






Fundación
Miguel Lillo
Tucumán
Argentina

doi

NOTA

Base de datos online de la diversidad fúngica de Chile

Online database of fungal diversity in Chile

Galleguillos, Felipe^{1*}; Cristian Riquelme^{1,2}; Bastian Zapata¹;
Víctor Hernández¹

¹ Laboratorio de Química de Productos Naturales, Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Casilla 160-C, Concepción, Chile.

² Grupo de Estudios Micológicos (GEM), San Nicolás, Punilla, Ñuble, Chile.

* Autor de correspondencia: <felipe.fel1ga21@gmail.com>

Resumen

La información existente sobre diversidad de hongos nativos en Chile requiere de una organización y actualización para tener un mejor acceso a los datos. Por esto, se crea “*Macrohongos de Chile*”. Un sitio web de acceso libre y funciones de búsqueda que cuenta con información de nomenclatura, datos ambientales y secuencias de marcadores moleculares como el espaciador interno transcrito ITS. Esta información genética permitirá mejorar la identificación de los hongos habitantes del bosque nativo, siendo una importante base para el conocimiento de la impronta genética y un pilar fundamental de futuros estudios en biodiversidad para la toma de decisiones en políticas medioambientales.

Palabras clave: Macrohongos; bosque; diversidad; medioambiente.

Abstract

The information on native fungal diversity in Chile needs to be organized and updated to improve access to the data. In this context, “Chilean macrofungi” has been developed. This user-friendly website, equipped with search functionalities, provides comprehensive information on taxonomic nomenclature, environmental data, and molecular marker

► Ref. bibliográfica: Galleguillos, F.; Riquelme, C.; Zapata, B.; Hernández, V. 2026. Base de datos online de la diversidad fúngica de Chile. *Lilloa* 63 (1): 177-183. doi: <https://doi.org/10.30550/j.lil/2309>

► Recibido: 9 de diciembre 2026 – Aceptado: 15 de mayo 2026 – Publicado: 7 de junio 2026.

► URL de la revista: <http://lilloa.lillo.org.ar>

► Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución – No Comercial – Sin Obra Derivada 4.0 Internacional.



sequences such as the Internal Transcribed Spacer (ITS) region. This type of genetic information will enhance the identification of fungi inhabiting native forests. Furthermore, it constitutes an essential resource for understanding their genetic imprint and serves as a fundamental element for future biodiversity research aimed at decision-making.

Keywords: Macrofungi; forest; diversity; environment.

INTRODUCCIÓN

El gradiente climático a lo largo de la zona boscosa que se extiende entre la región Metropolitana hasta Tierra del Fuego en Chile ha generado una gran variedad de tipos de bosque, dominados por especies de *Nothofagus*. El bosque nativo alcanza 14,73 millones de hectáreas, lo que representa el 19,46 % del territorio nacional (Luebert y Pliscoff, 2023). Para la protección de estos ecosistemas de bosques nativos es indispensable conocer en detalle las especies que los habitan, así como su función y relaciones en el medioambiente (Heilmayr *et al.*, 2020).

Dentro de esta biodiversidad de organismos se encuentra la fungia (Kuhar *et al.*, 2018), cuya diversidad se ha estimado rondaría los 4 millones de especies a nivel mundial, aunque hasta el momento se han descrito unas 150.000 (Bánki *et al.*, 2025; Hyde *et al.*, 2020; Niskanen *et al.*, 2023). Estos se pueden encontrar como saprótrofos, simbioses y parásitos, con gran importancia ecológica en los ecosistemas, Así como en aplicaciones biotecnológicas, siendo productores de metabolitos secundarios de interés y nanopartículas (Gómez-Espinoza *et al.*, 2023; Niego *et al.*, 2023; Venil *et al.*, 2020; Soh *et al.*, 2020; Sun *et al.*, 2019).

Chile presenta una amplia biodiversidad de macrohongos (Sandoval-Leiva *et al.*, 2023) con 1600 especies reportadas. En el último catastro realizado en los años 80 se estimó que existe un número por sobre las 3000 especies, que incluye una gran proporción de microhongos fitopatógenos (Mujica *et al.*, 1980). En los ambientes boscosos de Chile se encuentran zonas de alta biodiversidad mundial llamados *hotspots* (Mittermeier *et al.*, 2004; Myers *et al.*, 2000). Ubicados entre los 30° y 40° de latitud S, conteniendo un 30 % de especies endémicas, donde solo un 52 % de estas se encuentran identificadas (Garnica *et al.*, 2016).

Actualmente los datos moleculares son claves para la identificación de hongos al nivel de especie (Salgado Salomón *et al.*, 2018; Danielewski *et al.*, 2025). En Chile, una gran parte de la diversidad fúngica se encuentra no identificada y la información disponible se encuentra alojada en diferentes bases de datos extranjeras. Por este motivo, es necesaria una organización de la información nacional de los hongos.

BASE DE DATOS DE HONGOS PARA CHILE

Existen algunas bases de datos de amplio uso global como Index Fungorum, Species Fungorum, MycoBank (Robert *et al.*, 2013), Genbank, del National Center of Biotechnology information (NCBI) (Sayers *et al.*, 2023), iNaturalist (Riquelme, 2025) y UNITE (Abarenkov *et al.*, 2023) algunas de estas contienen datos de hongos nativos chilenos que son de importancia para la ciencia y para las políticas públicas, como se resaltó en la United Nations Biodiversity Conference (COP 16) con el concepto Digital Sequence Information (DSI) definido como los datos genómicos (ADN, ARN y proteínas) obtenidos de recursos biológicos que son almacenados digitalmente, siendo un concepto de importancia como parámetro de diversidad (Danielewski *et al.*, 2025).

Chile cuenta con trabajos científicos de hongos nativos y frecuentemente se está generando nueva información. Hasta la fecha, no existe un sitio donde confluyan estos antecedentes. Por esto, se crea la base de datos de diversidad fúngica <http://www.macrohongos.cl> considerada un pilar inicial para la valorización de la diversidad del país. Entregando además información genética de suma importancia para mejorar el conocimiento de los macrohongos en bosque nativo. Este conocimiento generado servirá de apoyo para futuros estudios ecológicos enfocados en especies particulares, aplicaciones biotecnológicas como producción de metabolitos de las especies y medidas de protección para políticas públicas de conservación de potenciales especies en peligro.

Recopilación y generación de nuevos datos

La recopilación inicial de datos se realizó en trabajos científicos publicados y secuencias disponibles en GenBank. Luego, se generaron nuevos datos con la secuenciación de muestras provenientes de fungarios nacionales y con la recolección de muestras en parques nacionales durante los años 2024-2025. Los lugares muestreados fueron: Reserva Nonguén, Reserva Los Ruiles, Reserva Federico Albert en la región del Biobío. Reserva Oncol en Valdivia y parque Conguillío en la región de la Araucanía. Reserva Nacional Coyhaique, Reserva Nacional Río Simpson, ambas ubicadas en la región de Aysén del General Carlos Ibáñez del Campo. Todas las muestras recolectadas fueron evaluadas por sus características morfológicas y secuenciadas por medio del espaciador interno transcrito o ITS (Schoch *et al.*, 2012). Para su conservación, los especímenes recolectados fueron procesados y posteriormente guardados para ser entregados en algún fungario nacional.

Para crear una base de datos robusta, se usaron criterios taxonómicos, morfológicos, datos de geolocalización, fecha de recolección y secuencia genética asociada a cada espécimen. Para los usuarios que quieran colaborar con nueva información en la plataforma, se dispone de un formulario de contacto que es evaluado previo a ser aceptado.

Interfaz de visualización principal de base de datos con opción de búsqueda

Información resultante de la búsqueda.

Fig. 1. Interfaz de usuario y búsqueda en el sitio web.

Fig. 1. User interface and search functionality of the website.

Información de la base de datos

El sitio tiene implementado una interfaz de fácil manejo, con un sistema de búsqueda que permite consultar por nombre científico. Como resultado de la búsqueda se obtienen datos como localización de la muestra, código de laboratorio, ubicación, fotos del hongo, foto de esporas y secuencia asociada (Fig. 1).

Como referencia inicial se dispone de un total de 60 especies de hongos con secuencia del espaciador transcrito interno (ITS), de estas, 25 obtenidas con la recopilación en publicaciones y Genbank, 10 generadas con muestras provenientes de herbarios y 25 generadas por colectas en terreno por nuestro grupo de investigación.

El sistema se aloja en los servidores de alto estándar de la Universidad de Concepción. Como medida de protección de la información, el servidor realiza respaldos diarios automáticos.

Proyecciones

Como proyección se tiene estimado un crecimiento de datos, por medio de la invitación a compartir la información generada por micólogos nacionales y extranjeros, asimismo se generarán actividades de divulgación con la comunidad y la opción para recibir muestras provenientes de la población por medio de un formulario que estará disponible en la plataforma. Como parámetro de crecimiento usaremos el número de muestras, esperando doblar el número de ingresos inicial durante los primeros dos años de ejecución. Finalmente, se estarán postulando nuevos proyectos que permitan la mejora del sistema informático y la continuidad de la iniciativa a largo plazo.

AGRADECIMIENTOS

El trabajo fue apoyado por el proyecto Fondecyt iniciación 11230014 de la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo ANID y la Corporación Nacional Forestal CONAF y su Programa de Fondo de Investigación del Bosque Nativo 013-2023.

CONFLICTOS DE INTERÉS

No existen conflictos de interés entre autores o con terceros.

BIBLIOGRAFÍA

- Abarenkov, K., Nilsson, R. H., Larsson, K.-H., Taylor, A. F. S., May, T. W., Frøslev, T. G., Pawlowska, J., Lindahl, B., Pöldmaa, K., Truong, C., Vu, D., Hosoya, T., Niskanen, T., Piirmann, T., Ivanov, F., Zirk, A., Peterson, M., Cheeke, T. E., Ishigami, Y., ... Kõljalg, U. (2023). The UNITE database for molecular identification and taxonomic communication of fungi and other eukaryotes: Sequences, taxa and classifications reconsidered. *Nucleic Acids Research* 52 (D1): D791-D797. <https://doi.org/10.1093/nar/gkad1039>
- Bánki, O., Roskov, Y., Döring, M., Ower, G., Hernández Robles, D. R., Plata Corredor, C. A., Stjernegaard Jeppesen, T., Örn, A., Pape, T., Hobern, D., Garnett, S., Little, H., DeWalt, R. E., Miller, J. y Orrell, T. (2025). *Catalogue of Life* (Version Annual Checklist 2025) [Dataset]. Catalogue of Life Foundation. <https://doi.org/10.48580/DGR6N>
- Danielewski, M., Szalata, M., Nowak, J. K., Walkowiak, J., Słomski, R. y Wielgus, K. (2025). History of Biological Databases, Their Importance, and Existence in Modern Scientific and Policy Context. *Genes* 16 (1): 100. <https://doi.org/10.3390/genes16010100>

- Garnica, S., Schön, M. E., Abarenkov, K., Riess, K., Liimatainen, K., Niskanen, T., Dima, B., Soop, K., Frøslev, T. G., Jeppesen, T. S., Peintner, U., Kuhnert, R., Brandrud, T. E., Saar, G., Oertel, B. y Ammirati, J. F. (2016). Determining threshold values for barcoding fungi: Lessons from *Cortinarius* (Basidiomycota), a highly diverse and widespread ectomycorrhizal genus. *FEMS Microbiology Ecology* 92. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiw045>
- Gómez-Espinoza, J., Riquelme, C., Romero-Villegas, E., Ahumada-Rudolph, R., Novoa, V., Méndez, P., Millar, C., Fernández-Alarcón, N., Garnica, S., Rajchenberg, M. y Cabrera-Pardo, J. R. (2023). Diversity of Agaricomycetes in southern South America and their bioactive natural products. *Natural Product Research* 1-15. <https://doi.org/10.1080/14786419.2023.2244126>
- Heilmayr, R., Echeverría, C. y Lambin, E. F. (2020). Impacts of Chilean forest subsidies on forest cover, carbon and biodiversity. *Nature Sustainability* 3 (9): 701-709. <https://doi.org/10.1038/s41893-020-0547-0>
- Hyde, K. D., Jeewon, R., Chen, Y. J., Bhunjun, C. S., Calabon, M. S., Hong Bo Jiang, Hong Bo Jiang, Jiang, H.-B., Lin, C. G., Norphanphoun, C., Sysouphanthong, P., Pem, D., Tibpromma, S., Zhang, Q., Doilom, M., Jayawardena, R. S., Liu, J.-K., Maharachchikumbura, S. S. N., Phukhamsakda, C., ... Saisamorn Lumyong. (2020). The numbers of fungi: Is the descriptive curve flattening? *Fungal Diversity* 103 (1): 219-271. <https://doi.org/10.1007/s13225-020-00458-2>
- Kuhar, F., Furci, G., Drechsler-Santos, E. R. y Pfister, D. H. (2018). Delimitation of Funga as a valid term for the diversity of fungal communities: The Fauna, Flora & Funga proposal (FF&F). *IMA Fungus* 9 (2): A71-A74. <https://doi.org/10.1007/BF03449441>
- Luebert, F. y Plissock, P. (2023). *Sinopsis bioclimática y vegetacional de Chile* (3rd ed.). Editorial Universitaria. <https://books.google.cl/books?id=Q6TQdlb6bEwC>
- Mittermeier, R. A., Robles Gil, P., Hoffman, M., Pilgrim, J., Brooks, T., Goettsch Mittermeier, C., Lamoreux, J. y da Fonseca, G. (Eds.). (2004). *Hotspots revisited*. Cemex.
- Mujica, F., Vergara, C. y Oehrens, E. (1980). *Flora fungosa chilena* (2nd ed.).
- Myers, N., Mittermeier, R. A., Mittermeier, C. G., da Fonseca, G. A. B. y Kent, J. (2000). Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature* 403 (6772): 853-858. <https://doi.org/10.1038/35002501>
- Niego, A. G. T., Rapior, S., Thongklang, N., Raspé, O., Hyde, K. D. y Mortimer, P. (2023). Reviewing the contributions of macrofungi to forest ecosystem processes and services. *Fungal Biology Reviews* 44: 100294. <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2022.11.002>
- Niskanen, T., Lücking, R., Dahlberg, A., Gaya, E., Suz, L. M., Mikryukov, V., Liimatainen, K., Druzhinina, I., Westrip, J. R. S., Mueller, G. M., Martins-Cunha, K., Kirk, P., Tedersoo, L. y 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 (1): annurev-environ-112621-090937. <https://doi.org/10.1146/annurev-environ-112621-090937>
- Riquelme, C. (2025). iNaturalist as a platform for documenting Chilean funga. *Lilloa* 62 (1): 61-88. <https://doi.org/10.30550/j.lil/2082>
- Robert, V., Vu, D., Amor, A. B. H., van de Wiele, N., Brouwer, C., Jabas, B., Szoke, S., Dridi, A., Triki, M., Ben Daoud, S., Chouchen, O., Vaas, L. A. I., de Cock, A., Stalpers, J. A., Stalpers, D., Verkley, G. J. M., Groenewald, M., dos Santos, F. B., Stegehuis, G. J., ... Crous, P. W. (2013). MycoBank gearing up for new horizons. *IMA Fungus* 4 (2): 371-379. <https://doi.org/10.5598/imafungus.2013.04.02.16>
- Salgado Salomón, M. E., Dresch, P., Horak, E., Galleguillos, F., Barroetaveña, C. y Peintner, U. (2018). The enigmatic *Cortinarius magellanicus* complex occurring in Nothofagaceae forests of the Southern Hemisphere. *Fungal Biology* 122 (11): 1077-1097. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2018.08.009>
- Sandoval-Leiva, P. A., Calle Valencia, A. E., Pérez Orellana, D. C. y Riquelme, C. (2023). *Lista sistemática de macrohongos presentes en Chile* [Dataset]. Ministerio del Medio Ambiente de Chile. <https://doi.org/10.15468/D7XN8P>
- Sayers, E. W., Beck, J., Bolton, E. E., Brister, J. R., Chan, J., Comeau, D. C., Connor, R., DiCuccio, M., Farrell, C. M., Feldgarden, M., Fine, A. M., Funk, K., Hatcher, E., Hoepfner, M., Kane, M., Kannan, S., Katz, K. S., Kelly, C., Klimke, W., ... Sherry, S. T. (2023). Database resources of the National Center for Biotechnology Information. *Nucleic Acids Research* 52 (D1): D33-D43. <https://doi.org/10.1093/nar/gkad1044>
- Schoch, C. L., Seifert, K. A., Huhndorf, S. M., Robert, V., Spouge, J. L., Lévesque, C. A., Chen, W., Bolchacova, E., Voigt, K., Crous, P. W., Miller, A. N., Wingfield, M. J., Aime, M. C., An, K. D., Bai, F.-Y., Barreto, R. W., Begerow, D., Bergeron, M. J., Blackwell, M., ... Schindel, D. (2012). Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *PNAS* 109 (16): 6241-6246. <https://doi.org/10.1073/pnas.1117018109>
- Soh, E., Chew, Z. Y., Saeidi, N., Javadian, A., Hebel, D. y Le Ferrand, H. (2020). Development of an extrudable paste to build mycelium-bound composites. *Materials & Design* 195: 109058. <https://doi.org/10.1016/j.matdes.2020.109058>
- Sun, W., Tajvidi, M., Hunt, C. G., McIntyre, G. y Gardner, D. J. (2019). Fully Bio-Based Hybrid Composites Made of Wood, Fungal Mycelium and Cellulose Nanofibrils. *Scientific Reports* 9 (1): 3766. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-40442-8>
- Venil, C. K., Velmurugan, P., Dufossé, L., Renuka Devi, P. y Veera Ravi, A. (2020). Fungal Pigments: Potential Coloring Compounds for Wide Ranging Applications in Textile Dyeing. *Journal of Fungi* 6 (2): 68. <https://doi.org/10.3390/jof6020068>