



DOI: <https://doi.org/10.29298/rmcf.v12i66.806>

Artículo

***Schizophyllum commune* Fr. asociado a *Hevea brasiliensis* (Willd. ex A. Juss.) Müll. Arg. en México**

***Schizophyllum commune* Fr. associated to *Hevea brasiliensis* (Willd. ex A. Juss.) Müll. Arg. in Mexico**

Iris Marley Pérez Gálvez¹, Victoria Ayala Escobar¹, Elías Ortiz Cervantes², Adriana Rosalía Gijón Hernández³ y Sergio Aranda Ocampo^{1*}

Abstract

Hevea brasiliensis is the most economically important species of the *Hevea* genus, from which 99 % of the world's natural rubber production is obtained. During 2018, total production was 75 922 tons obtained from 28 172 ha planted in five states of Mexico: *Chiapas*, *Oaxaca*, *Tabasco*, *Veracruz* and *Puebla*. *Veracruz* is in first place with 66 % production. The diseases in the rubber tree affect the optimal production of latex worldwide. In 2018, the incidence in nursery of a rot in rubber stumps grafted with the clone IAN-873 in *Martínez de la Torre* municipality was detected; therefore, the objective of this investigation was to identify the agent associated to stump rot in this place. Samples of woody tissue with rot and mycelium were cultured in Malta Agar medium (MA) and incubated at 28 ± 1 °C for 72 h from which colonies with white-cream, cottony mycelium developed. Based on the culture morphology in the MA medium and the phylogenetic analysis by amplification of the ITS region with the ITS5 and ITS4 universal primers from the isolation, *Schizophyllum commune* was identified as the fungus associated to *H. brasiliensis* stump rot, thus becoming the first report in Mexico.

Key words: Phylogeny, rubber, identification, stumps, rot, *Schizophyllum commune* Fr.

Resumen

Hevea brasiliensis es la especie de mayor importancia económica del género *Hevea*, de la cual se obtiene 99 % de la producción mundial de hule natural. En México, durante 2018 se registró una producción total de 75 922 toneladas que se obtuvieron de 28 172 ha plantadas en cinco estados: *Chiapas*, *Oaxaca*, *Tabasco*, *Veracruz* y *Puebla*. De ellos, *Veracruz* ocupa el primer lugar, con 66 % de la producción. Las enfermedades en el árbol del hule afectan la óptima producción de látex en todo el mundo. En 2018, se detectó la incidencia en vivero de una pudrición en tocones de hule injertados con el clon IAN-873 en el municipio *Martínez de la Torre*; por lo anterior, el objetivo de esta investigación fue identificar el agente asociado a la pudrición de tocones en dicho lugar. Se cultivaron muestras de tejido leñoso con pudrición y micelio en medio Extracto de Malta Agar (MEA) y se incubaron a 28 ± 1 °C por 72 h; se desarrollaron colonias algodonosas, con micelio color blanco-crema. Con base en la morfología del cultivo en el medio MEA y el análisis filogenético como la secuencia de la región ITS, obtenida mediante la amplificación con los *primers* ITS5/ITS4 del aislamiento, se identificó a *Schizophyllum commune* como el hongo asociado a la pudrición de los tocones de *H. brasiliensis*, lo que corresponde al primer registro para México.

Palabras clave: Filogenia, hule, identificación, tocones, pudrición, *Schizophyllum commune* Fr.

Fecha de recepción/Reception date: 20 de junio de 2020

Fecha de aceptación/Acceptance date: 16 de diciembre de 2020

¹Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. México.

² Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícola y Pecuarias. CIR-Golfo Centro. Campo Experimental El Palmar. México.

³Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Cenid- Conservación y Mejoramiento de Ecosistemas Forestales. México.

*Autor para correspondencia; correo-e: saranda@colpos.mx

Introducción

El género *Hevea* pertenece a la familia Euphorbiaceae e incluye las especies *H. brasiliensis* (Willd. ex A. Juss.) Müll. Arg., *H. spruceana* (Benth.) Müll. Arg., *H. benthamiana* Müll. Arg., *H. guianensis* Aubl., *H. pauciflora* (Spruce ex Benth.) Müll. Arg. y *H. rigidifolia* (Spruce ex Benth.) Müll. Arg. Entre estas, la más importante es *H. brasiliensis* de la cual se obtiene 99 % de la producción mundial de hule natural (Picón *et al.*, 1997).

En México, el cultivo de hule y producción de látex es una actividad económica importante; durante 2018, se registró una producción total de 75 922 toneladas de látex en los estados de Veracruz, Chiapas, Oaxaca, Tabasco y Puebla. De ellos, Veracruz es el principal productor con 48.7 % de la superficie sembrada y 50 229 toneladas concentradas en las zonas de Uxpanapa, Las Choapas, Hidalgotitlán y Tezonapa, que en conjunto representan 66 % de la producción total nacional (SIAP, 2018).

Las enfermedades en el árbol del hule son una limitante importante que causan anualmente pérdidas considerables, en términos de producción de látex (Jaimes y Rojas, 2011). La mayoría de esas enfermedades son de etiología fungosa que pueden afectar en distintas etapas fenológicas y tipo de tejido del árbol. A nivel mundial, las principales en *H. brasiliensis* incluyen el "Mal Sudamericano de las hojas" (SALB) ocasionado por *Microcyclus ulei* (Henn.) Arx; antracnosis por *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) Penz. & Sacc. (Castro, 2011); y la muerte descendente o pudrición de tallo por *Lasiodiplodia theobromae* (Pat.) Griffon & Maubl. (Izquierdo, 2008; Grupo Técnico Procaucho, 2012), entre otras.

Las enfermedades de pudrición que se han identificado en *H. brasiliensis* incluyen la pudrición mohosa por *Ceratocystis fimbriata* Ellis & Halst.; en raíces, la pudrición blanca (*Rigidoporus* sp.), pudrición café (*Fomes noxius* Corner), pudrición negra (*Xylaria thwaitesii* Berk. & Cooke) y pudrición roja (*Ganoderma pseudoferreum* (Wakef.) Overeem & B. A. Steinm.) (Rodríguez, 1993; Izquierdo, 2008).

En México, son escasas las investigaciones que abordan el estudio de las enfermedades del hule en las principales zonas productoras. Durante 2018, en un vivero en el municipio Martínez de la Torre, Veracruz, se detectó una incidencia entre 10 y 15 % de una enfermedad de pudrición, presuntamente de etiología fungosa, con proliferación de micelio blanco-grisáceo en el tejido leñoso de tocones injertados con el clon IAN-873 de hule. Por lo anterior, el objetivo del presente estudio fue identificar morfológica y genéticamente el hongo asociado a la pudrición de tocones de hule.

Materiales y Métodos

Aislamiento de micelio

Se recolectaron muestras de tejido vegetal de tocones de árboles de hule injertados con el clon IAN-873, con síntomas de pudrición en un vivero de Martínez de la Torre (20°05'57.88" N, 97°04'52.3" O), Veracruz, México. Las muestras se colocaron en papel estraza y dentro de bolsas plásticas selladas para su análisis en el Laboratorio de Fitobacteriología del Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo.

El aislamiento de micelio se realizó a partir de estructuras fúngicas asociadas al tejido con los síntomas de la enfermedad de pudrición. De cada muestra se cortaron trozos del esporoma de aproximadamente 0.5 cm² y se desinfectaron con hipoclorito de sodio (NaOH) al 1.5 % por 1 min, seguido de tres lavados con agua destilada estéril. Los trozos desinfectados se sembraron en medio de cultivo Extracto de Malta Agar (MEA) y se incubaron a 28 ± 1 °C por 72 h. Se obtuvo micelio en cultivo axénico y se preservó en tubos inclinados en medio de cultivo MEA y aceite mineral estéril para los estudios posteriores.



Descripción morfológica

Se recolectaron basidiomas parcialmente desarrollados en tocones de árboles de hule con síntomas de pudrición para la medición microscópica de las estructuras fúngicas, así como de las cultivadas en el medio MEA; la identificación se realizó con las claves taxonómicas elaboradas por Olivo y Herrera (1994) para especies de *Schizophyllum*.

Caracterización genética

Para la caracterización genética se utilizó una colonia de micelio de un cultivo axénico de ocho días de crecimiento en medio MEA del hongo aislado e identificado en este estudio, con la clave MZVMT_01. La extracción de ADN se llevó a cabo por el método AP modificado (Sambrook y Russell, 2001). Se amplificó la región ITS con los *primers* universales *ITS5* (5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3') e *ITS4* (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') (White *et al.*, 1990), que se ubican en las regiones conservadas de los genes *18S* y *28S*, respectivamente. Las reacciones de PCR se practicaron en un volumen de 25 μL , con 2 μL de ADN a 50 $\text{ng } \mu\text{L}^{-1}$ y 1 μL de cada uno de los iniciadores a una concentración de 10 μM ; el amortiguador para PCR tuvo una concentración final de 0.5x; MgCl_2 a 1.25 mM ; dNTPs a 0.2 mM y 0.1 $\text{U } \mu\text{L}^{-1}$ de Taq DNA Polymerase (Promega). La amplificación se hizo en un termociclador T100 (*Biorad*) bajo las siguientes condiciones: temperatura inicial de desnaturalización a 94 °C por 3 minutos, 35 ciclos de 94 °C por 30 segundos, alineamiento de 58 °C por 30 segundos y una extensión de 72 °C por 1 minuto; extensión final a 72 °C por 7 minutos y conservación a 4 °C. Los fragmentos amplificados se visualizaron por electroforesis en gel de agarosa al 1 %, con 0.4 μL de bromuro de etidio durante 50 minutos a 90 V. Los geles se visualizaron en un fotodocumentador *Infinity-ST5 Vilber Lourmat*.

El producto de PCR se purificó con el kit *WIZARD*® SV Gel y el *PCR Clean-Up System*, de acuerdo a las especificaciones del fabricante (Promega Corporation, 1999). Los productos de PCR purificados se secuenciaron en *Macrogen* Korea en Seúl, República de Corea.

Las secuencias de ADN se editaron y ensamblaron para crear la secuencia consenso de las regiones amplificadas con el programa *BioEdit Sequence Alignment Editor* versión 7.0.5.3.

Los ensamblados se utilizaron para realizar una búsqueda de similitud mediante *BLAST* (*Basic Local Alignment Search Tool*) en la base de datos de nucleótidos del *National Center of Biotechnology Information* (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Blast>). Para los análisis filogenéticos, las secuencias consenso se alinearon con el método *clustal* con el programa *CLUSTAL OMEGA* 1.2.2 (Sievers y Higgins, 2014) y se realizó la búsqueda del mejor modelo de sustitución de nucleótidos para cada una de las especies con el programa *ModelTest-NG* (Darriba *et al.*, 2019). La reconstrucción filogenética se llevó a cabo con inferencia bayesiana, mediante *Markov Chains Monte Carlo* (MCMC), implementado en el programa *BEAST* v1.10.4 (Suchard *et al.*, 2018) con diferentes generaciones, hasta que se estabilizaran las cadenas. Para la anotación del mejor árbol, se descartó 25 % de los árboles producidos y la probabilidad posterior se determinó con los árboles restantes.

Resultados y Discusión

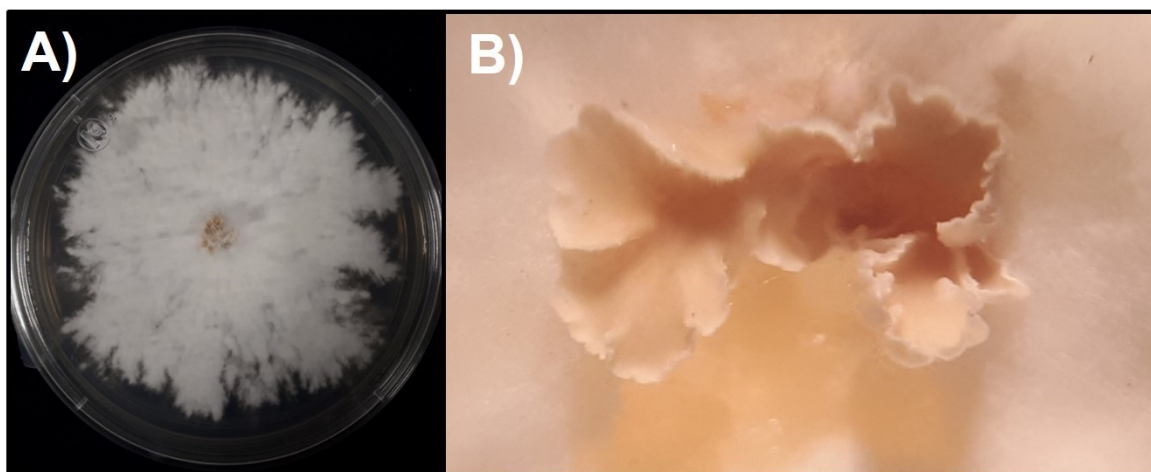
En tocones de *H. brasiliensis* del vivero de Martínez de la Torre, se observaron basidiomas pequeños, parcialmente desarrollados que no superaban el centímetro en su zona más ancha, con forma de abanico, de color blanquecino grisáceo (Figura 1).



A) Tocones enfermos; B) Cuerpos fructíferos en el tejido.

Figura 1. Síntomas de pudrición y estructuras fúngicas en tocones de hule en Martínez de la Torre.

De los fragmentos de basidioma que se inocularon en el medio MEA, se aislaron cepas puras del hongo que formaron colonias de color blanco-crema, algodonosas y esporomas a los 10 días posteriores a la siembra (Figura 2).



A) Colonia blanco-crema, algodonosas en medio de cultivo MEA; B) Formación de cuerpos fructíferos a los 10 días posteriores a la siembra.

Figura 2. Características morfológicas del aislamiento fungoso de tocones de *Hevea brasiliensis* (Willd. ex A. Juss.) Müll. Arg.

Descripción morfológica

Los esporomas observados en los tocones de *H. brasiliensis* con pudrición estaban agrupados, de tamaño pequeño, entre 0.5-2 cm de ancho, sin estípites, con forma de irregular a concha, con micelio color blanco a grisáceo. El esporoma era gimnocarpo con la parte esporífera limitada solo a la parte inferior de la tapa y el himenóforo solo en la parte inferior. El cultivo de los esporomas en el medio MEA desarrolló colonias de color blanco a crema, algodonosas, con crecimiento ramificado e irregular, de textura suave y superficie rugosa. A partir del análisis microscópico de los esporomas, se identificó al hongo asociado a la pudrición de tocones de *H. brasiliensis* como *Schizophyllum commune* Fries (1815). El último escrutinio taxonómico lo clasifica (Kirk, 2020) como:

Reino: Fungi

Phylum: Basidiomycota

Clase: Agaricomycetes

Orden: Agaricales

Familia: Schizophyllaceae

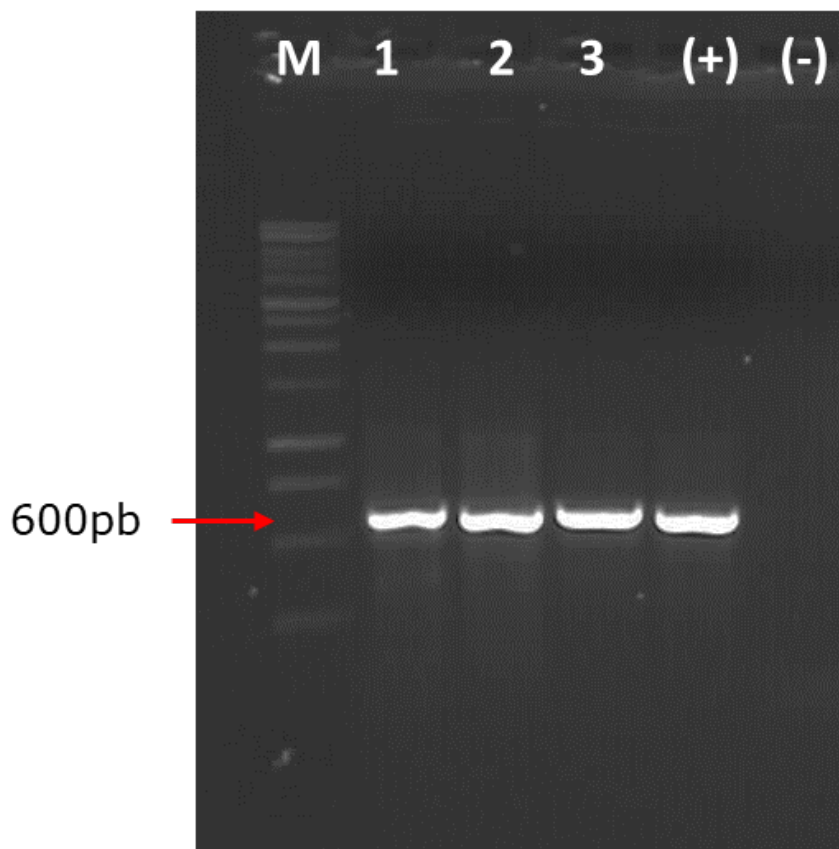
Género: *Schizophyllum*

Especie: *S. commune*

Identificación genética

El análisis genético confirmó la identificación morfológica del hongo asociado a la pudrición de tocones de *H. brasiliensis*. Los productos de PCR con los *primers* ITS4 e ITS5 del ADNr amplificaron un fragmento aproximado de 600 pb de la cepa MZVMT_01 identificada morfológicamente como *S. commune* (Figura 3). Buzina *et al.* (2001) obtuvieron amplificaciones con estos mismos *primers* en el intervalo de 660 pb para aislamientos de *S. commune* (Figura 3).





M = Marcador molecular 1kb, carril 1 a 3 muestras de *Schizophyllum commune*;
(+) = Control positivo; (-) = Control negativo (Agua libre de nucleasas).

Figura 3. Amplificación del producto PCR de *Schizophyllum commune* Fr. asociado a la pudrición de tocones de *Hevea brasiliensis* (Willd. ex A. Juss.) Müll. Arg.

El análisis de búsqueda de similitud mediante *BLAST* identificó con una máxima identidad de 99.47 % a *Schizophyllum commune* con secuencias depositadas en el NCBI (número de accesión MN781967 y EU853847).

El árbol filogenético de *Schizophyllum commune* se generó a partir de 2 000 000 de generaciones. La reconstrucción filogenética mostró que el aislamiento MZVMT_01 se agrupó en el mismo clado con la secuencia MN781967 de *S. commune* (Figura 4), la cual corresponde a una cepa en un estudio de hongos de descomposición de la madera en bosques del noroeste de Arkansas (Alshammari y Stephenson, 2018).

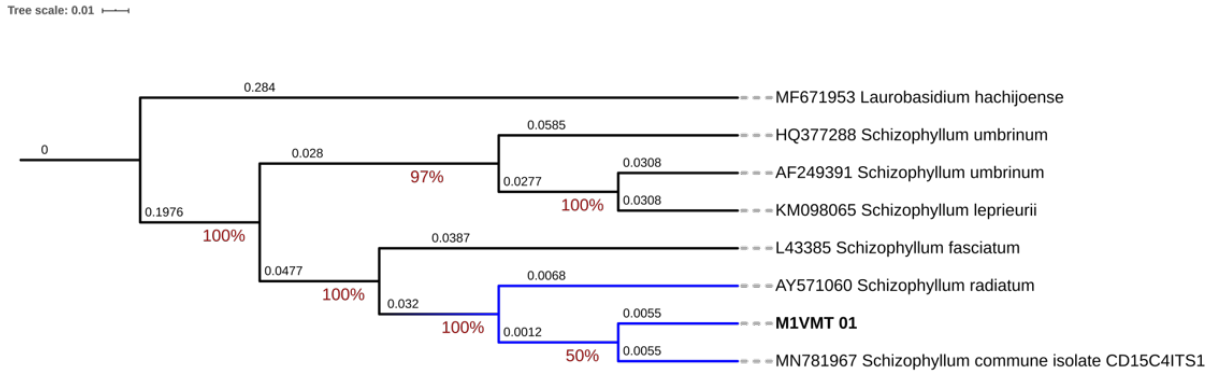


Figura 4. Árbol filogenético de consenso basado en inferencia bayesiana que ilustra la relación de *Schizophyllum commune* Fr. asociado a la pudrición de tocones de *Hevea brasiliensis* (Willd. ex A. Juss.) Müll. Arg. en México.

S. commune es un hongo cosmopolita, con amplia distribución en todos los continentes y se asocia con la colonización de tejido leñoso y pudrición de la madera. Anteriormente, se consideraba un patógeno débil, y se le consideró como un microorganismo saprófito relacionado con la descomposición de ramas, madera muerta y madera almacenada. Sin embargo, ahora se reconoce como un patógeno emergente importante en plantas (Schmidt y Liese, 1980; Ohm *et al.*, 2010; Takemoto *et al.*, 2010) y humanos (Chowdhary *et al.*, 2013; Saha *et al.*, 2013; Michel *et al.*, 2015).

Esta especie fúngica se incluye en el grupo de patógenos que causan la enfermedad denominada "pudrición blanca", entre los cuales Schwarze *et al.* (2000) consignan que albergan a la mayor variedad de mecanismos de degradación. *S. commune* se considera un patógeno omnívoro que invade tejido vivo y es un basidiomiceto muy agresivo (Takemoto *et al.*, 2010).

Su intervalo de hospedantes incluye al menos 150 géneros de árboles maderables, coníferas, frutales y ornamentales; en Asia, se identifican más de 260 especies en 150 géneros de plantas como hospedantes naturales, y en Japón 32 taxones en 22

géneros de plantas leñosas (De Jong *et al.*, 2006 citado por Ohm *et al.*, 2010; Takemoto *et al.*, 2010). Se ha demostrado la interacción con otros patógenos en árboles jóvenes de manzana (*Malus* sp.) y material de propagación que causa pudrición blanca en raíces (Havenga *et al.*, 2019).

La secuenciación del genoma de *S. commune* reveló características únicas y mayor cantidad de genes que otros basidiomicetos que codifican para la producción de enzimas degradadoras de la pectina, celulosa, hemicelulosa y un mecanismo único para degradar la lignina (Ohm *et al.*, 2010). En otros estudios se determinó alta producción de xilanasas, lacasa, celulasa, esterasas y peroxidasa (Schmidt y Liese *et al.*, 1980; Špániková *et al.*, 2007; Hirai *et al.*, 2008;). Asimismo, en 75 basidiomicetos analizados, *S. commune* presentó mayor actividad pectinolítica por la producción de poligalacturonasas (Xavier *et al.*, 2004). Por lo anterior, se postula que *S. commune* es capaz de degradar, prácticamente, todos los componentes de la pared celular en células de tejido leñoso (Ohm *et al.*, 2010).

Investigaciones sobre la colonización de *S. commune* evidencian que invade el tejido leñoso a través de los vasos del lumen, traqueídas, vasos leñosos, fibras y xilema en donde la celulosa, hemicelulosa o pectina se utilizan como fuentes de carbono para su desarrollo y posterior aprovechamiento de la lignina y polisacáridos contenidos en el tejido leñoso (Ohm *et al.*, 2010; Padhiar and Albert, 2011; 2012).

La distribución mundial de *S. commune* indica que es uno de los hongos adaptado a una gran variedad de condiciones, ya que habita tanto en climas templados como tropicales. Se consigna que el grado de severidad de la pudrición blanca depende de la especie del hospedante, condiciones ambientales y tasa de crecimiento del hongo; la temperatura, alta humedad relativa, calentamiento global y pH se han asociado entre las condiciones ambientales más importantes que influyen en la agresividad de este patógeno (Schmidt y Leise, 1980; Takemoto *et al.*, 2010). Su adaptación a diversas condiciones de clima y hospedantes sugiere la existencia de variabilidad genética; lo anterior se demostró entre poblaciones de *S. commune* que conformaron diferentes linajes con una estrecha relación con el origen geográfico en Norte América

y Europa; y un linaje de más reciente expansión en el Caribe (James *et al.*, 1999; 2001). Lo anterior podría sugerir que también es posible la presencia de diferencias en virulencia y agresividad entre poblaciones del fitopatógeno; sin embargo, aún no hay investigaciones que documenten estas diferencias como patógeno de plantas.

En México, *S. commune* se registró en el trópico húmedo donde los niveles anuales de lluvia superan los 2 500 mm (Carreño-Ruíz *et al.*, 2019). En Tabasco se ha reconocido en madera caída de *Ficus benjamina* L., que también produce látex, en los municipios Centro, Huimanguillo, Tacotalpa, Teapa, Tenosique y Macuspana (Olivo y Herrera, 1994; Carreño-Ruíz *et al.*, 2019). Estas condiciones climáticas relacionadas a la presencia de *S. commune* existen en México en diversas localidades productoras de hule en los estados de Chiapas, Oaxaca, Tabasco, Veracruz y Puebla, cuyos clima corresponde al cálido húmedo con abundantes lluvias en verano o todo el año e intervalos de precipitación anual entre 1 900 y 4 500 mm anuales (INEGI, 2009).

La diseminación de *S. commune* ocurre, principalmente, por la abundante dispersión de basidiosporas por aire, las cuales colonizan el tejido leñoso, mayoritariamente en árboles jóvenes; las lesiones en el tejido por frío, congelamiento y quemaduras de sol son las principales vías de ingreso e infección (Takemoto *et al.*, 2010). Asimismo, las prácticas de poda, la poda inadecuada, mal manejo en vivero y de la fertilización promueven una alta incidencia de *S. commune* (Snieðkienė y Juronis, 2001); Badalyan *et al.* (2002) documentaron la amplia capacidad de dispersión, y prevalencia de *S. commune* hasta por cuatro años.

En *Hevea brasiliensis* se ha identificado al basidiomiceto *Rigidoporus microporus* (Sw.) Overeem (1924) como agente causal de “pudrición blanca” en raíces (Oghenekaro, 2016), pero no a *S. commune*. En la interacción de *Hevea brasiliensis* con *S. commune*, la poca información disponible se limita al estudio de la asociación de este basidiomiceto como parte de la comunidad saprófita en la descomposición de ramas caídas y madera almacenada (Hong, 1982; Seephueak *et al.*, 2011a; 2011b), pero no como parásito y patógeno en plantas. La alta uniformidad genética en el

cultivo de hule, el manejo en vivero y las condiciones climáticas podrían ser factores importantes en el establecimiento, dispersión y agresividad de *S. commune* sobre *Hevea brasiliensis* en México.

Conclusiones

Schizophyllum commune se identificó en los síntomas de pudrición presentes en el tejido leñoso afectado en tocones injertados con el clon IAN-873 de hule en Martínez de la Torre, Veracruz. Las condiciones climáticas y precipitación anual en los principales estados productores de hule en México se ubican en el intervalo ambiental para el óptimo desarrollo de *Schizophyllum commune*, por lo que estudios futuros deben profundizar sobre la distribución, virulencia y severidad de este hongo en los diferentes clones utilizados en otros estados productores de hule, para el planteamiento de estrategias eficientes de control.

En México este es el primer registro de *Schizophyllum commune* asociado a tocones de *Hevea brasiliensis* con síntomas de pudrición; además, a nivel internacional, no hay literatura que refiera la patogenicidad de *Schizophyllum commune* en *Hevea brasiliensis*.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

Contribución por autor

Iris Marley Pérez Gálvez: análisis de laboratorio y elaboración de texto; Victoria Ayala Escobar: identificación morfológica; Elías Ortiz Cervantes: recorridos de campo y muestreo; Adriana Rosalía Gijón Hernández: apoyo para los análisis moleculares; Sergio Aranda Ocampo: seguimiento de la investigación, revisión y corrección del escrito.

Referencias

- Alshammari, N. and S. L. Stephenson. 2018. A preliminary study of wood decay fungi in forests of northwest Arkansas. *Current Research in Environmental & Applied Mycology* 8(5): 556–563. Doi: 10.5943/cream/8/5/4.
- Badalyan, S. M., G. Innocenti and N. G. Garibyan. 2002. Antagonistic activity of xylotrophic mushrooms against pathogenic fungi of cereals in dual culture. *Phytopathologia Mediterranea* 41(3): 220-225. Doi: 10.1400/14513.
- Buzina W., D. Lang-Loidolt, H. Braun, K. Freudenschuss and H. Stammberger. 2001. Development of molecular methods for identification of *Schizophyllum commune* from clinical samples. *Journal of clinical microbiology* 39(7): 2391–2396. Doi: 10.1128/JCM.39.7.2391-2396.2001.
- Castro N., O. M. 2011. Caracterización de los patosistemas foliares de importancia económica en caucho (*Hevea brasiliensis* Müll. Arg) en la Altillanura estructural plana del Meta (Colombia). Tesis de Maestría. Facultad de Agronomía. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. 74 p.
- Carreño-Ruiz, S. D., A. A. Ávalos L., S. Capello G., R. Gaitán H., J. Chen, G. K. Guillén N., L. V. García F., N. C. Jiménez P., M. Torres de la C., J. Cifuentes B. and R. E. Cappello. 2019. New record of *Schizophyllum* (Schizophyllaceae) from Mexico and the confirmation of its edibility in the humid tropics. *Phytotaxa* 413(2): 137-148. Doi: 10.11646/phytotaxa.413.2.3.
- Chowdhary, A., H. S. Randhawa, S. N. Gaur, K. Agarwal, S. Kathuria, P. Roy, C. H. Klaassen and J. F. Meis. 2013. *Schizophyllum commune* as an emerging fungal pathogen: a review and report of two cases. *Mycoses* 56(1): 1-10. Doi: 10.1111/j.14390507.2012.02190.x.

- Darriba, D., D. Posada, A. M. Kozlov, A. Stamatakis, B. Morel and T. Flouri. 2019. ModelTest-NG: A new and scalable tool for the selection of DNA and protein evolutionary models. *Molecular Biology and Evolution* Vol. 37(1):291–294. Doi: 10.1093/molbev/msz189.
- Grupo Técnico Procaucho. 2012. Manejo Integrado de plagas enfermedades en el cultivo del caucho (*Hevea brasiliensis*) Medidas para la temporada invernal. Instituto Colombiano Agropecuario (ICA). Bogotá, Colombia. 32 p.
- Havenga, M., G. M. Gatsi, F. Halleen, C.F. Spies, R. van der Merwe and L. Mostert 2019. Canker and Wood Rot Pathogens Present in Young Apple Trees and Propagation Material in the Western Cape of South Africa. *Plant Disease* 103(12): 3129-3141. Doi: 10.1094/PDIS-04-19-0867-RE.
- Hirai, H., Y. Kashima, K. Hayashi, T. Sugiura, K. Yamagishi, H. Kawagishi and T. Nishida. 2008. Efficient expression of laccase gene from white-rot fungus *Schizophyllum commune* in a transgenic tobacco plant. *FEMS microbiology letters*. 286(1): 130-135. Doi: 10.1111/j.1574-6968.2008.01267.x.
- Hong, L. T. 1982. The decay of tropical hardwoods. II. Mass loss and degradation of cell-wall components of *Hevea brasiliensis* caused by *Ganoderma applanatum*, *Poria* sp., *Schizophyllum commune* and *Trametes corrugata*. *The Malaysian forester* 45: 124-126. <https://www.jstor.org/preview-page/10.2307/43594285?seq=1> (12 de junio de 2020).
- Instituto Nacional de Estadística y Geografía (Inegi). 2009. Prontuarios de información geográfica municipal de los Estados Unidos Mexicanos. <https://www.inegi.org.mx/temas/climatologia/> (10 de diciembre de 2020).
- Izquierdo B., H. 2008. Diagnóstico del manejo de cosecha y aplicación de estimulantes en plantaciones de hule *Hevea basiliensis* Müell Arg. en Tabasco. Tesis de maestría. Producción Agroalimentaria en el trópico. Colegio de Postgraduados. H. Cárdenas, Tab., México. 83 p.

- Jaimes S., Y. Y. y J. Rojas M. 2011. Enfermedades foliares del caucho (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.) establecido en un campo clonal ubicado en el Magdalena Medio Santandereano (Colombia). *Corpoica Ciencia y Tecnología Agropecuaria* 12 (1): 65-76. Doi: 10.21930/rcta.vol12_num1_art:216.
- James, T. Y., D. Porter, J. L. Hamrick and R. Vilgalys. 1999. Evidence for limited intercontinental gene flow in the cosmopolitan mushroom, *Schizophyllum commune*. *Evolution* 53(6): 1665-1677. Doi: 10.2307/2640430.
- James, T. Y., J. M. Moncalvo, S. Li and R. Vilgalys. 2001. Polymorphism at the ribosomal DNA spacers and its relation to breeding structure of the widespread mushroom *Schizophyllum commune*. *Genetics* 157(1): 149-161. Doi: 10.1093/genetics/157.1.149.
- Kirk, P. M. 2020. Species Fungorum Plus: Species Fungorum for CoL+ (version Feb 20120). In: Roskov, Y., G. Ower, T. Orrell, D. Nicolson., N. Bailly, P. M. Kirk, T. Bourgoin, R. E. DeWalt W. Decock, E. van Nieukerken and L. Penev. (eds.). Species 2000 & ITIS Catalogue of Life, 2020-04-16 Beta Digital resource. Species 2000: Naturalis, Leiden, the Netherlands. www.catalogueoflife.org/col. 2405-8858 (12 de junio de 2020)
- Michel, J., D. Maubon, D. A. Varoquaux, C. Boulze, A. C. Normand, C. A. Righini and S. Ranque. 2015. *Schizophyllum commune*: an emergent or misdiagnosed fungal pathogen in rhinology? *Sabouraudia*. 54(3): 301-309. Doi: 10.1093/mmy/myv084.
- Oghenekaro, A. O. 2016. Molecular Analysis of the Interaction between White Rot Pathogen (*Rigidoporus microporus*) and Rubber Tree (*Hevea brasiliensis*). Department of Forest Sciences Faculty of Agriculture and Forestry, Helsinki. University of Helsinki. Helsinki. Finland. 57 p.

Ohm, R. A., J. F. de Jong, L. G. Lugones, A. Aerts, E. Kothe, J. E. Stajich, R. P. de Vries, E. Record, A. Levasseur, S. E. Baker, K. A. Bartholomew, P. M. Coutinho, S. Erdmann, T. J. Fowler, A. C. Gathman, V. Lombard, B. Henrissat, N. Knabe, U. Kues, W. W. Lilly, E. Lindquist, S. Lucas, J. K. Magnuson, F. Piumi, M. Raudaskoski, A. Salamov, J. Schmutz, F. W. Schwarze, P. A. vanKuyk, J. S. Horton, I. V. Grigoriev and H. A. Wosten. 2010. Genome sequence of the model mushroom *Schizophyllum commune*. Nature biotechnology 28(9): 957. Doi: 10.1038/nbt.1643.

Olivo F. y T. Herrera. 1994. Las especies de *Schizophyllum* en México, su distribución ecológica e importancia etnomicológica. Revista Mexicana de Micología 10: 21-32.

<http://www.scientiafungorum.org.mx/index.php/micologia/article/view/810> (10 junio de 2020).

Padhiar, A. and S. Albert. 2011. Anatomical changes in *Syzygium cumuini* Linn. wood decayed by two white rot fungi *Schizophyllum commune* Fries. and *Flavodon flavus* (Klotzsch) Ryvardeen. Journal of the Indian Academy of Wood Science 8: 11-20. Doi 10.1007/s13196-011-0017-4.

Padhiar, A. and S. Albert. 2012. Anatomical studies on decaying wood of *Mangifera indica* by two white rot fungi *Schizophyllum commune* and *Flavodon flavus*. Journal of the Indian Academy of Wood Science 9(2): 143-153. Doi: 10.1007/s13196-012-0079-y.

Picón R., L., E. Ortiz C. y J. M. Hernández C. 1997. Manual para el cultivo del hule *Hevea brasiliensis* Muell Arg. Folleto técnico Núm. 18. Campo Experimental, El Palmar. INIFAP. Tezonapa, Ver., México. 128 p.

Promega Corporation. 1999. GenePrint@Fluorescent STR Systems Technical Manual. Promega Corporation. Madison, WI, USA. <https://worldwide.promega.com/-/media/files/resources/protocols/technical-bulletins/101/wizard-sv-gel-and-pcr-clean-up-system-protocol.pdf?la=en> (20 de enero de 2020).

Rodríguez M., R. 1993. Enfermedades del hule *Hevea brasiliensis* Müell. Arg. SARH. INIFAP. CIRGOC. Campo Experimental El Palmar. División Forestal. Folleto técnico. Núm. 20. Veracruz, Ver., México. 14 p.

Saha, S., J. Sengupta, D. Banerjee, A. Khetan and S. M. Mandal. 2013. *Schizophyllum commune*: a new organism in eye infection. Mycopathologia 175(3-4): 357-360. Doi: 10.1007/s11046-013-9625-4.

Sambrook, J. and D. Russell. 2001. Molecular cloning: a laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press. Cold Spring Harbor, NY, USA. 2100 p.

Schmidt, O. and W. Liese. 1980. Variability of wood degrading enzymes of *Schizophyllum commune*. Holzforschung-International Journal of the Biology, Chemistry, Physics and Technology of Wood 34(2): 67-72. Doi: 10.1515/hfsg.1980.34.2.67.

Schwarze, F. W. M. R., S. Baum and S. Fink. 2000. Resistance of fibre regions in wood of *Acer pseudoplatanus* degraded by *Armillaria mellea*. Mycological Research 104(9): 1126-1132. Doi: 10.1017/S0953756200002525.

Seephueak, P., S. Phongpaichit, K. D. Hyde and V. Petcharat. 2011a. Diversity of saprobic fungi on decaying branch litter of the rubber tree (*Hevea brasiliensis*). Mycosphere 2(4): 307-330. http://mycosphere.org/pdf/MC2_4_No3.pdf (6 de junio de 2020).

Seephueak, P., S. Phongpaichit, K. D. Hyde and V. Petcharat. 2011b. Diversity of saprobic fungi on decaying rubber logs (*Hevea brasiliensis*). Sydowia 63(2): 249-282. <http://www.sydowia.at/syd63-2/T9-Seephueak.htm> (6 de junio de 2020).

Servicio de Información Agropecuaria y Pesquera (SIAP). 2018. Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. Cierre de producción Agrícola 2018. <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/> (12 de abril de 2020).

Sievers, F., and D. G. Higgins, 2014. Clustal omega, accurate alignment of very large numbers of sequences; *In*: Russell, D. J. (ed.). Multiple Sequence Alignment Methods. Humana Press. Totowa, NJ, USA. pp. 105-116. Doi: 10.1007/978-1-62703-646-7_6.

Sniečkienė, V. and V. Juronis. 2001. Distribution of the fungus *Schizophyllum commune* Fr. in plantings of trees in the Kaunas city. *Biologija* 3: 5-47. <http://elibrary.lt/resursai/LMA/Biologija/B-45.pdf> (8 de junio de 2020).

Špániková, S., M. Poláková, D. Joniak, J. Hirsch and P. Biely. 2007. Synthetic esters recognized by glucuronoyl esterase from *Schizophyllum commune*. *Archives of microbiology*. 188(2): 185-189. Doi: 10.1007/s00203-007-0241-x.

Suchard M. A., P. Lemey, G. Baele, D. L. Ayres, A. J. Drummond and A. Rambaut 2018. Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10. *Virus evolution* 4(1): vey016. Doi: 10.1093/ve/vey016.

Takemoto, S., H. Nakamura, Y. Imamura and T. Shimane, T. 2010. *Schizophyllum commune* as a ubiquitous plant parasite. *Japan Agricultural Research Quarterly: JARQ*. 44(4): 357-364. Doi: 10.6090/jarq.44.357.

White, T. J., T. Bruns, S. Lee and J. Taylor. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR protocols: a guide to methods and applications*. Academic Press, Inc. New York, NY, USA. pp. 315-322.

Xavier S., S., C. C. Carvalho, M. Bonfá, R. Silva, M. Capelari and E. Gomes. 2004. Screening for pectinolytic activity of wood-rotting basidiomycetes and characterization of the enzymes. *Folia microbiologica* 49(1): 46-52. Doi: 10.1007/BF02931645.



Todos los textos publicados por la **Revista Mexicana de Ciencias Forestales** –sin excepción– se distribuyen amparados bajo la licencia *Creative Commons 4.0 Atribución-No Comercial (CC BY-NC 4.0 Internacional)*, que permite a terceros utilizar lo publicado siempre que mencionen la autoría del trabajo y a la primera publicación en esta revista.