globulares/Globulares/Wynnearum	KG229	FJ904975
<i>M. maximus</i> ^d	Globulares/Globulares/Wynnearum	KG224	FJ904974
<i>M. nivicola</i> ^d	Globulares/Globulares/Wynnearum	BRNM714573	FJ904971
<i>M. nivicola</i> ^d	Globulares/Globulares/Wynnearum	BRNM714574	FJ904972
<i>M. nivicola</i> ^d	Globulares/Globulares/Wynnearum	BRNM714572	FJ904970
<i>M. nivicola</i> ^d	Globulares/Globulares/Wynnearum	KPM NC 6038	FJ904973
<i>M. oreades</i> ^h	Globulares/Globulares/Wynnearum	ASIS21388	KF668290
<i>M. oreades</i> ^b	Globulares/Globulares/Wynnearum	KP 3	HF546217
<i>M. oreades</i> ⁱ	Globulares/Globulares/Wynnearum	PBM2701	DQ490641
<i>M. oreades</i> ^j	Globulares/Globulares/Wynnearum	SAF2837	MK226505
<i>M. oreades</i> ^k	Globulares/Globulares/Wynnearum	xsd08131	FJ481042
<i>M. wynneae</i> ^d	Globulares/Globulares/Wynnearum	HCCN-G86	FJ904979
<i>M. leveilleanus</i> ^c	Leveilleani	NW248	EU935566
<i>M. leveilleanus</i> ^c	Leveilleani	NW268	EU935567
<i>M. graminum</i> ^l	Marasmius/Sicciformes	NN005953	JN943595
<i>M. nigrobrunneus</i> ^c	Marasmius/Sicciformes	NW162	EU935570
<i>M. nigrobrunneus</i> ^c	Marasmius/Sicciformes	NW223	EU935572
<i>M. nigrobrunneus</i> f. <i>cinnamoneus</i> ^c	Marasmius/Sicciformes	NW120	EU935578
<i>M. ruforotula</i> ^m	Marasmius/Sicciformes	BRMN714674	FJ936150
<i>M. ruforotula</i> ^m	Marasmius/Sicciformes	BRMN714676	FJ936152
<i>M. tenuissimus</i> ^c	Neosessiles	NW192	EU935568
<i>M. tenuissimus</i> ^c	Neosessiles	NW199	EU935569

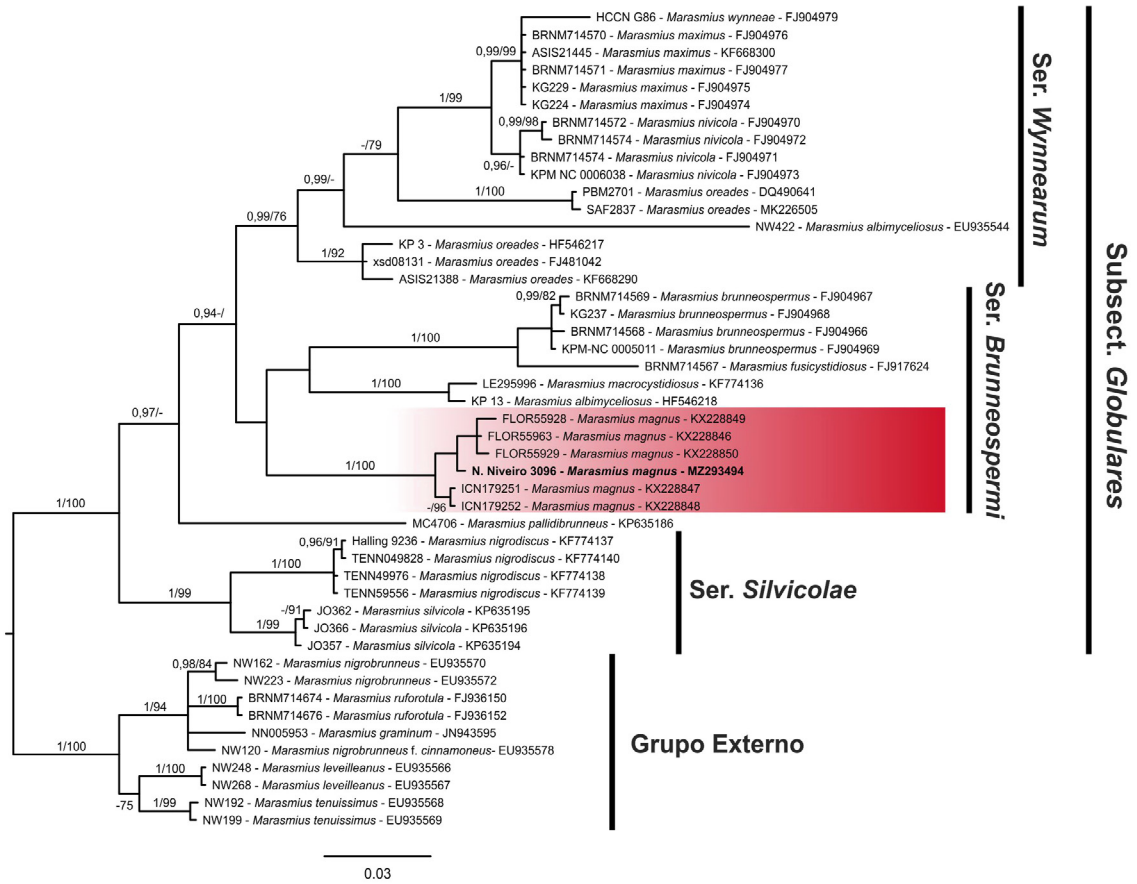


Fig. 1. Análisis de Inferencia Bayesiana basado en secuencias de ITS de especies de *Marasmius* sect. *Globulares* subsect. *Globulares*. La secuencia obtenida en este trabajo se indica en negrita dentro del recuadro sombreado. Los valores de soporte, cuando están presentes, consisten en la probabilidad posterior (PP) seguida del bootstrap (BS), separadas por una /. Sólo se anotaron los nodos con un apoyo superior al 50% y se muestran los valores de soporte superiores a 0,90/70 (- indica un valor inferior). El nombre de los clados corresponde a Oliveira et al. (2020).

Olor y sabor indistintos. Laminillas libres a anexas, no collariadas, distantes, blancas (1A1), volviéndose blanco amarillentas (1A2) en especímenes sobremaduros, ventricosas, hasta 6 mm de espesor, margen entero, concoloro, 20-21 laminillas por basidioma con 1-2 (-3) lamélulas entre laminillas, sin intervenosas. Estípite 30-75 × 6-8 mm, central, cilíndrico, recto, hueco, robusto, de consistencia cartilaginosa, blanco (1A1), volviéndose grisáceo (5B1) a anaranjado grisáceo (5B2), en la madurez castaño amarillento (4A2 a 4C3), superficie glabra a fibrilosa, seca, con tomento basal blanquecino (1A1). Anillo y volva ausentes. Esporada blanca (1A1).

Basidiosporas 6,8-8 × 2,5-4 μm, x=6,9 × 3,3 μm, Q=2-2,4, Qx=2,1, n=25, N=2, oblongas a subcilíndricas, con una leve depresión suprahilar, hialinas, lisas, inamiloides, de paredes delgadas. Basidios 28-35 × 4-6 μm, claviformes, 4-esporados, de paredes delgadas, lisas, hialinas, inamiloides. Basidiolas 24-32 × 4-7 μm claviformes, lisas, hialinas, de paredes delgadas, inamiloides, abundantes. Pleurocistidios 35-48 × 4-6 μm, claviformes a cilíndrico-clavado, con el ápice obtuso, hialinos, lisos, inamiloides, de paredes delgadas. Queilocistidios ausentes. Trama himenoforal fuertemente dextrinoide, subregular, compuesta de hifas entrelazadas, cilíndricas, hasta 12 μm de diám., lisas, hialinas, de paredes delgadas.

DISCUSIÓN

Marasmius magnus se caracteriza por sus basidiomas grandes que pueden superar los 100 mm de diám., la coloración del píleo rojiza amarronada hacia el centro, con tonalidades anaranjadas hacia el margen, finalizando en una línea marginal blanquecina, sus basidiosporas oblongas a subcilíndricas, relativamente cortas, y laminillas distantes cuyo margen presenta elementos fértiles, sin queilocistidios. Los materiales analizados difieren en algunos caracteres con el material tipo descrito por Magnago et al. (2016). El tamaño del píleo no supera los 60 mm de diám., mientras que se describe especímenes de hasta 120 mm en la descripción original; la coloración es más oscura, con predominancia de tonos marrón rojizos a rojizos grisáceos, en vez de los tonos anaranjados predominantes descritos originalmente, además de observarse pleurocistidios más chicos (hasta 50 μm long.), mientras que lo describen de hasta 87 μm long. en el material tipo. Sin embargo, la mayoría de las características morfológicas (ej. habito gimnopoide, estípote robusto fibriloso, margen del píleo blanquecino, número, distanciamiento y coloración de laminillas, tamaño de las basidiosporas) conllevan al concepto de *M. magnus*.



Fig. 2. *Marasmius magnus* [N. Niveiro 3096 (CTES)]. **A**, aspecto general y hábitat. **B**, detalle de las laminillas. **C**, detalle de la superficie del píleo y el margen. Escalas: 20 mm. Figura en color en la versión en línea <http://www.ojs.darwin.edu.ar/index.php/darwiniana/article/view/957/1229>

Pileipellis himeniforme, compuesta por “broom-cells” del tipo Siccus, cuerpo principal 10-22 \times 5-11 μm , de paredes levemente engrosadas, hialinas, con espinas apicales erectas, cortas a elongadas, 5-20 \times 1-2.5 μm , cilíndricas, filiformes, simples, de paredes engrosadas, abundantes, méleas. Estipitipellis formada por hifas de hasta 11 μm de diám., paralelas, elongadas, dextrinoides, de paredes levemente engrosadas, méleas. Caulocistidios 18-24 \times 4-6 μm , cilíndricos a lageniformes, ocasionalmente 2-lobulados, dispersos y poco abundantes. Fíbulas presentes.

Distribución y hábitat. Conocido únicamente para Brasil, para los estados de Santa Catarina y Rio Grande do Sul (Magnago et al., 2016). El presente es el primer registro para la República Argentina (Fig. 4). Los especímenes conocidos hasta el momento presentan basidiomas gimnopoides, gregarios, creciendo sobre hojarasca y pequeñas ramas en descomposición de dicotiledóneas no identificadas (Fig. 2).

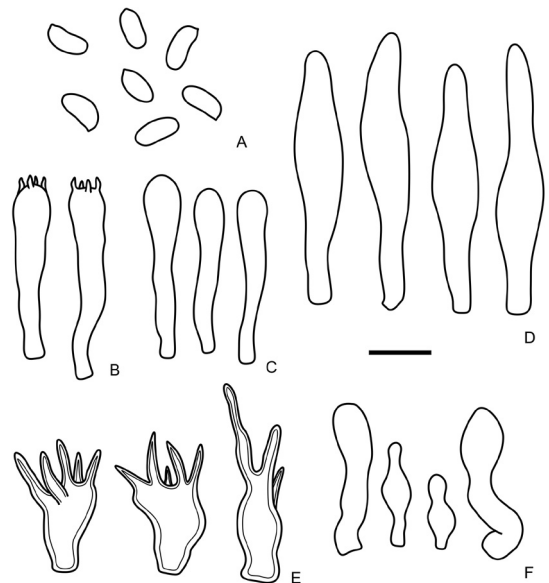


Fig. 3. *Marasmius magnus* [N. Niveiro 3096 (CTES)]. **A**, basidiosporas. **B**, basidios. **C**, basidiolas, **D**, pleurocistidios. **E**, elementos de la pileipellis. **F**, caulocistidios. Barra: 10 μm .

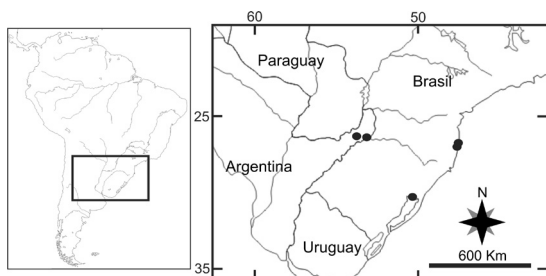


Fig. 4. Distribución de *M. magnus*.

Las diferencias encontradas probablemente se deben al análisis de especímenes en diferentes estados de desarrollo, o quizás porque los mismos presentan una mayor variabilidad fenotípica que los especímenes analizados en la descripción original.

Filogenéticamente, el espécimen argentino es conespecífico con los materiales descritos para Brasil según las regiones analizadas (ITS1, 5.8s e ITS2), constituyendo un clado bien soportado (PP = 1 y BS = 100) (Fig. 1). A su vez, *M. magnus* se relaciona con *M. brunneospermus* Har. Takah., *M. fuscicystidiosus* Antonín, Ryoo & D. H. Shin, *M. macrocystidiosus* Kiyashko & E. F. Malysheva y *M. albimyceliosus* Corner, conformando la serie *Brunneospermi* (Oliveira et al., 2020). Si bien, todas estas especies comparten caracteres morfológicos similares, como basidiomas relativamente grandes, robustos, con estípites cilíndricos, laminillas anchas y esporas relativamente pequeñas, *M. magnus* representa la excepción en relación a la estructura de la pileipellis, siendo la única especie de la serie con “broom-cells”, mientras que las otras especies presentan células globosas lisas (Oliveira et al., 2020), características de la sección *Globulares* s.str. Singer (1986).

Por otro lado, *M. magnus* presenta similitudes morfológicas con otras especies de la tribu *Pseudocorrugatus* (serie *Haematocephalii*), como ser basidiomas relativamente grandes, con coloraciones marrón rojiza a anaranjadas, estípite cilíndrico, robusto, fibroso, esporas oblongas a subcilíndricas que no superan los 13 μm de long., y presencia de pleurocistidios poco desarrollados que no sobrepasan el himenio (Singer, 1976; Magnago et al., 2016).

De estas, *M. spegazzinii* (Kuntze) Sacc. & P. Syd., es una especie de amplia distribución, que convive en el mismo sitio de estudio, y es probablemente confundida con *M. magnus*. Ambas especies pueden diferenciarse porque *M. spegazzinii* presenta laminillas próximas, estípite más delgado, basidiosporas más largas (7,3-11 \times 2,3-4,1 μm) y queilocistidios con forma de “broom-cells” (Singer, 1976). Estas diferencias también son válidas para otras especies similares como *M. aztecus* Singer, especie conocida de México (Singer, 1976) y *M. floridanus* Murrill conocida para el este de Estados Unidos (Desjardin, 1991).

Al observarse especímenes de *M. magnus* con coloraciones más oscuras, rojizas amarronadas, también podría confundirse con otras especies como *M. yarizae* Singer, *M. hylaeae* Singer y *M. pseudocorrugatus* Singer, las cuales presentan basidiomas relativamente grandes (aprox. 30 mm diám.) con laminillas distantes (Singer, 1976), al igual que los materiales aquí estudiados. Sin embargo, estas especies se diferencian por la ausencia de una línea marginal blanquecina en la superficie del píleo, tener esporas más grandes, en el rango de 8-11 μm de long., y presentar queilocistidios en forma de “broom-cells” (Singer, 1976).

Marasmius buzungulo Singer, descrita para África tropical, es otra especie que presenta ciertas similitudes con *M. magnus* como basidiomas relativamente grandes, con coloraciones amarronadas rojizas (más similar a los especímenes argentinos), esporas pequeñas y arista lamelar con queilocistidios muy dispersos (Antonín, 2007), pero se diferencia por sus laminillas apretadas, pileipellis formada por elementos lisos entremezclados con “broom-cells” y sus esporas más pequeñas (4,5-6,5 \times 2,7-3,5 μm).

Material Examinado

ARGENTINA, **Misiones**: Dpto. Caingúas, Parque Provincial Salto Encantado, 27°03'39" S, 54°49'36,5" O, 430 m s.m., 02-V-2015, N. Ramirez SE 3-7 (CTES). Dpto. San Pedro, Parque Provincial Saltos del Moconá, 27°09'02" S, 53°54'05" O, 334 m s.m., 26-III-2017, N. Niveiro 3096 (CTES).

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen al Ministerio de Ecología y Recursos Naturales Renovables de la provincia de Misiones por los permisos de colección otorgados. Este trabajo fue financiado por la Secretaria General de Ciencia y Técnica de la Universidad Nacional del Nordeste (SGCyT-UNNE) y por el Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET).

BIBLIOGRAFÍA

- Antonín, V. 2007. Fungus Flora of Tropical Africa. Vol. 1. Monograph of *Marasmius*, *Gloiocephala*, *Palaeocephala* and *Setulipes* in tropical Africa. Meise Botanical Garden. <https://www.ffa-online.org/ffa1/>
- Antonín, V.; R. Ryoo & H.-D. Shin. 2010. Marasmioid and gymnopoid fungi of the Republic of Korea. 2. *Marasmius* sect. *Globulares*. *Persoonia* 24: 49-59.
- Antonín, V.; R. Ryoo, K.-H. Ka & H.-D. Shin. 2014. Marasmioid and gymnopoid fungi of the Republic of Korea. 6. *Marasmius* sect. *Marasmius*. *Mycoscience* 55(2): 149-157. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.myc.2013.07.003>
- Darriba, D.; G. L. Taboada, R. Doallo & D. Posada. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* 9(8): 772. DOI: <https://doi.org/10.1038/nmeth.2109>
- Desjardin, D. E. 1991. Studies on *Marasmius* from Eastern North America. IV. Additions to sect. *Sicci*. *Mycologia* 83: 30-39.
- Gardes, M. & T. D. Bruns. 1993. ITS primers with enhanced specificity for Basidiomycetes - application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology* 2(2): 113-118. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1993.tb00005.x>
- Guindon, S. & O. Gascuel. 2003. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Systematic Biology* 52(5): 696-704. DOI: <https://doi.org/10.1080/10635150390235520>
- He, M.-Q.; R.-L. Zhao, K. D. Hyde, D. Begerow, M. Kemler, A. Yurkov, E. H. McKenzie, O. Raspe, M. Kakishima, S. Sanchez-Ramirez, E. C. Vellinga, R. Halling, V. Papp, I. V. Zmitrovich, B. Buyck, D. Ertz, N. N. Wijayawardene, B. Cui, N. Schoutteten, X. Liu, T. Li, Y. Yao, X. Zhu, A. Liu, G. Li, M. Zhang, Z. Ling, B. Cao, V. Antonin, T. Boekhout, B. D. Barbosa da Silva, E. De Crop, C. Decock, B. Dima, A. Kumar Dutta, J. W. Fell, J. Geml, M. Ghobad-Nejhad, A. J. Giachini, T. B. Gibertoni, S. P. Gorjón, D. Haelewaters, S. He, B. P. Hodkinson, E. Hora, T. Hoshino, A. Justo, Y. W. Lim, N. Menolli Jr, A. Mešić, J. Moncalvo, G. M. Mueller, L. Nagy, R. H. Nilsson, M. E. Noordeloos, J. Nuytinck, T. Orihara, C. Ratchadawan, M. Rajchenberg, A. G. S. Silva-Filho, M. A. Sulzbacher, Z. Tkalčec, R. Valenzuela, A. Verbeken, A. Vizzini, F. Wartchow, T. Wei, M. Weiß, C. Zhao & P. M. Kirk. 2019. Notes, outline and divergence times of Basidiomycota. *Fungal Diversity* 99(1): 105-367. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13225-019-00435-4>
- Index Fungorum - Authors of Fungal Names. 2021. Disponible en: <http://www.indexfungorum.org/names/AuthorsOfFungalNames.asp> (Acceso Abril 2021).
- Ivanova, N. & C. Grainger. 2006. Pre-made frozen PCR and sequencing plates. Canadian Center for DNA Barcoding Advances. *Methods Release* 4.
- Ivanova, N. V.; A. J. Fazekas & P. D. N. Hebert. 2008. Semi-automated, membrane-based protocol for DNA isolation from plants. *Plant Molecular Biology Reporter* 26(3): 186-198. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11105-008-0029-4>
- Katoh, K. & D. M. Standley. 2013. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution* 30(4): 772-780. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/mst010>
- Kearse, M.; R. Moir, A. Wilson, S. Stones-Havas, M. Cheung, S. Sturrock, S. Buxton, A. Cooper, S. Markowitz & C. Duran. 2012. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics* 28(12): 1647-1649. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts199>
- Kirk, P. M.; P. F. Cannon, D. W. Minter & J. A. Stalpers. 2008. *Dictionary of the fungi*, 10th edn. United Kingdom: CABI.
- Kiyashko, A. A.; E. F. Malysheva, V. Antonin, T. Y. Svetasheva & E. M. Bulakh. 2014. Fungi of the Russian Far East 2. New species and new records of *Marasmius* and *Cryptomarasmius* (Basidiomycota). *Phytotaxa* 186(1): 1-28. DOI: <http://dx.doi.org/10.11646/phytotaxa.186.1.1>
- Kornerup, A. & J. H. Wanscher. 1978. *Methuen handbook of colour*, 3 edn. London: Eyre Methuen.
- Lechner, B. & L. Papinutti. 2011. A new species of *Marasmius* from northern Argentina. *Mycotaxon* 118: 251-256. DOI: <https://doi.org/10.5248/118.251>
- Lodge, D. J.; J. F. Ammirati, T. E. O'Dell, G. M. Mueller, S. M. Huhndorf, C.-J. Wang, J. N. Stokland, J. P. Schmit, L. Ryvarden, P. R. Leacock, M. Mata, L. Umaña, Q. Wu & D. L. Czederpiltz. 2004. Terrestrial and lignicolous macrofungi, en: Mueller, G. M.; G. F. Bills & M. S. Foster (eds.) *Biodiversity of Fungi, Inventory and Monitoring Methods*. pp. 127-172. San Diego: Elsevier Academic Press.
- Magnago, A. C.; J. J. S. Oliveira & M. A. Neves. 2016. *Marasmius magnus* (Marasmiaceae), a new species from the southern Atlantic Forest of Brazil. *Phytotaxa* 266(4): 271-281. DOI: <http://dx.doi.org/10.11646/phytotaxa.266.4.4>

- Matheny, P. B.; J. M. Curtis, V. Hofstetter, M. C. Aime, J.-M. Moncalvo, Z.-W. Ge, Z.-L. Yang, J. C. Slot, J. F. Ammirati, T. J. Baroni, N. L. Bougher, K. W. Hughes, D. J. Lodge, R. W. Kerrigan, M. T. Seidl, D. K. Aanen, M. DeNitis, G. M. Daniele, D. E. Desjardin, B. R. Kropp, L. L. Norvell, A. Parker, E. C. Vellinga, R. Vilgalys & D. S. Hibbett. 2006. Major clades of Agaricales: a multilocus phylogenetic overview. *Mycologia* 98(6): 982-995. DOI: <https://doi.org/10.1080/15572536.2006.11832627>
- Miller, M. A.; W. Pfeiffer & T. Schwartz. 2010. Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. Paper presented at the SC10 Workshop on Gateway Computing Environments (GCE10), 14 Nov. 2010. New Orleans, USA, pp 1-8. DOI: <https://doi.org/10.1109/GCE.2010.5676129>
- Niveiro, N. & E. O. Albertó. 2013. Checklist of the Argentine Agaricales 4. Tricholomataceae and Polyporaceae. *Mycotaxon* 121: 499.
- Niveiro, N.; S. A. Michlig, N. A. Ramírez, C. A. Salvador-Montoya, M. L. Pérez, E. O. Albertó & V. Antonín. 2018. Two new setose species of *Marasmius* from the Paraná riparian forest in Argentina. *Cryptogamie, Mycologie* 39(4): 483-506.
- Oliveira, J. J. S.; J.-M. Moncalvo, S. Margaritescu & M. Capelari. 2020. A morphological and phylogenetic evaluation of *Marasmius* sect. *Globulares* (Globulares-Sicci complex) with nine new taxa from the Neotropical Atlantic Forest. *Persoonia* 44: 240. DOI: <https://doi.org/10.3767/persoonia.2020.44.09>
- Papinutti, L. & B. E. Lechner. 2011. Two new species of *Marasmius* (Basidiomycetes, Marasmiaceae) from a xeric zone of Argentina. *Cryptogamie, Mycologie* 32(2): 219-225. DOI: <https://doi.org/10.7872/crym.v32.iss2.2011.219>
- Raiithelhuber, J. H. 2004. *Nueva flora micológica Argentina*. Stuttgart: Mycosur.
- Ramírez, N. A.; N. Niveiro, C. A. Salvador-Montoya, F. Piris da Motta, M. L. Perez & O. F. Popoff. 2021. *Marasmius tricytidiatus* sp. nov. (Agaricales, Marasmiaceae) and its morphological and phylogenetic relationship with *Marasmius jalapensis*. *Phytotaxa* 494(1): 59-74. DOI: <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.494.1.3>
- Razaq, A.; S. Ilyas & A. N. Khalid. 2013. Molecular identification of *Marasmius oreades* - an edible mushroom from Pakistan based on its-rDNA sequence data. *Pakistan Journal of Agricultural Sciences* 50(3): 415-419.
- Ronquist, F. & J. P. Huelsenbeck. 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics* 19(12): 1572-1574. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg180>
- Ronquist, F.; M. Teslenko, P. Van Der Mark, D. L. Ayres, A. Darling, S. Höhna, B. Larget, L. Liu, M. A. Suchard & J. P. Huelsenbeck. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology* 61(3): 539-542. DOI: <http://dx.doi.org/10.1093/sysbio/sys029>
- Schneider, C. A.; W. S. Rasband & K. W. Eliceiri. 2012. NIH Image to ImageJ: 25 years of image analysis. *Nature Methods* 9(7): 671-675. DOI: <https://doi.org/10.1038/nmeth.2089>
- Schoch, C. L.; K. A. Seifert, S. Huhndorf, V. Robert, J. L. Spouge, C. A. Levesque, W. Chen & F. B. Consortium. 2012. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109(16): 6241-6246. DOI: <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.1117018109>
- Singer, R. 1965. Monographic studies on South American Baidiomycetes, especially those at the east slope of the Andes and Brazil 2. The genus *Marasmius* in South America. *Sydowia* 18: 106-358.
- Singer, R. 1976. Marasmiaceae (Basidiomycetes-Tricholomataceae). *Flora Neotropica Monograph* 17: 1-347.
- Singer, R. 1986. *The Agaricales in modern taxonomy*, 4 edn. Koenigstein: Koeltz Scientific Books.
- Singer, R. & A. P. L. Digilio. 1951. Pródromo de la flora agaricina Argentina. *Lilloa* 25: 5-462.
- Stamatakis, A. 2014. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30(9): 1312-1313. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033>
- Tamura, K.; G. Stecher, D. Peterson, A. Filipski & S. Kumar. 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30(12): 2725-2729. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/mst197>
- Thiers, B. [permanentemente actualizado] Index Herbariorum: a global directory of public herbaria and associated staff. New York Botanical Garden's Virtual Herbarium. Disponible en: <http://sweetgum.nybg.org/science/ih/> (Acceso: Abril 2021).
- Vellinga, E. C. 1988. Glossary, en: Bas, C.; T. W. Kuyper, M. E. Noordeloos & E. C. Vellinga (eds.) *Flora Agaricina Neerlandica*, vol 1. pp. 54-64. Brookfield A. A Balkema Publisher.
- Wang, C.-Q.; T.-H. Li, H. Huang, Y.-W. Xia, C.-Y. Deng & W.-Q. Deng. 2015. *Marasmius alboburpureus*, a new species of section *Globulares* from Baili Island, China. *Mycological progress* 14(6): 1-4. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11557-015-1053-z>
- Wannathes, N.; D. E. Desjardin, K. D. Hyde, B. A. Perry & S. Lumyong. 2009. A monograph of *Marasmius* (Basidiomycota) from Northern Thailand based on morphological and molecular (ITS sequences) data. *Fungal Diversity* 37: 209-306.
- Wright, J. E. & E. O. Albertó. 2002. *Hongos. Guía de la región Pampeana I. Hongos con laminillas*. Argentina: L.O.L.A.