

Investigación

**Redescubrimiento de *Psilocybe collybioides* Singer & A.H. Sm.
(Agrocybaceae) en Perú: caracterización morfológica y
primera evidencia molecular**

*(Rediscovery of *Psilocybe collybioides* Singer & A.H. Sm.
(Agrocybaceae) in Peru: morphological characterization and first
molecular evidence)*

Pérez I^{1*}, Rockefeller A², Ostuni S³, Bradshaw A⁴, Enriquez S⁵, Galleguillos F⁶

¹ Colector independiente. esporassilvestres@gmail.com

² Mycena Media. alanrockefeller@gmail.com

³ Ohio Mushroom DNA Lab. scottostuni@gmail.com

⁴ Clark University. abradshaw@clark.edu

⁵ Revolución fungi. micelio@revolucionfungi.com

⁶ Universidad de Concepción. felipe.fel1ga21@gmail.com

*Autor para correspondencia: esporassilvestres@gmail.com

Sin conflicto de interés.

Enviado: 20/07/2026

Aprobado: 21/09/2026

DOI: 10.22370/bolmicol.2026.41.1.5928

Palabras clave: Agaricales; Andes; Basidiomycota; filogenia ITS; redescubrimiento; taxonomía.

Keywords: Agaricales; Andes; Basidiomycota; fungal diversity; ITS phylogeny; rediscovery; taxonomy.

RESUMEN

Documentamos el redescubrimiento de *Psilocybe collybioides* Singer & A.H. Sm., especie descrita en 1958 de Tucumán (Argentina) y sin registros confirmados ni secuencias moleculares posteriores. Las

colecciones proceden de bosques altoandinos del Valle Sagrado (Cusco, Perú; 3356 m s.n.m) obtenidas durante 2022-2024. Los especímenes fueron estudiados mediante análisis macromorfológicos y microscópicos con secuenciación de la región ITS. Las colecciones peruanas presentan caracteres

diagnósticos concordantes con la descripción original: píleo higrófano, velo parcial cortinado fugaz, abundantes rizomorfos basales, oxidación azul evidente y fertilidad himenial reducida. Los análisis filogenéticos de Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana, incorporando la secuencia del isotipo Singer T-1882, posicionaron las colecciones peruanas en un clado monofilético con alto soporte dentro de la sección Cubensae. Los resultados confirman la identidad taxonómica del material peruano, amplían la distribución conocida de la especie hacia los Andes centrales y proporcionan las primeras secuencias ITS de referencia para este taxón.

ABSTRACT

We document the rediscovery of *Psilocybe collybioides* Singer & A.H. Sm., a species originally described from Tucumán, Argentina (1958), lacking subsequent confirmed records or molecular data.

Collections come from high-elevation forests in the Sacred Valley (Cusco, Peru; 3356 m a.s.l.) gathered during 2022-2024. Specimens were characterized using macro- and micromorphological analyses with ITS sequencing. The Peruvian collections match the original description, presenting a hygrophanous pileus, fugacious cortinate partial veil, abundant basal rhizomorphs, conspicuous bluing reactions and reduced hymenial fertility. Maximum Likelihood and Bayesian phylogenetic analyses, including the ITS sequence from the isotype Singer T-1882, recovered the Peruvian collections in a strongly supported monophyletic clade within section Cubensae. These results confirm the taxonomic identity of the Peruvian material, extend the known distribution of the species into the central Andes and provide the first ITS reference sequences for this taxon.



INTRODUCCIÓN

El género *Psilocybe* (Fr.) P. Kumm. De la familia Agaricaceae propuesta por Niskanen et al¹, constituye uno de los grupos de Agaricales de mayor interés taxonómico, farmacológico y etnomicológico en América², e incluye aproximadamente 160 especies válidas distribuidas principalmente en regiones tropicales y subtropicales³. En los últimos años se han descrito diversas especies nuevas, reflejando el renovado interés por la sistemática del género^{3, 4, 5}.

Los estudios filogenéticos recientes han confirmado la monofilia del género *Psilocybe* y han proporcionado un marco robusto para reinterpretar las relaciones evolutivas entre sus principales linajes⁶. Dentro del género, la sección *Cubensae* Guzmán⁷, considerada equivalente a la sección *Caerulescentes* Singer⁸, agrupa especies con basidiosporas elipsoides de poro germinativo apical conspicuo, oxidación azul tras la manipulación y abundantes queilocistidios de morfología variable. En la monografía clásica de la sección *Caerulescentes*, Singer & Smith⁸ describieron *Psilocybe collybioides* a partir de ejemplares recolectados en las Sierras Preandinas de Tucumán, Argentina (~2000 m s.n.m.), creciendo sobre restos orgánicos asociados a *Alnus jorullensis* Kunth 1817. Los autores asignaron la especie a la *stirps* *Cyanescens* por la combinación de esporas mayores de 9 µm, aspecto colibioide y velo parcial cortinado fugaz.

Tras su descripción original, *P. collybioides* fue mencionada únicamente en relación con colecciones estériles o parcialmente estériles

de Argelia y Marruecos, previamente atribuidas a *Hypholoma cyanescens* R. Maire. Sin embargo, Singer & Smith⁸ señalaron que la conoespecificidad entre esos materiales y el taxón argentino no podía establecerse por ausencia de ejemplares adecuados. Como consecuencia, la especie permaneció más de seis décadas sin nuevos registros confirmados ni evidencia molecular.

Los Andes centrales del Perú constituyen una de las regiones de mayor diversidad biológica de Sudamérica; sin embargo, su funga⁹ continúa siendo escasamente conocida. Los bosques del Valle Sagrado de los Incas (Cusco) presentan condiciones ambientales favorables para el desarrollo de numerosas especies novedosas, pero el conocimiento de las especies de *Psilocybe* en estos ecosistemas sigue siendo limitado y la mayoría de los registros carecen de documentación molecular.

En este estudio documentamos el redescubrimiento de *Psilocybe collybioides* en bosques altoandinos del Valle Sagrado de los Incas, Cusco, Perú, sobre la base de colecciones obtenidas durante las temporadas de verano australes 2022-2024. Presentamos su caracterización macroscópica y microscópica, el análisis filogenético basado en secuencias ITS y la comparación con la secuencia obtenida del isotipo de la especie, confirmando la identidad taxonómica del material peruano y ampliando la distribución conocida de este taxón en los Andes centrales.



MATERIALES Y MÉTODOS

Nomenclatura

La nomenclatura y el tratamiento taxonómico siguieron las recomendaciones para la publicación de nombres fúngicos propuestas por Aime *et al.*¹⁰ (2021).

Material estudiado

Los especímenes fueron recolectados durante las temporadas de verano australes 2022-2023 y 2023-2024 en bosques altoandinos del Valle Sagrado de los Incas, departamento de Cusco, Perú, entre 3356 m s.n.m. Los basidiomas fueron fotografiados *in situ* y posteriormente deshidratados a 40 °C mediante deshidratador de aire forzado.

Estudio macromorfológico

La documentación fotográfica de los basidiomas frescos se realizó con cámara DSLR equipada con objetivo de 50 mm y trípode. Para maximizar la profundidad de campo se aplicó la técnica de apilamiento de enfoque (*focus stacking*). La terminología empleada sigue el Glosario de Términos Micológicos de Mushroom Observer (https://mushroomobserver.org/glossary_terms)¹¹.

Estudio microscópico

Los caracteres microscópicos fueron examinados con microscopio Motic BA210. Las preparaciones se realizaron en hidróxido de potasio (KOH) al 5%. Las microfotografías se obtuvieron mediante apilamiento de enfoque y las mediciones con Piximetre¹², previamente calibrado con micrómetro de escenario. Las dimensiones se expresan como (mínimo extremo) mínimo-promedio-máximo (máximo extremo). El cociente Q corresponde a la relación longitud/anchura de las esporas. La terminología microscópica sigue a Largent¹³.

Extracción, amplificación y secuenciación de ADN

Isotipo:

Para la extracción el ADN se aisló de la muestra siguiendo el método de Bradshaw *et al.*¹⁴. En resumen, se pulverizaron 25 mg de tejido de himenio utilizando un rodamiento de bolas de acero inoxidable de 3 mm y ocho de 1.5 mm en un homogeneizador mecánico de perlas, se lisaron químicamente en 500 µl de un buffer a base de SDS (0.1 M NaCl, 0.01 M Tris-HCl, pH 8, 0.25 M EDTA, 1 % SDS) con 10 µl de proteinasa K (~20 mg/ml) incubado a 56 °C y 800 rpm en un mezclador

térmico. Al día siguiente se añadieron 6 µl de ARNasa A (~10 mg/ml) y se incubó a 56 °C y 800 rpm durante una hora. El ADN se purificó utilizando un protocolo de fenol:cloroformo:alcohol isoamílico (25:24:1) con tubos de bloqueo de fase caseros que contenían grasa de alto vacío (Molykote, ASIN:B0DGCFHP9B). Una mezcla 1:1 de fenol:cloroformo:alcohol isoamílico y la muestra se agitó en un mezclador Hula durante diez minutos y luego se centrifugó a máxima velocidad (>12 000 x G) en una microcentrífuga. Este paso se repitió dos veces. Posteriormente, el ADN se precipitó utilizando 5 M NaCl hasta una concentración final de 0,3 M con el doble de la cantidad de etanol absoluto, se lavó dos veces con etanol al 70 % frío y se eluyó en 150 µl de Monarch DNA Elution Buffer® (T1016-3). Finalmente, se limpiaron y concentraron 75 µl de las muestras de ADN genómico utilizando el kit Zymo Research DNA Clean & Concentrator-5 (®) (D4013) con 5 veces el buffer de unión de ADN para tener en cuenta el fragmento corto estereotípico de la muestra del isotipo Singer T-1882.

Para la amplificación se utilizó 1 µl de ADN genómico de entrada en reacciones de PCR de 25 µl utilizando los cebadores ITS8-F (5'-AGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTG-3') e ITS6-R (5'-TTCCCGCTTCACTCGCAGT-3'). Los amplicones de PCR se confirmaron mediante electroforesis en gel al 1% y se limpiaron utilizando el kit Monarch PCR & DNA Cleanup (®) (T1030L). Las secuencias directa e inversa de cada amplicón se utilizaron para generar una secuencia de consenso utilizando Sequencher v5.4.6.

Material peruano:

El ADN fue extraído de un fragmento de basidioma deshidratado. Brevemente: se tomó una pequeña porción de tejido fúngico y se colocó en un tubo de PCR con 100 µl de NaOH 50 mM; se incubó a 95 °C durante 15 min para lisar las células. Transcurrida la incubación, se añadieron 11 µl de Tris-HCl 1 M (pH 7.5) para neutralizar el lisado alcalino. El producto neutralizado se diluyó 10 veces con agua destilada (aproximadamente 900 µl) y se utilizó 0.25–2 µM como molde para la PCR subsiguiente. Se amplificó la región ITS del ADN con los cebadores ITS1-F_KYO2 (5'-TAGAGGAAGTAAAAGTCGTAA-3') e ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') y condiciones descritas por Borovička *et al*¹⁵. La mezcla de reacción tuvo un volumen total de 10–25 µl y contuvo una Mastermix comercial, cebadores a 0.2–0.5 µM cada uno, y el ADN molde diluido antes descrito. La amplificación se llevó a cabo en un termociclador convencional. Las condiciones térmicas fueron: desnaturalización inicial a 94 °C durante 2 min; seguida de 30–35 ciclos que consistieron en desnaturalización a 94 °C por 30 s, hibridación a 53 °C por 30 s y extensión a 72 °C por 30–60 s; con una extensión final a 72 °C durante 5 min. Los productos de PCR se separaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 1–1.5% (buffer TBE), se tiñeron con un colorante de ADN y se visualizaron bajo luz UV. Se registró la presencia de una banda única y nítida correspondiente al amplicón de ITS.

Los productos amplificados fueron secuenciados por secuenciación Sanger.

Análisis filogenético

El análisis filogenético se realizó con secuencias de la región ITS, incluyendo 45 secuencias en el alineamiento final. La

revisión del alineamiento se efectuó en AliView¹⁶. La inferencia por máxima verosimilitud fue realizada en MEGA11¹⁷ bajo el modelo Tamura-Nei¹⁸. Los árboles iniciales para la búsqueda heurística fueron obtenidos automáticamente mediante los algoritmos Neighbor-Join y BioNJ, aplicados a una matriz de distancias por pares estimadas con el mismo modelo, seleccionándose la topología con mayor log-verosimilitud. Se incluyeron las posiciones 1^a, 2^a, 3^a y no codificantes. Las posiciones con menos del 95 % de cobertura del sitio fueron eliminadas mediante eliminación parcial, permitiendo menos de 5 % de brechas, datos faltantes o bases ambiguas por posición. El conjunto final comprendió 512 posiciones. El soporte de ramas se expresó como porcentaje de bootstrap.

La inferencia bayesiana fue realizada en MrBayes¹⁹ mediante dos corridas independientes, cada una con cuatro cadenas de Markov (una fría y tres calientes). Las cadenas se ejecutaron durante 5×10^6 generaciones, con muestreo cada 500 generaciones. La convergencia fue evaluada mediante inspección de las trazas de log-verosimilitud, factores potenciales de reducción de escala y la desviación estándar promedio de las frecuencias de partición. El 25 % inicial de las muestras fue descartado como *burn-in* antes de calcular las probabilidades posteriores y construir el árbol consenso de mayoría de reglas. Los árboles fueron visualizados y editados en FigTree²⁰.

RESULTADOS

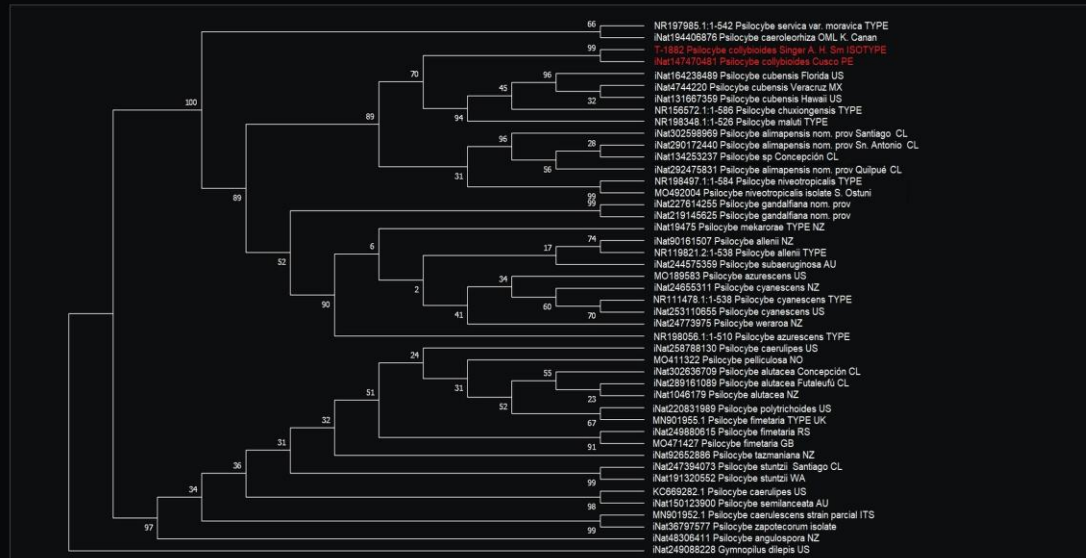
Análisis filogenético

El análisis de máxima verosimilitud recuperó una topología con valor de log-verosimilitud de -2293.50. En este árbol, la secuencia correspondiente a *Psilocybe collybioides* Singer T-1882 se agrupó con las muestras peruanas con soporte bootstrap del 99 % (Fig. 1). Este agrupamiento se ubicó dentro de un conjunto de secuencias de *Psilocybe* que incluyó taxones como *P. caeruleorhiza*, *P. serbica* var. *moravica*, *P. cubensis*, *P. chuxiongensis* y *P. maluti*.

La inferencia bayesiana mostró una topología general congruente con la obtenida por máxima verosimilitud. Las trazas de log-verosimilitud alcanzaron estacionariedad tempranamente y las corridas independientes presentaron distribuciones posteriores similares. Los valores PSRF fueron cercanos a 1.0 para los parámetros estimados, mientras que el valor final de ASDSF fue 0.068. En el árbol bayesiano, *P. collybioides* Singer T-1882 también se observó en asociación con las muestras peruanas. (Fig. 2).

1Maxima verosimilitud

Arbol filogenético con soporte de ramas y taxones originales

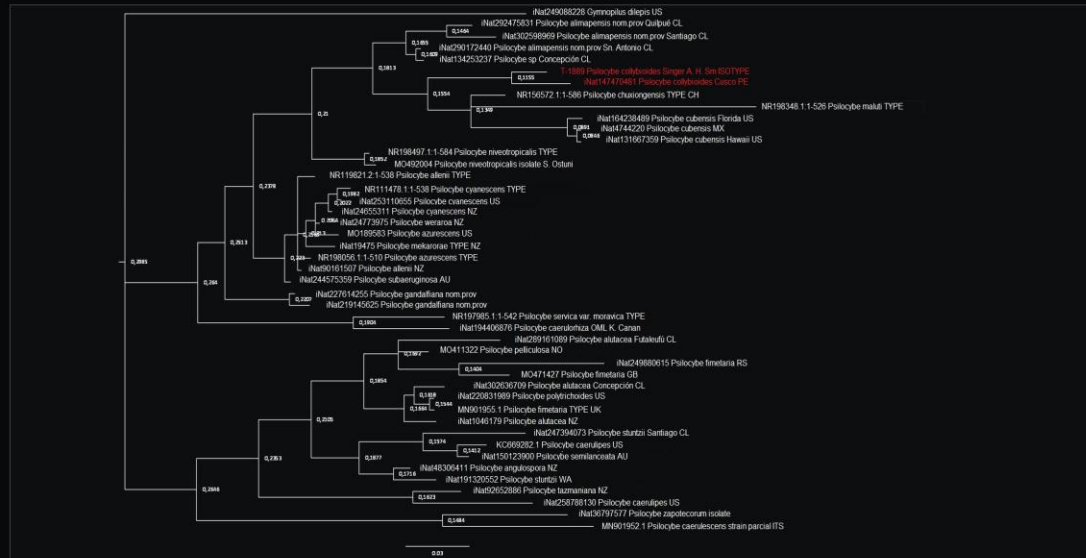


Resumen metodológico

MEGA11, modelo Tamura-Nei: 45 secuencias y 512 posiciones finales; eliminación parcial con cobertura mínima de sitio del 95%. Topología de mayor log-verosimilitud = -2293,50; valores en ramas = soporte bootstrap (%).

2Inferencia bayesiana

Arbol filogenético con taxones y valores originales



Resumen metodológico

MrBayes: 2 corridas independientes, 4 cadenas MCMC, 5 x 10⁶ generaciones; muestreo cada 500 generaciones, burn-in 25%. Convergencia: trazas estables, PSRF cercano a 1.0 y ASDSF final = 0,068.

Comparación morfológica

Las colecciones peruanas presentan una combinación de caracteres diagnósticos concordantes con la descripción original de *Psilocybe collybioides*⁸, incluyendo píleo claramente higrófono, oxidación azul tras la manipulación, velo parcial cortinado y fugaz, abundantes rizomorfos basales, láminas relativamente pálidas en ejemplares maduros,

fertilidad himenial marcadamente reducida —carácter que también la diferencia de

especies de ecosistemas andinos adyacentes²¹—, basidiosporas elipsoidales con poro germinativo conspicuo y presencia de queilocistidios y pleurocistidios lageniformes.

Tabla 1. Comparación de caracteres morfológicos entre la descripción original de *Psilocybe collybioides* Singer & A.H. Sm. (1958) y el material peruano (este estudio).

Carácter	Descripción original (Argentina)	Material peruano (este estudio)
Hábitat	Humus, hojas de <i>Alnus</i> , pastizales y detritos orgánicos en laderas secas de montaña	Madera en descomposición en bosques altoandinos
Altitud	2000 m (Tucumán, Argentina)	3356 m (Cusco, Perú)
Píleo	13-40 mm, campanulado a convexo, frecuentemente umbonado	20-50 mm, convexo a pulvinado, frecuentemente campanulado cuando joven
Higrofanía	Débilmente higrófono	Higrófono
Coloración	Ocráceo pálido, variando a tonos verde-azulados	Amarillo parduzco a caramelo y oliváceo
Oxidación	Contexto y superficie se tornan verde botella a azul	Oxidación azul evidente por manipulación o envejecimiento
Láminas	Blancas a pardo pálidas, relativamente cercanas	Blancas cuando jóvenes, púrpura tenue al madurar
Estípite	30-70 × 1.5-4.5 mm, frecuentemente torcido e irregular	Hasta 30-60 × 2-5 mm, relativamente robusto, con base radicante
Rizomorfos	Presentes	Presentes
Velo parcial	Cortinado, fugaz	Cortinado-fibriloso, formando pseudoanillo
Olor	Harinoso a espermático	Harinoso a pepino
Esporas	Himenio casi estéril 10 × 6.5 µm	No abundante, casi estéril 11.4 × 6.9 µm
Basidios	Tamaño similar a los pleurocistidios	25.3 × 7.6 µm
Queilocistidios	Fusiforme-ventricosos con cuello largo y ápice capitado, 12-27 x 5.5-11 µm	Fusiforme-ventricoso 14.6 × 3.8 µm
Pleurocistidios	22-28 (-32) x 7.7-12 µm, hialinos, vesiculoso-fusoide, cuello de botella corto	22.5 × 5.3 µm Fusiforme-lageniforme
Sustrato principal	Terrestre/detrítica	Lignícola

TAXONOMÍA

Psilocybe collybioides Singer & A.H. Sm.

Mycologia 50:274 (1958).

Descripción del material peruano.

Píleo de 20–50 mm, convexo a pulvinado, frecuentemente campanulado cuando joven; margen variable; higrófono, pasando de amarillento-café a caramelo oliváceo; se torna azul al manipularlo o envejecer; superficie lisa, lubricada al humedecerse, a veces con restos de velo en el margen cuando joven, que desaparecen al madurar. Contexto blanco, tornándose café. **Láminas** adnatas a sinuosas, relativamente amplias, subdistantes, típicamente con tres lamelas entre láminas, de color crema cuando jóvenes, púrpura café al madurar. **Estípite** de 30–60 × 2–5 mm, delgado, central, radicante, estriado-ornamentado en la base, de color crema nácar a café al madurar, firme, tubular, con rizomorfos en la base. **Velo parcial** cortinado y fibriloso, blanco a pálido, con restos en el margen del píleo y en el estípite. **Olor** ligero a pepino farináceo. **Esporada** púrpura café. **Basidiosporas** elipsoidales, no abundantes, ocasionalmente estéril: (9.7) 10.4–12.4 (13.3) × (6.1) 6.3–7.5 (8.2) μm , $Q = (1.4) 1.5–1.8 (2)$, $N = 30$, $Me = 11.4 \times 6.9 \mu\text{m}$, $Qe = 1.6$. **Basidios** claviformes,

tetraspóricos: (19.3) 22–28.5 (29.5) × (5.5) 6.1–8.8 (9.9) μm , $Q = (2.7) 2.9–3.9 (4.9)$, $N = 25$, $Me = 25.3 \times 7.6 \mu\text{m}$, $Qe = 3.4$.

Queilocistidios abundantes, fusiformes a lageniformes: (11.4) 12.3–16.5 (19.6) × (2.7) 2.9–4.8 (6.8) μm , $Q = (2.6) 3.1–5.1 (5.8)$, $N = 22$, $Me = 14.6 \times 3.8 \mu\text{m}$, $Qe = 4$.

Pleurocistidios dispersos, fusiformes a lageniformes, similares a los queilocistidios: (18.7) 20–25.6 (29.9) × (3.5) 4.2–6.3 (7.4) μm , $Q = (2.8) 3.4–5.9 (6.1)$, $N = 20$, $Me = 22.5 \times 5.3 \mu\text{m}$, $Qe = 4.4$. **Pileipellis** constituida por una ixocutis de hifas gelificadas. **Fíbulas** presentes.

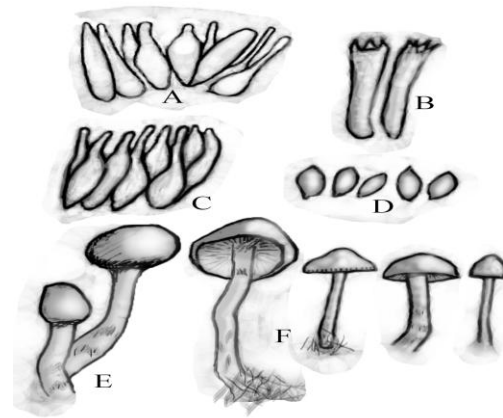


Figura 3. Estructuras ilustradas. A) Pleurocistidios y basidiolos. B) Basidios. C) Queilocistidios. D) Basidiosporas. E) Primordio y seta joven. F) Basidiomas maduros.

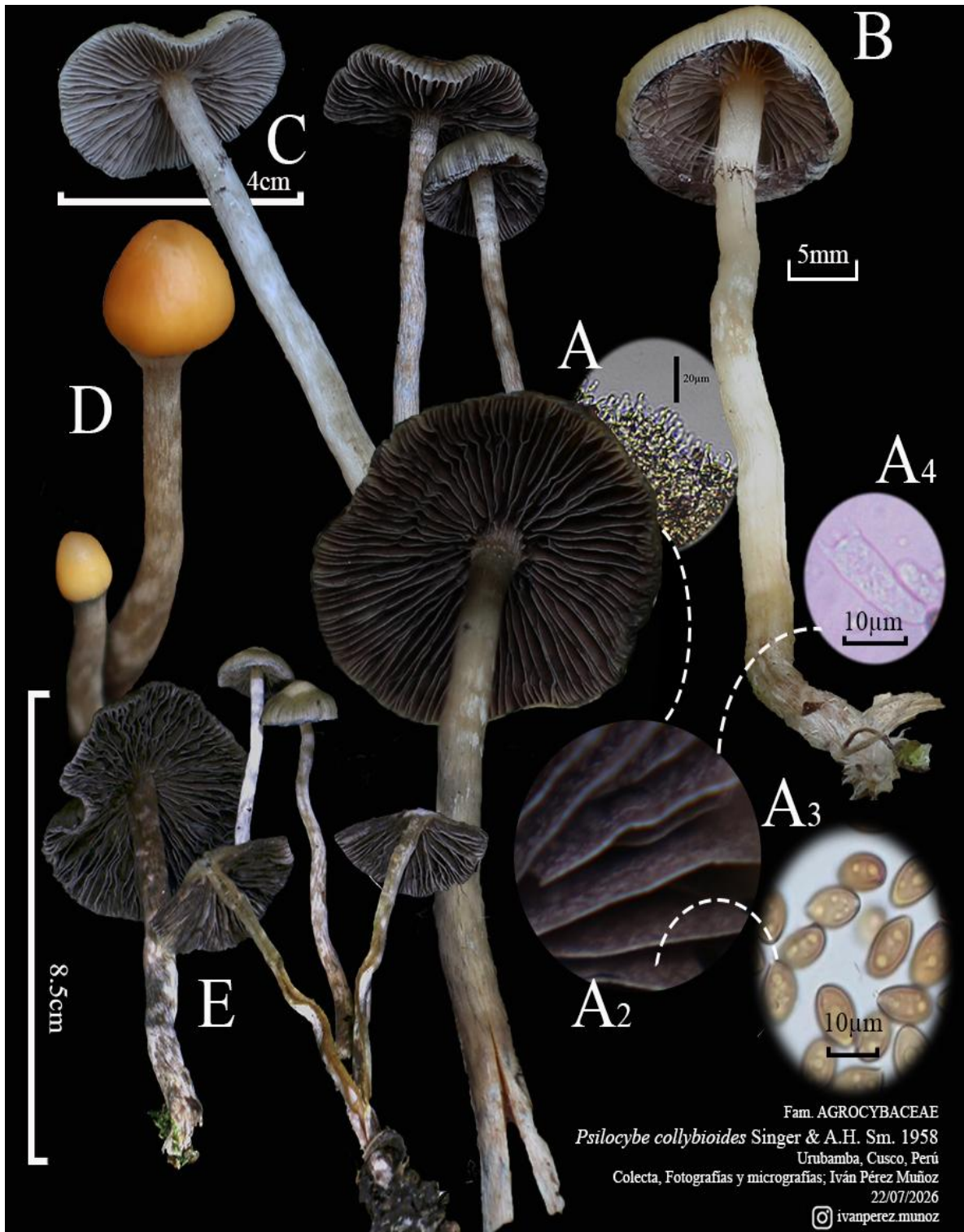


Figura 4. Lámina “Lankester”. A) Queilocistidios. A2) Himenio. A3) Basidiosporas. A4) Basidio. B) Seta madura. C) Seta madura estéril. D) Primordio y seta joven. E) Setas maduras y contexto.



Hábitat y distribución

Creciendo de forma gregaria sobre suelo rico en materia orgánica, restos leñosos y madera en descomposición en bosques altoandinos a los 3356 m s.n.m. Actualmente conocida de Tucumán (Argentina) y Cusco (Perú).

Material examinado

Perú. Cusco, Valle Sagrado de los Incas, distrito de Urubamba, bosque altoandino, 3356 m. s. n. m., diciembre de 2023, leg. Pérez I., GenBank PZ575562. iNaturalist 147470481, -13.2486289196, -72.1690342203 / Material depositado en el fungario independiente de “Revolución fungi” en Lima, Perú (micelio@revolucionfungi.com)

Argentina. Tucumán, Sierras Preandinas, marzo de 1958, isotipo Singer T-1882



Notas taxonómicas

Las colecciones peruanas concuerdan estrechamente con la descripción original de *Psilocybe collybioides* Singer & A.H. Sm.⁸, compartiendo los principales caracteres macroscópicos y microscópicos diagnósticos. Las diferencias observadas se

restringen principalmente al mayor tamaño de los basidiomas, al rango altitudinal registrado y a la frecuente ocurrencia sobre madera en descomposición. Estas variaciones son interpretadas como expresión de variabilidad intraespecífica y no se

encuentran acompañadas por divergencia molecular en la región ITS, la cual demuestra

la estrecha afinidad entre las colecciones peruanas y el isotipo de la especie.



DISCUSIÓN

Las colecciones estudiadas fueron inicialmente denominadas *Psilocybe incaica* nom. prov²² debido a que sus secuencias ITS no presentaban coincidencias concluyentes en las bases de datos disponibles. Las búsquedas preliminares mediante BLAST mostraron aproximadamente un 95 % de similitud con *Psilocybe chuxiongensis* y *Psilocybe cubensis*, lo que sugería su pertenencia a la sección

Cubensae, aunque sin permitir una identificación específica. Esta evidencia, sumada a ciertas diferencias morfológicas observadas respecto de las especies descritas, motivó el uso del nombre provisional.

La incorporación de la secuencia ITS obtenida del isotipo de *Psilocybe collybioides*, junto con el reexamen de la descripción original de Singer & Smith⁸, permitió reevaluar la identidad del material peruano. Tanto los

análisis de Máxima Verosimilitud como de Inferencia Bayesiana posicionaron las colecciones peruanas y el isotipo en un clado monofilético con alto soporte, proporcionando evidencia molecular consistente de que ambos representan el mismo taxón.

La evidencia morfológica coincide con los resultados filogenéticos. Las colecciones peruanas presentan la combinación de caracteres diagnósticos descrita para *P. collybioides*, incluyendo píleo higrófono, velo parcial cortinado y fugaz, abundantes rizomorfos basales, oxidación azul tras la manipulación y fertilidad himenial notablemente reducida. Este último carácter resulta especialmente relevante, ya que Singer & Smith⁸ describieron la especie como prácticamente estéril, con muy escasas esporas observables. Las colecciones peruanas muestran el mismo patrón, evidenciado además por láminas relativamente pálidas incluso en basidiomas completamente maduros, condición poco frecuente dentro de la sección *Cubensae*.

Las diferencias observadas entre las poblaciones argentinas y peruanas corresponden principalmente al tamaño de los basidiomas, al rango altitudinal registrado y al tipo de sustrato predominante. Mientras el material tipo fue recolectado sobre suelo con abundante materia orgánica asociada a *Alnus*, las colecciones peruanas se desarrollan con frecuencia sobre restos leñosos. Estas diferencias son compatibles con variación ecológica entre poblaciones geográficamente separadas y no se acompañan de divergencia molecular que justifique reconocer especies distintas.

Este estudio constituye el primer registro confirmado de *Psilocybe collybioides* para el Perú y proporciona las primeras secuencias ITS disponibles para esta especie. La

incorporación de la secuencia del isotipo —trabajo de Alexander Bradshaw, proporcionado gracias a la gestión de Scott Ostuni— permitió resolver la identidad taxonómica del material previamente tratado como *Psilocybe incaica* nom. prov²², confirmando que dicho material corresponde a *Psilocybe collybioides* Singer & A.H. Sm.⁸ y proporcionando así un marco de referencia para futuras revisiones taxonómicas de la sección *Cubensae*.

Biogeográficamente, el hallazgo amplía la distribución conocida de la especie desde el noroeste de Argentina hasta los Andes centrales del Perú. Esta distribución disyunta sugiere que *P. collybioides* podría encontrarse en otros bosques andinos insuficientemente explorados, destacando la importancia de continuar los estudios taxonómicos y moleculares en estos ecosistemas, especialmente considerando las actuales problemáticas climáticas globales²³ y la posibilidad de que este taxón sea eventualmente clasificado en categorías de conservación vulnerables.

CONCLUSIONES

Las colecciones procedentes del Valle Sagrado de los Incas corresponden a *Psilocybe collybioides* Singer & A.H. Sm., constituyendo el primer registro confirmado de la especie para el Perú. La concordancia entre los caracteres morfológicos y los análisis filogenéticos basados en la región ITS, confirma la identidad taxonómica del material estudiado. Este trabajo aporta las primeras secuencias ITS de referencia para *P. collybioides*, amplía significativamente su distribución conocida hacia los Andes centrales y demuestra que el material tratado previamente como *Psilocybe incaica* nom. prov²², representa el mismo taxón. Los resultados ponen de manifiesto el valor de la

taxonomía integrativa para resolver problemas nomenclaturales y el alto valor del uso de plataformas de ciencia ciudadana como iNaturalist para generar bases de datos de acceso libre que posibilitan la realización de este tipo de investigaciones.

AGRADECIMIENTOS

A los coautores; Scott Ostuni y Alexander Bradshaw por facilitar la secuencia ITS del isotipo de *Psilocybe collybioides* Singer T-1882, sin la cual no hubiera sido posible confirmar la identidad del material peruano; a Alan Rockefeller por la ayuda con la secuenciación del material peruano; a Felipe Galleguillos por la ayuda con la secuenciación de especímenes de *Psilocybe* chilenos; Sebastián Enriquez por hacerse cargo del material peruano. A Paul Stamets por publicar la fotografía del material peruano previo a su identificación definitiva; A Evelyn Solís, Fernanda Campos, Alvaro Martínez, Pablo Toro, Javier de la Fuente, Laura Guzmán Dávalos, José Andre Huallpa, Taki Amaru y Willfredo Miguel Espinoza por su contribución a esta investigación.

ARCHIVOS SUPLEMENTARIOS

Archivo FASTA utilizado en la filogenia. Disponible en: https://zenodo.org/records/22699542?preview=1&token=eyJhbGciOiJIUzUxMiJ9.eyJpZCI6ImY3YzY4YTIzLThlMDgtNDgyZC05ZDliLTk0ZGVhOTcyMWY2ZiIsImRhdGEiOnt9LCJyYW5kb20iOiIxNjliNjIhYzVmMjA5MGYyYjA5M2RlZGVlbnJhYmI4NCJ9.-v4Qw65g3q_JvgCoVRIv54Fmz1oPTrjFgtPnyReqPR5xvZniZEcXBqEMAF3uF10zbtP9C225XEHSZLJxAPg

REFERENCIAS

1. Niskanen, T., Kytövuori, I., & Liimatainen, K. Re-shaping the family-level classification of Agaricineae (Agaricales, Basidiomycota) using a phylogenomic approach. *Studies in Mycology*, 2026; 113, 115–134.
2. Guzmán G. El uso tradicional de los hongos sagrados: pasado y presente. *Etnobiología*. 2011;9(1):1-21.
3. van der Merwe B, Rockefeller A, Kilian A, Clark C, Sethathi M, Moulton T, et al. A description of two novel *Psilocybe* species from southern Africa and some notes on African traditional hallucinogenic mushroom use. *Mycologia*. 2024;116(5):821-834. doi:10.1080/00275514.2024.2367314
4. Canan K, Ostuni S, Rockefeller A, Birkebak J. *Psilocybe caeruleorhiza*: A new cold-weather fruiting species of *psilocybin*-containing mushroom from the Midwest in section *Aztecorum*. *McIlvainea*. 2024;33:1-15.
5. Ostuni S, Rockefeller A, Jacobs J, Birkebak J. *Psilocybe niveotropicalis*: A new species of *psilocybin*-containing mushroom from South Florida. *McIlvainea*. 2024; 33:1-12.
6. Bradshaw AJ, Ramírez-Cruz V, Awan AR, Furci G, Guzmán-Dávalos L, Dentinger BTM. Phylogenomics of the psychoactive mushroom genus *Psilocybe* and evolution of the *psilocybin* biosynthetic gene cluster. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2024;121(3):e2311245121. doi:10.1073/pnas.2311245121
7. Guzmán, G. The genus *Psilocybe*. A systematic revision of the known species including the history, distribution and chemistry of the hallucinogenic species. 1983; J. Cramer.

8. Singer R, Smith AH. Mycological investigations on Teonanácatl, the Mexican hallucinogenic mushroom. Part II. A taxonomic monograph of Psilocybe, section Caerulescentes. *Mycologia*. 1958;50(2):262-303.
9. Kuhar, F., Furci, G., Drechsler-Santos, E. R., & Pfister, D. H. Delimitation of Funga as a valid term for the diversity of fungal communities: the Fauna, Flora & Funga proposal (FF&F). *IMA Fungus*. 2018; 9(2), A71-A74.
10. Aime MC, Miller AN, Aoki T, Bensch K, Crous PW, et al. How to publish a new fungal species, or name, version 3.0. *IMA Fungus*. 2021;12(1):11. doi:10.1186/s43008-021-00063-1
11. Mushroom Observer. (n.d.). Glossary of Mycology Terms. Retrieved February 4, 2024; from https://mushroomobserver.org/glossary_terms
12. Henriot A, Cheype JL. Piximètre: logiciel de mesure de dimensions sur images. Disponible en: <http://ach.log.free.fr/Piximetre/>
13. Largent DL. How to Identify Mushrooms to Genus III: Microscopic Features. Eureka: Mad River Press; 1977.
14. Bradshaw A, Tremble K. Dry Tissue sampling and DNA extraction with NEB monarch Kit. [protocols.io](https://protocols.io/view/dry-tissue-sampling-and-dna-extraction-with-neb-mo-dphe5j3e). 2024; <https://protocols.io/view/dry-tissue-sampling-and-dna-extraction-with-neb-mo-dphe5j3e>
15. Borovička J, Noordeloos ME, Gryndler M, Oborník M. Molecular phylogeny of *Psilocybe cyanescens* complex in Europe, with reference to the position of the secotioid *Weraroa novaezelandiae*. *Mycol Progress*. 2011;10(2):149-155.
16. Larsson A. AliView: a fast and lightweight alignment viewer and editor for large data sets. *Bioinformatics*. 2014;30(22):3276-3278. doi:10.1093/bioinformatics/btu531
17. Tamura, K, Stecher, G, y Kumar, S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, 2021; 38(7), 3022-3027.
18. Tamura K, Nei M. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Mol Biol Evol*. 1993;10(3):512-526.
19. Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, Ayres DL, Darling A, Höhna S, et al. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Syst Biol*. 2012;61(3):539-542. doi:10.1093/sysbio/sys029
20. Rambaut A. FigTree, version 1.4.4. Edinburgh: Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh; 2023. Disponible en: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>
21. Singer R, Garrido N, Bresinsky A, Marticorena C. Index Agaricalium Chilensium. *Mycologia*. 1986;78(3):496-498.
22. Stamets, P. Psilocybin mushrooms in their natural habitats: A guide to the History, Identification, and use of psychoactive fungi. Ten Speed Press; 2025.
23. Villegas-Gómez, F. G., López-Caballero, I., & Fonseca-Alvarez, R. El hábitat de los hongos y su vulnerabilidad ante el cambio climático. *Enseñanza y Comunicación de las Geociencias*, 2023; 2(2), 33-37.