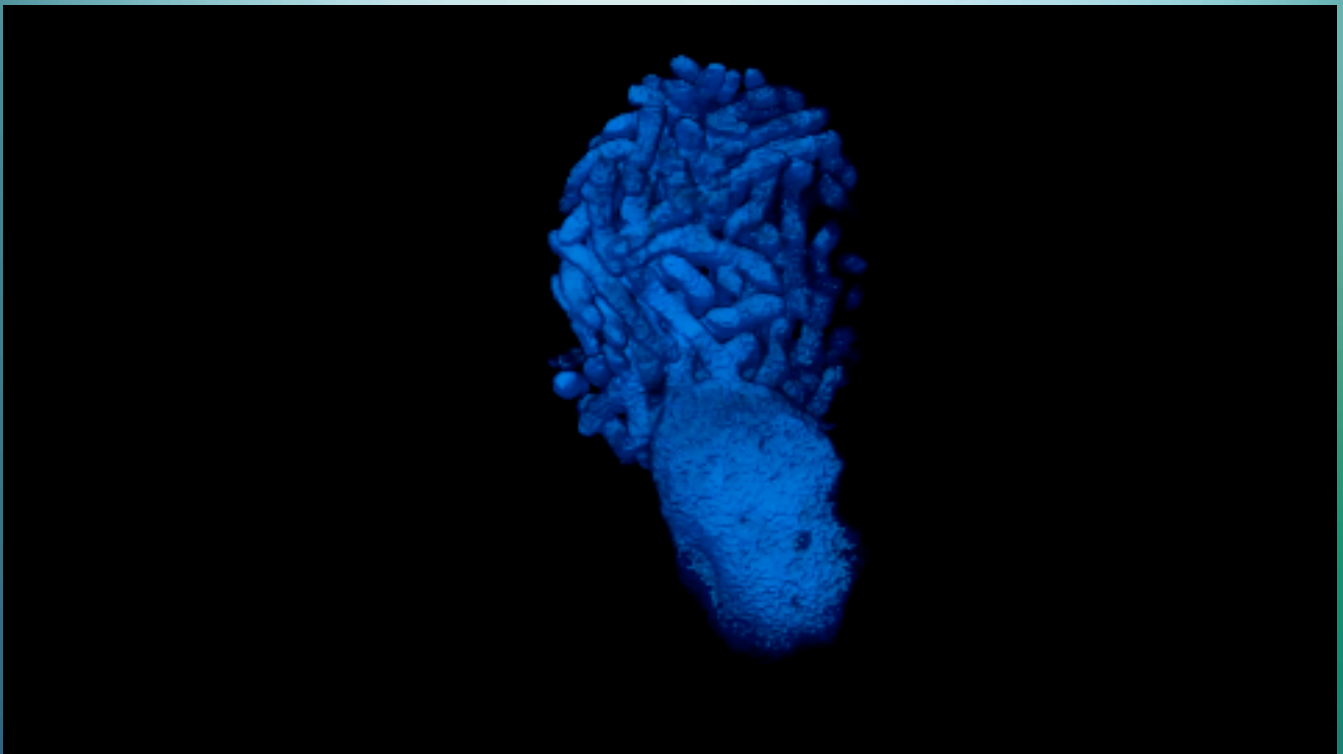


Vol. 10. No. 1-3 (2024)
ISSN: 2448-8100

Cymbella Revista de investigación y difusión sobre algas

Organellar genomes of *Melanthalia* and *Polyopes*
Viviendo en condominio: las macroalgas y la epibiosis
Buenas prácticas en Ficología descriptiva e interpretativa
El gran desafío de publicar especies nuevas en ficología



Publicado en línea diciembre 2024
Sociedad Mexicana de Ficología
www.somfico.org

COMITÉ EDITORIAL

EDITOR EJECUTIVO:

Dr. Eberto Novelo

Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México
enm@ciencias.unam.mx

EDITORES ADJUNTOS:

Dr. Abel Sentfies

Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, México
asg@xanum.uam.mx

Dr. Juan Manuel Lopez-Bautista

Universidad de Alabama, United States of America
jlopez@biology.as.ua.edu

ASISTENTE EDITORIAL:

M. en C. Alejandra Mireles Vázquez

Fac. Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México
alemirelesv@ciencias.unam.mx

EDITORES ASOCIADOS (COMITÉ EDITORIAL TEMÁTICO)

[Florística, Taxonomía, Filogenia y sistemática, Biogeografía y distribución:](#)

Dr. Erasmo Macaya

Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Chile
emacaya@oceanografia.udec.cl

M. en C. Gloria Garduño Solórzano

Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México
ggs@servidor.unam.mx

Dr. Luis E. Aguilar Rosas

Instituto de Investigaciones Oceanológicas, Universidad Autónoma de Baja California
aguilarl@uabc.edu.mx

Dr. Visitación Conforti

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales Universidad de Buenos Aires, Argentina
conforti@bg.fcen.uba.ar

[Biología celular y Bioquímica, Fisiología y Ecofisiología:](#)

Dr. Pilar Mateo Ortega

Departamento de Biología, Universidad Autónoma de Madrid, España
pilar.mateo@uam.es

[Algas tóxicas y FANs:](#)

Dr. Marina Aboal Sanjurjo

Facultad de Biología, Universidad de Murcia, España
maboal@um.es

Dr. Yuri Okolodkov

Instituto de Ciencias Marinas y Pesquerías, Universidad Veracruzana, México
yuriokolodkov@yahoo.com

[Ecología de poblaciones y comunidades algales:](#)

Dr. Ligia Collado Vides

School of Environment, Arts and Society, Florida International University, United States of America
Ligia.ColladoVides@fiu.edu

Dr. Rosaluz Tavera

Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México
r_tavera@ciencias.unam.mx

[Ficología aplicada y biotecnología:](#)

Dr. Eugenia J. Olguín Palacios

Instituto de Ecología, Centro CONACYT
eugenia.olguin@inecol.mx

Dr. Marcia G. Morales Ibarria

División de Ciencias Naturales e Ingeniería, Universidad Autónoma Metropolitana – Cuajimalpa, México
mmorales@correo.cua.uam.mx

[Nomenclatura:](#)

Dr. Francisco F. Pedroche

Depto. Ciencias Ambientales, División CBS, UAM-Lerma
fpedroche@correo.ler.uam.mx

Esta publicación es financiada totalmente por el Editor Ejecutivo. No recibe subsidios ni pagos.

CINTILLO LEGAL

Cymbella Revista de investigación y difusión sobre algas. – Vol. 10, Núms 1-3, enero – abril, mayo – agosto, septiembre – diciembre 2024, es una publicación cuatrimestral editada por la Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Alcaldía Coyoacán, C.P. 04510, Ciudad de México, México, a través del Laboratorio de Algas Continentales, Ecología y Taxonomía de la Facultad de Ciencias, Circuito exterior s/n, Ciudad Universitaria, Col. Copilco, Alcaldía Coyoacán, C.P. 04510, Ciudad de México, Tel. (55) 56225430, <https://cymbella.fcencias.unam.mx/>, enm@ciencias.unam.mx. Editor responsable: Dr. Eberto Novelo Maldonado. Reserva de Derechos al Uso Exclusivo: 04-2016-112410454200-203. ISSN: 2448-8100. Responsable de la última actualización de este número, Laboratorio de Algas Continentales, Ecología y Taxonomía de la Facultad de Ciencias, Dr. Eberto Novelo Maldonado, Circuito exterior s/n, Ciudad Universitaria, Col. Copilco, Alcaldía Coyoacán, C.P. 04510, Ciudad de México, fecha de la última modificación, 27 de diciembre de 2024.

Los artículos firmados son responsabilidad de los autores y no necesariamente reflejan la opinión de los Editores ni de la Sociedad Mexicana de Ficología. El material publicado puede reproducirse total o parcialmente siempre y cuando exista una autorización de los autores y se mencione la fuente completa y la dirección electrónica de la publicación.

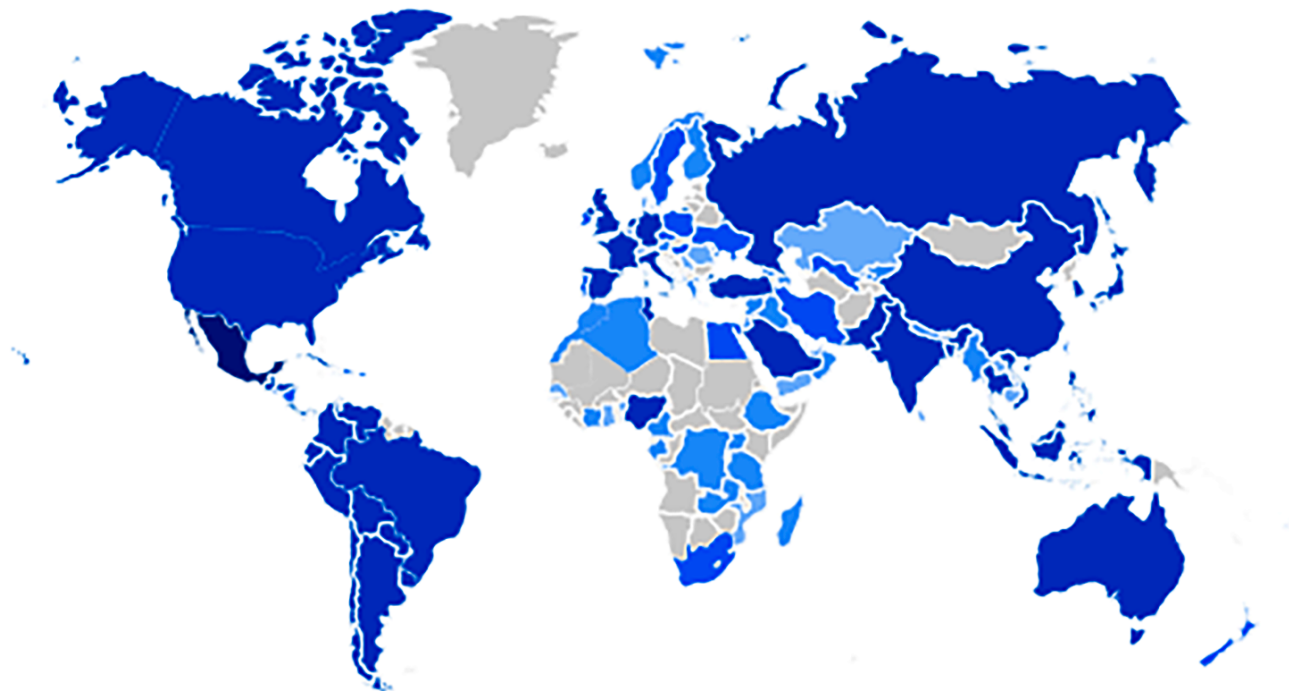
Cumplimos el primer decenio de *Cymbella*, la revista de investigación y difusión sobre algas de la Sociedad Mexicana de Ficología y la Fac. de Ciencias de la UNAM. En este número presentamos, otra vez, visiones y aproximaciones diferentes al conocimiento de las algas. Abrimos con un artículo sobre genoma de plastidios y mitocondrias de dos Rhodophyta, seguimos con un artículo de revisión sobre epibiosis en ficología. En tercer lugar, un artículo de opinión sobre las buenas prácticas en ficología descriptiva e interpretativa, sigue nuestra sección de Nomenclatura con una guía para nombrar una especie nueva siguiendo los lineamientos del Código Internacional de Nomenclatura. Y terminamos con nuestras secciones de Reseñas bibliográficas (ahora en línea) y Resúmenes de tesis.

Este número conmemorativo da pie para recordar la intención e historia de *Cymbella*. En el momento de proponerla en el VI Congreso Mexicano de Ficología en 2010 imaginamos un futuro lleno de satisfacciones y de una amplia colaboración. Pero no imaginamos que el camino sería tortuoso, lleno de veredas ciegas o en pendientes no aptas para científicos sedentarios y de actitudes contrarias de parte de algunos colegas. ¿Cómo avanzar, desarrollar o mantener una publicación que se enfrenta a muchas visiones de lo que debe ser las publicaciones científicas? Nuestro punto de partida es que las ciencias deben ser prácticas en las que las colaboraciones sean desinteresadas, y en todas las etapas, desde el diseño de las investigaciones hasta las publicaciones. En el contexto en el que se desarrollan las publicaciones científicas esta idea suena demasiado romántica, se enfrenta a las visiones personales de cada científico, pero sobre todo a la visión empresarial y comercial en las publicaciones. Así, después de 10 años, *Cymbella* tiene que publicarse gracias a la buena voluntad de autores, editores y revisores y a la necesidad de su Editor Ejecutivo.

Creemos necesaria una publicación como la nuestra, con opciones alternas contra la comercialización del conocimiento, la competitividad compulsiva y la segregación regional. Creemos, además, que podemos mantener la idea de una ciencia colaborativa, justa y sin ganancias de unos en detrimentos de otros. También creemos en la plura-

lidad de pensamientos y posturas ante las ciencias y ante las responsabilidades de los científicos, no aceptamos una visión unidimensional, con cartabones de pensamiento que encasillen la formación de nuevos científicos y que "ajusten" esa formación de jóvenes a la visión de ganancia de cualquier tipo por encima de todo.

Para mantener nuestro optimismo compartimos la visibilidad de la revista por país, con 4 300 visitantes, según Google Analytics durante los últimos 12 meses (1° de diciembre de 2023 a 1° de diciembre de 2024).



The Organellar Genomes of *Melanthalia abscissa* and *Polyopes polyideoides* (Rhodophyta, Florideophyceae).

Los genomas organelares de *Melanthalia abscissa* y *Polyopes polyideoides* (Rhodophyta, Florideophyceae).

Matthew N. Freiler^{1*} & Juan M. Lopez-Bautista^{1,2}

¹ Department of Biological Sciences, The University of Alabama, 500 Hackberry Lane, Mary Harmon Bryant Hall #309, Tuscaloosa, AL 35487-0345.

² The University of Alabama Cuba Center for Collaboration and Scholarship, The University of Alabama, 1005 Math and Science Education Building, 411 Hackberry Lane, Tuscaloosa, AL 35487.

*Email: mnfreiler@crimson.ua.edu

Freiler, M.N. & J.M. Lopez-Bautista. 2024. The Organellar Genomes of *Melanthalia abscissa* and *Polyopes polyideoides* (Rhodophyta, Florideophyceae). *Cymbella* 10(1-3): 05-18.

DOI: <https://doi.org/10.22201/fc.24488100e.2024.10.1-3.1>

ABSTRACT

Florideophyceae is the most species rich red algal class, including large numbers of well-studied, economically important species and lesser-known clades. We present the complete plastid and mitochondrial genome assemblies of two Florideophycean species, *Melanthalia abscissa* (Gracilariaceae) and *Polyopes polyideoides* (Halymeniaceae). We identified more large-scale rearrangements within the plastid genomes of Gracilariales than within Halymeniales. Maximum likelihood phylogenies using *rbcL* data support the placement of both *M. abscissa* and *P. polyideoides* samples in monophyletic genera. However, not all genera within Halymeniales were recovered as monophyletic. Sequences that appear to be derived from red algal plasmids were identified within the plastid genome of *M. abscissa*. Determining the presence or absence of plasmid-derived sequences in the *P. polyideoides* plastome is more difficult due to a lack of publicly available data for Halymeniaceae. The addition of the sequences produced by this study will support further phylogenetic and systematic research on these Rhodophytan genera and orders.

Keywords: Florideophyceae, mitochondria, phylogenetics, plastid genome, *rbcL*.

RESUMEN

Las Florideophyceae es la clase más numerosa en especies de las algas rojas, incluye un gran número de especies bien estudiadas económicamente importantes y algunos clados menos conocidos. En este trabajo presentamos los genomas completos plastidial y mitocondrial de dos especies de algas Florideophyceae, *Melanthalia abscissa* (Gracilariaceae) y *Polyopes polyideoides* (Halymeniaceae). Se identificaron más rearrreglos a gran escala dentro de los genomas plastidiales de Gracilariales que dentro de las Halymeniales. Las filogenias por Máxima Probabilidad utilizando datos del *rbcL* apoyan la posición de ambas muestras, *M. abscissa* y *P. polyideoides*, dentro de géneros monofiléticos. Sin embargo, no todos los géneros dentro de Halymeniales fueron recuperados como monofiléticos. Secuencias que parecen ser derivadas de plásmidos de algas rojas se identificaron dentro del genoma plastidial de *M. abscissa*. La determinación de la presencia o ausencia de secuencias derivadas de

plásmidos en el plastoma de *P. polyideoides* es más difícil debido a la ausencia de datos públicamente disponibles para las Halymeniaceae. La adición de las secuencias producidas en este estudio apoyará futuras investigaciones filogenéticas y sistemáticas en estos géneros y ordenes de Rhodophyta.

Palabras clave: filogenética, Florideophyceae, genoma plastidial, mitocondria, rbcL.

INTRODUCTION

Rhodophyta is a monophyletic division of red algae that consists of seven classes. Florideophyceae, the most species rich class in the division, contains ~7,100 of the ~7,500 Rhodophytan species (Guiry 2017). The class has a considerable impact on multiple sectors of the human economy. The commercially used agarophytes, carrageenophytes, and several economically important edible seaweeds belong to Florideophyceae. Members of the Florideophyceae also hold major importance to ocean ecosystems. Corallinales, a resilient and widespread order of crustose Florideophyceans, are critical builders of coral reef frameworks in the global tropics (Bjork *et al.* 1995). Despite this economic and ecological importance, several branches of subordinate Florideophyceae taxonomy rely entirely on analyzing morphological features, especially the reproductive structures (De Clerck *et al.* 2012). The uncertain inter-ordinal relationships may be resolved by further implementing phylogenomic approaches.

Organellar genomes contain useful sequence data for developing reliable phylogenies. Compared to nuclear genomes, their high copy and short length make extraction, assembly, and analysis straight-forward. Plastids and mitochondria are typically inherited uniparentally, gene-dense, and highly conserved. Due to their conserved nature, organellar DNA can be particularly valuable in resolving deep-branching phylogenies (Palmer *et al.* 1988).

Less than three percent of Florideophyceans have plastid genomes available on RefSeq, NCBI's non-redundant database, with only 149 published (O'Leary *et al.* 2016). Using a matrix of mostly plastid coding and ribosomal loci, as well as a selection of nuclear coding and ribosomal loci, Verbruggen *et al.* (2010) identified five notable regions of low support in the Rhodophytan phylogeny. Substantial increases have been made in the availability of the loci used by Verbruggen *et al.* since the study's release in 2010. However, much of the red algal phylogeny remains unresolved (Díaz-Tapia *et al.* 2018). The addition of sequence data will provide

better resolution of these regions of the phylogeny. In this study, we focus on the plastid and mitochondrial genomes of two species, *Melanthalia abscissa* (Turner) Hooker f. & Harvey and *Polyopes polyideoides* Okamura, from two Florideophycean orders, Gracilariales and Halymeniales, respectively.

Melanthalia Montagne is a genus of only four species within the family Gracilariaceae, which contains agarophytan genera such as *Gracilaria* Greville and *Gracilariopsis* E.Y. Dawson. Despite the variety of known applications for *Gracilaria*, *Melanthalia* is not used as extensively.

Currently, the genus has minimal usage in aquaculture. It is not used commercially for agar production (Furneaux *et al.* 1990) or for human consumption. Laboratory experiments with extracts from *M. abscissa* have increased larval settlement of *Perna canaliculus*, a commonly cultivated mussel in New Zealand aquaculture (Alfaro *et al.* 2006). *Melanthalia* has a small geographic range and limited distribution in the subtidal waters of New Zealand and Australia (Nelson *et al.* 2013). A plastid genome from one member of the genus, *Melanthalia obtusata* (Labillardière) J. Agardh is available on GenBank under the synonymous name, *Melanthalia intermedia*. The systematics of this genus and corresponding species within it have changed multiple times in recent years and remains elusive (Iha 2018, Lyra 2021, Nelson *et al.* 2013).

Polyopes J. Agardh is a small genus of eleven species within the family Halymeniaceae (Guiry 2017). It is native to East Asia and particularly prevalent in the coastal waters of Japan. However, it has recently appeared on European coasts, likely through accidental introduction from human activity (Mineur *et al.* 2010). Phylogenomic analyses of the genus have been limited, though it has gained some attention for the various pharmaceutical applications of *Polyopes affinis* (Harvey) Kawaguchi & Wang and *Polyopes lancifolius* (Harvey) Kawaguchi & Wang. Ethanol extracts from *P. affinis* have shown potential in treating airway inflammation in mice and human asthma models (Lee *et al.* 2011; Ha *et al.* 2022), as well as acting as photoprotection against ultraviolet-B light on human cells (Hyun *et al.* 2014). *P. lancifolius* has been used to treat high blood sugar in diabetic mice (Kim *et al.* 2010). At the date of writing, only eight unique plastid genomes from Halymeniales are available on GenBank. From these, three correspond to the family Halymeniaceae. The goal of this study is to add to the limited knowledge base of the Florideophycean genera *Melanthalia* and *Polyopes*, by providing complete organellar genome sequences, and examining the

characteristics of these genomes. Publication of organellar genomes from clades underrepresented in databases will benefit future species identifications, systematic and ecological investigations, and conservation of this critical class. The Florideophyceae are crucial to the global ecosystem, acting as keystone reef builders and invasive species.

METHODOLOGY

M. abscissa specimens were collected by D. Wilson Freshwater in 1994 from a subtidal habitat near the Mataikona river in Wairarapa, New Zealand. The voucher specimen is stored at the Te Papa Tongarewa Museum of New Zealand Herbarium with the voucher number WELT A024150. DNA is in the algal DNA collection at The University of Alabama under the number UA 816. *P. polyideoides* specimens were collected by Suzanne Fredericq in Keelung City, Taiwan, in 1993. DNA is stored at the University of Alabama under the number UA 733. Sequencing was performed at Cold Spring Harbor Laboratory (Cold Spring Harbor, New York, USA) on the Illumina MiSeq Platform. For the *M. abscissa* sample, 2,159,473 paired-end reads (101 bp) were produced. For the *P. polyideoides* sample, 4,732,738 paired-end reads were produced.

Plastid genomes were assembled and subsequently analyzed on The University of Alabama High-Performance Computing (HPC) cluster using the following steps. Initial read quality was examined using FastQC v0.11.5 (Andrews 2010) before cleaning and trimming with Trimmomatic v0.4 (Bolger *et al.* 2014) with minimum leading and trailing quality scores of 20 and a minimum read length of 65. Following trimming, normalization to 100x read coverage to reduce any possible overrepresented sequences was done using BBnorm (Bushnell 2014). *De novo* assembly was performed by SPAdes v3.14 (Prjibelski *et al.* 2020) using the 'plasmid' and 'careful' options. A database of published Rhodophyta organellar genes and complete organellar genomes was created with BLASTn 2.9.0 (Altschul *et al.* 1990) to select the scaffolds containing the organellar genomes. Seed based microassembly tool, afin (Wilson 2016) was needed to extend and finish the plastome of *P. polyideoides*. Coverage analyses were performed by Fast-Plast v1.2.9 (McKain & Wilson 2017) to evaluate the assembly. Protein coding sequences were identified by Plastid Genome Annotator (Qu *et al.* 2019), and ribosomal genes and tRNAs within the plastid genome were detected by Chlorobox GeSeq (Tillich *et al.* 2019) and tRNAscan-SE 2.0 (Lowe & Chan 2016). Gene lengths and reading frames were manually checked by aligning

each protein product to the closest homolog. Any necessary edits to the automated annotations were made in Geneious V.2023.0.4 (Geneious 2023) and UGENE V.47 (Okonechnikov *et al.* 2012).

Open reading frames (ORFs) of 25 amino acids or longer in intergenic space with BLAST matches to other members of Rhodophyta were retained in the annotation. BLASTp searches of the non-redundant database of Rhodophyta data were used. An E-value of 1e-5 and percent identity cut off of 60% were used to determine potential homology with ORFs in other Rhodophyta plastomes. ORFs were named based on the length of their potential amino acid product. Microsatellites, or simple sequence repeats (SSRs), were identified by the MicroSatellite (MISA) identification tool v.2.1 (Beier *et al.* 2017). The minimum number of repeats to detect microsatellites was set to ten for mononucleotide repeats, six for dinucleotide repeats, and five for trinucleotide repeats or anything larger. These settings are the default option on the MISA web server. These parameters have also been used in other studies analyzing microsatellites in algal plastid genomes (Kuntal *et al.* 2012). Visualization of complete organellar genomes was done by Chlorobox OGDRAW (Greiner *et al.* 2019).

Complete coding sequences of *rbcL*, extracted from plastid genome assemblies were aligned by MAFFT v7.313 (Kato & Stanley 2013) with plastid genome data available on GenBank. To further assess the systematic position of the algal samples, two maximum likelihood phylogenies were constructed using this data, in IQ-Tree v2.2.0 (Minh *et al.* 2020). Substitution models were chosen using the "auto" option in IQ-Tree. The TIM2+F+I+G4 model was chosen for the Gracilariales phylogeny, while the TIM2+F+G4 model was chosen for the Halymeniales phylogeny. The Halymeniales phylogeny was constructed with all *rbcL* sequences from the order with a length over 1400 base pairs available on GenBank. Due to the small number of complete plastid genomes published on GenBank, the use of data solely from complete assemblies would not construct a sufficient phylogeny of the order.

Tree visualization was done using FigTree v1.4.4 (Rambaut 2010), Adobe Illustrator v28.2 and Acrobat v23 (Adobe Inc. 2024, Adobe Inc. 2024). Plastome rearrangements between both novel sequences and their respective orders were examined through Mauve (Darling *et al.* 2004) genome alignments. Representatives of each genus present in the Halymeniales and Gracilariales phylogenies were selected for alignment, along with the sequences from this study. Alignments were performed by progressive

Mauve using the default parameters and HOXD scoring. Start positions for each alignment were standardized to the most common position in the taxon sampled. The Gracilariales alignment begins at *rns* while the Halymeniales alignment begins at *rbcl*. Possible plasmid-derived sequences (PDS) were identified by similarity to a custom BLASTn database of Rhodophyta plasmid sequences.

RESULTS

The assembled *M. abscissa* plastid genome has a length of 209,722 base pairs, and GC-content of 32.2% (Fig. 1). The average depth of coverage for the assembly is 55. A total of 190 protein-coding genes were identified along with 29 tRNA sequences and three rRNA genes, and 15 ORFs. Identified genes

with overlap include *lysR* with *ycf54*, *sufB* with *sufC*, *atpD* with *atpF*, *rpl33* with *rps18*, *ycf59* with *leuD*, *rpl4* with *rpl23*, *rpl14* with *rpl24*, and *psbC* with *psbD*. Including ORFs identified, protein-coding regions account for 68.4% of the plastome.

Two simple sequence repeats (SSR) were found in the plastome of *M. abscissa*. A trinucleotide repeat of AGC was found at positions 11,417 to 11,431 within the *psbA* gene, and a dinucleotide repeat of AT was found at positions 174,075 to 174,088 within the *syfB* gene. No inverted repeat was found. Mauve alignments of the entire plastomes show locally collinear block (LCB) rearrangement is observed in the alignment between *Melanthalia abscissa* and *Melanthalia obtusata*. The plastid genome of *M. abscissa* is published on GenBank under the accession number PP328475.

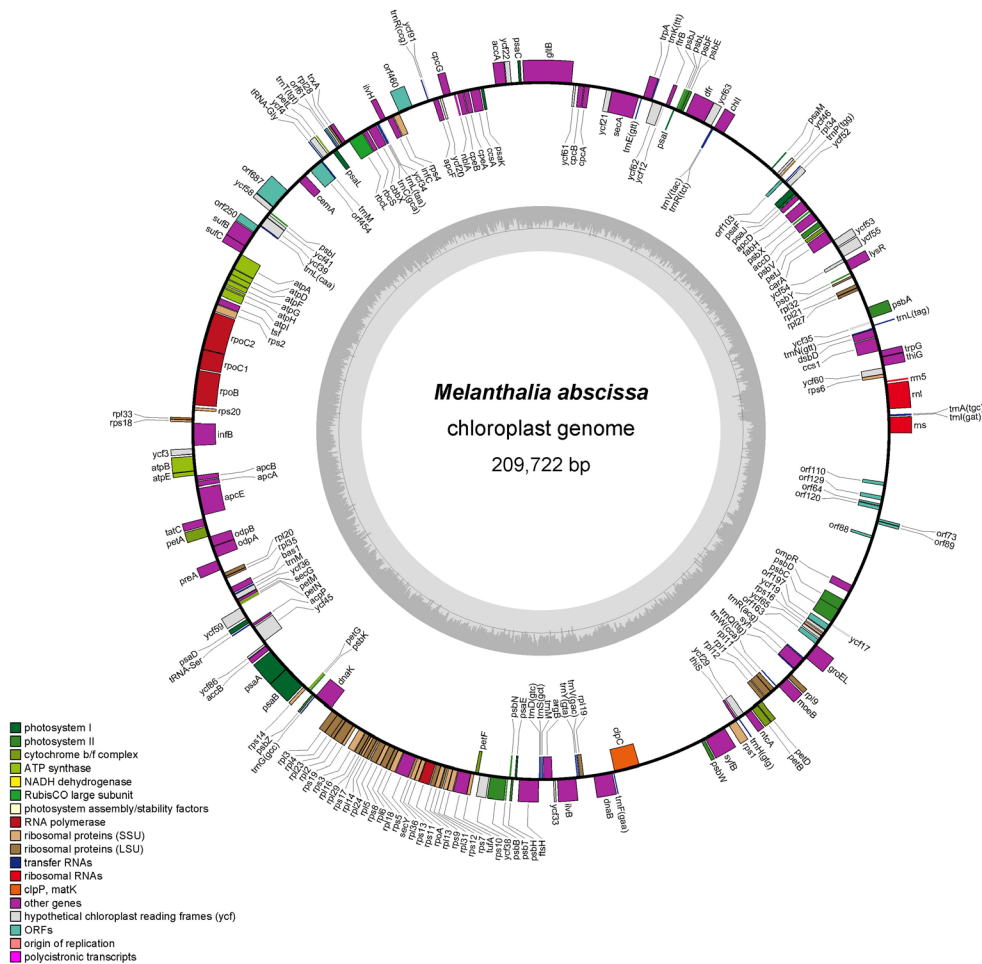


Figure 1: Map of the plastid genome of *Melanthalia abscissa*. Positioning on the ring indicates transcription direction. Genes on the outside of the ring are transcribed in the forward direction while genes inside are transcribed in the reverse direction. The inner ring shows GC-content.

A mitochondrial genome 26,057 base pairs long with a GC content of 30.1% was assembled (Fig. 2). The average depth of coverage for the assembly is 75. The mitochondrial genome contains 24 protein-coding genes, one 537 base-pair ORF, and 20 tRNAs. No SSRs were found by MISA in the *M. abscissa* mitochondrial

genome. Starting from the *trnA* gene, all genes occur on the forward strand until the *trnL* gene around the midpoint of the genome. All genes between *cob* and *trnN* occur on the reverse strand. The mitochondrial genome of *M. abscissa* is published on GenBank under the accession number PP335805.

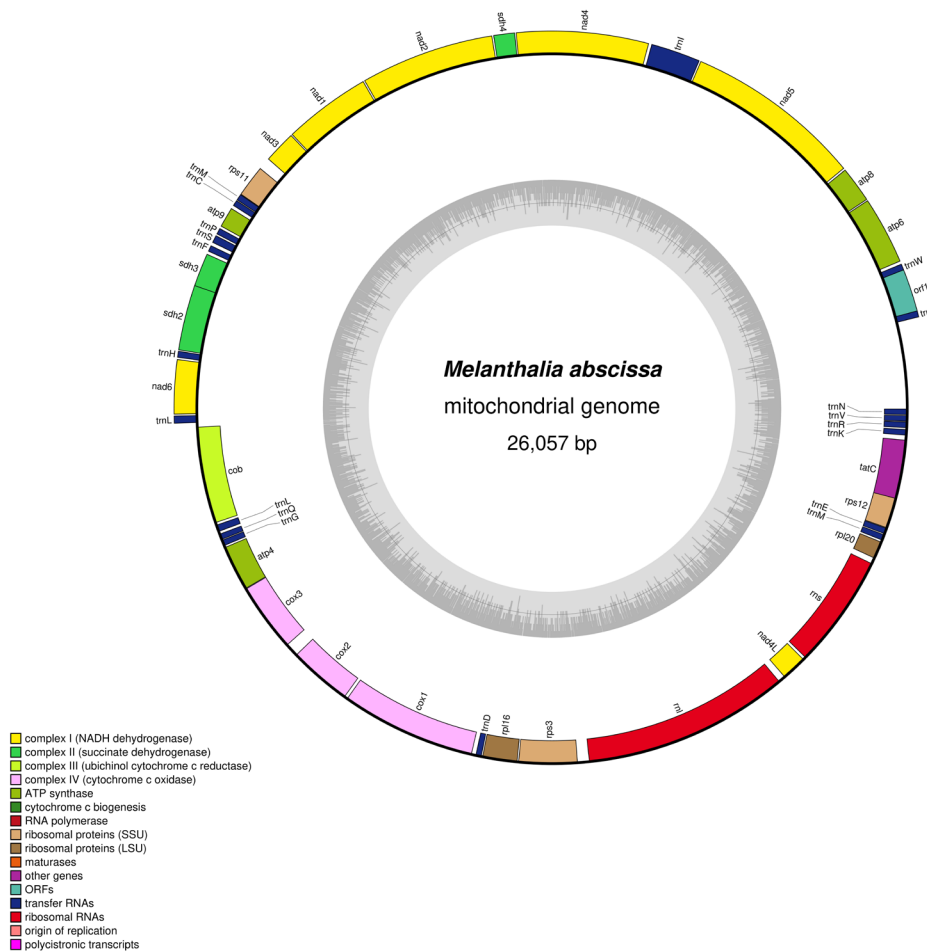


Figure 2: Map of the mitochondrial genome of *Melanthalia abscissa*. Positioning on the ring indicates transcription direction. Genes on the outside of the ring are transcribed in the forward direction while genes inside are transcribed in the reverse direction. The inner ring shows GC-content.

The *P. polyideoides* plastome comprises 201,550 base pairs, 192 protein coding genes, and 29, tRNA sequences, three rRNA sequences, and 17 ORFs (Fig. 3). The average depth of coverage for the assembly is 230. Like *M. abscissa*, a few identified genes have overlapping regions, including *rpl24* with *rpl14*, *rpl23* with *rpl4*, *trpG* with *ccs1*, and *psbD* with *psbC*. Protein coding regions account for 74.2% of the plastome.

Five SSRs were located in the plastid genome of *Polyopes polyideoides*. A monomeric repeat of A was found within the *rps1* gene at positions 179,843 to 179,852. Monomeric repeats of T were found at

positions 146,373 to 146,382 within the *rpl21* gene as well as 195,608 to 195,617 at the end of *ycf33*. A dinucleotide repeat of AT is present at positions 185,213 to 185,224, and a dinucleotide repeat of TA from 108,513 to 108,524.

No large inverted repeats were found. However, ORFs 122 and 121 at the beginning of the plastome are identical for the first 313 base pairs. The ORFs are 377 and 366 base pairs in length respectively. Sparse rearrangements between *P. polyideoides* and the rest of Halymeniales are seen in the Mauve alignment. The plastid genome of *P. polyideoides* is published on GenBank under the accession number PP338773.

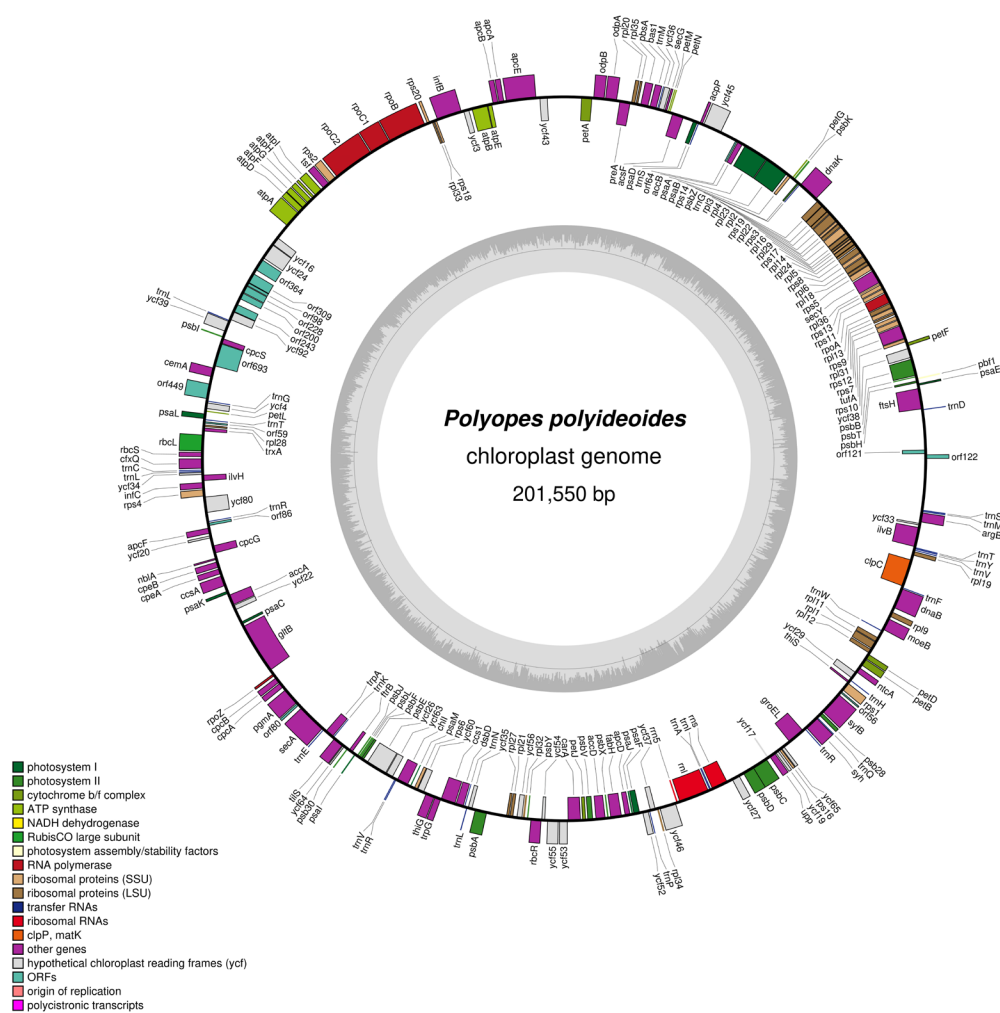


Figure 3: Map of the plastid genome of *Polyopes polyideoides*. Positioning on the ring indicates transcription direction. Genes on the outside of the ring are transcribed in the forward direction while genes inside are transcribed in the reverse direction. The inner ring shows GC-content.

The *P. polyideoides* mitochondrial genome is 26,499 base pairs long and has a GC-content of 30.7% (Fig. 4). The average depth of coverage for the assembly is 174. Three SSRs were identified in the mitochondrial genome of *P. polyideoides*. None of them were in coding regions. A trinucleotide of AGT is present from positions 26,071 to 26,085. Dinucleotide repeats of TA and AT can be found at positions 26,162 to 26,175 and 26,221 and 26,238, respectively.

Like the *M. abscissa* mitochondrial genome, 24 protein-coding genes and one ORF are present. However, four additional tRNAs were found, for a total of 24. The gene order and direction are the same as seen in the mitochondrial genome of *M. abscissa*. The mitochondrial genome of *P. polyideoides* is published on GenBank under the accession number PP338774.

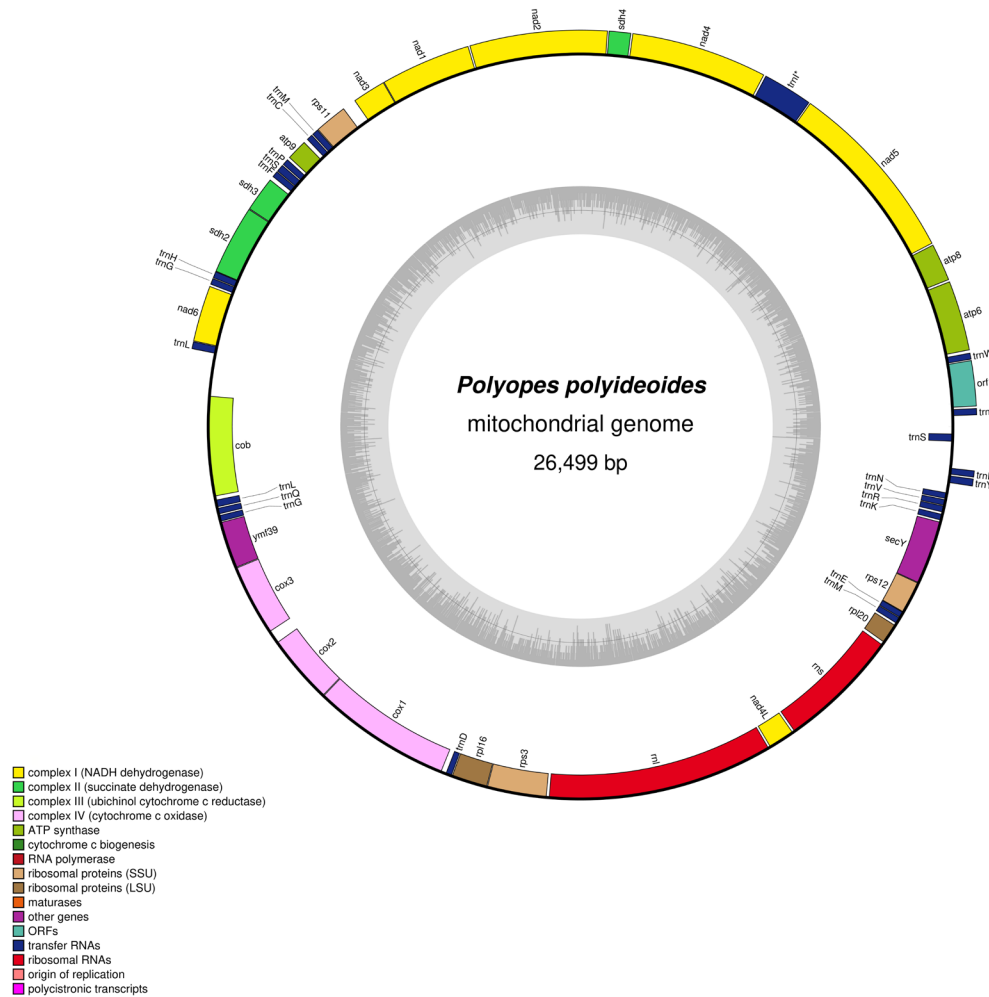


Figure 4: Map of the mitochondrial genome of *Polyopes polyideoides*. Positioning on the ring indicates transcription direction. Genes on the outside of the ring are transcribed in the forward direction while genes inside are transcribed in the reverse direction. The inner ring shows GC-content.

The phylogenetic analysis placed the novel *M. abscissa* plastome within *Melanthalia* alongside the sister species *M. obtusata* with a bootstrap value of

100 (Fig. 5). All genera sampled from Gracilariales formed monophyletic clades. However, there are varying degrees of support for these nodes.

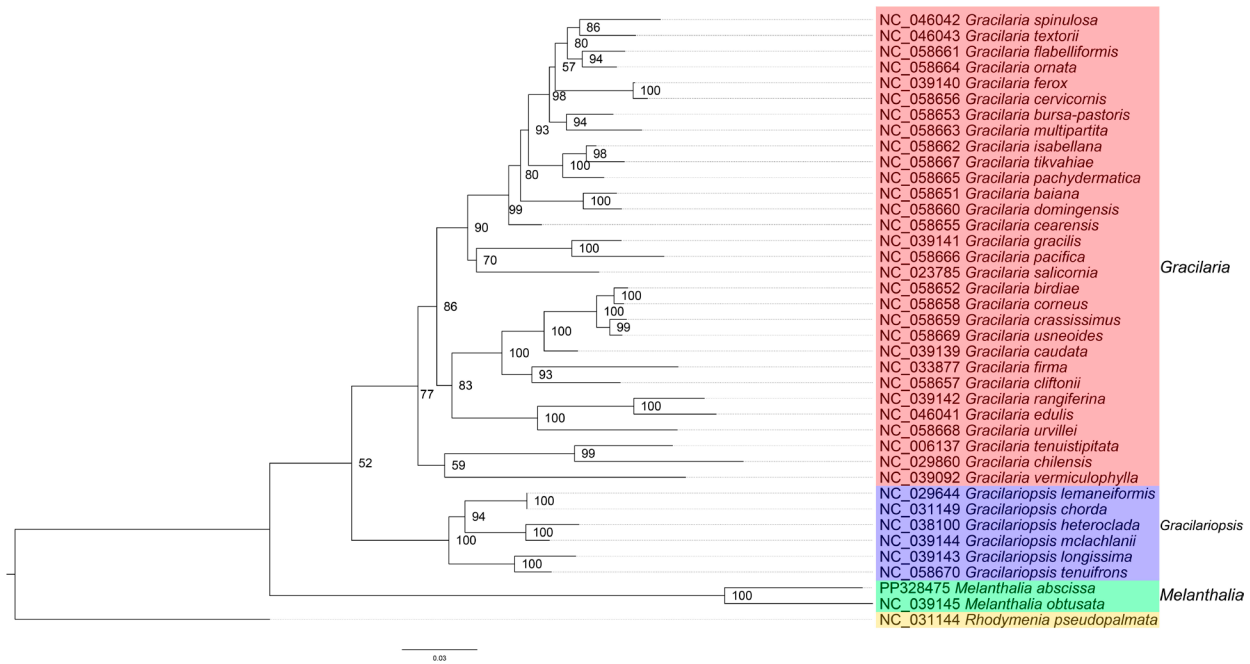


Figure 5: Maximum likelihood *rbcL* phylogeny of Gracilariales. Node values are based on 10,000 bootstrap replicates. Colors on the right are based on current genus classification.

Due to the sparse number of complete plastid genome assemblies from Halymeniales on RefSeq, full-length *rbcL* sequences could not be used to construct a useful phylogeny in the same manner as Gracilariales. A larger phylogeny with 31 taxa and

an outgroup, was able to be constructed, but with a widely varying support (Fig. 6). *Halymenia floridana* was placed in a well-supported clade with members of the genus *Cryptonemia* rather than with the other member of *Halymenia* in the phylogeny, *H. maculata*.

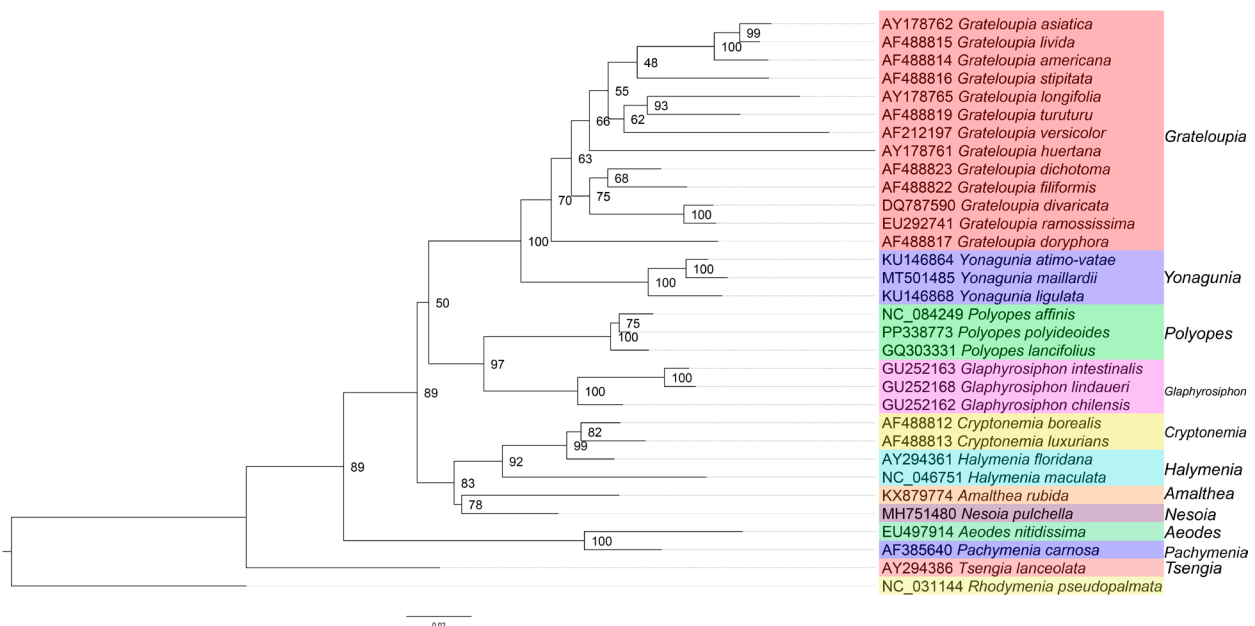


Figure 6: Maximum likelihood *rbcL* phylogeny of Halymeniales. Node values are based on 10,000 bootstrap replicates. Colors on the right are based on current genus classification.

Large scale rearrangements were examined using Mauve alignments of complete plastid genomes from representatives of each genus from Gracilariales and Halymeniales with plastomes available on RefSeq. Halymeniales plastid genomes are strongly conserved in order. Most of each plastome is contained within one locally collinear block

(LCB), with no further rearrangements (Fig. 7). Smaller LCBs are present at the ends of the genomes. This contrasts the rearrangement observed in the Gracilariales alignment, particularly in the genus *Melanthalia* (Fig. 8). White space within the LCBs signifies regions unique to that genome compared to the others in the alignment.

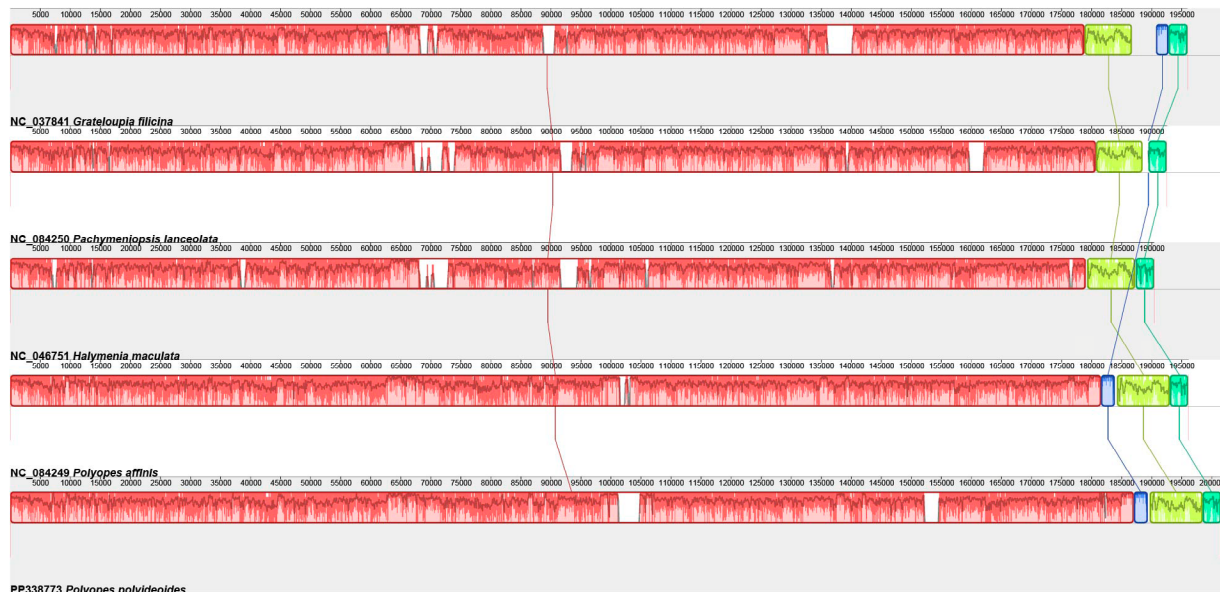


Figure 7: Progressive Mauve alignment of select representatives of Halymeniales. Colored blocks represent homologous, collinear blocks. White regions represent unique sequences.

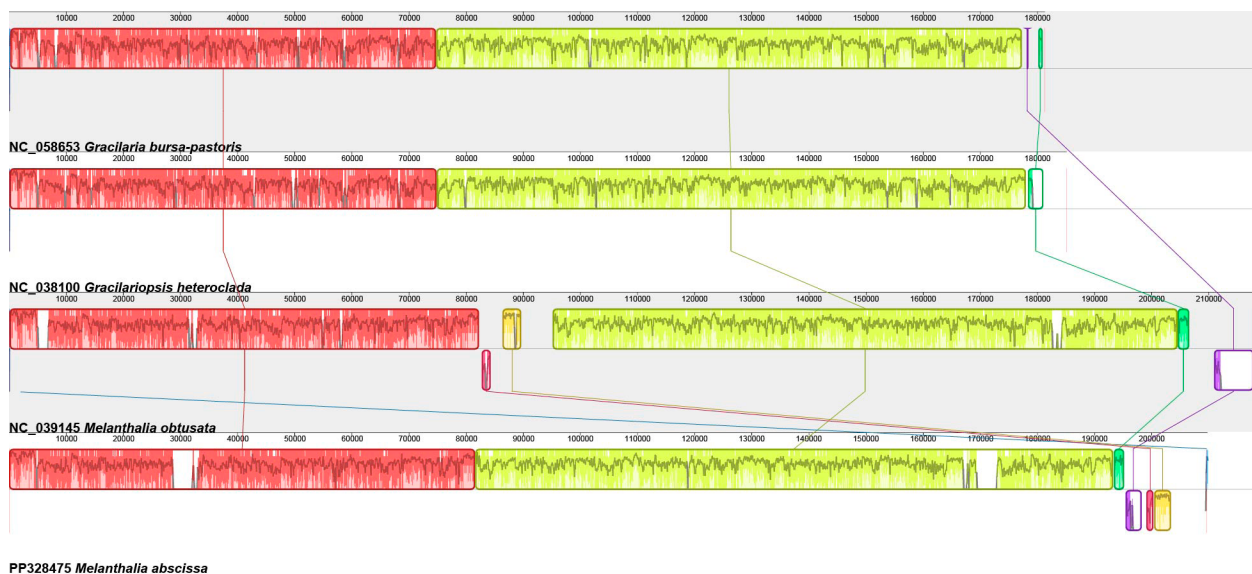


Figure 8: Progressive Mauve alignment of select representatives of Gracilariales. Colored blocks represent homologous, collinear blocks. White regions represent unique sequences.

BLASTn searches show the plasmid GL3.5 from *Gracilaria lemaneiformis* (Goff & Coleman 1990), matching short sequences of the *M. abscissa* plasmid in three separate locations, within these unique regions (positions 30,463 to 31,076, 199,377 to 199,608, and 202,884 to 203,362). Two of these locations contain ORFs (orf88 and orf129). Similarity to the plasmid Gve4548 from *Gracilaria vermicu-*

lophylla was also found in one sequence (positions 205,209 to 205,381).

The ORFs *orf88*, *orf89*, *orf73*, *orf120*, *orf64*, and *orf129* return a similarity to 'plasmid-derived' ORFs in *Melanthalia obtusata* in BLASTp searches of the RefSeq database, but do not match any plasmid genes directly (Table 1). No plasmid matches were found in *P. polyideoides*.

Query Name	Subject Name	Subject Accession	Subject Length	Query Cover	E-Value	Percent Identity
<i>orf88</i>	<i>orf1202</i>	YP_009511 647.1	174 aa	79%	2.00E-29	74.29%
<i>orf89</i>	<i>orf212</i>	YP_009511 649.1	212 aa	97%	6.00E-36	77.01%
<i>orf120</i>	<i>orf328</i>	YP_009511 648.1	328 aa	76%	5.00E-42	80.43%
<i>orf64</i>	<i>orf328</i>	YP_009511 648.1	328 aa	93%	3.00E-27	91.67%
<i>orf129</i>	<i>orf159</i>	YP_009511 650.1	159 aa	82%	3.00E-55	78.30%

Table 1: Top BLASTp matches of potentially plasmid-derived ORFs in *Melanthalia abscissa*. The standard non-redundant protein sequences database was used. All subjects are from the *Melanthalia obtusata* plastid genome.

DISCUSSION

The 209,722 base pair length of the *M. abscissa* plastid genome makes it the second longest within the Florideophyceae sequenced to date, just behind *M. obtusata*. Their plastomes are also the most GC-rich plastomes of the Gracilariales. *M. abscissa* has the highest GC-content of the order at 32.2%. With a length of 201,550, *P. polyideoides* is the third longest within the class, and 5,377 base-pairs longer than the other published member of its genus *P. affinis*. Neither plastome was found to possess inverted repeats. This is consistent with other published members of *Melanthalia* and *Polyopes*. Microsatellites, or simple sequence repeats (SSRs) in the chloroplasts of red algae have been used to distinguish between individuals from different geographical locations (Song *et al.* 2014). SSRs are also useful for diversity, gene flow, and evolutionary studies. (Vieira *et al.* 2016). Both of the SSRs identified in the *M. abscissa* plastid genome are located within the coding regions of genes. The trinucleotide re-

peat found in the *psbA* gene of *M. abscissa* results in a repeat of alanine in the translation. This repeat is also found in the same gene of the *M. obtusata* plastid genome. The monomeric repeat within the *rpl21* gene of *P. polyideoides* can also be found within the same gene in the plastid genome of *P. affinis*. The retention of these repeats across different species may be functionally significant, as mutation rates of tandem repeats is typically much higher than the rest of the genome (Gemayel *et al.* 2012).

Phylogenetic analysis confirms the positions of our samples of *M. abscissa* and *P. polyideoides* within the genera *Melanthalia* and *Polyopes*, respectively. All genera represented in the Gracilariales phylogeny are monophyletic (Fig. 5). However, not all families of Halymeniales represented were recovered as monophyletic (Fig. 6). Halymeniaceae excludes *Yonagunia* S. Kawaguchi & M. Masuda and *Grateloupia* C. Agardh, which belong to Grateloupiaceae though they share a common ancestor with *Polyopes* and *Glaphyrosiphon* Hommersand &

Leister, members of Halymeniaceae. Both *Yonagunia* and *Grateloupia* were previously considered members of Halymeniaceae until the resurrection of the family Grateloupiaceae was supported by an extensive, multigene phylogeny from 47 taxa (Kim *et al.* 2021). The resurrection of Grateloupiaceae is controversial and disputed on a morphological basis (Nguyen *et al.* 2023). Further studies are needed to clarify their systematic position.

Halymenia C. Agardh was the only genus found as non-monophyletic in our phylogeny. *Halymenia floridana* J. Agardh was placed with strong bootstrap support within *Cryptonemia* J. Agardh rather than with the other member of *Halymenia*, *H. maculata* J. Agardh. This is not surprising since extensive *rbcl* phylogenies have shown both *Cryptonemia* and *Halymenia* to be polyphyletic (Rodríguez-Prieto *et al.* 2018). Specimens of *H. floridana* from Brazil do not exhibit the summer seasonality or subtidal habitat of other species of *Halymenia*, but rather the all-season presence and intertidal habitat of *Cryptonemia* (Azvedo *et al.* 2016). Furthermore, other *rbcl* phylogenies have placed it within *Cryptonemia* (Azvedo *et al.* 2018, Rodríguez-Prieto *et al.* 2018). Despite the support for the transfer of *H. floridana* to *Cryptonemia*, it remains a member of *Halymenia* due to a lack of analysis of specimens from Florida, the type locality (Schneider *et al.* 2018). The specimen included in our phylogeny presented here is from Brazil, which may not be the same species as the true *H. floridana*.

Prior to this study, only one complete plastid genome from *Polyopes* was available on GenBank. The represented members of the genus in the phylogeny presented here form a monophyletic genus. The *rbcl* sequence from our sample of *P. polyideoides* was placed as a sister clade to *P. affinis*, with *P. lancifolius* diverging earlier. The intra-ordinal relationships of Halymeniales remain uncertain, with several genera such as *Halymenia* and *Grateloupia* not appearing as monophyletic in *rbcl* or multigene phylogenies (Kim *et al.* 2021).

No LCB rearrangement occurred between the plastomes of the two members of *Polyopes* (Fig. 8). This was not the case in *Melanthalia*; where two LCBs are relocated, one of which is reversed. *M. abscissa* and *M. obtusata* also exhibit more regions unique to their plastome compared to the other members of Gracilariales (Fig. 7). Unique regions appear more commonly in the plastomes of Halymeniales. In Halymeniales, many of these regions lacking similarity appear in the same approximate position in the plastome. These regions may be the result of plasmid insertions (Ng *et al.* 2017). Plasmids that

originate and self-replicate within red algae have been observed in other Florideophycean plastid genomes (Iha *et al.* 2018, Ng *et al.* 2017). An early characterization of plasmids in the genome of *Gracilaria* did not find any exchange between plasmids and the nuclear or organellar genomes (Goff & Coleman 1990). However, more recent studies have found evidence for the movement of DNA from red algal plasmids to mitochondrial and plastid genomes (Lee *et al.* 2016).

Plasmid-derived sequences (PDS) appear to be present in the plastid genome of *M. abscissa*. Short, nucleotide sequences that matched circular plasmids from other members of Gracilariales were found in the regions of the genome that are unique according to the Mauve alignment. Some of these locations contain ORFs, and multiple ORFs were found to have similarities to ORFs designated as 'plasmid-derived' in the plastid genome of *Melanthalia obtusata*. These sites are potentially the result of horizontal gene transfer. However, no direct matches to plasmid ORFs or plasmid protein coding genes were found in the plastome. No sequences were found to match plasmids in the plastome of *P. polyideoides*. This may be due to genuine absence of PDS, or lack of reference data. No plasmids from Halymeniales have been published on GenBank to date, compared to the eight published from Gracilariales.

Gene order and direction are identical in the *Melanthalia abscissa* and *Polyopes polyideoides* mitochondrial genomes. The split directionality of these mitochondrial genomes is commonly seen in other mitogenomes of Florideophyceae (Iha *et al.* 2018). Possible reasons for this occurrence do not appear well documented and warrant further investigation.

CONCLUSIONS

The subfamily Melanthalioidae that contains *Melanthalia* was determined to be the sister group to the rest of Gracilariaceae based on *rbcl* phylogenies and morphological data (Gurgel *et al.* 2018). As found in this study, the genus *Melanthalia* has characteristically large and GC-rich plastid genomes compared to the rest of Gracilariales. Sequence data for the other genus belonging to Melanthalioidae, *Curdiea* is very limited. No complete plastid genomes have been published to date. Mauve alignments also show more rearrangement between *Melanthalia* plastid genomes and the other representatives of the order. The early divergence from the rest of Gracilariales, and their limited geographic range may contribute to these unique characteristics.

Limited plastid sequence data for Halymeniales makes drawing conclusions for *Polyopes* more

problematic. However, rearrangements between members of the order seem to occur less frequently than in Gracilariales. The contribution of more organellar genomes and plasmid sequences is needed for a more comprehensive analysis of this order. The data presented here adds to the limited knowledge base of both *Melanthalia* and *Polyopes*, as well as their respective ordinal status.

DATA AVAILABILITY

Organellar genomes are published on GenBank under the accession numbers, PP328475, PP335805, PP338773, and PP338774. The voucher specimen for *Melanthalia abscissa* is located at the Te Papa Tongarewa Museum of New Zealand Herbarium in Wellington, New Zealand with the voucher number WELT A024150. DNA from this specimen stored at The University of Alabama PhycLab under the number UA 816. DNA for *P. polyideoides* is stored under the number UA 733.

ACKNOWLEDGMENTS

We want to express our gratitude to Drs. Michael R. McKain (UA), James T. Melton (Spelman College), and Daryl W. Lam (UA) for their suggestions on improving this manuscript.

REFERENCES

- Adobe Inc. 2024. Adobe Acrobat Version 23.008.20533.
- Adobe Inc. 2024. Adobe Illustrator Version 28.2.
- Alfaro, A.C., B.R. Copp, D.R. Appleton, S. Kelly, & A.G. Jeffs. 2006. Chemical cues promote settlement in larvae of the green-lipped mussel, *Perna canaliculus*. *Aquaculture International* 14: 405-412.
- Altschul, S.F., W. Gish, W. Miller, E.W. Myers, & D.J. Lipman. 1990. Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology* 215: 403-410.
- Andrews, S. 2010. FastQC: A Quality Control Tool for High Throughput Sequence Data. [Online]. Available online at: <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>.
- Azevedo, C.A.A.D., V. Cassano, & M.C. Oliveira. 2016. Phylogenetic relationships among *Halymenia* (Halymeniaceae, Rhodophyta) species on the Brazilian coast with description of *Halymenia cearensis* sp. nov. *Phytotaxa* 280: 241-258.
- Beier, S., T. Thiel, T. Münch, U. Scholz, & M. Mascher. 2017. MISA-web: a web server for microsatellite prediction, *Bioinformatics* 33: 2583-2585, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx198>.
- Bjork, M., S.M. Mohammed, M. Bjorklund, & A. Semesi. 1995. Coralline algae, important coral-reef builders threatened by pollution. *Ambio* 24: 502-505.
- Bolger, A.M., M. Lohse, & B. Usadel. 2014. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* 30: 2114-2120.
- Bushnell, B. 2014. BBMap: a fast, accurate, splice-aware aligner. 9th Annual Genomics of Energy & Environment Meeting, Walnut Creek, CA, United States.
- Darling, A.C., B. Mau, F.R. Blattner, & N.T. Perna. 2004. Mauve: multiple alignment of conserved genomic sequence with rearrangements. *Genome Research* 14: 1394-1403.
- De Clerck, O., K.A. Bogaert, & F. Leliaert. 2012. Diversity and evolution of algae: primary endosymbiosis. *Advances in Botanical Research* 64: 55-86.
- Díaz-Tapia, P., M.M. Pasella, H. Verbruggen, & C.A. Maggs. 2019. Morphological evolution and classification of the red algal order Ceramiales inferred using plastid phylogenomics. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 137: 76-85.
- Furneaux, R.H., I.J. Miller, & T.T. Stevenson. 1990. Agaroids from New Zealand members of the Gracilariaceae (Gracilariales, Rhodophyta)—a novel dimethylated agar. In *Thirteenth International Seaweed Symposium: Proceedings of the Thirteenth International Seaweed Symposium held in Vancouver, Canada, August 13-18, 1989* (pp. 645-654). Springer Netherlands.
- Gemayel, R., J. Cho, S. Boeynaems, & K.J. Verstrepen. 2012. Beyond junk-variable tandem repeats as facilitators of rapid evolution of regulatory and coding sequences. *Genes* 33: 461-480.
- Geneious Prime 2023.0.1 (<https://www.geneious.com>).
- Goff, L.J. & A.W. Coleman. 1990. Red algal plasmids. *Current Genetics* 18: 557-565.
- Greiner, S., P. Lehwark, & R. Bock. 2019. OrganellarGenomeDRAW (OGDRAW) version 1.3.1: expanded toolkit for the graphical visualization of organellar genomes. *Nucleic Acids Research* 47: W59-W64.
- Gurgel, C.F.D., J.N. Norris, W.E. Schmidt, H.N. Le, & S. Fredericq. 2018. Systematics of the Gracilariales (Rhodophyta) including new subfamilies, tribes, subgenera, and two new genera, *Agarophyton* gen. nov. and *Crassa* gen. nov. *Phytotaxa* 374: 1-23.
- Guiry, M.D. & G.M. Guiry. 2017. AlgaeBase. World-wide electronic publication, National University of Ireland, Galway. <https://www.algaebase.org> (accessed on March 6, 2017).
- Ha, Y., W.H. Lee, J.K. Kim, H.K. Jeon, J. Lee, & Y.J. Kim. 2022. *Polyopes affinis* Suppressed IFN- γ -and TNF- α -Induced Inflammation in Human Keratinocytes via Down-Regulation of the NF- κ B and STAT1 Pathways. *Molecules* 27: 1836.
- Hyun, Y.J., M.J. Piao, K.C. Kim, J. Zheng, C.W. Yao, J.W. Cha, & J.W. Hyun. 2014. Photoprotective effect of a *Polyopes affinis* (Harvey) Kawaguchi and Wang (Halymeniaceae)-derived ethanol extract on human keratinocytes. *Tropical Journal of Pharmaceutical Research* 13: 863-871.

- Iha, C., C.J. Grassa, G.D.M. Lyra, C.C. Davis, H. Verbruggen, & M.C. Oliveira. 2018. Organellar genomics: a useful tool to study evolutionary relationships and molecular evolution in Gracilariaceae (Rhodophyta). *Journal of Phycology* 54: 775-787.
- Katoh, K. & D.M. Standley. 2013. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution* 30:772-80. doi: 10.1093/molbev/mst010. Epub PMID: 23329690; PMCID: PMC3603318.
- Kim, K.Y., T.H. Nguyen, H. Kurihara, & S.M. Kim. 2010. α -Glucosidase inhibitory activity of bromophenol purified from the red alga *Polyopes lancifolia*. *Journal of Food Science* 75: H145-H150.
- Kim, S.Y., H.W. Lee, E.C. Yang, S.M. Boo, J. Lopez-Bautista, S. Fredericq, & M.S. Kim. 2021. Resurrection of the family Grateloupiaceae Emend.(Halymeniales, Rhodophyta) based on a multigene phylogeny and comparative reproductive morphology. *Frontiers in Ecology and Evolution* 9: 775627.
- Kuntal, H., V. Sharma, & H. Daniell. 2012. Microsatellite analysis in organelle genomes of Chlorophyta. *Bioinformatics* 8: 255.
- Lee, D.S., W.S. Park, S.J. Heo, S.H. Cha, D. Kim, Y.J. Jeon, & W.K. Jung. 2011. *Polyopes affinis* alleviates airway inflammation in a murine model of allergic asthma. *Journal of Biosciences* 36: 869-877.
- Lee, J., K.M. Kim, E.C. Yang, K.A. Miller, S.M. Boo, D. Bhattacharya, & H.S. Yoon. 2016. Reconstructing the complex evolutionary history of mobile plasmids in red algal genomes. *Scientific Reports* 6: 23744.
- Lowe, T.M. & P.P. Chan. 2016. tRNAscan-SE On-line: Search and Contextual Analysis of Transfer RNA Genes. *Nucleic Acids Research* 44: W54-57.
- Lyra, G.D.M., C. Iha, C.J. Grassa, L. Cai, H. Zhang, C. Lane, & C.C. Davis. 2021. Phylogenomics, divergence time estimation and trait evolution provide a new look into the Gracilariales (Rhodophyta). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 165: 107294.
- McKain, M. & M. Wilson. 2017. Fast-Plast: Rapid de novo assembly and finishing for whole chloroplast genomes. Available form: <https://github.com/mrmckain/Fast-Plast>. *Phylogenetics and Evolution* 43: 1118-1130.
- Mineur, F., O. De Clerck, A. Le Roux, C.A. Maggs, & M. Verlaque. 2010. *Polyopes lancifolius* (Halymeniales, Rhodophyta), a new component of the Japanese marine flora introduced to Europe. *Phycologia* 49: 86-96.
- Minh, B.Q., H.A. Schmidt, O. Chernomor, D. Schrempf, M.D. Woodhams, A. von Haeseler, & R. Lanfear. 2020. IQ-TREE 2: New models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Molecular Biology Evolution* 37: 1530-1534. <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa01>.
- Nelson, W.A., C.E. Payri, J.E. Sutherland, & J. Dalen. 2013. The genus *Melanthalia* (Gracilariales, Rhodophyta): new insights from New Caledonia and New Zealand. *Phycologia* 52: 426-436.
- Ng, P.K., S.M. Lin, P.E. Lim, L.C. Liu, C.M. Chen, & T.W. Pai. 2017. Complete chloroplast genome of *Gracilaria firma* (Gracilariaceae, Rhodophyta), with discussion on the use of chloroplast phylogenomics in the subclass Rhodymeniophycidae. *BMC genomics* 18: 1-16.
- Nguyen, X.V., L.M. Liao, & S.M. Lin. 2023. Systematic revision of the *Grateloupia* complex (Rhodophyta) from Vietnam using rbcl and LSU sequences, with the description of *Phyllymenia nhatrangensis* sp. nov. *Phycologia* 62: 436-444.
- O'Leary, N.A., M.W. Wright, J.R. Brister, S. Ciufu, D. Haddad, R. McVeigh, B. Rajput, B. Robbertse, B. Smith-White, D. Ako-Adjei, A. Astashyn, A. Badretdin, Y. Bao, O. Blinkova, V. Brover, V. Chetvernin, J. Choi, E. Cox, O. Ermolaeva, C.M. Farrell, T. Goldfarb, T. Gupta, D. Haft, E. Hatcher, W. Hlavina, V.S. Joardar, V.K. Kodali, W. Li, D. Maglott, P. Masterson, K.M. McGarvey, M.R. Murphy, K. O'Neill, S. Pujar, S.H. Rangwala, D. Rausch, L.D. Riddick, C. Schoch, A. Shkeda, S.S. Storz, H. Sun, F. Thibaud-Nissen, I. Tolstoy, R.E. Tully, A.R. Vatsan, C. Wallin, D. Webb, W. Wu, M.J. Landrum, A. Kimchi, T. Tatusova, M. DiCuccio, P. Kitts, T. D. Murphy, & K.D. Pruitt. 2016. Reference sequence (RefSeq) database at NCBI: current status, taxonomic expansion, and functional annotation. *Nucleic Acids Research* 44: D733-45.
- Okonechnikov, K., O. Golosova, M. Fursov, & Ugene Team. 2012. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics* 28: 1166-1167.
- Palmer, J.D., R.K. Jansen, H.J. Michaels, M.W. Chase, & J.R. Manhart. 1988. Chloroplast DNA variation and plant phylogeny. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 75: 1180-1206.
- Prjibelski, A., D. Antipov, D. Meleshko, A. Lapidus, & A. Korobeynikov. 2020. Using SPAdes de novo assembler. *Current Protocols in Bioinformatics* 70: e102.
- Qu, X-J, M.J. Moore, D-Z Li, & T-S Yi. 2019. PGA: a software package for rapid, accurate, and flexible batch annotation of plastomes. *Plant Methods* 15:50.
- Rambaut, A. 2010. FigTree v1.3.1. Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh, Edinburgh. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>.
- Rodríguez-Prieto, C., O. De Clerck, J.M. Huisman, & S.M. Lin. 2018. Systematics of the red algal genus *Halymenia* (Halymeniaceae, Rhodophyta): characterization of the generitype *H. floresii* and description of *Neofolia rosea* gen. et sp. nov. *European Journal of Phycology* 53: 520-536.
- Schneider, C.W., C.E. Lane, & G.W. Saunders. 2018. A revision of the genus *Cryptonemia* (Halymeniaceae, Rhodophyta) in Bermuda, western Atlantic Ocean, including five new species and *C. bermudensis* (Collins

- & M. Howe) comb. nov. *European Journal of Phycology* 53: 350-368.
- Shimodaira, H. & M. Hasegawa. 2001. CONSEL: for assessing the confidence of phylogenetic tree selection. *Bioinformatics* 17: 1246-1247.
- Song, S.L., P.E. Lim, S.M. Phang, W.W. Lee, D.D. Hong, & A. Prathep. 2014. Development of chloroplast simple sequence repeats (cpSSRs) for the intraspecific study of *Gracilaria tenuistipitata* (Gracilariales, Rhodophyta) from different populations. *BMC Research Notes* 7: 1-9.
- Tillich, M., P. Lehwark, T. Pellizzer, E.S. Ulbricht-Jones, A. Fischer, R. Bock, & S. Greiner. 2017. GeSeq – versatile and accurate annotation of organelle genomes. *Nucleic Acids Research* 45: W6-W11.
- Verbruggen, H., C.A. Maggs, G.W. Saunders, L.L. Gall, H.S. Yoon, & O. De Clerck. 2010. Data mining approach identifies research priorities and data requirements for resolving the red algal tree of life. *BMC Evolutionary Biology* 10: 16. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-10-16>.
- Vieira, M.L.C., L. Santini, A.L. Diniz, & C.D.F. Munhoz. 2016. Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful. *Genetics and Molecular Biology* 39: 312-328.
- Wilson, M. Afin: Assembly finishing v.2016.09.17. 2016. <https://github.com/afinit/afin>.

Recibido: 24 de abril de 2024

Revisado: 13 de mayo de 2024

Corregido: 9 de agosto 2024

Aceptado: 10 de agosto 2024

Viviendo en condominio: las macroalgas y la epibiosis en los ambientes marinos

Nataly Quiroz-González^{1*} y Luis Gabriel Aguilar-Estrada²

¹Laboratorio de Ficología (Biodiversidad Marina), Facultad de Ciencias, UNAM Av. Universidad 3000, Circuito Exterior S/N Delegación Coyoacán, C.P. 04510 Ciudad Universitaria, D.F., México.

*Email: natalyquiroz@ciencias.unam.mx

² Investigador Posdoctoral CONAHCyT Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S. C. (CIBNOR), Programa de Ecología Pesquera, La Paz, México.

Quiroz-González, N. & L.G. Aguilar-Estrada. 2024. Viviendo en condominio: las macroalgas y la epibiosis en los ambientes marinos. *Cymbella* 10 (1-3): 19-27.

DOI: <https://doi.org/10.22201/fc.24488100e.2024.10.1-3.2>

RESUMEN

La epibiosis es una interacción ecológica importante en los ambientes marinos, se presenta entre distintos grupos de organismos donde destacan las macroalgas, las cuales se han encontrado siendo sustratos, o colonizando a otros seres vivos ya sea heterótrofos o autótrofos. En el presente trabajo se abordan las características principales de la epibiosis, así como sus beneficios y perjuicios, todo esto desde el enfoque de los ambientes marinos y de las macroalgas, además se presentan ejemplos de estos organismos como epífitos, epizoicos y basibiontes. Finalmente, se enfatiza el valor de las comunidades macroalgales epibiontes para el conocimiento de la biodiversidad, el incremento de inventarios florísticos, así como la propuesta de nuevas especies particularmente en México.

Palabras clave: Biodiversidad marina, epífita, epizoica, interacción ecológica, sustrato

ABSTRACT

Epibiosis is an important ecological interaction in marine environments. It occurs between different groups of organisms, among which macroalgae stand out. They have been found as substrates or colonizers of other living beings, whether hetero-

trophic or autotrophic. This article discusses the main characteristics of epibiosis, as well as its advantages and disadvantages, from the perspective of marine environments and macroalgae. Examples of these organisms such as epiphytes, epizootics and basibions are also presented. Finally, the value of epibionts macroalgal communities for biodiversity knowledge, increased floristic inventories and proposed new species, particularly in Mexico, is emphasized.

Keywords: Marine biodiversity, epiphyte, epizoic, ecological interaction, substrate

La epibiosis es una de las relaciones ecológicas más recurrentes entre los organismos marinos, donde existe una asociación entre dos seres vivos, uno que participa como sustrato y otro que vive encima de este sin obtener nutrientes de él, es decir sin presentar una relación trófica (Wahl 2009). Es una interacción que en muchas ocasiones lleva al límite a sus participantes con increíbles ventajas y dramáticas consecuencias. Así en el mar encontramos organismos que viven en una clase de condominio o unidad habitacional si los comparamos con nuestras propias vidas y donde las rentas pueden tener un alto o bajo costo.

A los que viven encima de otros seres vivos se les denomina epibiontes, si habitan sobre un organismo autótrofo como algas, pastos marinos o mangles, se les denomina epífitos, si, por el contrario, habitan sobre un animal, se les denomina epizoicos (Wahl 1989). Los hospederos reciben el nombre de basibiontes o forofitos y son capaces de albergar en muchas ocasiones a gran número de epibiontes de distintos grupos taxonómicos (Connelly & Turner 2009, Wahl 2010).

Este tipo de interacción ecológica se ha encontrado principalmente en zonas tropicales y templadas y con menos ejemplos en zonas polares, en distintos ambientes marinos costeros como los arrecifes de coral, las lagunas, los estuarios, los bosques de macroalgas, las zonas rocosas, arenosas, así como en medio del océano. La epibiosis se puede desarrollar en cualquier momento y lugar, de forma leve, moderada o muy intensa y los inquilinos pueden ocupar de manera total o parcial a su hospedero ocasionando importantes consecuencias. Es un fenómeno que puede ser favorable, neutro o perjudicial para el epibionte y/o el basibionte (Arias *et al.* 2006).

Los basibiontes juegan el rol de hábitats biogénicos, pueden ser muy diversos, se incluyen miembros de distintos grupos dentro de esta categoría, algunos de ellos son: ballenas, tortugas marinas, peces, corales, ascidias, esponjas, briozoos, moluscos,

camas de pastos marinos y macroalgas (Madkour *et al.* 2012). Así mismo, los epibiontes pueden contemplar desde bacterias, protistas, macroalgas y animales, en general, invertebrados como percebes, briozoos, hidroides, poliquetos, esponjas y moluscos (Connelly & Turner 2009, Wahl 2009).

Los primeros organismos en colonizar al basibionte siempre serán bacterias, posteriormente, aparecerán los eucariontes microscópicos como las microalgas, ciliados y levaduras, para dar paso, finalmente, a los organismos multicelulares como las macroalgas o multitud de animales como los balanos o los moluscos, los cuales cuentan con estructuras especializadas o sustancias cementantes que les permiten adherirse a su basibionte (Fig. 1). La variabilidad, cantidad y calidad de la epibiosis sobre un basibionte específico están determinadas por su disponibilidad estacional, su ubicación diferencial en el cuerpo del organismo sustrato, así como la calidad del basibionte en cuanto a textura, consistencia, forma, inclinación, excreción de sustancias, entre otros. Así los epibiontes, tienen características morfológicas que promueven la colonización no pueden ser más grandes que sus hospederos, deben crecer y reproducirse antes de que su sustrato muera o mude según sea el caso, con esto hacen frente al estilo de vida de su basibionte y resistir los ambientes en los que realice sus actividades (Wahl 1989, 2008).

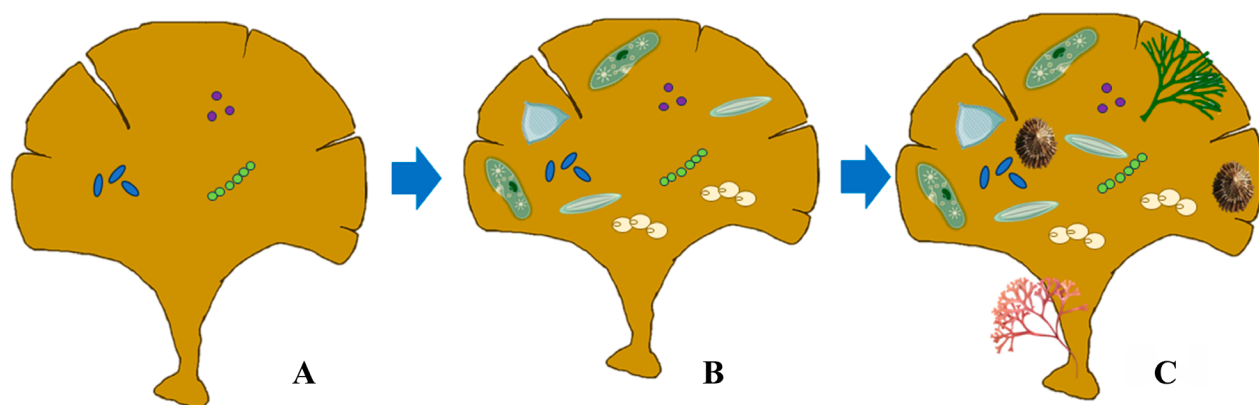


Figura 1. Colonización progresiva del alga parda *Padina*. **1)** Microorganismos procariontes (bacterias); **2)** Microorganismos eucariontes (microalgas, ciliados, hongos); **3)** Organismos eucariontes multicelulares (macroalgas, moluscos, crustáceos, poliquetos, etc.)

La conjunción tan estrecha entre el basibionte y sus epibiontes es susceptible de generar una serie de beneficios y perjuicios a ambos organismos que dependen de las características microambientales del basibionte y la densidad de los epibiontes (Aguilar-Estrada *et al.* 2022).

Beneficios de la epibiosis

Algunos de los beneficios que se han registrado son el decremento de la desecación de los organismos basibiontes a pesar de estar sometidos a los cambios drásticos que se presentan en el litoral (Penhale & Smith 1977), otro es la disminución de la depredación y, por ende, de la mortalidad del basibionte por efecto del camuflaje (Harder 2009). También se ha observado que los basibiontes generan nutrientes que en ocasiones pueden ser aprovechados por los epibiontes. El aumento en el peso de estos últimos debido a los organismos que los colonizan disminuye la posibilidad de ser arrastrados por el oleaje (Wahl 2009).

Para los epibiontes la colonización de un sustrato vivo ofrece un gran número de ventajas, principalmente, el aumento en el número de sustratos colonizables, lo que puede producir el aumento de la superficie ocupada por la especie. El aprovechamiento de los nutrientes generados por el basibionte puede hacer posible el incremento de la tasa de crecimiento del epibionte al tener una mayor cantidad de sustancias inorgánicas aprovechables. Otro aspecto importante es que el basibionte puede ofrecer un medio de transporte para los epibiontes que lo colonizan, lo que favorecerá la dispersión de estos a nuevos sitios (Wahl 1989, Quiroz-González *et al.* 2020).

Perjuicios de la epibiosis

Algunos de los perjuicios que produce la epibiosis sobre los basibiontes incluyen el gasto de energía a través del arrastre de los epibiontes sobre el basibionte (Donovan *et al.* 2003) y la disminución de la flotabilidad en libre nadadores debido al aumento de peso por la densidad de epibiontes (McAllen & Scott 2000). Estos pueden provocar daño mecánico por el tipo y cantidad de estructuras de soporte sobre la superficie del basibionte, así como daño químico debido a la liberación de sustancias que pudieran ser tóxicas, así como la disminución en la absorción de nutrientes o en el intercambio gaseoso (Harder 2009). Esta relación basibionte-epibionte puede afectar negativamente a los basibiontes a través de una mayor depredación, debido al hecho de vivir juntos por un lapso prolongado que los condiciona y presiona a tener a lo largo del tiempo

un destino compartido (Manning & Lindquist 2003). El movimiento y el modo de vida de muchos basibiontes pueden reducir la cantidad de epibiontes por quedar sujetos a cambios drásticos de condiciones ambientales o efectos de abrasión y desecación (Bell 2005). Sin embargo, el mayor peligro del epibionte es ser víctima de los depredadores del basibionte (Wahl 1989).

Todos estos efectos son costosos y pueden reducir la supervivencia del basibionte y del epibionte, así como poner en detrimento su capacidad de defensa ante depredadores o su posible competencia entre individuos de su propia especie. Para mediar el efecto de la epibiosis que en muchas ocasiones puede comprometer al basibionte, estos han desarrollado una serie de adaptaciones.

Adaptaciones a la epibiosis

Existen tres mecanismos para impedir, disminuir o simplemente tolerar la epibiosis, estos se denominan: evitación, defensa y tolerancia. La tolerancia es ejercida por organismos sedentarios como bivalvos, poliquetos, percebes y tunicados, a los que la colonización casi ilimitada no les afecta. Son indiferentes a los epibiontes siempre y cuando los orificios del cuerpo (bordes de conchas, tubos y sifones) no estén cubiertos. Por otro lado, los basibiontes que evitan la epibiosis recurren a distintas estrategias como tener un crecimiento acelerado, donde la renovación de tejidos supera la tasa de epibiosis, la disminución de sustancias antiincrustantes en las zonas viejas del talo para evitar la epibiosis en los tejidos jóvenes, o la mayor inversión de energía en la reproducción que garantice mayor número de individuos disponibles para ser colonizados. Finalmente, algunos organismos desarrollan mecanismos de defensa físicos y químicos. Respecto a los físicos, el desprendimiento de cutículas y tejidos epidérmicos es un mecanismo común para eliminar organismos epibióticos, o la producción de mucus o limo para evitar el asentamiento de estos, mientras que la defensa química se basa en crear un ambiente desfavorable con valores de pH extremos, o la generación de sustancias antiincrustantes, que limitan el crecimiento en la cercanía o pueden ser limitante en el desarrollo de adultos o de plántulas, lo que se denomina alelopatía (Budzalek *et al.* 2021, Wahl 1989).

Los estudios de epibiosis marina se han centrado en animales carismáticos como las ballenas o las tortugas marinas que funcionan como basibiontes, y, en menor medida, se ha considerado a los invertebrados y a los organismos fotosintéticos como las macroalgas, pastos marinos y mangles. A continua-

ción, se señalan algunos ejemplos del desarrollo de la epibiosis entre macroalgas con otros grupos de seres vivos como vertebrados, invertebrados y organismos fotosintéticos.

Macroalgas y vertebrados

Es común encontrar en las distintas fuentes de información una mayor cantidad de trabajos con vertebrados libre nadadores con epibiontes como ballenas, peces y tortugas marinas.

En las ballenas y delfines son las diatomeas, cianobacterias y algas verdes epizoicos los más comunes, mientras que los grupos de macroalgas no se han registrado de manera frecuente (Birkum & Goldin 1997). En la ballena jorobada se pueden encontrar epibiontes en el borde de las aletas, así como en la cabeza, sobre la piel de este mamífero pueden crecer aglomeraciones de diatomeas que forman manchas de tonos amarillentos, anaranjados y cafés que se observan con tonalidades claras (Haro 2009).

Las tortugas marinas y en particular su caparazón es uno de los sustratos vivos preferidos por diversas comunidades de epibiontes (Pfaller *et al.* 2008) al ser un sustrato móvil (Fuller *et al.* 2010). Así, las tortugas son uno de los organismos, en los que más estudios se han llevado a cabo para conocer la composición de especies epibiontes (Domènech, *et al.* 2015). Los géneros de algas comúnmente encontrados en sus caparazones son: *Cladophora* Kützing, *Polysiphonia* Greville y *Ulva* Linnaeus (Lara-Uc & Mota-Rodríguez 2014). La tortuga caguama (*Caretta caretta* Linnaeus) es la especie más susceptible a ser colonizada por organismos epibiontes tanto vegetales como animales; la gran mayoría de las macroalgas identificadas en estos reptiles son algas rojas filamentosas pequeñas de amplia distribución geográfica (Báez *et al.* 2005). Las tortugas carey (*Eretmochelys imbricata* Linnaeus) han llegado a ser colonizadas hasta por 38 especies de algas distintas, siendo este el mayor registro hasta el momento para dicha tortuga mexicana. Senties *et al.* (1999) reportaron a *Chaetomorpha linum* (O.F. Müller) Kützing, *Sphacelaria tribuloides* Meneghini, *Centroceras clavulatum* (C. Agardh) Montagne, *Erythrotrichia carnea* (Dillwyn) J. Agardh y *Champia parvula* (C. Agardh) Harvey sobre tortugas marinas en el Caribe.

En peces, Báez *et al.* (2003) registraron dos especies de algas (*Ectocarpus siliculosus* (Dillwyn) Lyngbye y *Blidingia marginata* (J. Agardh) P.J.L. Dangeard ex Bliding) como epizoicas del pez espada (*Xiphias gladius* Linnaeus). En los peces escorpión en Puerto Rico, Ballantine *et al.* (2001) encontró

33 especies de algas epizoicas, principalmente, de algas rojas como *Antithamnonella breviramosa* (E.Y. Dawson) Wollaston, *Asparagopsis taxiformis* (Delile) Trevisan, *Centroceras clavulatum* y varias especies de *Ceramium* Roth.

Macroalgas e invertebrados

Se han realizado estudios enfocados al conocimiento de las algas epizoicas de las comunidades marinas, sobre todo, en organismos como los crustáceos, esponjas, corales y moluscos. Los crustáceos poco móviles como los cangrejos araña (*Schizophrys dahlak* Griffin & Tranter) pueden ser colonizados por una gran cantidad de epibiontes; entre ellos se pueden encontrar algas como diatomeas y clorofitas, mismas que le proveen camuflaje, lo que les protege de posibles amenazas de depredadores (Madkour *et al.* 2012).

En otros crustáceos, como los percebes del género *Balanus* Costa, existe una relación particular con los géneros de algas verdes *Ulva* y *Enteromorpha* Link, ya que estas requieren espacios libres sobre las rocas para poder colonizarlos; sin embargo, en muchas ocasiones estos sitios ya están ocupados por los percebes, lo que propicia que las algas crezcan sobre la superficie de carbonato de calcio que constituye el exoesqueleto de estos crustáceos (Granthag *et al.* 2004).

Las esponjas ejercen diversos roles ecológicos que son importantes para los organismos que las colonizan. Uno de los principales es la provisión de refugio, ya que en sus periodos de crecimiento y decrecimiento corporal, crean espacios libres para otros organismos competitivamente inferiores, son sitios de refugio para posibles depredadores (Arias *et al.* 2006, Gastaldi *et al.* 2015). En la mayoría de las ocasiones la relación entre algas y esponjas no genera daños para esta, sin embargo, también se pueden mencionar algunas asociaciones negativas, como el sombreado que las macroalgas pueden producir sobre el cuerpo de la esponja o la reducción del crecimiento lateral de las esponjas debido al contacto con la macroalga (Gastaldi *et al.* 2015). En el estudio de Quiroz-González *et al.* (2020) para el Pacífico tropical mexicano, se registraron 12 especies de algas colonizando a esponjas marinas: *Amphiroa misakiensis* Yendo, *Bryopsis hypnoides* J.V. Lamouroux, *Caulerpa sertularioides* (S.G. Gmelin) M. Howe, *Codium setchellii* N.L. Gardner, *Cladophora microcladioides* N.L. Gardner, *Ceramium caudatum* Setchell & N.L. Gardner, *Gayliella dawsonii* (A.B. Joly) Barros-Barreto & F.P. Gomes, *Derbesia marina* (Lyngbye) Solier, *Gelidium pusillum* (Stackhouse) Le Jolis, *Polysiphonia sertularioides* (Grateloup) J. Agardh,

Hypnea johnstonii Setchell & N.L. Gardner, *Gracilaria veleroae* E.Y. Dawson.

En cuanto a la relación entre algas epibiontes y corales, esta se ha documentado recurrentemente y se ha determinado que las macroalgas son un componente importante en las comunidades de arrecifes coralinos, ya que intervienen directamente en su estructuración y mantenimiento (McCook 1996, Gómez-Cubillos *et al.* 2019). En el Pacífico tropical mexicano, Quiroz-González *et al.* (2020) registraron 23 especies de algas creciendo sobre corales. Si bien es cierto que los corales pueden ser un sustrato adecuado para distintos epibiontes en el caso particular de la relación alga-coral, esta puede derivar en una competencia directa ya sea por espacio, luz o nutrientes (Barrios *et al.* 2003), y en algunos casos se ha documentado que si el crecimiento de las macroalgas filamentosas que cubren a los corales es desmesurado, se puede generar el desplazamiento del coral e incluso provocar su muerte (Vázquez-Texcotitla 2013, Corado-Nava *et al.* 2014).

En los moluscos se ha observado que sus conchas pueden ser hábitats importantes de organismos epibiontes en ambientes donde los sustratos rocosos son muy escasos o están densamente colonizados, y donde la competencia por espacio es elevada (Vasconcelos *et al.* 2007). Se ha observado que las conchas como basibiontes aumentan la abundancia de las especies de epibiontes, ya que estas superficies proveen un mecanismo de colonización alternativo y, por esta razón los epibiontes pueden aumentar su supervivencia (Wahl 1989, Creed 2000). La superficie provista por la concha determinará la tasa de colonización y la cantidad de epibiontes (Vasconcelos *et al.* 2007, Wernberg *et al.* 2010). Las conchas pueden ofrecer a los epibiontes protección contra la depredación y la perturbación (Beekey *et al.* 2004, Passarelli *et al.* 2014), así como proporcionar una mayor irradiación a organismos fotosintéticos, condiciones nutricionales más favorables y transporte (Wahl 1989).

El establecimiento de epibiontes se ha observado en, caracoles y lapas, bivalvos, poliplacóforos y conchas con cangrejos ermitaños (Creed 2000, Connelly & Turner 2009, Levenets *et al.* 2010). En el mundo se ha documentado la interacción entre moluscos y algas en Argentina, Chile, Japón y Estados Unidos, donde géneros como *Acrochaetium* Nägeli, *Chaetomorpha* Kützinger, *Cladophora*, *Derbesia* Solier, *Gelidium* J.V. Lamouroux, *Lithothamnion* Heydrich y *Lithophyllum* Philippi fueron frecuentemente registrados como epibiontes de bivalvos, gasterópodos y quitones (Bretos & Chihuailaf 1990, Connelly & Turner 2009, Levenets *et al.* 2010). En México se es-

tán haciendo esfuerzos por conocer a las especies de macroalgas sobre moluscos, como los quitones y gasterópodos, y el efecto de su epibiosis; se han registrado un gran número de especies de algas epizoicas, donde incluso se han señalado nuevos registros para México. Para el Pacífico tropical mexicano se han registrado hasta el momento 124 especies de algas marinas epizoicas en moluscos, esponjas, corales vivos y balanos (Quiroz-González *et al.* 2020, Aguilar-Estrada *et al.* 2022) (Fig. 2).

Macroalgas y organismos fotosintéticos (algas, pastos marinos y mangles)

El epífitismo es una forma de vida que consiste en la interacción entre dos o más organismos que se fijan a un sustrato vegetal para vivir; en los ambientes marinos los basibiontes pueden estar representados por macroalgas, pastos marinos o mangles (Borowitzka & Lethbridge 1989, Quiroz-González *et al.* 2023). El epífitismo es una relación común adoptada con la que se evita la competencia por espacio o por la luz del sol. Esta relación es permanente o puede presentarse sólo por una etapa en el desarrollo del organismo epífita. Las algas epífitas, a pesar de su tamaño reducido, contribuyen a la producción primaria de los ecosistemas marinos, ya que suponen un aumento de biomasa para los organismos herbívoros como los peces, crustáceos, equinodermos y moluscos; además, participan en el flujo de nutrientes, la acumulación de sedimentos y la riqueza de especies de los ecosistemas marinos (Borowitzka *et al.* 2006). Pueden proporcionar datos a largo plazo sobre la calidad del agua y del medio ambiente, por lo que poseen un potencial importante en el desarrollo de programas de monitoreo (Quiroz-González *et al.* 2023).

Muchas algas que son epífitas presentan estrategias oportunistas, es decir, ocupan el sustrato en determinadas circunstancias sin estar restringidas a un sólo hospedero. Contrario a esto, existen especies con un alto grado de especificidad entre ambos organismos; por esta razón se les denomina algas epífitas obligadas. Ejemplo de lo anterior son las algas rojas de los géneros *Erythrotrichia* Areschoug y *Sahlingia* Kornmann, las cuales pasan toda su vida encima de otra alga o pasto marino (Álvarez-Álvarez *et al.* 2020).

Con respecto a los individuos que son hospederos o basibiontes, las macroalgas junto con los pastos marinos son sustratos por excelencia, particularmente, aquellas especies que se encuentran de manera permanente, ya que su longevidad le permite al epífita completar su ciclo de vida. Además, les proporcionan el espacio necesario para vivir, así

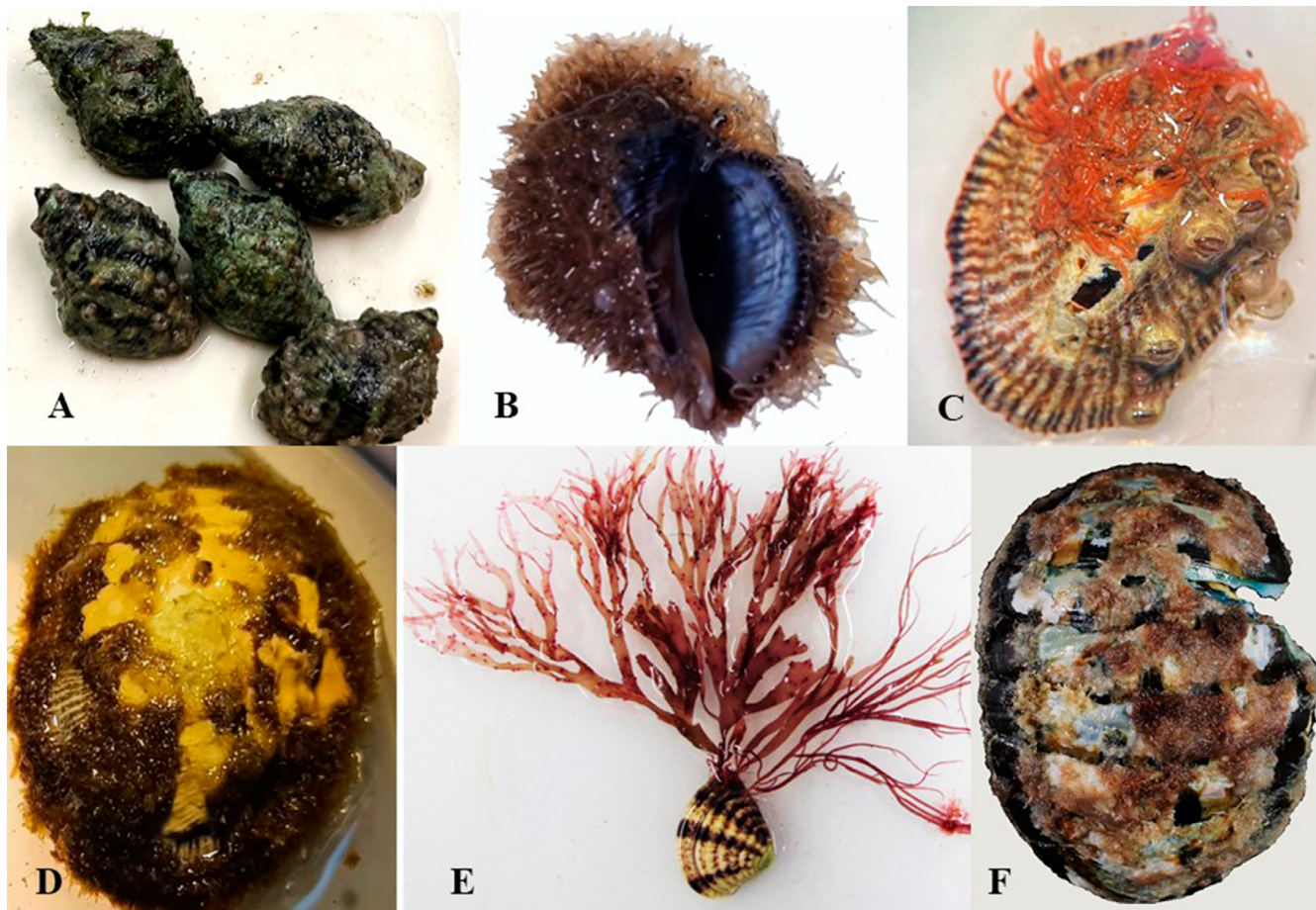


Figura 2. Ejemplo de epibiosis macroalgal en moluscos. **A-D)** Macroalgas epibiontes de gasterópodos; **E)** Macroalgas epibiontes de un poliplacóforo (quitón); **F)** Macroalga epibionte (*Gracilaria* sp.) de un bivalvo.

como un refugio contra depredadores, son zonas de alimentación para las especies herbívoras o participan como trampas de sedimentos en ambientes litorales (Quiroz-González *et al.* 2023). Los pastos marinos del género *Thalassia* K.D. Koenig han sido los hospederos más estudiados a lo largo de las últimas décadas. Existen registros en la literatura, que permiten conocer el desarrollo de algas en áreas donde el sustrato blando constituye una limitante para su establecimiento. Se han registrado numerosas especies de algas desarrollándose sobre sus frondas, de los cuales destacan algas verdes como *Chaetomorpha* y *Cladophora*, así como algas rojas de los géneros *Erythrotrichia*, *Centroceras*, *Ceramium* y *Polysiphonia* (Saunders *et al.* 2003, Nava-Olvera *et al.* 2017).

Las algas pardas representan el sustrato vegetal más común donde se fijan los organismos epífitos, gracias a su talla y amplias frondas particularmente en ambientes templados. Las especies de los géneros

Macrocystis C. Agardh y *Laminaria* J.V. Lamouroux, importantes formadoras de bosques de macroalgas destacan por ser hospederos de distintos grupos de algas, mientras que en las zonas tropicales entre las algas pardas se ha registrado mayor número de epibiontes en las que pertenecen a los géneros *Padina* Adanson y *Sargassum* C. Agardh (Álvarez-Álvarez *et al.* 2020; Montañés *et al.* 2003, Ortuño-Aguirre & Riosmena-Rodríguez 2007).

La relación entre el epífito y el basibionte se fundamenta en bases químicas, físicas y ecológicas. De manera general, el organismo epífito requiere un conjunto de condiciones que el basibionte le proporciona para su desarrollo. Esta interacción puede presentar efectos negativos en el basibionte como la reducción en la captación de la energía lumínica para la fotosíntesis u otros que son considerados positivos como la limpieza y protección contra los depredadores del tejido por parte de los epífitos hacia el basibionte. El epífitismo es

una de las relaciones ecológicas menos conocida en los ambientes acuáticos. Son aún escasos los estudios donde se llevan a cabo análisis de las adaptaciones, tolerancia climática, tipos y características de los sustratos.

En México se han registrado 615 especies de macroalgas epifitas, que representan el 37% de la riqueza de macroalgas en todo el país (Quiroz-González *et al.* 2023). Su estudio ha cobrado interés al considerar su valor crucial en los ambientes marinos, su importancia para el conocimiento de nuevos registros incluso nuevas especies.

La epibiosis es una interacción ecológica importante para las macroalgas, ya que les permite colonizar otro tipo de sustratos, sobre todo, en ambientes donde las rocas no son abundantes o existe mucha competencia por el espacio. Su estudio requiere de una mayor profundización a nivel taxonómico y ecológico.

AGRADECIMIENTOS

A los estudiantes de la asignatura "Interacciones ecológicas de invertebrados y vegetación marina" de la Facultad de Ciencias, UNAM por las fotografías.

REFERENCIAS

- Aguilar-Estrada, L.G., N. Quiroz-González, I. Ruiz-Boj-seauneau, L. Álvarez-Castillo, & D. Rodríguez. 2022. Algal epibiont species on *Chiton articulatus* (Mollusca: Polyplacophora) from a rocky intertidal coast from the Mexican Tropical Pacific. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 93: 1-14. <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2022.93.4163>.
- Álvarez-Álvarez, J.E., N. Quiroz-González, D.L. Rodríguez-Muñoz & L.G. Aguilar-Estrada. 2020. Algas epifitas en *Padina durvillei* y *P. crispata* (Dyctiotaceae, Phaeophyceae) en el Pacífico tropical mexicano. *Acta Botanica Mexicana* 127: e1594. <https://doi.org/10.21829/abm127.2020.1594>.
- Arias, J., S. Zea, F. Newmark & M. Santos-Acevedo. 2006. Determinación de la capacidad antiepibiótica de los extractos orgánicos crudos de las esponjas marinas *Cribrochalina infundibulum* y *Biemna cribaria*. *Boletín de Investigaciones Marinas y Costeras-INVEMAR* 35: 91-101. DOI: 10.25268/bimc.invemar.2006.35.0.218.
- Báez, J.C., J.M. De la Serna, D. Macías & A. Flores-Moya. 2003. Notas sobre las macroalgas epizoicas que crecen sobre la espada de pez espada, *Xiphias gladius* (Linnaeus, 1758) (Teleostei, Xiphidae), capturado en el Mediterráneo occidental. *Boletín de la Real Sociedad Española de Historia Natural (Sección Biológicas)* 98: 5-7.
- Báez, J.C., J.A. Camiñas & A. Flores-Moya. 2005. La tortuga boba: todo un ecosistema marino. *Spin Cero* 9: 39-41.
- Ballantine, D., N. Navarro, & D. Hensley. 2001. Algal colonization of Caribbean scorpion fishes. *Bulletin of Marine Science* 3: 1089-1094.
- Barrios, J., S. Sant, E. Méndez & L. Ruiz. 2003. Macroalgas asociadas a arrecifes coralinos en el Parque Nacional Mochima, Venezuela. *Saber* 15: 28-32.
- Beekey, M.A., D.J. McCabe, & J.E. Marsden. 2004. Zebra mussels affect benthic predator foraging success and habitat choice on soft sediments. *Oecologia* 141:164-170. <https://doi.org/10.1007/s00442-004-1632-1>.
- Bell, J.J. 2005. Influence of occupant microhabitat on the composition of encrusting communities on gastropod shells. *Marine Biology* 147: 653-661. <https://doi.org/10.1007/s00227-005-1587-8>.
- Birkun, J.A. & E.B. Goldin. 1997. Microphytic algae in the pathology of the cetaceans. *Mikrobiologicheskii Zhurnal* 59: 96-105.
- Borowitzka, M.A. & R.C. Lethbridge. 1989. Seagrass epiphytes. In: A.W.D., Larkum, A.J. McComb, & S.A. Shepherd. Eds. *Sea-grasses: with special reference to the Australasian region*. Elsevier, North Holland, Amsterdam, pp. 458-499.
- Borowitzka, M.A., P.S. Lavery, & M. van Keulen. 2006. Epiphytes of seagrasses. In: A. Larkum, R.J. Orth, & C. Duarte. Eds. *Seagrasses: biology, ecology and conservation*. Springer, Netherlands, pp. 441-461.
- Bretos, M. & R.H. Chihuailaf. 1990. Biometría y otros aspectos biológicos de *Fissurella pulchra* (Mollusca: Prosobranchia). *Biología Marina* 25: 1-14.
- Budzałek, G., S. Śliwińska-Wilczewska, K. Wiśniewska, A. Wochna, I. Bubak, A. Latała, & J.M. Wiktor. 2021. Macroalgal defense against competitors and herbivores. *International Journal of Molecular Sciences* 22: 7865. <https://doi.org/10.3390/ijms22157865>.
- Connelly, P.W. & R.L. Turner. 2009. Epibionts of the Eastern surf chiton, *Ceratozona squalida* (Polyplacophora: Mopaliidae), from the Atlantic coast of Florida. *Bulletin of Marine Science* 85: 187-202.
- Corado-Nava, N.A., D. Rodríguez & G. Rivas. 2014. Efecto de la colonización de los céspedes algales en el crecimiento de *Pocillopora capitata* (Anthozoa: Scleractinia) en el Pacífico tropical mexicano. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 85: 1086-1092. <https://doi.org/10.7550/rmb.43323>.
- Creed, J.C. 2000. Epibiosis on cerith shells in a seagrass bed: correlation of shell occupant with epizoite distribution and abundance. *Marine Biology* 137: 775-782.
- Domènech, F., F.J. Badillo, J. Tomás, J.A. Raga, & F.J. Aznar. 2015. Epibiont communities of loggerhead marine turtles (*Caretta caretta*) in the western Mediterranean: influence of geographic and ecological factors. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom* 95: 851-861. <https://doi.org/10.1017/S0025315414001520>.
- Donovan, D.A., B.L. Bingham, M. From, A.F. Fleisch, &

- E.S. Loomis. 2003. Effects of barnacle encrustation on the swimming behaviour, energetics, morphometry, and drag coefficient of the scallop *Chlamys hastata*. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom* 83: 813-819. <https://doi.org/10.1017/S0025315403007847h>.
- Fuller, W.J., A.C. Broderick, R. Enever, P. Thorne, & B.J. Godley. 2010. Motile homes: a comparison of the spatial distribution of epibiont communities on Mediterranean sea turtles. *Journal of Natural History*, 44: 1743-1753. <https://doi.org/10.1080/00222931003624820>.
- Gastaldi, M., F.N. Firstater, P. Daleo, & M.A. Narvarte. 2015. Abundance of the sponge *Hymeniacidon* cf. *perlevis* in a stressful environment of Patagonia: relationships with *Ulva lactuca* and physical variables. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom* 96: 465-472. <https://doi.org/10.1017/S002531541500119>.
- Gómez-Cubillos, C., C. Gómez-Cubillos, A. Sanjuan-Muñoz & S. Zea. 2019. Interacciones de corales masivos con céspedes algales y otros organismos en arrecifes del Parque Nacional Natural Tayrona. *Boletín de Investigaciones Marinas y Costeras-INVEMAR*, 48:143-171. <https://doi.org/10.25268/bimc.invemar.2019.48.2.770>.
- Granhag, L.M., J.A. Finlay, P.R. Jonsson, J.A. Callow, & M.E. Callow. 2004. Roughness-dependent removal of settled spores of the green alga *Ulva* (syn. *Enteromorpha*) exposed to hydrodynamic forces from a water jet. *Biofouling* 20: 117-122. <https://doi.org/10.1080/08927010410001715482>.
- Harder, T. 2009. Marine epibiosis: Concepts, ecological consequences, and host defense. In: J. W. Costerton. Eds. *Marine and industrial biofouling*. Berlin: Springer-Verlag, pp. 219-231. https://doi.org/10.1007/978-3-540-69796-1_12.
- Haro, D.P. 2009. Identificación individual de ballenas jorobadas *Megaptera novaeangliae* (Borowski, 1781) en el golfo Corcovado, Patagonia norte, Chile: 2003-2009. Tesis de Maestría. Universidad Austral de Chile. 92 pp.
- Lara-Uc, M.M. & C. Mota-Rodríguez. 2014. Las tortugas marinas cargando un mundo: flora y fauna epibionte. *Bioagrobiología* 7: 21-28.
- Levenets, I.R., I.I. Ovsyannikova, & E.B. Lebedev. 2010. Epibiotic macroalgae on the scallop *Mizuhopecten yessoensis* in Peter the Great Bay, Sea of Japan. *Russian Journal of Marine Biology* 36: 340-349. <https://doi.org/10.1134/S1063074010050032>.
- McCook, L.J. 1996. Effects of herbivores and water quality on *Sargassum* distribution on the Central Great Barrier Reef: cross shelf transplants. *Marine Ecology Progress Series* 139: 179-92. <https://doi.org/10.3354/meps139179>.
- Madkour, F.F., W.S. Sallam, & M.K. Wicksten. 2012. Epibiont of the spider crab *Schizophrys dahlak* (Brachyura: Majidae) from the Suez Canal with special reference to epizoic diatoms. *Marine Biodiversity Records* 5: e64. <https://doi.org/10.1017/S1755267212000437>.
- Manning, L.M. & N. Lindquist. 2003. Helpful habitant or pernicious passenger: interactions between an infaunal bivalve, an epifaunal hydroid and three potential predators. *Oecologia* 134 : 415-422. <https://doi.org/10.1007/s00442-002-1134-y>.
- McAllen, R. & Scott, G.W. 2000. Behavioral effects of biofouling in a marine copepod. *Journal of Marine Biology Association United Kingdom* 80: 379-380. <https://doi.org/10.1017/S0025315499002003>.
- Montañés, M.A., J. Reyes & M. Sansón. 2003. La comunidad de epífitos de *Zonaria tournefortii* en el norte de Tenerife (Islas Canarias): análisis florístico y comentarios sobre su epifauna. *Vieraea* 31: 121-132.
- Nava-Olvera, R., L.E. Mateo-Cid, A.C. Mendoza-González & D. García-López. 2017. Macroalgas, microalgas y cianobacterias epífitas del pasto marino *Thalassia testudinum* (Tracheophyta: Alismatales) en Veracruz y Quintana Roo, Atlántico mexicano. *Revista de Biología Marina y Oceanografía* 1552: 429-439. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-19572017000300002>.
- Ortuño-Aguirre, C. & R. Riosmena-Rodríguez. 2007. Dinámica en el epifitismo de *Padina concrecens* (Dictyotales, Phaeophyta) en el sureste de la Península de Baja California, México. *Ciencias Marinas* 33: 311-317.
- Passarelli, C., F. Olivier, D.M. Paterson, T. Meziane, & C. Hubas. 2014. Organisms as cooperative ecosystem engineers in intertidal flats. *Journal of Sea Research* 92: 92-101. <https://doi.org/10.1016/j.seares.2013.07.010>.
- Penhale, P.A. & W.O. Smith. 1977. Excretion of dissolved organic carbon by eelgrass (*Zostera marina*) and epiphytes. *Limnology and Oceanography* 22: 400-407. <https://doi.org/10.4319/lo.1977.22.3.0400>.
- Pfaller, J.B., K.A. Bjorndal, K.J. Reich, K.L. Williams, & M.G. Frick. 2008. Distribution patterns of epibionts on the carapace of loggerhead turtles, *Caretta caretta*. *Marine Biodiversity Records* 1: e36. <https://doi.org/10.1017/S1755267206003812>.
- Quiroz-González, N., L.G. Aguilar-Estrada, I. Ruiz-Bojseaneau & D. Rodríguez. 2020. Biodiversidad de algas epizoicas en el Pacífico tropical mexicano. *Acta Botanica Mexicana* 127: e1645. <https://doi.org/10.21829/abm127.2020.1645>.
- Quiroz-González, N., L. Aguilar-Estrada, J. Acosta-Caldarón, L. Álvarez-Castillo, & F. Arriola-Álvarez. 2023. Biodiversity of epiphytic marine macroalgae in Mexico: composition and current status. *Botanica Marina* 66: 181-189. <https://doi.org/10.1515/bot-2023-0009>.
- Saunders, J.E., M.J. Attrill, S.M. Shaw, & A.A. Rowden. 2003. Spatial variability in the epiphytic algal assemblages of *Zostera marina* seagrass beds. *Marine Ecology Progress Series* 249: 107-115. <https://doi.org/10.1016/j.aquabot.2005.02.003>.

- Sentíes, A., J. Espinoza-Ávalos, & J. Zurita. 1999. Epizoic algae of nesting sea turtles *Caretta caretta* and *Chelonia mydas* from the Mexican Caribbean. *Bulletin of Marine Science* 64: 185-189.
- Vasconcelos, P., J. Cúrdia, M. Castro, & M.B. Gaspar. 2007. The shell of *Hexaplex (Trunculariopsis) trunculus* (Gastropoda: Muricidae) as a mobile hard substratum for epibiotic polychaetes (Annelida: Polychaeta) in the Ria Formosa (Algarve coast – southern Portugal). *Hydrobiologia* 575:161-172.
- Vázquez-Texocotitla, P. 2013. Variación espacio-temporal de la estructura de los ensambles asociados a diferentes sustratos en el arrecife coralino El Zacatoso, Zihuatanejo, Guerrero. Tesis de maestría, Universidad Nacional Autónoma de México. 121 pp.
- Wahl, M. 1989. Marine epibiosis. I. Fouling and antifouling: some basic aspects. *Marine Ecology Progress Series* 58: 175-189.
- Wahl, M. 2008. Ecological lever and interface ecology: epibiosis modulates the interactions between host and environment. *Biofouling* 24: 427-438. <https://doi.org/10.1080/08927010802339772>.
- Wahl, M. 2009. Epibiosis: ecology, effects and defense. In: S. Dürr, & J. C. Thomason. Eds. *Marine hard bottom communities*. Springer-Verlag, Heidelberg, Germany, pp. 61-72.
- Wahl, M. 2010. Epibiosis. In: S. Dürr, & J.C. Thomason. Eds. *Biofouling*. Wiley-Blackwell, New Delhi, India, pp. 100-108.
- Wernberg, T., F. Tuya, M. Thomsen, & G. Kendrick. 2010. Turban snails as habitat for foliose algae: contrasting geographical patterns in species richness. *Marine Freshwater Research* 61: 1237-1242. <https://doi.org/10.1071/MF09184>.

Sometido: 5 de febrero de 2024

Revisado: 7 de septiembre de 2024 (2 revisores anónimos)

Corregido: 28 de octubre de 2024

Aceptado: 29 de octubre de 2024

Las buenas prácticas en Ficología descriptiva e interpretativa

Good practices in descriptive and interpretive Phycology

Francisco F. Pedroche^{1*}

¹Departamento de Ciencias Ambientales, Universidad Autónoma Metropolitana-Lerma & University Herbarium, University of California at Berkeley, USA.

*Email: fpedroche@correo.ler.uam.mx

Pedroche, F.F. 2024. Las buenas prácticas en Ficología descriptiva e interpretativa. *Cymbella* 10 (1-3): 28-31.

DOI: <https://doi.org/10.22201/fc.24488100e.2024.10.1-3.3>

RESUMEN

Para lograr que la taxonomía alcance la relevancia que debiera tener y que ha perdido últimamente se sugieren algunas acciones que hemos llamado buenas prácticas. En la ficología descriptiva se sugiere la citación de referencias en la determinación de especies, la revisión ortográfica de los nombres y el uso completo de las especies, incluir una diagnosis y una descripción, documentar los registros nuevos a una región o país, evitar el uso de la taxonomía abierta, discutir la presencia de una especie fuera de su área conocida y referir los ejemplares de herbario o colección. En la ficología interpretativa se sugiere revisar el elenco de taxones bajo análisis, emplear solo nombres aceptados o correctos, opinar sobre los sinónimos heterotípicos, evaluar la distribución de los taxones tanto los externos a su área de distribución como los de localidades particulares y finalmente, explicar los criterios que reúnen los datos como unidades.

ABSTRACT

To achieve the relevance that taxonomy should have and that it has lost lately, some actions are suggested that we have called good practices. In descriptive phycology, it is suggested to cite references when determining species, to check the spelling of names and to use the species in full, to include a diagnosis and a description, to document new records in a region or country, to avoid the

use of open taxonomy, to discuss the presence of a species outside its known area and to refer to specimens from herbariums or collections. In interpretive phycology, it is suggested to review the list of taxa under analysis, to use only accepted or correct names, to give an opinion on heterotypic synonyms, to evaluate the distribution of taxa both outside its distribution area and those from particular localities and finally, to explain the criteria that bring the data together as units.

La ficología mexicana ha avanzado por caminos que se diversifican día con día, pero manteniendo, como debe ser, el conocimiento descriptivo de nuestra ficoflora. Este conocimiento también ha pasado de trabajos florísticos de orden general, por estados o regiones, a trabajos enfocados a resolver la taxonomía y distribución de grupos particulares, llámense familias o géneros. En estas aproximaciones se han incluido las herramientas modernas de morfología, anatomía, microscopía electrónica y por supuesto, los métodos en genética y moleculares. Las consecuencias en estos hallazgos se reflejan en la taxonomía de los grupos con géneros nuevos, especies y entidades infraespecíficas que modifican su posición y circunscripción. Pero también, se han incrementado las visiones interpretativas sobre distribución, ecología y evolución. Muchas de las cuales utilizan como insumos los listados de orden general creados por todos nosotros como ficólogos

nacionales. Las aproximaciones interpretativas son necesarias, pero no suficientes cuando estos insumos son tomados sin una discusión previa y sin una ponderación (análisis) explícita de los datos empleados o peor aún, cuando no se brinda información susceptible de ser juzgada o analizada.

He elegido este foro confiando en que las opiniones aquí verdaderas puedan ser analizadas y discutidas por la comunidad mexicana, pues *Cymbella* es la revista oficial de la SOMFICO, lectura obligada creo yo, no solo para esta comunidad sino también para nuestras y nuestros colegas de habla hispana. Estas opiniones versan sobre lo que desde mi punto de vista son “buenas prácticas” y que en la sección de Nomenclatura el Editor ejecutivo y el autor nos hemos comprometido en exponer continuamente, en ocasiones incluso de manera repetitiva, para mejorar y crear sinergia en el trabajo taxonómico y sus consecuencias en los nombres asignados a nuestras unidades de trabajo en territorio mexicano.

Ahora bien, por mucho tiempo hemos considerado que tenemos limitaciones para analizar e interpretar los datos generados por otras personas. Confiamos y partimos del rigor científico que debe de existir, de facto, en el trabajo científico. La taxonomía algal, una vez apreciada como un arte, se considera ahora una ciencia y como tal muchos de nosotros hemos fallado en un punto toral, la capacidad de que los datos generados sean reproducibles y comprobables.

Es esencial que los datos publicados puedan ser juzgados en cuanto a su veracidad: en este caso las identificaciones de los taxones, porque las consecuencias de una determinación errónea pueden ser profundas; generando pérdidas de tiempo, conocimiento, dinero y como apunta Bortolus (2008), incluso vidas humanas. Esto es particularmente cierto en campos como la bioseguridad y la conservación (Vink *et al.* 2012). Aunado a esto, si le sumamos el efecto cascada que muchos de estos errores tienen, entonces un error de identificación se puede multiplicar, mantener en el tiempo y amplificar en la literatura (Bortolus 2008), en este caso la ficológica. Por mencionar solo algunos ejemplos en nuestro campo, el nombre *Codium setchellii* Gardner, una clorofita marina, se utilizó por primera vez por Dawson (1949) para ejemplares del sur de Baja California. Poco después el propio Dawson describió una especie, también costrosa pero diferente, y le asignó el nombre de *C. hubbsii* E. Y. Dawson (Dawson 1950.) para la parte central de Baja California. Estos dos nombres han subsistido y se han utilizado para ejemplares costrosos del Golfo de California y recientemente

para el Pacífico tropical mexicano. *Codium setchellii* sobrevive en aguas frías hasta el norte de Alaska y en México solo en áreas de surgencia hasta Punta Baja. Por su parte *C. hubbsii* requiere para su desarrollo óptimo temperaturas más elevadas distribuyéndose en la porción subtropical hasta Punta Abrejos (Silva *et al.* 2014). En un trabajo de integración o compilación ¿cómo interpretar la presencia de estas entidades en la porción tropical? Su inclusión resulta en la alteración de los patrones naturales de distribución de estas especies. ¿Por qué no haber elegido una especie tropical costrosa “equivalente” a las mencionadas anteriormente? ¿No ha sido descrita alguna? ¿No se reconoce su existencia? ¿algunos de los rasgos descriptivos no corresponden a ella? Si se ha elegido un nombre para cada entidad biológica en estudio, debe haber una razón o un proceso por el que pasamos para llegar a su determinación (identificación). Ahora bien, si existen diferencias taxonómicas de opinión y los autores no pueden decidir entre ellas, esta incertidumbre debe hacerse explícita. No hay ningún problema con la incertidumbre taxonómica, siempre y cuando se mantengan los ejemplares de referencia y se anoten las inconsistencias en la determinación, que involucra la circunscripción del propio taxón. Recordemos que la veracidad de las determinaciones está abierta al escrutinio de la comunidad científica. La mención adecuada de los trabajos taxonómicos utilizados para la identificación de especies, debería ser una parte sustancial de los métodos en todo trabajo publicado. Esto no solo hará que la investigación biológica sea “más” reproducible, sino que le dará a la taxonomía la relevancia que en mucho ha perdido actualmente. Winston (1999) definió un término para la determinación, la clasificación y la nomenclatura de organismos, que no siguen los procedimientos y reglas apropiados que los taxónomos especializados defienden: “mala taxonomía”.

La ficología, igual que cualquier ciencia, requiere entonces de la cualidad de ser reproducible y para ello es necesario considerar ciertos elementos torales y necesarios mencionados en detalle y en extenso por Rodríguez-Sánchez *et al.* (2016). Un buen ejemplo es el artículo publicado recientemente por Zuccarello *et al.* (2022) en donde se revisaron los datos y procedimientos para reconocer y dividir el género *Pyropia* en cinco géneros, cuatro de ellos nuevos, propuestos por Yang *et al.* (2020). Una hipótesis alternativa, como metodología científica (Platt 1964), es presentada y la importancia de poder acudir a los datos utilizados por los diferentes autores incrementa y representa un valor agrega-

do en la ciencia, al ser reproducible y repetible, que no es lo mismo (Rodríguez-Sánchez *et al.* 2016). Aquí a algunos de estos elementos les hemos llamado “buenas prácticas”

Buenas prácticas en ficología descriptiva.

- Citar las publicaciones taxonómicas que se utilizan para la determinación de los taxones registrados. Los biólogos debemos explicar cómo se identificaron las especies que se incluyen en un estudio.
- Revisar la ortografía de los nombres de los taxones incluidos en la publicación. Un nombre incorrecto puede ser interpretado y corregido por otros autores, siempre y cuando se trate de un taxón medianamente conocido. Si la ortografía no permite esto, se convierte automáticamente en un *nom. nud.* que puede llevar al lector a considerar esto un taxón potencialmente nuevo. Además de engrosar la cantidad de nombres ya existentes.
- Incluir no solo el género y el epíteto específico (o en su caso infraespecífico) sino también a las autoridades. Esto completa el concepto de nombre científico y lo más importante, remite a la circunscripción a la que hace referencia el autor al citar un nombre en una lista (Pedroche y Novelo 2022).
- Incluir, hasta donde sea posible, una diagnosis y una descripción de los taxones. Aunque el Código Internacional de Nomenclatura (CIN) se refiere continuamente a proporcionar una descripción o diagnosis, recordemos que no son lo mismo. “Una diagnosis de un taxón es una declaración de aquello que, en opinión de su autor, lo distingue de otros taxones” (Art. 38.2) y la descripción es la declaración de una característica o varias características propias de un taxón (Turland 2019; Rec. 38B.2), en ellas se debe de incluir la variación presente entre los miembros de la población descrita. El CIN recomienda incluir ambas (Rec. 38B.1; 39A), cuando se describan entidades nuevas.
- Esto es fundamental en el caso de los registros nuevos, pues permite la definición y comparación con otros taxones (Novelo y Tavera 2013; Pedroche y Novelo 2021), así como dibujos o fotografías que muestren los rasgos distintivos.
- Evitar, en aquellos casos en los que existe un “parecido” con algún taxón existente, el uso de la denominada taxonomía abierta que impide precisamente la interpretación de las entidades en referencia y su inclusión en bases de datos (Pedroche y Novelo 2020).

- Discutir las posibilidades y consecuencias de que un taxón sea registrado fuera de su área conocida de distribución.
- Mantener siempre ejemplares de referencia resguardados en colecciones privadas o herbarios nacionales.

Buenas prácticas en ficología interpretativa.

- Revisar el elenco de taxones con los que realizará el análisis. Para ello existen algunas obras integradoras con comentarios sobre la identidad de las unidades a considerar.
- Emplear solo nombres correctos o taxonómicamente aceptados.
- Declarar la opinión taxonómica de los autores sobre los sinónimos heterotípicos ¿incluirlos como unidades independientes?
- Evaluar aquellos taxones fuera de su área de distribución, geográfica o ecológica.
- Respalda la distribución de los taxones con material suplementario en donde se cite la presencia de ellos en localidades particulares. Las especies no tienen una distribución continua. Esto sobre todo cuando se aborden visiones sobre regiones biogeográficas. La inclusión de entidades federativas tiene una connotación política o administrativa, no biológica.
- Explicitar el criterio integrador que debe prevalecer sobre los datos o insumos. Por ejemplo, ¿se deben de incluir aquellos taxones con la denominación *aff.*, *circa*, *conf.*, etc.? Si es así, ¿en qué categoría?

REFERENCIAS

- Bortolus, A. 2008. Error cascades in the biological sciences: The unwanted consequences of using bad taxonomy in ecology. *AMBIO: A Journal of the Human Environment* 37: 114-118, 115.
- Dawson, E.Y. 1949. Resultados preliminares de un reconocimiento de las algas marinas de la costa pacífica de México. *Revista de la Sociedad Mexicana de Historia Natural* 9: 215-255, lám. III.
- Dawson, E.Y. 1950. Notes on Pacific coast marine algae. IV. *American Journal of Botany* 37: 149-158, 129 figs.
- Novelo, E. & R. Tavera. 2013. Sobre los primeros registros de algas continentales en México. *Boletín de la Sociedad Mexicana de Ficología* 1: 14-15.
- Pedroche, F.F. & E. Novelo. 2020. Pertinencia de la nomenclatura abierta en ficología. *Cymbella* 6: 99-105.
- Pedroche, F.F. & E. Novelo. 2021. Los problemas de igualdad o identidad en la nomenclatura ficológica. Sinónimos vs. *sensu*. *Cymbella* 7: 65-71.
- Pedroche, F.F. & E. Novelo. 2022. Citar a las autoridades y años de publicación en los taxones algales. Pose,

- costumbre o razón fundada. *Cymbella* 8: 46-52.
- Platt, J.R. 1964. Strong Inference: Certain systematic methods of scientific thinking may produce much more rapid progress than others. *Science* 146: 347-353.
- Rodríguez-Sánchez, F., A.J. Pérez-Luque, I. Bartomeus & S. Varela. 2016. Ciencia reproducible: qué, por qué, cómo. *Ecosistemas* 25:83-92.
- Silva, P.C., F.F. Pedroche, M.E. Chacana, & K.A. Miller. 2014. Validation of the names of two new species of *Codium* (Chlorophyta, Bryopsidales) from Isla Guadalupe and Rocas Alijos, Pacific Mexico and the southern California Channel Islands, with some remarks on insular endemism. *Botanica Marina* 57:243-250, 244 figs.
- Turland, N.J. 2019. The Code Decoded. A user's guide to the International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants. 2a. Edition. Pensoft Publishers, Sofia, Bulgaria.
- Vink, C.J., P. Paquin, & R.H. Cruickshank. 2012. Taxonomy and irreproducible biological science. *BioScience* 62:451-452.
- Winston, J.E. 1999. Describing species. Practical taxonomic procedure for biologists. Columbia University Press, New York.
- Yang, L.-E., Y.-Y. Deng, G.-P. Xu, S. Russell, Q.-Q. Lu, & J. Brodie. 2020. Redefining *Pyropia* (Bangiales, Rhodophyta): Four new genera, resurrection of *Porphyrella* and description of *Calidia pseudolobata* sp. nov. From China. *Journal of Phycology* 56: 862-879.
- Zuccarello, G.C., X. Wen, & G.H. Kim. 2022. Splitting blades: why genera need to be more carefully defined; the case for *Pyropia* (Bangiales, Rhodophyta). *Algae* 37: 205-211.

El gran desafío de publicar especies nuevas en ficología. The great challenge of publishing new species in phycology.

Francisco F. Pedroche^{1*} & Michael D. Guiry²

¹Depto. Ciencias Ambientales, División Ciencias Biológicas y de la Salud, UAM-Lerma, México & University Herbaria, UC-Berkeley, USA.

²AlgaeBase, Ryan Institute, University of Galway, H91 TK33, Ireland

*Email: fpedroche@correo.ler.uam.mx

Pedroche, F.F. & M. Guiry. 2024. El gran desafío de publicar especies nuevas en ficología. *Cymbella* 10(1-3): nn-nn.
DOI: <https://doi.org/10.22201/fc.24488100e.2024.10.1-3.4>

RESUMEN

El reconocimiento de nuevas entidades biológicas y la capacidad de darles un nombre es una tarea intrínseca del taxónomo y contribuye a la construcción de un inventario realista del número de taxones en una flora o región. México y América Latina cuentan con enormes recursos algales, tanto marinos como de agua dulce, y muchos taxones aún están por descubrirse, mientras que otros no han sido publicados por indecisión o falta de herramientas para describirlos. Aquí proporcionamos una guía básica de los requisitos del *Código Internacional de Nomenclatura para algas, hongos y plantas* para la publicación válida y legítima del nombre de una especie nueva o de rangos infraespecíficos. Esto puede ayudar a los ficólogos de la región a tomar una decisión sobre la publicación de sus nombres nuevos, compartiendo así su experiencia para contar con una idea más precisa de la diversidad actual de algas, en una de las regiones con mayor diversidad ecológica del mundo.

ABSTRACT

The recognition of new biological entities and the ability to give them a name is an intrinsic task of the taxonomist and contributes to the construction of a realistic inventory of the number of taxa in a flora or region. Mexico and Latin America have enormous algal resources, both marine and freshwater, and many taxa have yet to be discovered, whilst others have not been published due to indecision or lack of tools to describe them. Here, we provide a basic guide

to the requirements of the *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants* for the valid and legitimate publication of the name of a new species or infraspecific ranks. This may help phycologists in the region to decide on the publication of their new names, thus sharing their experience so that we will have a more accurate idea of the current algal diversity in one of the most ecologically diverse regions of the world.

INTRODUCCIÓN

En gran cantidad de publicaciones se ha manifestado que el número de especies biológicas está subestimado y que aún quedan muchas entidades por describir y delimitar. Por ejemplo, Mora *et al.* (2011) registraron que el número de especies catalogadas en el ambiente terrestre, en ese entonces, era de 1,244,360 y para el océano 194,409, con predicciones de hasta 8,750,000 para el primero y 2,210,000 para el segundo. En el caso de las especies marinas, Appeltans *et al.* (2012) estimaron que solo en los eucariontes, el número oscilaba entre 222,000 y 230,000, con la predicción de 540,000 al incorporar las que faltan por describir. Concretamente para las algas, Guiry (2012), utilizando la base de datos AlgaeBase (Guiry & Guiry 2024), llegó a la conclusión de que en 2012 el número de especies documentadas ascendía a 32,260. De los grupos que podrían aportar un número más real, en la estimación de la diversidad algal, estaban las

cianofitas, las diatomeas y las clorofitas de agua dulce, proporcionando un total de 28,500 entidades por ser descubiertas. En resumen, las algas alcanzaban un gran total de 72,500 especies. Al año siguiente, De Clerck *et al.* (2013) presentaron un intervalo entre 115,000 y 170,000, como el más realista sobre la diversidad global de este grupo. Recientemente, Guiry (2024), actualizó los datos sobre el número de especies algales documentadas y la conclusión fue que a finales de 2023 su número ascendía a 50,589 especies vivas y unas 10,556 especies fósiles, en total 61,145. Entonces, quedarían alrededor de 11,500 especies por revelar considerando a Guiry (2012) o 54,000 tomando el número más conservador de De Clerck *et al.* (2013). Un dato importante es que en los últimos 10 años se han publicado 6,050 especies algales nuevas para la ciencia, un promedio de 600 por año (Guiry 2024). A este ritmo, necesitaríamos 20 años o 90 años más para alcanzar las estimaciones de Guiry (2012) o de De Clerck *et al.* (2013), respectivamente. Muchos factores podrían estar involucrados en el cálculo de estas estimaciones, como ejemplo ver el trabajo de Costello *et al.* (2012). Es cierto también que algunos grupos o géneros algales están sobreestimados en su número de especies, resultado de polimorfismos o pleomorfismos o bien, en otros grupos, la diversidad genética enmascara el número de especies conocidas (especies crípticas). No es el propósito de la presente contribución resolver cuál sería el número final en el inventario, sino más bien insistir que el reconocimiento de especies y la capacidad de nombrarlas es fundamental en taxonomía y sistemática, ya que estas unidades son esenciales para cualquier estudio en ciencias de la vida y en muchas otras disciplinas. Así como en varias ocasiones hemos mencionado que la sinonimia es una opinión taxonómica (Pedroche & Novelo 2021), el considerar a una entidad biológica como algo nuevo, en este caso una especie nueva, es un acto de decisión taxonómica que contribuye a la participación colegiada de los ficólogos y llama la atención de los especialistas sobre los componentes nuevos de un elenco florístico. ¿Qué significado tiene un estudio si las unidades bajo investigación se desconocen, se confunden entre sí o están mal identificadas? Reconocer y preparar la descripción de una especie, que se presume nueva para la ciencia requiere conocimiento, habilidad (Savage 1995) y rigor científico. En este proceso es necesario establecer la circunscripción, la posición y el rango del taxón a nombrar, para lo cual hay que seguir las indicaciones de los Códigos de Nomenclatura. Así, ésta es la finalidad del presente

escrito, brindar los puntos esenciales que faciliten e incentiven a los ficólogos de América Latina, incluyendo México, a la descripción de taxones nuevos. Recordemos y siendo redundantes, que solo después de que se han tomado decisiones sobre circunscripciones, rangos y posiciones, se pueden abordar cuestiones de nomenclatura de manera formal (Pedroche 2019).

Con el fin de reconocer un taxón nuevo, a nivel de especie o subespecífico, de manera válida y darle un nombre, se debe cumplir con requisitos básicos de acuerdo con el *Código Internacional de Nomenclatura para algas, hongos y plantas* (CIN) (Turland *et al.* 2018, Guiry & Pedroche 2021).

PUBLICACIÓN EFECTIVA

Un nombre no es válido a menos que se publique efectivamente (Art. 29). En la actualidad, la publicación efectiva se logra de dos maneras: la distribución de material impreso, mediante venta, intercambio o regalo, al público en general o a instituciones científicas con bibliotecas de acceso abierto; o bien a partir del **1 de enero de 2012**, mediante la distribución de archivos PDF con un Número Internacional Normalizado de Publicaciones Seriadas (ISSN) o un Número Internacional Normalizado de Libros (ISBN) (Art. 29.1). Por ejemplo, los artículos publicados en *Notulae Algarum* (<https://www.notulaealgarum.com/index.php>) o en *Cymbella* (<https://cymbella.fcencias.unam.mx/>) cumplen con los requisitos para su publicación efectiva, ya que están en formato PDF y tienen un número ISSN. **Los folletos de resúmenes distribuidos en reuniones y no depositados en una biblioteca no cumplen este requisito**, al igual que los CD y DVD o los documentos de Word utilizados como "Materiales Suplementarios" pero si los PDF, siempre que la revista tenga un número ISSN.

CUMPLIR CON LOS REQUISITOS DE LOS ARTÍCULOS 16 AL 27

Un nombre no es válido a menos que se ajuste a las disposiciones generales del CIN (Arts. 32-40) y dependiendo del rango a describir, las disposiciones particulares de los artículos 16 a 27. Los artículos 16-22 cubren las categorías o rangos supraespecíficos. Para especie y rangos subespecíficos los artículos 23-27. Como se puede apreciar, el abanico de opciones es muy amplio para el autor que decida publicar una especie nueva. En esta breve guía nos hemos restringido a los aspectos "básicos" para su descripción, y los investigadores podrían asesorarse en detalles particulares mediante la ayuda publicada por Turland (2019), en

el espacio de la International Association for Plant Taxonomy (IAPT) denominado "Cómo...encontrar ayuda en nomenclatura" (<https://www.iaptglobal.org/index-of-nomenclatural-how-to-pages>) o con la asesoría de una persona con experiencia en esta materia. Aquí resaltamos algunos aspectos.

- **El nombre debe estar en latín** (o estar aceptablemente latinizado). Sin embargo, existe un extraordinario abanico de opciones abiertas para el futuro autor.
- La construcción del nombre deberá ser de acuerdo con los artículos 23 y 60 del CIN. Hay que asegurar que el epíteto se ajuste a las recomendaciones y convenciones, en especial si dedica el nombre a una persona, un lugar o se refiere al crecimiento en un sustrato o huésped. Un error común, al nombrar una especie honrando a una persona femenina, es usar "-ii", ya que la personificación de una mujer es "-iae". Para las personas cuyos nombres terminan en "a" (por ejemplo, el ficólogo japonés Kintaro Okamura) se agrega una "e" ("*okamurae*"). Los epítetos terminados en "-cola" no son declinables (Art. 23). Más ayuda sobre los epítetos honoríficos en Silva (1997) o en la siguiente liga: https://www.notulaealgarum.com/nomenclature/personal_epithet_formation.html.
- **Prestar especial atención a la condición de masculino o femenino de los nombres genéricos** (véase el artículo 62.2 para los nombres genéricos compuestos), que se puede consultar en AlgaeBase (Guiry & Guiry 2024), y a los epítetos adjetivos correspondientes a especie. Los nombres científicos son derivados del latín o griego y estos pueden ser masculinos, femeninos o neutros. Si el nombre del género es femenino el epíteto específico deberá ser femenino; por ejemplo, en el género *Peyssonnelia*, una de las especies alude al color rojo que en latín es *ruber* (masculino), para femenino *rubra* y neutro *rubrum* (Stearn 1992). Por lo tanto, el nombre correcto es *Peyssonnelia rubra*. Sin embargo, esto no se aplica a los epítetos que son sustantivos, ya que conservan su propio género y no cambian sus terminaciones. Por ejemplo, *Alexandrium catenella*, no *Alexandrium "catenellum"*.
- **Un tautónimo no es válido**. Es decir, el nombre del género y el epíteto de la especie no pueden ser exactamente iguales (por ejemplo, *Lutra lutra* Linnaeus la nutria europea). Aunque esto esté permitido en el Código Internacional de Zoología (CINZ 2000), tal nombre no sería válido según el CIN. Sin embargo, un nombre

como "*Rivulina rivularis*" (Viera *et al.* 2024) sería válido, ya que no repite exactamente el nombre del género.

- Es importante mencionar, que actualmente algunos nombres son vistos como inapropiados. Sobre todo, aquellos que pudieran parecer ofensivos o despectivos culturalmente.

DIAGNOSIS O DESCRIPCIÓN

- **Proporcione una diagnosis y una descripción para su taxón**. La primera, definida así en el artículo 38.2 "Una diagnosis de un taxón es una declaración de aquello que, en opinión de su autor, lo distingue de otros taxones" El concepto de descripción no está definido en el CIN pero existe en su glosario como "Declaración publicada de un rasgo o rasgos de un taxón" es decir, todo aquello adicional a la diagnosis. También se puede brindar una referencia completa y directa a una descripción o diagnosis publicada previamente que se aplique exclusivamente a su alga. **Aunque la publicación de una diagnosis sin descripción o viceversa no invalida un nombre, la Recomendación 38B, sugiere presentar ambas**. Costumbre que algunos diatomólogos han desarrollado, proporcionando una descripción completa y una diagnosis diferencial, pero esto como se mencionó arriba es una recomendación y no afecta la validez de un nombre.
- **A partir del 1 de enero de 2012**, para la publicación válida de un taxón nuevo, **es necesario brindar una diagnosis-descripción en inglés o latín** (Art. 39.2; Rec. 39A). **Una diagnosis-descripción en español o portugués, sin la correspondiente en inglés o latín, invalida su publicación**.
- Se puede utilizar una sola descripción-diagnosis combinada, es decir, una descripción genérico-específica, tanto para un género nuevo como para una especie nueva, si hay una sola especie en el género y ambas son nuevas (Art. 38.5).

INCLUIR UNA ILUSTRACIÓN

- La diagnosis-descripción de una especie (o rangos inferiores) de un alga no fósil, **debe de ir acompañada de una ilustración o fotografía** para que sean consideradas válidamente publicadas (Art. 44.2). **Esto solo a partir de 1958**. La ilustración o figura debe mostrar las características morfológicas distintivas "o por una referencia a una ilustración o figura publicada anteriormente y de manera efectiva". La Recomendación 44A.1 es que la ilustración o

figura se prepare a partir de muestras reales, preferiblemente incluyendo el holotipo.

DESIGNACIÓN DE UN TIPO

- Los autores deben **usar la palabra “typus”, “type”, “holotypus” u “holotype”** (Art. 40.6) y **citar el herbario** o lugar donde se encuentra el ejemplar (Art. 40.7), seguida de un **número que identifique de forma clara y permanente que se trata del holotipo** (Rec. 40A.5). Consultar el *Index Herbariorum* (<https://sweetgum.nybg.org/science/ih/>) para los acrónimos institucionales aprobados. No es necesario decir “aquí designado” para un holotipo, solo para un lectotipo, epítipo o neotipo (Art. 7.11; nota 2).
- Designar una sola recolección realizada en un lugar y momento, representada por un solo ejemplar o una mezcla para microalgas (Art. 8.2) depositada en una institución específica (Art. 8.1). Para garantizar esto, es necesario enumerar el recolector, la fecha y el número de recolección.
- El “tipo” no puede encontrarse en más de una ubicación física. Los duplicados de la colección de tipos son isotipos cuando se depositan en otro lugar o están separados del tipo.
- Una ilustración efectivamente publicada (simultánea o previamente publicada) puede ser un tipo, si y solo si existen dificultades técnicas para preservar una muestra de una microalga (Art. 40.5). Si se ha publicado con anterioridad, se requiere una referencia completa y directa al lugar de publicación anterior (Art. 44.2).
- Es posible elegir un cultivo o tejido permanentemente inactivo metabólicamente; por ejemplo, congelado, seco o en alcohol (Art. 8.4) designado por una referencia única y depositado en una sola institución. Se debe escribir “conservado en un estado permanentemente inactivo” o una frase similar para asegurarse de que los lectores sepan que el tipo no es un cultivo vivo o uno que se encuentra en un estado temporalmente inactivo (Art. 40.8).
- Los cultivos, derivados del holotipo, o utilizados para generar el holotipo, no son tipos en sí mismos y se recomienda que estas cepas vivas sean citadas como “ex-tipo” (Rec. 8B.2). Debido a que los cultivos preservados pueden servir como “tipo”, no debe citarse indiscriminadamente tanto un ejemplar como a un cultivo, como tipo. Es necesario asegurarse de que uno esté designado específicamente como holotipo e indique claramente dónde se encuentra ese tipo único. De lo contrario, el nombre no será válido.

NOMBRES ALTERNATIVOS Y LA EXPRESIÓN DE DUDA

- Para el mismo taxón nunca se proporcionan nombres latinos alternativos. De lo contrario, todos los nombres serán inválidos (Art. 36.3).
- Es importante **no utilizar nombres científicos tentativos o provisionales como una solución temporal**. La expresión de duda sobre la aceptación de un nombre, para un taxón nuevo, incluido **el signo de interrogación puede invalidarlo**.

HOMÓNIMOS

- Si bien esto no es necesario para la validez, un nombre escrito exactamente como un nombre válido anterior (homónimo), independientemente de si este nombre es legítimo o ilegítimo, o escrito de manera confusa, es ilegítimo. Por ello es necesario comprobar que el nombre que se propone no se encuentre publicado con anterioridad, tal es el caso de *Gracilaria secundata* Setchell y Gardner (1937) que es un homónimo posterior de *G. secundata* Harvey (1863). Para el caso de las algas, dos fuentes son impresindibles, el *Index Nominum Algarum* (INA) (Silva & Moe 1999) y AlgaeBase (Guiry & Guiry 2024). Los homónimos que se usan en otros Códigos no son necesariamente ilegítimos, pero deben evitarse.

UN EJEMPLO [¡NO DESTINADO A PUBLICACIÓN!]

Rhodophyllis imbricata J. J. Smith, sp. nov. (Figs 1-10). [El epíteto específico es diferente del nombre del género y está acorde con el adjetivo de este último].
Diagnosis: Differs from other species of the genus in the imbricate leaves and marginal cystocarps. *Differt ab aliis generis speciebus in foliis imbricatis et cystocarpis marginalibus*. **[La diagnosis-descripción debe ser en latín o inglés, o ambos (Art. 39.2), para un alga no fósil (“alga viva”) a partir del 1 de enero de 2012].**

Se diferencia de otras especies del género en las hojas imbricadas y los cistocarpos marginales.

Tipo: USA: Alaska: Anchorage (61.2181° N, 149.9003° W), 12 m de profundidad, 07.ii.1910, col. J.J. Smith No. 22213 (US 1234567; Fig. 1). [Se asigna un ejemplar tipo y la designación del lugar dónde se ubica]

Etimología: Del latín *imbricatus*, -a, -um (adj.), que tiene bordes adyacentes ondulados.

RECORDATORIOS

- Un nombre inválido puede ser validado, pero un nombre ilegítimo no puede ser legitimado, excepto por conservación nomenclatural.

- Si el manuscrito incluye taxones nuevos, tipos o actos nomenclaturales, en cualquier rango, es necesario registrar las novedades en **Phycobank** (Müller *et al.* 2022) (<https://www.phycobank.org>), el sistema de registro de algas. Para ello, es necesario ponerse en contacto en el sitio curation@phycobank.org para obtener los identificadores. El registro se asienta poco después de la publicación.

REFERENCIAS

- Appeltans, W., *et al.* 2012. The magnitude of global marine species diversity. *Current biology* CB 22: 2189-2202.
- CINZ (Comisión Internacional de Nomenclatura Zoológica). 2000. *Código Internacional de Nomenclatura Zoológica*. Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Madrid.
- Costello, M.J., S. Wilson, & B. Houlding. 2012. Predicting total global species richness using rates of species description and estimates of taxonomic effort. *Systematic Biology* 61: 871-871.
- De Clerck, O., M.D. Guiry, F. Leliaert, Y. Samyn, & H. Verbruggen. 2013. Algal taxonomy: a road to nowhere? *Journal of Phycology* 49: 215-225.
- Harvey, W. H. 1863. *Phycologia australica ...* Lovell Reeve, London.
- Guiry, M.D. 2012. How many species of algae are there? *Journal of Phycology* 48: 1057-1063.
- Guiry, M.D. 2024. How many species of algae are there? A reprise. Four kingdoms, 14 phyla, 63 classes and still growing. *Journal of Phycology* 60: 214-228.
- Guiry, M.D. & G.M. Guiry. 2024. *AlgaeBase*. World-wide electronic publication. University of Galway, Ireland. <http://www.algaebase.org>.
- Guiry, G.M. & F.F. Pedroche. 2021. ¿El nombre de mi nueva especie de alga es válido? - Una guía. *Cymbella* 7(3): 100-102.
- Mora, C., D.P. Tittensor, S. Adl, A.G. Simpson, & B. Worm. 2011. How many species are there on earth and in the ocean? *PLoS biology* 9: e1001127.
- Müller, A., A. Güntsch, R. Jahn, A. Kohlbecker, W.-H. Kusber, & J. Zimmermann. 2022. Phycobank: Repository for algal novelties. *Biodiversity Information Science and Standards* 6: e90885.
- Pedroche, F.F. 2019. Circunscripción, rango y posición en la nomenclatura biológica. *Cymbella* 5: 124-127.
- Pedroche, F.F. & E. Novelo. 2021. Los problemas de igualdad o identidad en la nomenclatura ficológica. Sinónimos vs. sensu. *Cymbella* 7: 65-71.
- Savage, J.M. 1995. Systematics and the biodiversity crisis. *Bioscience* 45: 673.
- Setchell, W.A. & N.L. Gardner. 1937. The templeton Crocker Expedition of the California Academy of Sciences, 1932. N° 31. A preliminary report on the algae. *Proceedings of the California Academy of Sciences* 22: 65-98.
- Silva, P.C. 1997. The correct spelling of commemorative epithets. *The Jepson Globe* 8: 1-3.
- Silva, P.C. & R.L. Moe. 1999. The index nominum algarum. *Taxon* 48: 351-353.
- Stearn, W.T. 1992. *Botanical Latin. History, grammar, syntax, terminology and vocabulary*. 4a. Edición. Timber Press, Portland.
- Turland, N.J. 2019. *The Code Decoded. A user's guide to the International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants*. 2a. ed. Pensoft Publishers, Sofia, Bulgaria.
- Turland, N.J., J.H. Wiersema, F.R. Barrie, W. Greuter, D.L. Hawksworth, P.S. Herendeen, S. Knapp, W.-H. Kusber, D.-Z. Li, K. Marhold, T.W. May, J. McNeill, A.M. Monro, J. Prado, M.J. Price & G.F. Smith.(Eds.). 2018. Código Internacional de Nomenclatura para algas, hongos y plantas (Código de Shenzhen) adoptado por el decimonoveno Congreso Internacional de Botánica Shenzhen, China, julio de 2017 (Versión en español por Greuter, W. y R. Rankin Rodríguez). *Occasional papers from the Herbarium Greuter* 4, Berlín, Alemania.
- Vieira, C., C.M. Brooks, S. Akita, M.S. Kim, & G.W. Saunders. 2024. Of sea, rivers and symbiosis: Diversity, systematics, biogeography and evolution of the deeply diverging florideophycean order Hildenbrandiales (Rhodophyta). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 197(108106): 1-15.

Recibido: viernes 31 de mayo de 2024

Revisado: 26 de junio de 2024 (dos revisores anónimos)

Corregido: 29 de junio de 2024

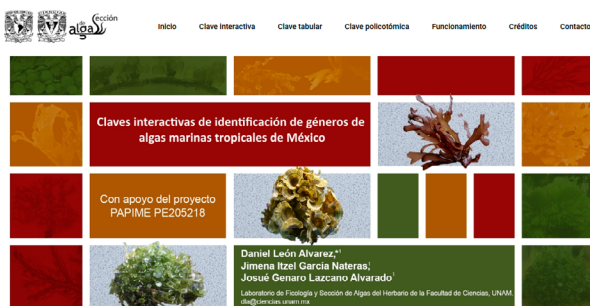
Aceptado: 30 de junio de 2024

Claves interactivas de identificación de géneros de algas marinas tropicales de México. Daniel León Álvarez, Itzel Jiménez Nateras, Josué G. Lazcano Alvarado.

<http://clavesalgas.fciencias.unam.mx/index.php>

Nataly Quiroz-González

Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria 04510, Ciudad de México.
natalyquiroz@ciencias.unam.mx.



Claves interactivas de identificación de géneros de algas marinas tropicales de México

El recurso digital “Claves interactivas de identificación de géneros de algas marinas tropicales de México” es muestra del esfuerzo y compromiso del Dr. Daniel León-Álvarez y su equipo para transmitir el conocimiento ficológico y participar activamente en la formación de profesionales en el campo de las macroalgas, su acceso es sencillo y puede consultarse desde distintos dispositivos lo que facilita su consulta y acerca a las nuevas generaciones. La presentación es agradable e intuitiva, pero a la vez informativa y claramente explicada. Algo que destaco de la labor del Dr. León es la visión con la que se presenta la información ya que no se aborda como tradicionalmente se conoce en las claves taxonómicas, hace una diferenciación de grupos morfológicos y no filogenéticos lo que permite tener por ejemplo, en una sola clave a Chlorophyta, Rhodophyta y Phaeophyceae, esto permite una comprensión más profunda de cada grupo de algas, y considero que quienes la utilicen podrán tener una formación sólida, ya que va más allá del

reconocimiento de algunos caracteres vinculados con un taxón específico, acerca al usuario a los diversos grupos de morfologías que poseen estos organismos y que pueden ser convergentes entre taxones no relacionados filogenéticamente. Se presentan descripciones e ilustraciones de los géneros incluidos en la clave, así como un glosario. La clave lleva de la mano al usuario por distintos caracteres esenciales en el estudio de las macroalgas que se dividen en cinco rubros, forma de crecimiento, hábito y morfología vegetativa, ramificación, estructura y anatomía, así como reproducción. Finalmente, debo destacar que son pocos los esfuerzos como este tanto en México como en el mundo y debemos agradecer por contar con este recurso que facilita la enseñanza de la ficología siendo además totalmente gratuito.

Cita:

Claves interactivas de identificación de géneros de algas marinas tropicales de México, Daniel León Álvarez, Itzel Jiménez Nateras, Josué G. Lazcano Alvarado. [fecha de consulta] <http://clavesalgas.fciencias.unam.mx/index.php>

Ruth Estefany Quispe Pilco

Estudio de la comunidad procariota mediante análisis de amplicones 16S *rRNA* de las macrocolonias de *Nostoc* sp. de la cuenca Culebra en Ancash, Perú

Tesis de Magíster en Biología Molecular

Universidad Nacional Mayor de San Marcos - Facultad de Ciencias Biológicas

Asesora: Dra. Haydee Montoya Terreros

Email: ruthestefany.quispe@unmsm.edu.pe

2022

Las macrocolonias de cianobacterias son conglomerados complejos de microorganismos incrustados en una matriz mucilaginosa que comprende las sustancias poliméricas extracelulares (o EPS por sus siglas en inglés) y protegida por una capa externa. Estas macrocolonias actúan como amortiguador contra los cambios rápidos en la salinidad, la temperatura, la desecación y la radiación UV, como agente aglutinante de las moléculas orgánicas esenciales y los iones para las células, y como anclaje contra las fuerzas hidrodinámicas durante la inmersión. Estudios en *Nostoc* sp., una cianobacteria filamentosa capaz de formar macrocolonias, muestran resistencia extrema a la desecación, radiación UV y oxidación, resaltándolo como un microorganismo capaz de adaptarse y resistir condiciones ambientales adversas como el cambio climático, sugiriendo estrategias fisicoquímicas, evolutivas y fisiológicas, relacionadas con los pigmentos protectores, la toma de nutrientes y la formación de su macrocolonias. Sin embargo, la relación que tienen estas cianobacterias con el medio que los rodea y los microorganismos con que coexisten en su hábitat es escasa, a pesar de las implicaciones ecológicas, como la posibilidad de ser un refugio para otros microorganismos y

otras aplicaciones biotecnológicas. Por ello, en esta investigación se realizó el estudio de las comunidades microbianas existentes dentro de las macrocolonias de *Nostoc* sp., y la detección de la identidad de dicha cianobacteria proveniente del bofedal altoandino ubicado en la Cuenca Culebra de Ancash. El registro de esta comunidad microbiana se hizo mediante el análisis de amplicones 16S *rRNA*, identificándose a *Commamonadaceae*, *Nostocaceae*, *Paludibacteraceae*, *Sphingomonadaceae*, *Spirochaetaceae*, *Beijerinckiaceae*, *Laptotrichiaceae*, *Rhodocyclaceae*, *Chitinophagaceae*, *Flavobacteriaceae*, *Moraxellaceae*, y *Hyphomicrobiaceae*, como los más abundantes. Mientras que la especie formadora de la macrocolonia es atribuida a la especie *Nostoc zetterstedtii* por sus características morfológicas y a *Nostoc sphaeroides* y *Nostoc sphaericum* basado en su localización filogenética y similitud de secuencias parciales del gen 16S *rRNA*.

Palabras claves: amplicones, EPS, macrocolonias, *Nostoc*, 16SrRNA.

Texto completo accesible en:
<https://cybertesis.unmsm.edu.pe/item/ad39e-2fd-60d1-4e3a-a4e9-24fe2be571e9>

Sofía Cristina Ana Rodríguez Venturo

Caracterización morfoecológica y de pigmentos de macrocolonias *Nostoc* de lagunas altoandinas del Perú

Tesis de Bióloga Microbióloga Parasitóloga

Universidad Nacional Mayor de San Marcos - Facultad de Ciencias Biológicas – Escuela Profesional de Microbiología y Parasitología

Asesora: Dra. Haydee Montoya Terreros

Email: haydmon@yahoo.com

2022

Nostoc es un género diverso de cianobacteria, son comunes tanto en ecosistemas acuáticos como terrestres, que incluyen hábitats extremadamente fríos y áridos. Diversos estudios demuestran que este género es complejo, diverso y muy heterogéneo, por lo cual, tiene muchos morfotipos, lo que ha conllevado a que muchas especies estén mal definidas y descritas. Esto convierte a *Nostoc* en un género desafiante en cuestión de su taxonomía, resultando necesario aplicar un enfoque más amplio para la caracterización de especies. En este trabajo se realizó una caracterización morfoecológica y de pigmentos de macrocolonias *Nostoc* nativos, recolectados en lagunas altoandinas de La Libertad, Ayacucho y Ancash, que incluyó también la evaluación de estrategias fisiológicas ante estrés hídrico y a altas dosis de radiación UV. Las macrocolonias recolectadas en La Libertad, Ayacucho y Ancash, fueron identificadas como *N. sphaericum*, *N. parmelooides* y *N. zetterstedtii*, respectivamente. Presentaron una complejidad de morfotipos y estadíos. En todas las muestras, tanto antes (0 h) y después de la exposición a radiación UV, se observaron concentraciones de compuestos absorbentes de radiación: clorofila-a, carotenoides, scitoneminas y aminoácidos tipo micosporinas (MAAs). Los cuales, aumentaron ante una exposición de radiación UV a corto plazo (6 h) y disminuyeron a largo plazo (20 h). *N. zetterstedtii* (Ancash) presentó las concen-

traciones más altas, para la clorofila-a los valores fueron de 14.74 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ (0 h), 18.99 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ (6 h) y 10.08 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ (20 h); para los carotenos, 22.49 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ (0 h), 38.29 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ (6 h) y 20.60 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ (20 h); para la scitonemina, 44.46 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ (0 h), 83.77 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ (6 h) y 58.82 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ (20 h); y para los MAAs, 257.36 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$, 487.65 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ y 359.68 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$. *N. parmelooides* fue más sensible a las exposiciones de radiación UV y presentó los valores más bajos de pigmentos, seguida de *N. sphaericum*. Además, se evidenció la capacidad de tolerancia hídrica para todas las muestras, siendo *N. parmelooides*, la que presentó menor tasa de desecación (80.35% de pérdida en 45 horas) y mayor tasa de hidratación (14.62% en 25 horas); y *N. zetterstedtii*, la que presentó un comportamiento más estable. Por lo tanto, la plasticidad fenotípica y las adaptaciones ecológicas, como la producción de pigmentos (scitoneminas y MAAs) y tolerancia a la desecación (congelamiento y descongelamiento) de las especies estudiadas, demuestran que son especies complejas y extremófilas que habitan en los ambientes altoandinos.

Palabras clave: *Nostoc*, morfotipos, pigmentos fotoprotectores, radiación UV, desecación, lagunas altoandinas

Texto completo accesible en:
<https://cybertesis.unmsm.edu.pe/item/0e7479c3-8a65-4752-a588-756f9e8a5935>

Ana Laura Aguilar Revilla

Determinación de fitoplancton perteneciente al lago urbano del bosque de San Juan de Aragón en Temporada de Lluvias y seca.

Tesis de Licenciatura en Biología

Universidad Nacional Autónoma de Biología

Asesor: Dr. Eberto Novelo

Correspondencia: doogue70@gmail.com

2024

El bosque de San Juan de Aragón se encuentra ubicado al oriente de la Ciudad de México, en la delegación Gustavo A. Madero, dentro de su área cuenta con un lago urbano, que es mayormente abastecido por la planta de tratamiento de aguas residuales "Tlacos" que se encuentra en la misma alcaldía. El objetivo de este estudio fue determinar al fitoplancton perteneciente al Lago del Bosque de San Juan de Aragón ubicado en la Ciudad de México, de cuatro muestreos realizados entre abril de 2017 y febrero de 2018 en cuatro puntos, embarcadero, zona norte, planta surtidora y planta de rebombeo. Se realizó la determinación de nutrimentos por medio de espectrofotometría, además de la toma de variables fisicoquímicas como: temperatura, pH, oxígeno disuelto, clorofila a y la turbidez por el Disco de Secchi. Se determinaron 36 especies pertenecientes a las divisiones Chlorophyta, Cyanoprokaryota Euglenophyta y Heterokontophyta, que cuentan con su descripción y fotografía, así como su distribución a nivel nacional e internacio-

nal. Las 36 especies se clasificaron como 8 especies dominantes, 19 especies frecuentes y 9 raras. Se reportan tres registros nuevos de especies para la CDMX. El lago se clasifica como hipertrófico para el mes de agosto del 2017 bajo la clasificación de la OCDE y por la presencia de especies dominantes reportadas en cuerpos de agua con similares características. Finalmente se concluyó que no hay un claro recambio de especies entre épocas de secas y lluvias, debido a que el lago cuenta con un abastecimiento constante de agua, nutrientes y diferentes condiciones que permiten la permanencia constante de estas especies. Se sugiere continuar con los estudios en este lago, pues pertenece a uno de los importantes pulmones de la Ciudad de México, y cuenta con mucha influencia de visitantes lo que aumenta la presión antropogénica sobre él.

Disponible en TESIUNAM: http://132.248.9.195/ptd2024/abr_jun/0857237/Index.html

Sofía Benítez Villalobos

Microbiota del relieve escultórico del bien inmueble “el Paraguas” del Museo Nacional de Antropología.

Tesis de licenciatura en Biología

Universidad Nacional Autónoma de México

Asesor: Dr. Eberto Novelo

Correspondencia: benitez.sophie@gmail.com

2024

Esta tesis estudia la microbiota asociada al relieve escultórico del Paraguas, una obra monumental que forma parte del Museo Nacional de Antropología (MNA) en México. Dicho inmueble presenta signos de alteración y deterioro que inicialmente se atribuían a la formación de sales, sin embargo, la presente investigación definió que las modificaciones eran generadas principalmente por la acción de microorganismos. El objetivo de esta investigación fue identificar, comprender y evaluar los organismos presentes en la interfaz del relieve escultórico de la columna del inmueble, considerando su diferente orientación y alturas. La investigación consistió en cuatro actividades principales: revisión de fotografías y resultados previos, toma de muestras, caracterización de las muestras, aislamiento de especies y análisis de resultados. Los datos obtenidos confirmaron que la capa de protección alberga organismos como: algas, protozoos, hongos, animales y plantas no vasculares. Además, se observó que su distribución está relacionada con la incidencia de los agentes externos, como es el caso de luz, humedad, agua, temperatura y vientos. El análisis y aislamiento de las especies mostró que

los hongos son los principales agentes de deterioro debido a que degradan los compuestos de la capa de protección y favorecen el establecimiento del resto de la microbiota a partir de la formación de un biofilm. La interfaz que recubre la columna del Paraguas está elaborada por ceras, compuestos orgánicos que pueden ser deteriorados por varios organismos, tal es el caso de los hongos. A partir de estos hallazgos, se propuso una modificación de la capa de protección a través del cambio en el porcentaje de material aplicado con el fin de disminuir el crecimiento de los organismos, especialmente el género *Cladosporium sp.* Los resultados hasta la fecha después de la modificación de la capa de protección que cubre al inmueble muestran que esta intervención ha reducido la presencia de microorganismos, lo que sugiere que se está ralentizado el proceso de biodeterioro. El escrito presenta a detalle la investigación llevada a cabo para destacar las implicaciones y las recomendaciones en la conservación del Paraguas.

Disponible en TESIUNAM: http://132.248.9.195/ptd2024/abr_jun/0857371/Index.html

DIRECTORIO

SOCIEDAD MEXICANA DE FICOLOGÍA

<https://somfico.org/>

COMITÉ EJECUTIVO NACIONAL 2023-2025

Ileana Ortigón-Aznar

Presidenta

Universidad Autónoma de Yucatán (UADY), Mérida,
Yucatán

e-mail: oaznar@correo.uady.mx

Dr. José Antolín Aké Castillo

Vicepresidente

Instituto de Ciencias Marinas y Pesquerías, Universidad
Veracruzana

e-mail: aake@uv.mx

Dr. Julio Adulfo Acosta Calderón

Secretario General

Universidad del Mar

e-mail: julio seaweed@gmail.com

Dra. Erika Fabiola Vázquez Delfín

Secretaria Académica

CINVESTAV Mérida

e-mail: erika.vazquez@cinvestav.mx

Dr. Armin Tuz Sulub

Secretario Administrativo

UADY

e-mail: tuz@correo.uady.mx

M. en C. Emmanuel Santos May

Secretario de Difusión y Extensión

UADY

e-mail: miva.uam@gmail.com

CRÉDITO DE FOTO DE LA PORTADA

Núcleos del hospedero (dinocación, cromosomas condensados) y del endosimbionte de *Durinskia báltica* (Levander) Carty et Cox. Microscopía confocal con epifluorescencia teñida con DAPI. Lago de Xochimilco. Microvideo de Edgar Jiménez Díaz (UNICUA) Fac. Ciencias, UNAM. Foto fija publicada en Lira et al. 2023. *Botanical Sciences* 101 (4): 1102-1114. DOI: 10.17129/botsci.3259. Agradecemos a *Botanical Sciences* y a su editora, Dra. Teresa Terrazas, por el permiso para publicar esta versión en video.