

Comparación del nicho ecológico de un hongo comestible con restricciones en Europa y su contraparte consumida en México

Valeria Flores Almaraz

Introducción

El hongo *Tricholoma equestre* es una especie que se ha reportado como comestible en diversas partes del mundo (Rzymiski & Klimaszyk, 2018). Sin embargo, su consumo ha sido asociado a casos de rabdomiólisis en personas que lo consumieron repetidamente, principalmente en países de Europa (Bedry *et al.*, 2001). A pesar de esos reportes, en México no existen restricciones para su consumo. La ausencia de reportes de intoxicación por este hongo en México podría explicarse por diversos factores. Uno de ellos es que lo que actualmente se identifica como *T. equestre* corresponde a un complejo de especies (Moukha *et al.*, 2013), por lo que es posible que la entidad tóxica reportada en Europa no esté presente en México. Sin embargo, debido a que diferencias en el sustrato y otras condiciones ambientales se han visto relacionadas con la producción de distintas toxinas (Brzezicha-Cirocka *et al.*, 2016), es probable que las variaciones entre regiones influyan en la toxicidad del hongo. En este proyecto se modeló el nicho ecológico de *T. equestre* en México y Europa utilizando elipsoides para evaluar si las diferencias en las proyecciones geográficas podrían indicar que el ambiente influye en su fisiología y toxicidad, o bien, si la especie ocupa nichos similares en ambos continentes. Si los nichos ecológicos para ambas regiones son diferentes, no se observará un solapamiento en las regiones predichas.

Metodología

Se obtuvieron dos conjuntos de datos de *Tricholoma equestre* a partir de registros disponibles en la plataforma GBIF: uno correspondiente a observaciones en Europa y otro a observaciones en México. Para ambos conjuntos, se filtraron únicamente los registros asociados a especímenes conservados y se eliminaron duplicados espaciales. Las variables bioclimáticas se obtuvieron de la base de datos WorldClim y para cada set de datos se eliminaron los duplicados ambientales. Para cada conjunto, se evaluó la colinealidad entre variables utilizando el coeficiente de correlación de Spearman, y se excluyeron aquellas con valores de correlación superiores a 0.8. El 70 % de los datos de México y Europa se utilizó para el entrenamiento del modelo, mientras que el 30 % restante fue utilizado para la validación.

Con esta información, se construyeron modelos de nicho ecológico con 3-9 variables mediante el uso de elipsoides utilizando la herramienta ntbox (Osorio-Olvera *et al.*, 2020). Para cada set de datos se seleccionaron los modelos que presentaron una tasa de omisión menor o igual a 0.10 tanto en los datos de entrenamiento como en los de validación. De estos, se eligieron los 12 mejores modelos para los cuales se estimó el umbral de binarización utilizando el percentil 10 de las predicciones sobre los datos de entrenamiento. Las proyecciones binarizadas de los modelos consenso obtenidos con ambos set de datos fueron comparadas para evaluar el grado de solapamiento en la predicción geográfica.

Resultados

Se encontró un total de 7798 registros correspondientes a *T. equestre* en GBIF. Después de seleccionar aquellos registros que pertenecían a especímenes conservados en herbarios y eliminar duplicados espaciales y ambientales, el set de datos de Europa estuvo formado por 402 registros, mientras que el de México de 42. Ambos set de datos se ajustaron con 9 variables bioclimáticas, después de eliminar las que estaban altamente correlacionadas. Para el set de datos de Europa se ajustaron 466 modelos, de los cuales 443 pasaron el criterio de omisión para los datos de entrenamiento, 198 para los de validación y 197 pasaron los criterios de selección para ambos. En el caso de los datos de México, también se generaron 466 modelos, de los cuales 217 pasaron el criterio de omisión para los datos de entrenamiento, 436 para los datos de validación y 201 para ambos.

Al seleccionar los 12 mejores modelos en ambos set de datos y hacer la proyección a todo el mundo, se observó que utilizando los datos de Europa, no se predice que la esta especie se encuentre en México (Figuras 1-2). Hubo discrepancias importantes en algunas áreas predichas con distintos

modelos. De manera general, Europa se mantiene igual con los modelos binarizados (Figura 2), aunque la idoneidad cambia en países como España, Portugal e Italia (Figura 1). Otras de las discrepancias importantes es la predicción de idoneidad y presencia en áreas como Sudamérica y África, así como la extensión en Norteamérica.

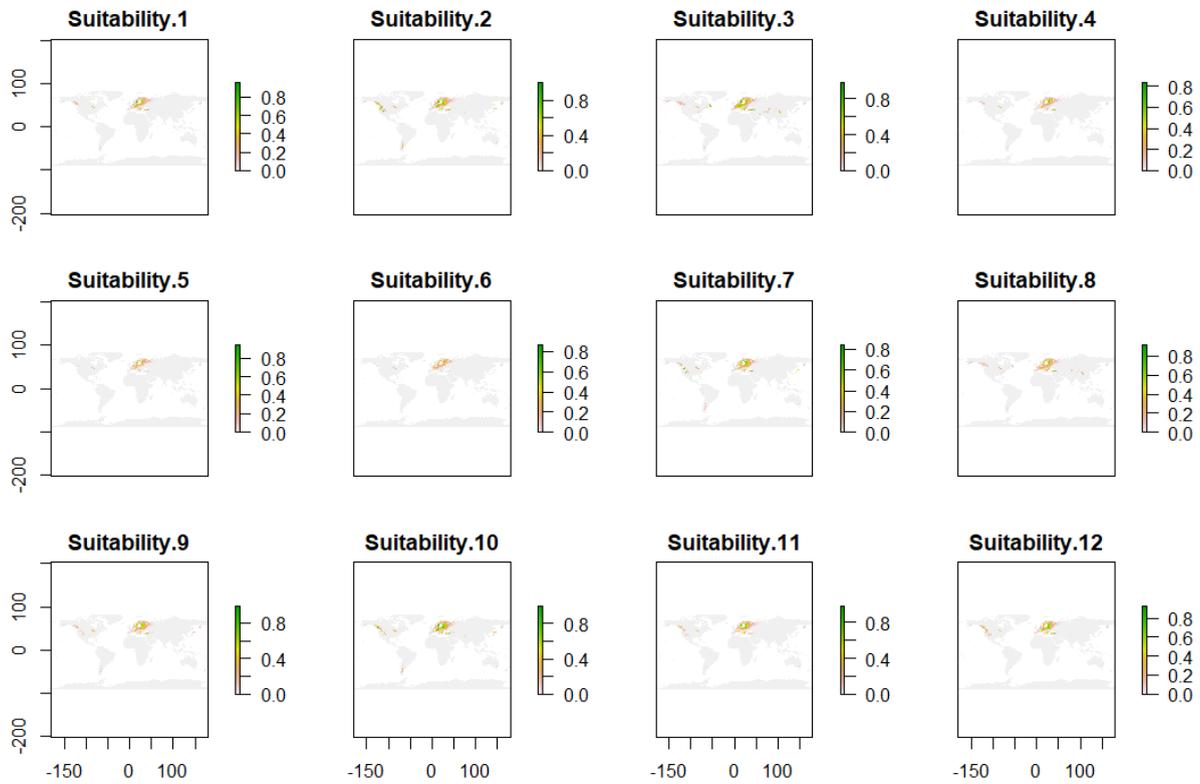


Figura 1. Idoneidad en la distribución de *T. equestre* predicha a partir de los 12 mejores modelos de nicho ecológico generados con los datos de GBIF de observaciones en Europa.

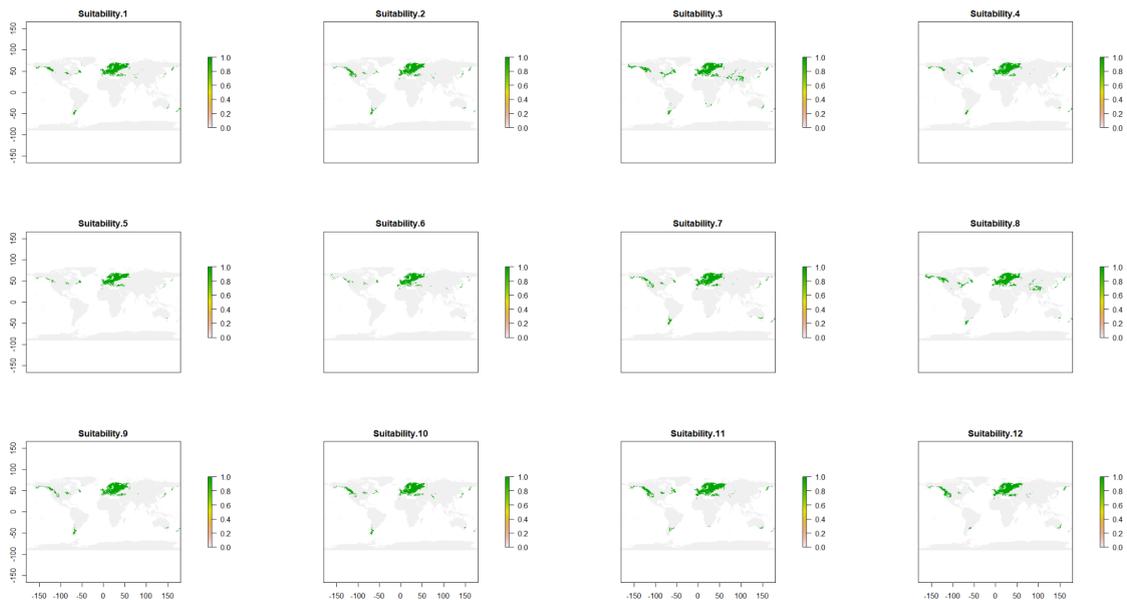


Figura 2. Distribución de *T. equestre* predicha a partir de la binarización de los 12 mejores modelos de nicho ecológico generados con los datos de GBIF de observaciones en Europa.

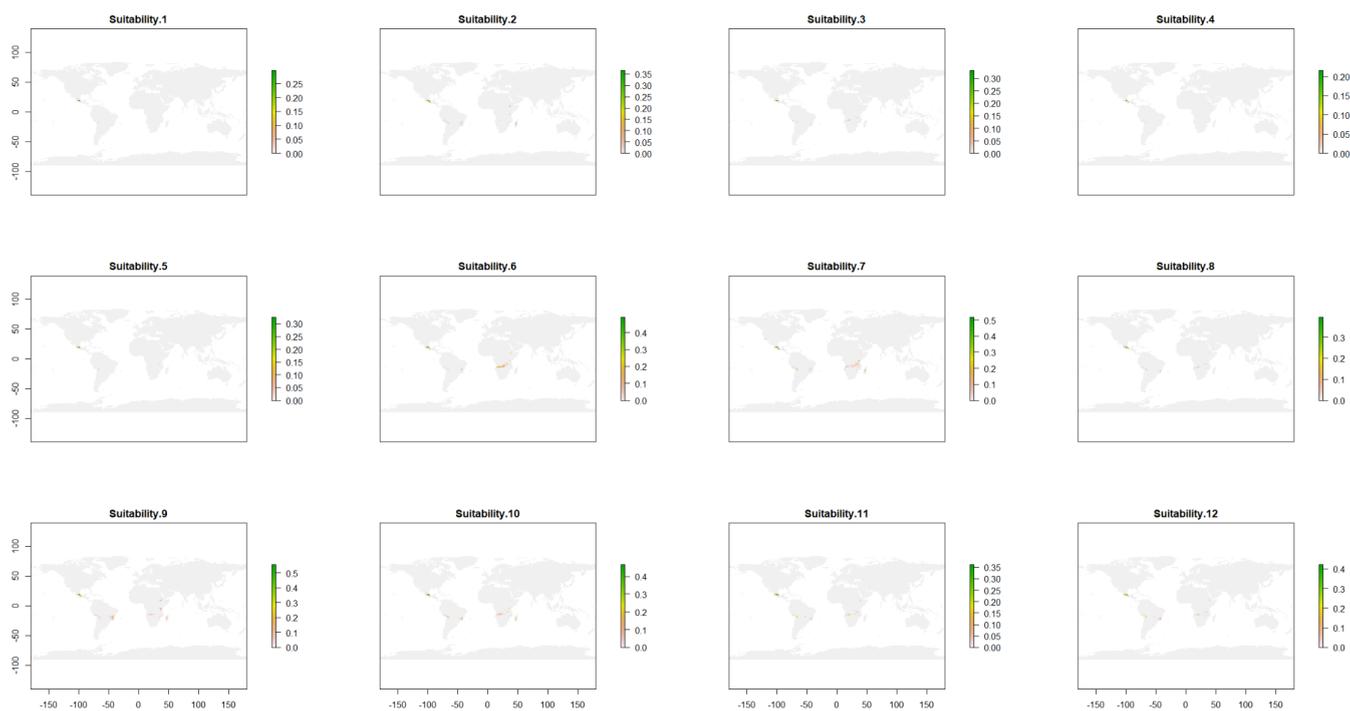


Figura 3. Idoneidad en la distribución de *T. equestre* predicha a partir de los 12 mejores modelos de nicho ecológico generados con los datos de GBIF de observaciones en México.

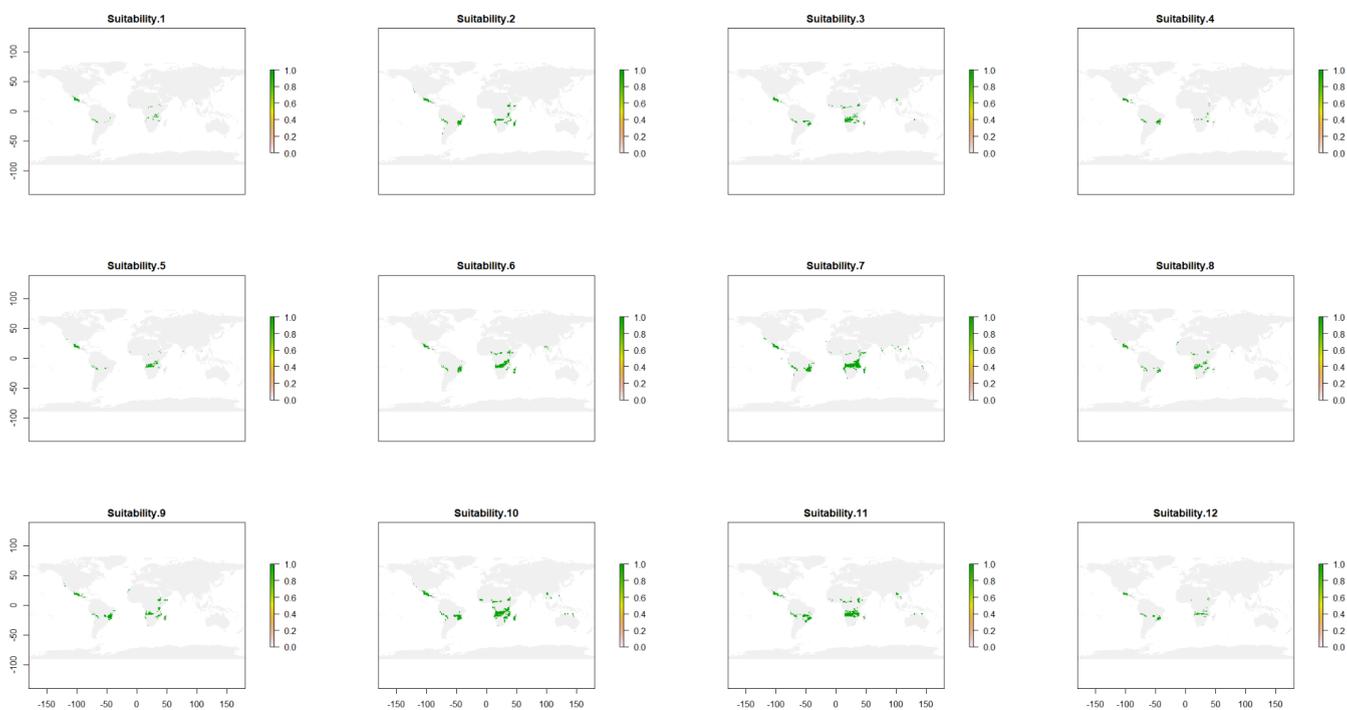


Figura 4. Distribución de *T. equestre* predicha a partir de la binarización de los 12 mejores modelos de nicho ecológico generados con los datos de GBIF de observaciones en México.

Estos resultados pueden verse resumidos en la comparación de los modelos consensos que se generaron utilizando los dos set de datos (Figura 5) en la que se observa que utilizando los datos de Europa se predice que la especie se encuentre en latitudes altas, mientras que utilizando los datos de México se predice que la especie se puede distribuir en los trópicos. En esta figura también se observa que no hay ninguna coincidencia en las áreas predichas a partir de los modelos generados con ambos set de datos.

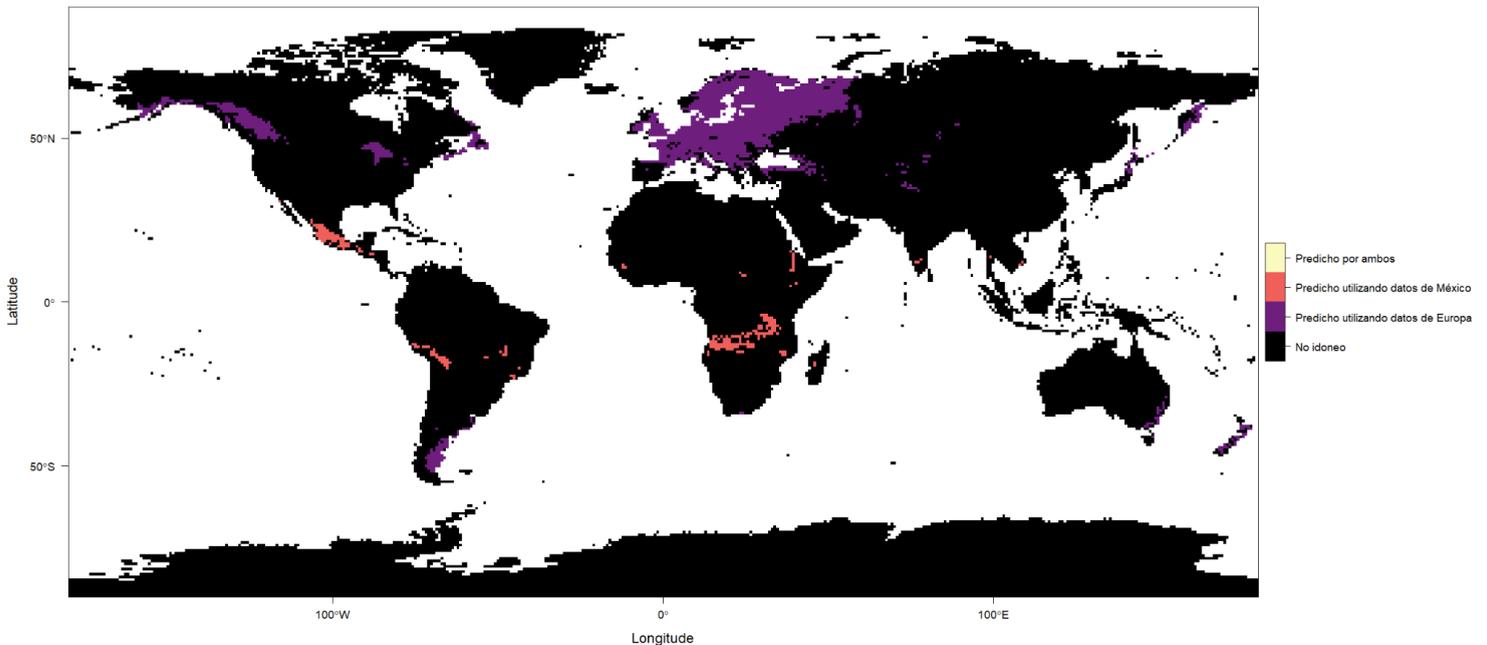


Figura 5. Comparación de las proyecciones de los modelos consenso binarizados generados a partir de los registros de Europa (morado) y México (salmón). Las áreas no idóneas se muestran en negro y el solapamiento en amarillo (no se detectó ningún solapamiento)

Discusión

Se encontró que no hay solapamiento de las regiones predichas de la distribución de *T. equestre* utilizando los modelos generados a partir de los datos de Europa y México. Estos resultados pueden indicar que no hay coincidencia en el nicho, por lo que los ambientes son contrastantemente diferentes y esto podría tener un efecto en el potencial tóxico de la especie. Sin embargo, no es posible concluir que las diferencias se deban directamente a que el ambiente es diferente y hay que tomar en cuenta distintos factores.

Primero, los modelos asumen que los datos provienen de la especie de interés y que no hay error en la identificación, sin embargo, en el caso de esta especie, esto representa un problema, pues dado que pertenece a un complejo de especies, es posible que la identificación de cada una de las observaciones corresponda a grupos diferentes. Dentro de una misma especie pueden haber muchas diferencias metabólicas que puedan determinar el potencial tóxico, pero tratándose de especies diferentes, este problema se agrava, pues no es posible determinar si las diferencias se deben a que se encuentran en diferentes ambientes o a que son especies distintas. Una manera de poder mejorar los datos, que al final es con lo que trabajan los modelos, es utilizando datos de DNA ambiental y utilizar los mismos umbrales para determinar qué es una especie, así es posible trabajar con las mismas entidades.

Además de los datos, otro problema que surge con la aproximación utilizada, es que al seleccionar datos de dos localidades distintas, no se capturan todas las condiciones en que la especie

puede distribuirse. Esto es muy claro porque no hay ningún tipo de solapamiento y las predicciones de distribución son muy contrastantes. Utilizando los datos de Europa se excluyen totalmente regiones más cálidas, por el contrario, utilizar los datos de México excluye las regiones frías.

Conclusiones

Los resultados obtenidos de la proyección de los modelos de nicho ecológico muestran diferencias marcadas en las distribuciones predichas de *Tricholoma equestre* entre Europa y México. Esto podría indicar una posible divergencia en el nicho ecológico de las poblaciones analizadas. Sin embargo, dado la limitación de los datos, estas diferencias no pueden atribuirse exclusivamente a variaciones ambientales, ya que factores como la posible mala identificación de registros y la pertenencia a un complejo de especies limitan la interpretación. Asimismo, la selección de datos provenientes de regiones geográficas distintas restringe el espectro ambiental capturado por los modelos, ocasionando un truncamiento de nicho. Para lograr una representación más precisa del nicho y su relación con el potencial tóxico, es necesario incorporar métodos estandarizados de delimitación de especies, como el uso de ADN ambiental, y ampliar el muestreo a lo largo de gradientes ambientales más amplios, además de métricas que ayuden a medir el traslape del nicho.

Referencias

- Bedry R, Baudrimont I, Deffieux G, Creppy EE, Pomies JP, Ragnaud JM, Dupon M, Neau D, Gabinski C, De Witte S, et al. 2001.** Wild-Mushroom Intoxication as a Cause of Rhabdomyolysis. *New England Journal of Medicine* **345**: 798–802.
- Brzezicha-Cirocka J, Mędyk M, Falandysz J, Szefer P. 2016.** Bio- and toxic elements in edible wild mushrooms from two regions of potentially different environmental conditions in eastern Poland. *Environmental Science and Pollution Research* **23**: 21517–21522.
- Moukha S, Férandon C, Beroard E, Guinberteau J, Castandet B, Callac P, Creppy E, Barroso G. 2013.** A molecular contribution to the assessment of the *Tricholoma equestre* species complex. *Fungal Biology* **117**: 145–155.
- Osorio-Olvera L, Lira-Noriega A, Soberón J, Peterson AT, Falconi M, Contreras-Díaz RG, Martínez-Meyer E, Barve V, Barve N. 2020.** ntbox : An R package with graphical user interface for modelling and evaluating multidimensional ecological niches (H Qiao, Ed.). *Methods in Ecology and Evolution* **11**: 1199–1206.
- Rzyski P, Klimaszuk P. 2018.** Is the Yellow Knight Mushroom Edible or Not? A Systematic Review and Critical Viewpoints on the Toxicity of *Tricholoma equestre*. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* **17**: 1309–1324.