

Diatomeas de un río y su relación con variables ambientales en Argentina.
Las interpretaciones de los taxones, el caso de *Scenedesmus sensu lato*.



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
alemiciencias@gmail.com

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

Dra. 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:](#)

Dra. Pilar Mateo Ortega

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

[Algas tóxicas y FANs:](#)

Dra. 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 :](#)

Dra. Ligia Collado Vides

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

Dra. Rosaluz Tavera

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

[Ficología aplicada y biotecnología:](#)

Dra. Eugenia J. Olguín Palacios

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

Dra. Marcia G. Morales Ibarra

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
e-mail: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. 6 Núm. 3, septiembre – diciembre de 2020, es una publicación cuatrimestral editada por la Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Delegación 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, Del. Coyoacán, C.P. 04510, Ciudad de México, Tel. (55) 56225430, <http://cymbella.mx/>, enm@ciencias.unam.mx. Editor responsable: Dr. Eberto Novelo Maldonado. Reserva de Derechos al Uso Exclusivo: 04-2016-112410454200. 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, Del. Coyoacán, C.P. 04510, Ciudad de México, fecha de la última modificación, 14 de junio de 2021.

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.

DISTRIBUCIÓN ESTACIONAL DE LAS DIATOMEAS DE UN RÍO SERRANO. SU RELACIÓN CON LAS VARIABLES AMBIENTALES. SAN LUIS, ARGENTINA.

SEASONAL DISTRIBUTION OF DIATOMS OF A MOUNTAIN RIVER. ITS RELATIONSHIP WITH ENVIRONMENTAL VARIABLES. SAN LUIS, ARGENTINA.

Griselda Jorgelina Daruich^{1*}, Bianca Camila De Giuseppe¹, Gonzalo Zapico¹ y José Humberto Ulacco²

¹Universidad Nacional de San Luis, Fac. de Química, Bioquímica y Farmacia, ²Fac. de Ciencias Exactas y Naturales Ejército de los Andes 951 2do piso Bloque 1 -4520300 internos: 1657. San Luis capital. Argentina. CP: 5700

* E-mail: j.jorgelina@gmail.com

Daruich, G.J., B. C. De Giuseppe, G. Zapico, J. H. Ulacco. 2020. Distribución estacional de las diatomeas de un río serrano. Su relación con las variables ambientales. San Luis, Argentina. *Cymbella* 6(3): 115-129.

RESUMEN

Las asociaciones de diatomeas pueden reflejar la estructura y funcionamiento de los ecosistemas lóticos. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la distribución de las diatomeas en un río serrano de la provincia de San Luis, Argentina, en función de su diversidad y las variables ambientales. Se seleccionaron cuatro puntos distribuidos en el río Chico durante un ciclo anual. Se obtuvieron muestras de plancton, parámetros abióticos y mediciones de los principales nutrientes. Las diatomeas pennadas representaron la mayor riqueza de especies. La especie dominante fue *Cymbella affinis* en todos los sitios de muestreo durante el ciclo anual, la codominante *Cymbella cymbiformis*, la densidad de las especies asociadas varió estacionalmente. La riqueza se mantuvo constante, la diversidad aumentó en verano junto con equidad y la dominancia, asociado con la variabilidad de las condiciones. El importante recambio de especies permitió caracterizar este ambiente. Las variaciones de los factores fisicoquímicos influyeron en la com-

posición específica de diatomeas. La composición de especies se correspondió con el ecosistema, exhibiendo respuestas relacionadas directamente con las características ecológicas y climáticas particulares del ambiente, constituyendo una herramienta valiosa para medir la estabilidad de este y cuantificar los efectos que las perturbaciones podrían tener en los sistemas naturales.

Palabras clave: ambientes serranos, autoecología, ecosistemas lóticos, fitoplancton, taxocenosis

ABSTRACT

The diatom assemblages can reflect the structure and functioning of the lotic ecosystems. Our goal was to evaluate the distribution of diatoms in a mountain stream from San Luis, Argentina, based on their diversity and environmental variables. Four points distributed in the Chico stream were selected during an annual cycle. Samples of plankton, physicochemical parameters and main nutrients were obtained. Pennate diatoms represented the greatest

species richness. The dominant species was *Cymbella affinis* at all sampling sites during the annual cycle, codominant *Cymbella cymbiformis* was found, while the associated species varied seasonally. Species richness remained constant, while diversity increased in summer along with equity and dominance, which is associated with the variability of conditions. An important exchange of species was observed in the period studied, which allowed characterizing this environment. The variations of the physicochemical factors influenced the specific composition of the taxocenosis of diatoms at each time of the year. The species composition corresponded to the ecosystem, exhibiting responses that relate directly to the particular ecological and climatic characteristics of the environment, constituting a valuable tool to measure its stability and quantify the effects that disturbances could have on natural systems.

Keywords: autoecology, lotic ecosystems, mountain environments, phytoplankton, taxocenosis

INTRODUCCIÓN

Las variaciones en los factores físico-químicos generales en los ecosistemas lóticos presentan una amplia heterogeneidad espacio-temporal (Ward 1989). La interacción de estas variables ejerce una influencia sobre la distribución, interacciones y las adaptaciones de los organismos (Bojorge-García & Cantoral-Uriza 2007). Uno de los grupos más abundantes y representativos en los sistemas acuáticos dulceacuícolas está representado por las diatomeas (López & Altamirano 2011), de tal manera que en ríos suponen alrededor del 80-90 % de la comunidad de la comunidad fitoplanctónica (Rivas *et al.* 2010). Al igual que en otros organismos, la composición y distribución de las asociaciones de las diatomeas son el resultado de condiciones en el medio ambiente y en particular en los sistemas lóticos pueden reflejar la estructura y funcionamiento (Sabater *et al.* 1988). Debido a los atributos comunitarios de las diatomeas, i. e. distribución ubicuitaria, elevado número de especies, capacidad para colonizar diferentes ambientes y su respuesta a cambios del entorno, son consideradas como valiosos indicadores de la calidad del agua e importantes referentes geoambientales, que en conjunto con la disposición estratigráfica, estructural, el condicionamiento geomorfológico, el sistema de drenaje y las características provenientes de cada una de las etapas del desarrollo de la cuencas hidrográficas, conforman una interesante fuente de información que permite interpretar y contribuir al

conocimiento de las diatomeas de sistemas lóticos, así como establecer bases sólidas para los estudios futuros de monitoreo biológico y ambiental (Giaccardi *et al.* 2000).

En el centro de Argentina se han realizado estudios ficológicos en las cuencas de los ríos Tercero y Cuarto en la provincia de Córdoba, aportando conocimientos florísticos y autoecológicos (Luque *et al.* 1997; Luque & Martínez de Fabricius 2000; Martínez de Fabricius 1995; Martínez de Fabricius & Gari, 1996; Martínez de Fabricius *et al.* 2004). No obstante, hasta el presente existen escasos registros o estudios particulares del componente diatomológico de los ríos de San Luis, a excepción de los trabajos aportados por Daruich *et al.* 2005, 2013, 2017; por ende, se carece de una base florística robusta y confiable de diatomeas para nuestra provincia, la cual eventualmente permitiría hacer diagnósticos fundamentados sobre el estado ecológico de los sistemas lóticos locales y ofrecer un punto de referencia efectivo para la detección de eventualidades ambientales. Dada la abundancia de recursos hídricos y su importancia socioeconómica para la provincia de San Luis, y considerando los escasos antecedentes respecto al estudio de las diatomeas, el objetivo del presente trabajo fue evaluar la distribución de las diatomeas de un río serrano de la provincia de San Luis, Argentina en función de su diversidad y las variables ambientales.

ÁREA DE ESTUDIO

El área de estudio se ubica al Norte de la ciudad de San Luis, aproximadamente a 50 km, sobre la ruta provincial N° 3 (Fig. 1). La zona se extiende desde la localidad de Nogolí al Este y corresponde al escurrimiento superficial del flanco occidental de la Sierra de San Luis, representado por el río homónimo. La cuenca de este abarca una superficie de 300 km² aproximadamente, comprendida entre las coordenadas 66° 09' 13" - 66° 19' 19" O y 32° 48' 45" - 33° 01' 00" S; y está conformada por dos afluentes, Río del Molle y Río Chico. Sobre este último, se ha realizado el muestreo y desarrollado el presente estudio (Fig. 2). El sistema de drenaje responde a un patrón rectangular y paralelo en las porciones altas de la cuenca, luego adopta un patrón subdendrítico y por último uno entrelazado o distributivo. La altitud varía entre los 800 - 2000 m snm. Los sedimentos del río Chico, en general, están conformados por bloques menores a 0.5 m con un porcentaje aproximado de 10 %. Los clastos son subangulosos a redondeados y composicionalmente están conformados por esquistos y granitos en proporciones similares, con un predominio de los segundos.

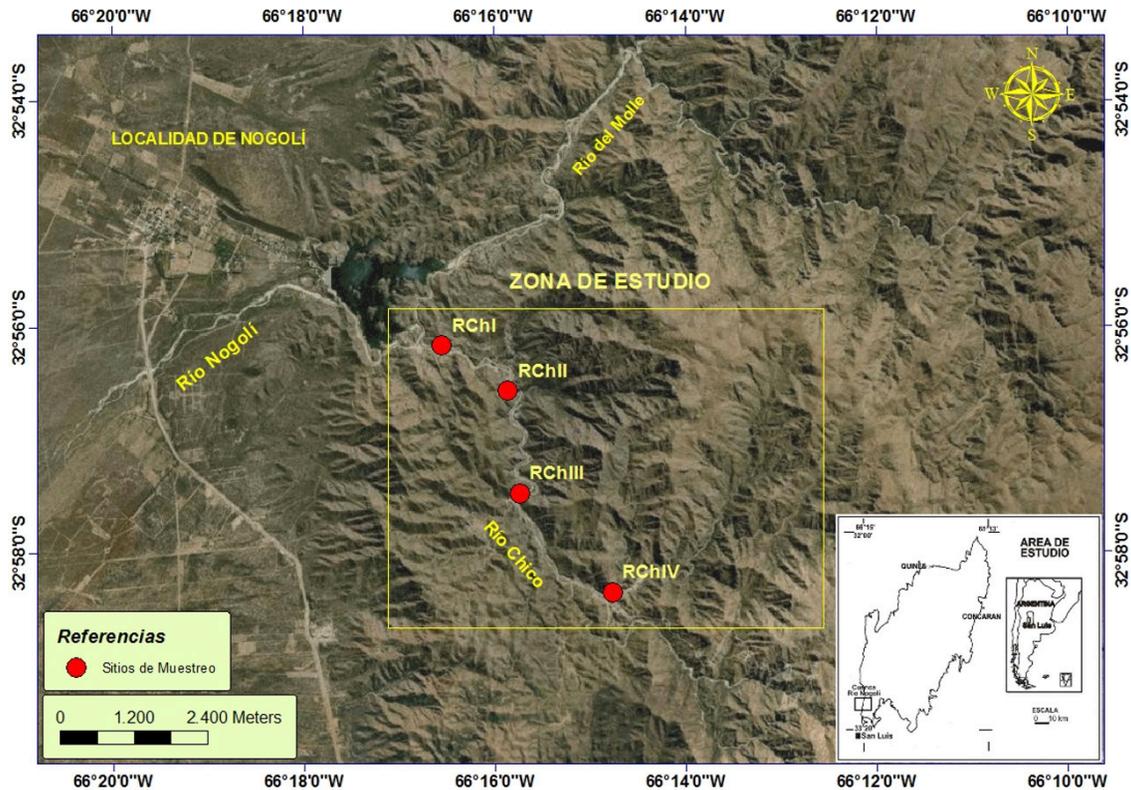


Figura 1. Área de estudio y localización de los sitios de muestreo.

Las fracciones predominantes en los sedimentos son las gravas con un porcentaje de 80 a 85 %, presentando un tamaño promedio de 6 cm y composicionalmente están formadas por granitos, metamorfitas y fragmentos de pegmatitas, predominado las dos primeras, sin embargo, los granitos se encuentran en proporciones de 50 a 70 %, aumentado su proporción río abajo. Las fracciones finas (arena, limo y arcilla) se encuentran en proporciones de 10 a 35 % en la masa de los sedimentos. Predomina la arena mediana, con variaciones gruesa a fina en sectores. Limo y arcilla se presentan en proporciones muy bajas. La composición de las arenas corresponde fundamentalmente a la composición de las rocas mencionadas, además, de cuarzo y feldespato (Ulacco *et al.* 2002).

MATERIALES Y MÉTODOS

Se trabajó con muestras de plancton obtenidas en cuatro puntos distribuidos en el río Chico: RChI (río Chico I), RChII (río Chico II), RChIII (río Chico III) y RChIV (río Chico IV) (Fig. 2). La recolección se realizó con una periodicidad estacional, durante un ciclo anual desde invierno de 2000 a otoño de 2001. Se analizó un total de 16 muestras obte-

nidas en el cauce central del río con una red de plancton de 25 µm de diámetro de abertura. Las muestras cuantitativas se obtuvieron por filtración de 100 litros de agua a través de red de igual abertura de malla. La colmatación de la red por la presencia de detritos y mucílago permite que organismos de menor tamaño queden retenidos en la red (Ferrario *et al.* 1995; Schwoerbel 1975). Simultáneamente se registraron parámetros físicos y químicos: temperatura, pH mediante el uso de P. Altronix M-206, conductividad con sensor Altronix CT2 y velocidad de corriente mediante el uso de un objeto flotante desplazado por el agua. Mientras que para la determinación de los sulfatos, nitratos, carbonatos, cloruro, sodio y potasio se siguieron las técnicas descritas en APHA-AWWA-WPCF (1992). En el laboratorio, las muestras planctónicas fueron fijadas con formaldehído al 4 %. Con el fin de facilitar y mejorar la identificación de las diatomeas fueron tratadas con agua oxigenada a 80 °C durante dos horas y posteriormente lavadas con agua destilada (Battarbee 1986). Los preparados permanentes se confeccionaron utilizando Naphrax® como medio de montaje (Hasle & Fryxell 1970). Los

Cuadro 1 (a), (b). Registros estacionales de las variables físico-químicas en los sitios de muestreo del río Chico, en el período Invierno 2000/Otoño 2001. Referencias: T°: Temperatura °C, Cond: Conductividad $\mu\text{S}/\text{cm}$, Caud: Caudal m^3/seg , Vcte: Velocidad de la corriente m/seg , Ca^{++} : calcio; Mg^{++} : magnesio; Na^+ : sodio; K^+ : potasio ; Cl^- : cloruro; $\text{CO}_3=$: carbonato; $\text{SO}_4=$: sulfato; $\text{NO}_3=$: nitrato. Sitios de muestreo: RChIV: río Chico IV, RChIII: río Chico III, RChII: río Chico II, RChI: río Chico I.

	INVIERNO 2000				PRIMAVERA 2000			
(a)	RChIV	RChIII	RChII	RChI	RChIV	RChIII	RChII	RChI
T° agua	13.3	11.2	11.9	13.6	20.4	25	23	20.5
T° amb.	17	17	14	17	25	28	30	33
pH	8.21	8.46	7.9	8.53	8.4	8.5	8.46	8.23
Cond.	743	828	1006	920	790	851	347	328
Caud.	0.662	0.117	0.13	0.358	0.250	0.170	0.050	0.220
Vcte	0.625	0.363	0.495	0.182	0.390	0.470	0.430	0.680
Ca^{++}	107.7	125.6	93.34	84.36	91.58	85.60	37.83	36.50
Mg^{++}	26.2	42.57	14.19	24.01	28.65	30.67	14.93	10.49
Na^+	27.85	19.25	23.93	19.25	49.81	62.78	20.56	15.22
Cl^-	46.08	36.16	41.12	38.29	19.54	22.75	8.56	7.49
K^+	13.75	13.33	10.64	9.94	11.50	6.50	8.65	7.05
$\text{CO}_3=$	177.2	127.7	904.4	103.6	401.86	469.75	256.08	249.38
$\text{SO}_4=$	250	525	155	230	20.4	25	23	20.5
$\text{NO}_3=$	0.2	0.2	0.1	0.1	25	28	30	33

	VERANO 2001				OTOÑO 2001			
(b)	RChIV	RChIII	RChII	RChI	RChIV	RChIII	RChII	RChI
T° agua	24	27	23	26	10	8	8	12
T° amb.	27	29	27	30	12	10	12	15
pH	7,9	8,2	8,2	8,2	8.3	8.2	8.2	8.2
Cond.	929	700	850	844	862	862	850	920
Caud.	0,45	0,38	0,2	0,13	0.43	0.321	0.7	0.212
Vcte	0,3	0,33	0,39	0,3	0.7	0.54	0.574	0.649
Ca^{++}	109,3	73,27	87,8	89,06	96.22	53.75	107	72.51
Mg^{++}	33,42	20,74	30,73	48,78	37.13	23.41	29.4	22.75
Na^+	48,1	46,6	59,3	50	49.55	24	62	33.5
Cl^-	33,53	32,01	41,16	37	8.81	5.56	8.57	13
K^+	4,36	3,73	3,91	2,155	8.3	8.2	8.2	8.2
$\text{CO}_3=$	467,6	431	504,3	508,5	255.2	177.7	483.7	92.46
$\text{SO}_4=$	125	205	270	245	300	166.7	425	300
$\text{NO}_3=$	0,1	0,2	0,2	0,13	30	16.67	42.5	30

recuentos se realizaron por transectas según el método propuesto por Villafañe & Reid (1995). Se reemplazó la cámara Sedgwick-Rafter por un portaobjetos y un cubreobjetos de 24 x 50 mm, en el portaobjeto se sedimentó una alícuota de 0.3 mL y se predeterminaron tres transectas horizontales equidistantes evitando los efectos de bordes. Se contaron más de una cámara hasta obtener un promedio de organismos constante, el cual se alcanzó con tres cámaras, excepcionalmente se contaron cinco y los valores se expresan en org/mL. La concentración de organismos se obtuvo mediante N/Vb ; para la obtención del área barrida se integraron las superficies de las tres transectas (longitud de cubreobjetos por el ancho del campo visual a 400 X) y en el valor de densidad (org/mL) se utilizó la fórmula: $C \times F'$ donde $F' = \text{Vol. filtrado} / \text{Vol. inicial}$. Para la identificación de especies se utilizaron trabajos de Krammer & Lange-Bertalot (1986, 1988, 1991) y varios de flora diatomológica regionales (Luque *et al.* 1997; Martínez de Fabricius & Gari 1996; Martínez & Corigliano 1989; Martínez *et al.* 2005). Para el ordenamiento sistemático se siguió la clasificación propuesta por Simonsen (1979). Además, se consultó la base de datos *AlgaeBase* (Guiry & Guiry 2020) para actualizaciones nomenclaturales.

ANÁLISIS ESTADÍSTICO

Para el análisis de la α Diversidad, se calcularon índices estándar tales como Shannon, Simpson y Margalef a partir de los cuáles se analizó la riqueza de especies y el número de individuos, a partir de los cuáles se analizó la riqueza de especies y la dominancia de éstas. Para complementar visualmente estos datos, se realizó un gráfico de SHE (Buzas & Hayek 1996; Hayek y Buzas 1997). Este análisis permite separar la contribución de la riqueza específica y la estructura de la comunidad en la diversidad alfa. En este análisis se descompone del índice de Shannon (H') para obtener la contribución del número de especies (S) y la equidad de la comunidad (E), de forma que $H' = \ln S + \ln E$. Para el cálculo de la β Diversidad, se utilizaron los índices de Cody y Whittaker, que se emplearon tanto de forma global (las cuatro estaciones en conjunto) como para todos los pares de estaciones. Se llevaron a cabo pruebas de T-Test de Diversidad (una versión optimizada de la prueba T de Student que emplea los índices de Shannon y Simpson), además de un Test de Permutación de Diversidad, para todos los pares de estaciones. Se realizaron dos análisis de correspondencia canónica (ACC) teniendo en cuenta la identificación a priori del gradiente estacional,

para las especies exclusivas de cada estación, así como para las comunes a partir de las variables ambientales. Finalmente, se realizó el método no paramétrico de Kruskal-Wallis (dado que los datos no presentaron los supuestos de normalidad y homogeneidad de varianzas) teniendo como factor las cuatro estaciones contra el número de individuos, junto con sus correspondientes Post-Hoc empleando la U-Mann-Whitney. Todos los análisis fueron llevados a cabo empleando el software de análisis estadístico PAST v.2.0 (Hammer *et al.* 2001).

RESULTADOS

Los resultados obtenidos de las variables ambientales se muestran en el Cuadro 1 (a), (b). El pH osciló entre 7.9 en RChII (río Chico II) y RChIV (río Chico IV) en invierno y en verano respectivamente y 8.53 en RChI (río Chico I) en invierno. La temperatura del agua varió en relación con los valores térmicos estacionales, registrándose las menores temperaturas en otoño e invierno y las temperaturas más altas en primavera y verano. La conductividad máxima se registró en RChII con 1006 $\mu\text{S}/\text{cm}$ en la estación de invierno. La velocidad de corriente fluctuó entre 0.7 m/seg en otoño y 0.18 m/seg en invierno. El caudal varió entre 0.050 m^3/seg en primavera en RChII y 0.662 m^3/seg en RChIV en invierno. Los valores de los aniones y cationes fueron más elevados en verano, alcanzando concentraciones importantes, en invierno. Los carbonatos fueron más elevados en verano en los cuatro sitios de muestreo, mientras que el nitrato en otoño, y el sulfato en invierno. Se determinaron un total de 53 taxones de especies de diatomeas de la Clase Bacillariophyceae. El Cuadro 2 (a), (b), (c) y (d) muestra la distribución de las abundancias totales y relativas observadas en las estaciones estudiadas. Las diatomeas pennadas representaron la mayor riqueza de especies constituyendo el 92.6 % de los taxones. También fueron dominantes en términos de abundancia sobre las centrales. Los géneros con mayor número de especies fueron *Gomphonema* (6) que se distribuyó en todas las estaciones; *Nitzschia* (5) se presentó en invierno, primavera y otoño; *Cymbella* (5) y *Navicula* (4) se observaron en todo el ciclo anual (Fig. 2). La especie dominante fue *Cymbella affinis* Kützing en todos los sitios de muestreo durante el ciclo anual. Como especie codominante *Cymbella cymbiformis*, en tanto que las especies asociadas variaron estacionalmente. En invierno las asociadas fueron *Diatoma vulgare* Bory, *Navicula radiosa* y *Ulnaria ulna*; en primavera *Cymbella cistula*, *Encyonema prostratum* y *Ulnaria ulna*. En verano, los taxones asociados estuvieron representadas por

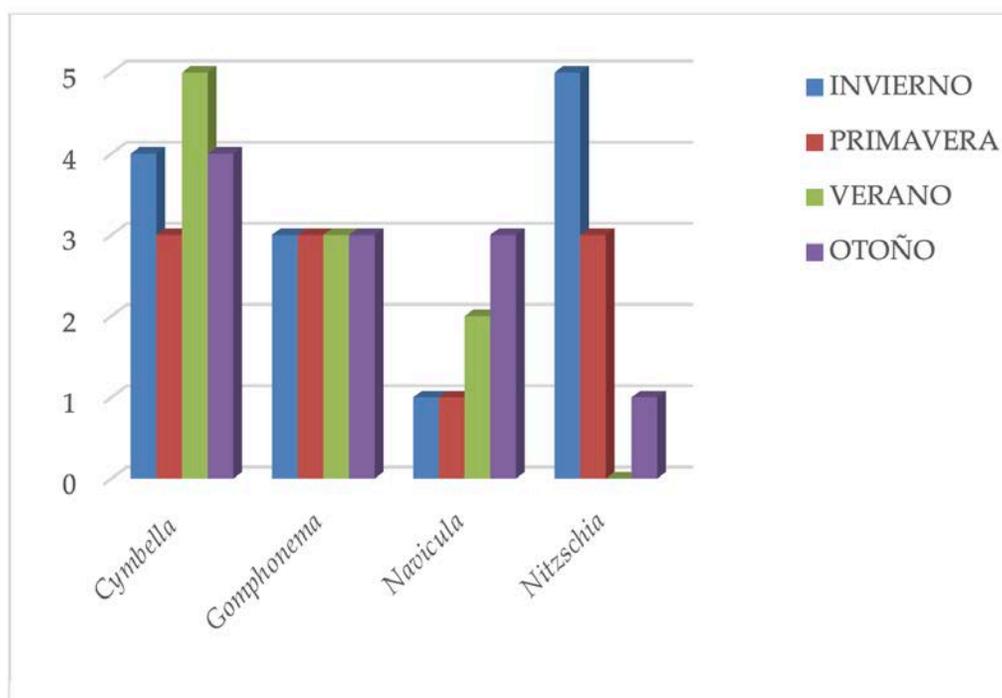


Figura 2. Géneros con mayor número de especies durante el periodo de muestreo 2000-2001.

Cuadro 2 (a, b, c, d). Distribución estacional de las especies en los sitios estudiados. Sitios de muestreo: RChIV: río Chico IV, RChIII: río Chico III, RChII: río Chico II, RChI: río Chico I. AT: Abundancia total, AR: Abundancia relativa.

a)

INVIERNO 2000	RChIV	RChIII	RChII	RChI	AT	AR
<i>Caloneis amphisbaena</i> (Bory) Cleve				84	84	0.0007
<i>Cocconeis fluviatilis</i> J.H. Wallace			253	168	421	0.0036
<i>Cocconeis placentula</i> var. <i>euglypta</i> (Ehrenberg) Grunow			126		126	0.0011
<i>Cymatopleura solea</i> (Brébisson) W. Smith				84	84	0.0007
<i>Cymbella affinis</i> Kützing	11392	16582	10548	7594	46116	0.3949
<i>Cymbella cystula</i> (Ehrenberg) O. Kirchner	126				126	0.0011
<i>Cymbella cymbiformis</i> C. Agardh	9282	9915	19831	13924	52952	0.4534
<i>Cymbella tumida</i> (Brébisson) Van Heurck				168	168	0.0014
<i>Cymbopleura amphicephala</i> (Nägeli ex Kützing) Krammer		801	717		1518	0.0130
<i>Diatoma vulgaris</i> Bory	379	2658	548	928	4513	0.0386
<i>Encyonema prostratum</i> (Berkeley) Kützing		84			84	0.0007
<i>Epithemia argus</i> (Ehrenberg) Kützing			168		168	0.0014
<i>Epithemia gibba</i> (Ehrenberg) Kützing				42	42	0.0004
<i>Gomphonema gracile</i> Ehrenberg		1308		464	1772	0.0152
<i>Gomphonema olivaceum</i> (Hornemann) Ehrenberg	15				15	0.0001
<i>Gomphonema parvulum</i> (Kützing) Kützing	42		42		84	0.0007
<i>Halamphora normanii</i> (Rabenhorst) Levkov			42		42	0.0004

<i>Navicula radiosa</i> Kützing	42	2151	1729	253	4175	0.0357
<i>Nitzschia amphibia</i> Grunow	84	84			168	0.0014
<i>Nitzschia dissipata</i> (Kützing) Rabenhorst		84			84	0.0007
<i>Nitzschia linearis</i> W. Smith		126			126	0.0011
<i>Nitzschia palea</i> (Kützing) W. Smith	126				126	0.0011
<i>Nitzschia sinuata</i> (Thwaites) Grunow			126		126	0.0011
<i>Planothidium lanceolatum</i> (Brébisson ex Kützing) Lange-Bertalot				126	126	0.0011
<i>Pseudostaurosira brevistriata</i> (Grunow) D.M. Williams & Round			42		42	0.0004
<i>Reimeria uniseriata</i> S.E. Sala	253	84			337	0.0029
<i>Staurosirella pinnata</i> (Ehrenberg) D.M. Williams & Round			42		42	0.0004
<i>Surirella ovalis</i> Brébisson			126		126	0.0011
<i>Ulnaria ulna</i> (Nitzsch) Compère	675	1392	632	295	2994	0.0256

b)

PRIMAVERA 2000	RChIV	RChIII	RChII	RChI	AT	AR
<i>Aulacoseira granulata</i> (Ehrenberg) Simonsen				7594	7594	0.2635
<i>Caloneis bacillum</i> (Grunow) Cleve			84		84	0.0029
<i>Cocconeis placentula</i> var. <i>lineata</i> (Ehrenberg) Van Heurck	42				42	0.0015
<i>Cymatopleura solea</i> (Brébisson) W. Smith			210	42	252	0.0087
<i>Cymbella affinis</i> Kützing	16075	33333	30590	15274	95272	3.3061
<i>Cymbella cistula</i> (Ehrenberg) O. Kirchner	1265	126	87	67	1545	0.0536
<i>Cymbella cymbiformis</i> C. Agardh	1265	421	717	3585	5988	0.2078
<i>Encyonema prostratum</i> (Berkeley) Kützing	168	675	8016	8859		0.3074
<i>Diatoma vulgare</i> Bory	842	421	632		1895	0.0658
<i>Epithemia adnata</i> (Kützing) Brébisson				84	84	0.0029
<i>Epithemia argus</i> (Ehrenberg) Kützing	843			1265	2108	0.0732
<i>Epithemia gibba</i> (Ehrenberg) Kützing	84				84	0.003
<i>Fragilariforma constricta</i> (Ehrenberg) D.M. Williams & Round			2320		2320	0.014
<i>Gomphonema gracile</i> Ehrenberg		253	1476		1729	0.0104
<i>Gomphonema parvulum</i> (Kützing) Kützing				675	675	0.0040
<i>Gomphonema truncatum</i> Ehrenberg			42		42	0.0003
<i>Navicula tripunctata</i> (O.F. Müller) Bory			126		126	0.0008
<i>Nitzschia lacuum</i> Lange-Bertalot			126		126	0.0008
<i>Nitzschia linearis</i> W. Smith		210	3502		3712	0.0222
<i>Nitzschia palea</i> (Kützing) W. Smith	126			464	590	0.0035
<i>Pinnularia borealis</i> Ehrenberg			84		84	0.0005
<i>Pseudostaurosira parasitica</i> (W. Smith) E. Morales		42	42	42	126	0.0008
<i>Ulnaria acus</i> (Kützing) Aboal		3164	1687		4851	0.0290
<i>Ulnaria ulna</i> (Nitzsch) Compère	506	5611	886	21814	28817	0.1726

c)

VERANO 2001	RChIV	RChIII	RChII	RChI	AT	AR
<i>Achnanthidium minutissimum</i> (Kützing) Czarnecki	42				42	0.0009
<i>Amphora pediculus</i> (Kützing) Grunow	84				84	0.0018
<i>Aulacoseira granulata</i> (Ehrenberg) Simonsen	0	6962	42		7004	0.1479
<i>Cocconeis placentula</i> var. <i>euglypta</i> (Ehrenberg) Grunow	84				84	0.0018
<i>Cocconeis placentula</i> var. <i>lineata</i> (Ehrenberg) Van Heurck	42				42	0.0009
<i>Cyclotella meneghiniana</i> Kützing			632	42	674	0.0142
<i>Cymbopleura amphicephala</i> (Nägeli ex Kützing) Krammer			8312	42	8354	0.1781
<i>Cymbella affinis</i> Kützing	2531	11603			14134	0.2984
<i>Cymbella affinis</i> f. <i>venter</i> Martínez de Fabricius	126		42		168	0.0035
<i>Cymbella cystula</i> (Ehrenberg) O. Kirchner	42				42	0.0009
<i>Cymbella cymbiformis</i> C. Agardh		2531			2531	0.0534
<i>Cymbella tumida</i> (Brébisson) Van Heurck			42		42	0.0009
<i>Diatoma vulgaris</i> Bory	10337	1476			11813	0.2494
<i>Encyonema minutum</i> (Hilse) D.G. Mann	42				42	0.0009
<i>Encyonema muelleri</i> (Hustedt) D.G. Mann	42				42	0.0009
<i>Encyonema prostratum</i> (Berkeley) Kützing					0	0.0009
<i>Epithemia gibba</i> (Ehrenberg) Kützing		126			126	0.0027
<i>Epithemia sorex</i> Kützing	84	42			126	0.0027
<i>Fragilariforma constricta</i> (Ehrenberg) D.M. Williams & Round		42	42		84	0.0018
<i>Geissleria decussis</i> (Østrup) Lange-Bertalot & Metzeltin	42				42	0.0018
<i>Gomphonema acuminatum</i> Ehrenberg		42	421		463	0.0098
<i>Gomphonema intricatum</i> Kützing	42				42	0.0009
<i>Hantzschia amphioxys</i> (Ehrenberg) Grunow	210				210	0.0044
<i>Luticola mobiliensis</i> (C.S. Boyer) A. Mayama	42				42	0.0009
<i>Meridion anceps</i> (Ehrenberg) D.M. Williams			253		253	0.0009
<i>Navicula menisculus</i> Schumann		42			42	0.0009
<i>Navicula radiosa</i> Kützing	42				42	0.0009
<i>Pinnularia borealis</i> Ehrenberg	253				253	0.0053
<i>Pinnularia divergens</i> W. Smith	42				42	0.0009
<i>Stauroneis phoenicenteron</i> (Nitzsch) Ehrenberg		42			42	0.0009
<i>Ulnaria acus</i> (Kützing) Aboal		0	210		210	0.0044
<i>Ulnaria ulna</i> (Nitzsch) Compère		126			126	0.0027

d)

OTOÑO 2001	RChIV	RChIII	RChII	RChI	AT	AR
<i>Achnanthydium minutissimum</i> (Kützing) Czarnecki	6751	2531	632		9914	0.0278
<i>Amphora pediculus</i> (Kützing) Grunow	84		42		126	0.0004
<i>Cocconeis placentula</i> var. <i>lineata</i> (Ehrenberg) Van Heurck	84	42			126	0.0004
<i>Cyclotella meneghiniana</i> Kützing			42		42	0.0001
<i>Cymatopleura solea</i> (Brébisson) W. Smith	253				253	0.0007
<i>Cymbella affinis</i> Kützing	80168	54852	88607	78059	301686	0.8451
<i>Cymbella affinis</i> f. <i>venter</i> Martínez de Fabricius	42	253	42	42	379	0.0011
<i>Cymbella cistula</i> (Ehrenberg) O. Kirchner		42	42		84	0.0002
<i>Cymbella cymbiformis</i> C. Agardh	7088	2109	210	210	9617	0.0269
<i>Cymbopleura amphicephala</i> (Nägeli ex Kützing) Krammer	801	168	464	42	1475	0.0041
<i>Diatoma vulgare</i> Bory	337	337	464	42	1180	0.0033
<i>Encyonema minutum</i> (Hilse) D.G. Mann	42	42	84		168	0.0005
<i>Encyonema prostratum</i> (Berkeley) Kützing	84				84	0.0002
<i>Epithemia gibba</i> (Ehrenberg) Kützing		42			42	0.0001
<i>Fragilariforma constricta</i> (Ehrenberg) D.M. Williams & Round		42	42		84	0.0002
<i>Gomphonema acuminatum</i> Ehrenberg	42	126			168	0.0005
<i>Gomphonema gracile</i> Ehrenberg	1139		126	42	1307	0.0037
<i>Gomphonema intricatum</i> Kützing	1054		379	42	1475	0.0041
<i>Hantzschia amphioxys</i> (Ehrenberg) Grunow	42				42	0.0001
<i>Karayevia clevei</i> (Grunow) Bukhtiyarova	42				42	0.0001
<i>Luticola mobiliensis</i> (C.S. Boyer) Mayama	42				42	0.0001
<i>Meridion anceps</i> (Ehrenberg) D.M. Williams	1054	20337	1126		22517	0.0631
<i>Navicula capitatoradiata</i> Germain ex Gasse			42		42	0.0001
<i>Navicula radiosa</i> Kützing		210	84	42	336	0.0009
<i>Navicula tripunctata</i> (O.F. Müller) Bory	253	42			295	0.0008
<i>Nitzschia amphibia</i> Grunow			42		42	0.0001
<i>Pinnularia borealis</i> Ehrenberg			42		42	0.0001
<i>Planothidium lanceolatum</i> (Brébisson ex Kützing) Lange-Bertalot		42	42	42	126	0.0004
<i>Reimeria uniseriata</i> S.E. Sala	15	42	42		99	0.0003
<i>Stausirella pinnata</i> (Ehrenberg) D.M. Williams & Round	42				42	0.0001
<i>Ulnaria acus</i> (Kützing) Aboal	0	295	126	0	421	0.0012
<i>Ulnaria ulna</i> (Nitzsch) Compère	1983	717	928	1054	4682	0.0131

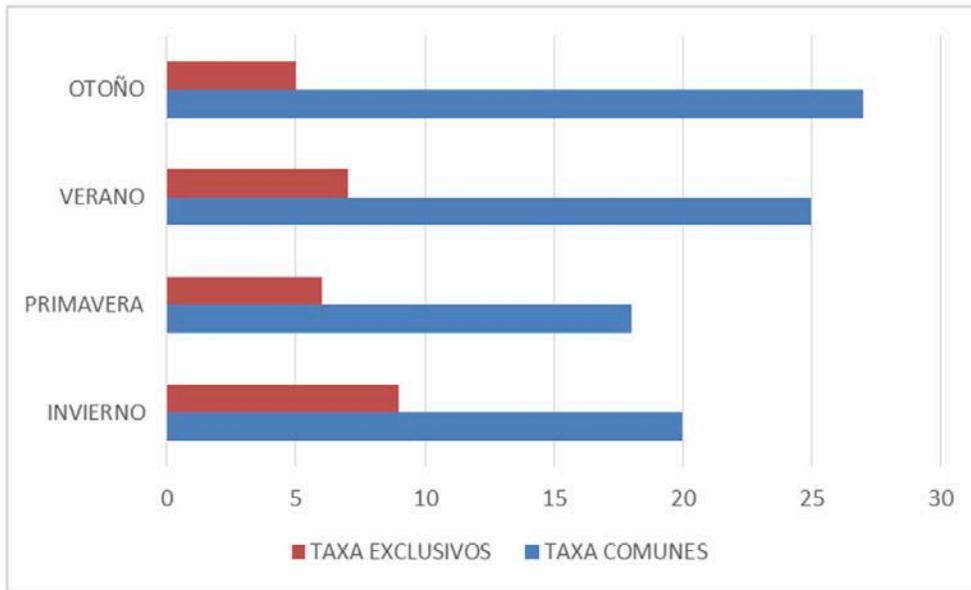


Figura 3. Número de taxones comunes y exclusivos durante el periodo de muestreo 2000-2001.

Cuadro 3. Valores de los índices ecológicos observados durante el período de muestreo 2000-2001.

	INVIERNO	PRIMAVERA	VERANO	OTOÑO
Taxa_S	29	24	32	32
Individuos	116787	167005	47369	286009
Simpson_1-D	0.6346	0.6366	0.7919	0.3404
Shannon_H'	1.34	1.57	1.852	0.8531
Margalef_D _{Mg}	2.4	1.913	2.88	2.467
Equidad_J	0.3979	0.4941	0.5343	0.2462

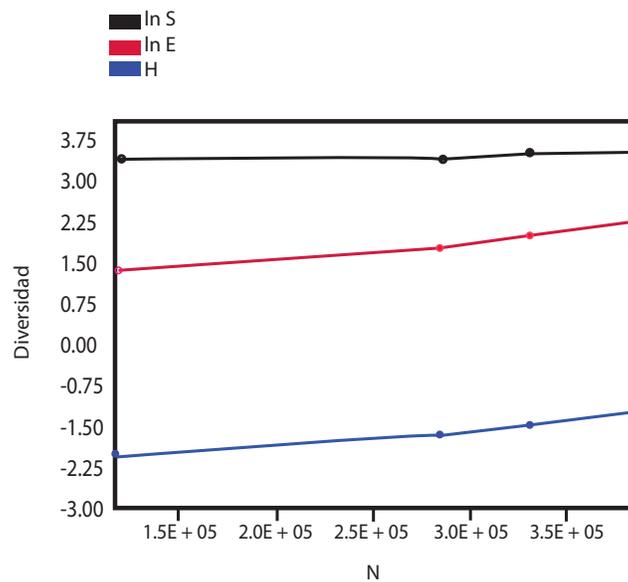


Figura 4. Resultados del análisis SHE durante el periodo de muestreo 2000-2001.

Aulacoseira granulata, *Cymboppleura amphicephala* y *D. vulgaris*; en tanto que en otoño fueron *Achnanthydium minutissimum*, *Meridion anceps* y *Ulnaria ulna*. En la Fig. 3 se presentan los taxones comunes y exclusivos durante el ciclo anual. El número de taxones comunes presentó variación estacional, otoño presentó el mayor número de taxones comunes e inversamente, en esta estación se determinó el menor número de taxones exclusivos. Mientras que primavera presentó el menor número de especies comunes e invierno el mayor número de taxones exclusivos.

Se contabilizaron un total de 617, 170 valvas. Cabe señalar que, del total, sólo dos taxones contribuyeron a más del 80 % de las valvas contabilizadas: *C. affinis* con 457, 208 valvas (74 %) y *C. cymbiformis* con 71, 088 valvas (11.4 %), representando así, las especies más frecuentes y abundantes en los sitios de muestreo. Sin embargo, las asociaciones en todos los puntos de muestreo se caracterizaron por presentar pocas especies con elevadas abundancias. En el presente estudio, para fines prácticos, se consideró las especies representadas por un número de individuos (dos valvas) de 400 o más. En el Cuadro 3 se presentan los valores calculados de los índices ecológicos para todos los sitios de muestreo durante el ciclo anual. Los valores de diversidad (índice de Shannon (H'), índice de Simpson:1-D) se compararon mediante el Test de diversidad no existiendo diferencias significativas ($p = 0.0001$) durante el periodo estudiado. El test de Kruskal-Wallis no mostró diferencias significativas entre las estaciones de muestreo ($p < 0.05$). La variación de los valores de riqueza (S) para los sitios estudiados fue la siguiente: el mayor número de especies se registró en verano ($S = 32$) y en otoño ($S = 32$), el valor menor fue en primavera ($S = 24$). Los valores más altos de diversidad, equidad y dominancia para todos los sitios muestreados se registraron en verano.

La representación gráfica del análisis SHE manifestó una riqueza uniforme ($\ln S$) mientras que la equidad, aumentó ($\ln E$) junto a la diversidad (H) durante el período de muestreo (Fig. 4). La aproximación beta de la diversidad (β), buscó estimar el recambio de especies durante el ciclo anual estudiado, mediante el cálculo de los índices de Whittaker ($\beta_W = 1.0855$) y Cody ($\beta_C = 45$). Los resultados indicaron que el recambio de especies fue alto y el mayor reemplazo de especies se dio entre la estación invierno y verano (Cuadro 4). El análisis de correspondencia canónico (ACC) se realizó sobre la distribución de las especies abundantes (400 valvas o más) respecto a las variables fisicoquímicas de cada estación durante el ciclo anual (Fig. 5). *Cymbella affinis* (CAFF), *Cymbella cymbiformis* (CCYM),

Cymboppleura amphicephala (CYAM), *Diatoma vulgaris* (DVUL), *Gomphonema gracile* (GGRA), *Navicula radiosa* (NRAD) y *Ulnaria ulna* (UULN) en invierno, estuvieron asociadas con la conductividad, caudal, cationes sodio y potasio, y sulfato. *Aulacoseira granulata* (AGRA), *Cymbella affinis* (CAFF), *Cymbella cymbiformis* (CCYM), *Cymbella cystula* (CCIS), *Cyclotella meneghiniana* (CMEN), *Diatoma vulgaris* (DVUL), *Encyonema prostratum* (ENPR), *Epithemia argus* (EARG), *Fragilariforma constricta* (FCON), *Gomphonema gracile* (GGRA), *Nitzschia linearis* (NLIN), *Ulnaria acus* (UACU) y *Ulnaria ulna* (UULN), en primavera se encontraron influenciadas por la temperatura. *Aulacoseira granulata* (AGRA), *Cymbella affinis* (CAFF), *Cymbella cymbiformis* (CCYM), *Cymboppleura amphicephala* (CYAM), *Cyclotella meneghiniana* (CMEN), *Diatoma vulgaris* (DVUL), en verano se asociaron al magnesio, cloruro, carbonato y nitrato. Por último, *Achnanthydium minutissimum* (ADMI), *C. affinis* (CAFF), *C. cymbiformis* (CCYM), *Cymboppleura amphicephala* (CYAM), *Diatoma vulgaris* (DVUL), *Gomphonema gracile* (GGRA), *Meridion anceps* (MANC) y *Ulnaria ulna* (UULN) con el pH y la velocidad de la corriente (V_{cte}) en otoño.

DISCUSIÓN

Las diatomeas pennales se destacaron sobre las centrales coincidiendo con lo registrado en otros ríos serranos de San Luis (Daruich *et al.* 2013) y del centro del país, donde las diatomeas centrales estuvieron poco representadas, típico de ambientes lóticos de bajo orden (Galea *et al.* 2014; Luque & Martínez de Fabricius 2003, 2005). Si bien el muestreo se basó en diatomeas planctónicas, existió una gran proporción de organismos procedentes del bentos. La escasa profundidad de ríos y arroyos serranos contribuye a que se encuentre un elevado número de especies comunes a ambas comunidades tanto planctónica como bentónica (Luque & Martínez de Fabricius 2002). Esto ocurrió en el río Chico con los géneros que aportaron mayor número de especies. La estructura de la comunidad mostró a través del análisis SHE que la riqueza de especies se mantuvo constante, en tanto que la diversidad aumentó en verano junto con la equidad y la dominancia, lo que se asoció con la variabilidad de las condiciones ambientales presentes en esa época. En otoño, *C. affinis* contribuyó a más del 95 % a la biomasa total aumentando considerablemente su abundancia, lo que trajo aparejado una disminución de la diversidad, equidad y dominancia respecto de las otras épocas del año. Se podría inferir, en términos generales, que la diversidad biológica en el río Chico se vio afectada por la variabilidad ambiental, lo que originó cambios

Cuadro 4. Resultados de los índices de β diversidad durante el periodo 2000-2001: Interpares de βW y βC estacionales

		INTERPARES			
		Otoño	Invierno	Primavera	Verano
βW	Otoño	0	0.5082	0.53571	0.34375
	Invierno	0.5082	0	0.50943	0.63934
	Primavera	0.53571	0.50943	0	0.57143
	Verano	0.34375	0.63934	0.57143	0
βC	Otoño	0	15.5	15	11
	Invierno	15.5	0	13.5	19.5
	Primavera	15	13.5	0	16
	Verano	11	19.5	16	0

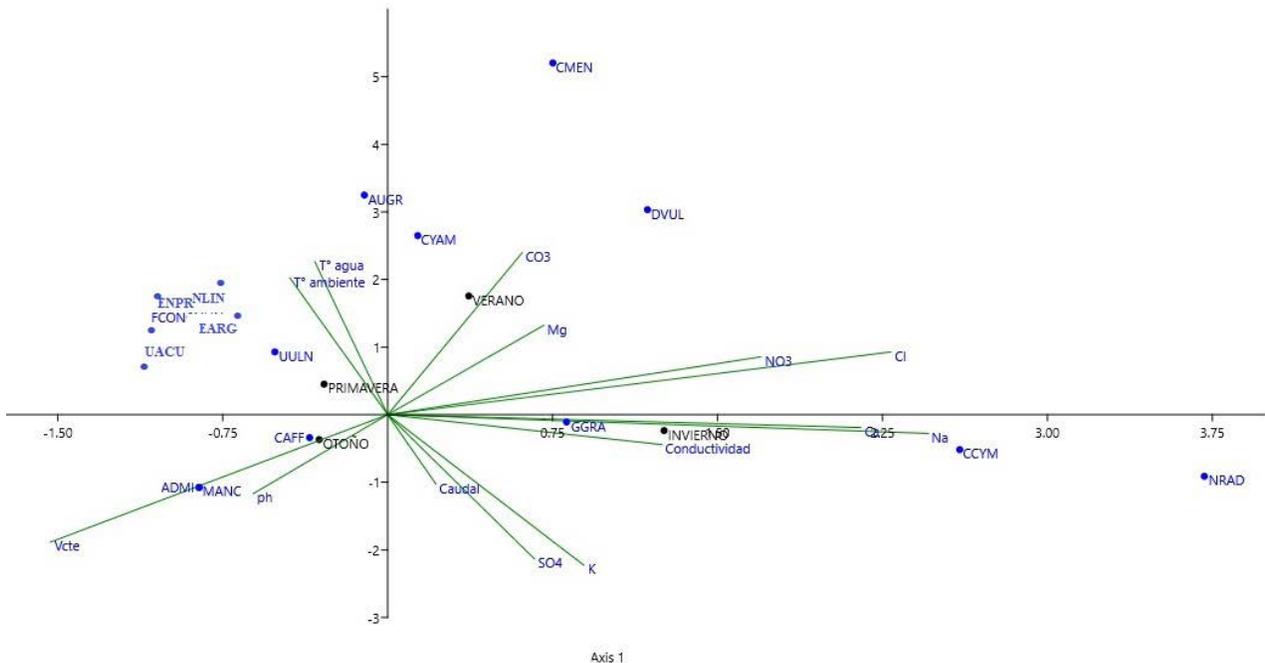


Figura 5. Ordenamiento obtenido con el análisis de correspondencia canónica (ACC) que muestra la distribución de las especies dominantes con las variables fisicoquímicas. *A. granulata* (AGRA), *A. minutissimum* (ADMI), *C. affinis* (CAFF), *C. ampiccephala* (CYAM), *C. cymbiformis* (CCYM), *C. meneghiniana* (CMEN), *D. vulgaris* (DVUL), *E. prostratum* (ENPR), *E. argus* (EARG), *F. constricta* (FCON), *G. gracile* (GGRA), *M. anceps* (MANC), *N. radiosa* (NRAD), *N. linearis* (NLIN) *U. acus* (UACU) y *U. ulna* (UULN), en función del caudal, pH, temperatura, conductividad, Vcte: Velocidad de la corriente, Ca⁺⁺: calcio, Mg⁺⁺: magnesio, Na⁺: sodio, K⁺: potasio, Cl⁻: cloruro, CO₃⁼: carbonato, SO₄⁼: sulfato, NO₃⁼: nitrato.

en los valores de la diversidad de las especies. Fue notable la predominancia de *Cymbella affinis* durante el ciclo anual. Esta especie alcalófila y oligohalobia, de amplia distribución en ríos y lagos en Argentina (Sala 1996), resultó ser representativa tanto en términos cualitativos y cuantitativos en el río estudiado, ya que junto con *Cymbella cymbiformis* representaron más del 80 % de la biomasa total. La asociación de especies dominantes y codominantes se mantuvo estable durante todo el periodo estudiado y podría interpretarse como un reflejo de un estado de equilibrio de este ecosistema (López-Mendoza *et al.* 2015). En contraposición con lo anterior, Buendía-Flores *et al.* (2019) proponen un sistema competitivo con períodos de estabilidad muy cortos para la diatomea bentónica *C. meneghiniana*. Esta especie observada en ríos y arroyos de Argentina (Galea *et al.* 2014; Luque & Martínez de Fabricius 2003, 2005), contribuyó con un 80 % de la abundancia total del lago estudiado, los autores relacionaron que la sostenida disminución de la diversidad se debe a condiciones de alteración urbana y agropecuaria del sitio, indicando que hay respuestas de cierto ajuste de las especies dominantes, que son continuas. El río Chico es considerado un ambiente prístino, alejado de asentamientos urbanos, la estructura de la taxocenosis de diatomeas observada en el mismo se asociaría con estados de estabilidad determinados por la abundancia continua de *Cymbella affinis* durante el ciclo anual.

La composición y estructura de las diatomeas del río Chico permitieron generar sucesiones de especies a través del ciclo anual. Los ensamblajes de las diatomeas tuvieron una composición general similar en los diferentes tramos del río, pero no significaron estar compuestas por las mismas especies; si bien las asociaciones son similares, su composición es particular a cada sitio. El mayor recambio de especies producido en verano favoreció el aumento de diversidad, reflejando condiciones óptimas para el desarrollo de las diatomeas planctónicas que se relacionan a factores hidrológicos y fisicoquímicos del río Chico de esa estación del año, por lo tanto, a través de la estimación beta se pudo definir apropiadamente el tramo del río en estudio (Koleff *et al.* 2003).

Las variaciones de los factores fisicoquímicos influyeron en la composición específica de la taxocenosis de diatomeas en cada época del año, permitiendo, además, la presencia de especies exclusivas en cada estación. La existencia de un elevado número de taxones esporádicos en los sitios de muestreo se ha presentado en otras regiones del país (Anselmi de Manavella & García de Emiliani 1995; Luque

et al. 1997; Taboada *et al.* 2015). *C. affinis*, la especie dominante en todo el ciclo anual registró su máxima abundancia en otoño, favorecida por valores altos de pH y velocidad de la corriente; mientras que la codominante *C. cymbiformis* en invierno se vio favorecida por el aumento del caudal, conductividad, sulfato y potasio. En primavera, la temperatura influyó en la permanencia y establecimiento de especies exclusivas que fueron abundantes como *N. linearis*, *F. constricta* y *E. argus*. Según Darley (1982) la temperatura provoca una fuerte influencia sobre el metabolismo de los organismos, por ejemplo, cambios en la tasa fotosintética y en los tiempos de reproducción sexual y asexual. *U. ulna*, si bien fue frecuente en todos los sitios de muestreo, considerada como asociada, mostró su dominancia en esta estación y a pesar de ser una especie reófila responde a un amplio intervalo de condiciones ambientales (Sala 1996; Salomoni *et al.* 2006; Sosa *et al.* 2011). En verano, el aumento de la diversidad incorporó diatomeas centrales como *A. granulata* y *C. meneghiniana*, concomitante con el aumento de los carbonatos y nitratos. *A. granulata* está adaptada a grandes variaciones de intensidades de luz y turbulencias (Zalócar de Domitrovic *et al.* 2007). Según Mangadze *et al.* (2017) las asociaciones de diatomeas son indicadores de las características hidromorfológicas, además de la conductividad y la composición iónica del agua.

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos de la distribución estacional de las diatomeas del río Chico, que forman parte de la cuenca alta del río Nogolí permitieron, por un lado, reconocer las especies que persisten en su recorrido y por otro, definir las asociaciones de diatomeas. Aun faltando elementos para explicar completamente la ecología de las diatomeas de toda la cuenca, se concluye que la composición de especies se correspondió al ecosistema. Las diatomeas dominantes exhibieron respuestas que se relacionaron de manera directa con las características ecológicas y climáticas e hidrogeoquímicas particulares del ambiente estudiado. La sustitución de las especies dominantes, codominantes y asociadas en el río Chico se correspondió con variaciones espaciales y temporales. Los cambios que sufrió la estructura de la comunidad y las diferencias que existieron en las formas de agrupación constituyen importantes instrumentos para la evaluación de las condiciones ambientales en estos sistemas lóticos. Si bien, la diversidad no es estrictamente una medida de impacto en los ríos, es una herramienta valiosa para medir la estabilidad de un ecosistema

y cuantificar los efectos que las perturbaciones podrían tener en los sistemas naturales.

REFERENCIAS

- Anselmi de Manavella, M.I. & M.O. García de Emiliani. 1995. Composición y dinámica del fitoplancton en una sección transversal del Río Correntoso (Llanura aluvial del Río Paraná). *Revista Asociación Ciencias Naturales Litoral* 26: 39-54.
- APHA-AWWA-WPCF (American Public Health Association, American Water Works Association, Water Environment Federation). 1992. *Métodos normalizados para el análisis de aguas potables y residuales*. Ediciones Díaz de Santos, S.A., Madrid.
- Battarbee, R.W. 1986. Diatom analysis. In: E. Berglund & M. Ralska-Jasiewiczowa (Eds.) *Handbook of Holocene Palaeoecology and palaeohydrology*. Wiley, Chichester, pp. 527-570.
- Bojorge-García, M.G. & E.A. Cantoral-Uriza. 2007. Estructura comunitaria de diatomeas asociadas a talos de Prasiola mexicana (Chlorophyta) en el río Magdalena, D.F. *Hidrobiológica* 17: 11-24.
- Buendía-Flores, M., R. Tavera, E. Novelo & S. Espinosa-Matías. 2019. Composición florística y diversidad de diatomeas bentónicas del lago Chalco, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 90: e902794.
- Buzas, M.A. & L.C. Hayek. 1996. Biodiversity resolution: an integrated approach. *Biodiversity Letters* 3: 40-43.
- Darley, W.M. 1982. *Algal Biology: A physiological approach*. Blackwell Scientific Publications, Oxford, London.
- Daruich, G.J., M.A. Gil & L.E. Moreno. 2017. Diatomeas empleadas en la evaluación de la calidad del agua en 3 cuencas de la provincia de San Luis (Argentina). *Natura Neotropicalis*. 2: 19-35.
- Daruich, J., A.L. Martínez de Fabricius & J.H. Ulacco. 2005. Epilithic algae from Nogolí River (San Luis, Province). *Biocell* 29: 360.
- Daruich, G.J., S. Tripole, M.A. Gil & A. Vallania. 2013. Algal and cyanobacterial communities in two rivers of the province of San Luis (Argentina) subjected to anthropogenic influence. *Acta Limnologica Brasiliensia* 25: 79-90.
- Ferrario, M.E., E. Sar & S. Sala. 1995. Metodología básica para el estudio del fitoplancton con especial referencia a las diatomeas. In: K. Alveal; M.E. Ferrario; E.C. Oliveira & E. Sar (Eds.) *Manual de Métodos Ficológicos*. Universidad de Concepción, Concepción, pp: 1-24.
- Galea, M.J., G.I. Bazán, S.B. Álvarez & A.L. Martínez de Fabricius. 2014. Estudio del fitoplancton aguas arriba y aguas abajo del dique embalse Casa de Piedra, río Colorado (La Pampa, Argentina). *Biología Acuática* 30: 287-300.
- Giaccardi, A., H. Ulacco & D. Aguilera. 2000. Caracterización geológica y estratigráfica de la Cuenca de Beazley, San Luis, Argentina. *2ª Reunión Nacional de Ciencias de la Tierra*. 20, N° 3 de GEOS. México.
- Guiry, M.D. & G.M. Guiry. 2020. AlgaeBase. World-wide electronic publication, National University of Ireland, Galway. <http://www.algaebase.org>. (Acceso 5 de marzo de 2020).
- Hammer, O., D.A.T. Harper & P.D. Ryan. 2001. PAST: Paleontological Statistical software package for education and data analysis. *Paleontologia Electronica* 4: 1-9.
- Hasle, G.R. & A. Fryxel. 1970. Diatoms; Cleaning and mounting for light and electron microscopy. *Transactions of the American Microscopical* 89: 469-474.
- Hayek, C.L. & M.A. Buzas. 1997. Surveying natural populations. Columbia University Press, New York.
- Koleff, P., K.J. Gaston & J.J. Lennon. 2003. Measuring Beta diversity for presence-absence data. *Journal of Animal Ecology* 72: 367-382.
- Krammer, K. & H. Lange-Bertalot. 1986. Bacillariophyceae 1. Teil: Naviculaceae. t A. Pascher, H. Ettl, J. Gerloff, H. Heynig, & D. Mollenhauer (Eds.) *Süsswasserflora von Mitteleuropa*, 2: G. Fischer, Jena.
- Krammer, K. & H. Lange-Bertalot. 1988. Bacillariophyceae 2. Teil: Bacillariaceae, Epithemiaceae, Surirellaceae. In: A. Pascher, H. Ettl, J. Gerloff, H. Heynig, & D. Mollenhauer (Eds.) *Süsswasserflora von Mitteleuropa*, 2: G. Fischer, Jena.
- Krammer, K. and H. Lange-Bertalot. 1991. Bacillariophyceae 3. Teil: Centrales, Fragilariaceae, Eunotiaceae. Unter Mitarbeit von H. Håkansson und M. Nörpel. In: A. Pascher, H. Ettl, J. Gerloff, H. Heynig, & D. Mollenhauer (Eds.) *Süsswasserflora von Mitteleuropa*, 2. G. Fischer, Stuttgart, Jena.
- López F., O. & M.C. Altamirano. 2011. Diatomeas bentónicas de los oasis de Baja California Sur [Informe Final SNIB- CONABIO, Proyecto No. HJ032]. Universidad Autónoma de Baja California Sur, La Paz.
- López-Mendoza, Z., R. Tavera & E. Novelo. 2015. El fitoplancton de un canal de Xochimilco y la importancia de estudiar ecosistemas acuáticos urbanos. *TIP Revista Especializada en Ciencias Químico-Biológicas* 18: 13-28.
- Luque, M.E., E.N. Gari & A.L. Martínez de Fabricius. 1997. Fitoplancton y fitobentos de la cuenca superior del río Chocancharava (ex Cuarto) (Córdoba, Argentina). *Revista Universidad Nacional de Río Cuarto* 17: 49-67.
- Luque, M.E. & A.L. Martínez de Fabricius. 2000. Ficoflora fitoplanctónica y epilítica del río Piedra Blanca (Córdoba, Argentina). *Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica* 35: 21-32.
- Luque, M.E. & A.L. Martínez de Fabricius. 2002. Distribución temporal de algas epilíticas en el río Piedra Blanca (Córdoba, Argentina). *Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica* 37: 29-39.
- Luque, M.E. & A.L. Martínez de Fabricius. 2003. Distribución temporal del fitoplancton y epilítion en el río Pie-

- dra Blanca (Córdoba, Argentina). *Limnetica* 22: 19-34.
- Luque, M.E. & A.L. Martínez de Fabricius. 2005. Algas fitoplanctónicas del Río Piedra Blanca (Córdoba, Argentina) y su relación con los factores ambientales. *Lilloa* 42: 69-79.
- Mangadze, T., R.J. Wasserman & T. Dalu. 2017. Use of diatom communities as indicators of conductivity and ionic composition in a small Austral temperate river system. *Water, Air, & Soil Pollution*, 228: 428.
- Martínez de Fabricius, A.L. 1995. Bacillariophyceae del río Cuarto (Córdoba), nuevas o raras para la Argentina. *Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica* 31: 41-47.
- Martínez de Fabricius, A.L. & M. del C. Corigliano. 1989. Composición y distribución de comunidades algales en el río Ctalamochita (Córdoba, Argentina). *Revista de la Universidad Nacional de Rio Cuarto* 9: 5-13.
- Martínez de Fabricius, A.L. & E.N. Gari. 1996. Estudios sistemáticos de las Bacillariophyceae del Río Grande (Depto. Calamuchita, Córdoba, Argentina). Pennales III. *Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica* 32: 21-35.
- Martínez de Fabricius, A.L., M.E. Luque & E.N. Gari. 2004. Estructura espacial y temporal del fitoplancton en ríos y arroyos serranos de la cuenca del río Cuarto (Argentina). Caracterización biológica de la calidad del agua. Resúmenes I Congreso Sudamericano de Ficología. I Congreso Peruano de Ficología: 25. Lima, Perú.
- Martínez de Fabricius, A.L., M.E. Luque & M. Boccolini. 2005. Diatomeas planctónicas de cursos de agua: Cuenca del Río Piedra Blanca (Córdoba, Argentina). *Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica* 40: 183-198.
- Rivas, A.W., R.E. Gómez & A.J. Monterrosa. 2010. Consideraciones generales para el estudio y monitoreo de diatomeas en los principales ríos de El Salvador. In: J.M. Sermeño & M. Springer (Eds.). *Formulación de una guía metodológica estandarizada para determinar la calidad ambiental de las aguas de los ríos de El Salvador, utilizando insectos acuáticos*. Proyecto Universidad de El Salvador (UES) - Organización de los Estados Americanos (OEA). Editorial Universitaria UES, San Salvador.
- Sabater, S., F. Sabater & J. Armengol. 1988. Relationships between diatom assemblages and physico-chemical variables in the River Ter (N.E. Spain). *Internationale Revue gesamten Hydrobiologie* 73: 171-179.
- Sala, S.E. 1996. Flora diatomológica del embalse Paso de las Piedras (Argentina) I: Fam. Diatomaceae, Fam. Achnantaceae y Fam. Eunotiaceae (O. Pennales). *Darwiniana* 34: 251-266.
- Salomoni, S.E., O. Rocha, V.L. Callegaro & E.A. Lobo. 2006. Epilithic diatoms as indicators of water quality in the Gravati River, Rio Grande do Sul, Brazil. *Hydrobiologia* 559: 233-246.
- Schwoerbel, J. 1975. *Métodos de Hidrobiología*. Ed. Hermann Blume, Madrid.
- Simonsen, R. 1979. The Diatom System: ideas on phylogeny. *Bacillaria* 2: 9-71.
- Sosa, M., M. Novoa & A.L. Martínez de Fabricius. 2011. Ficoflora de la cuenca endorreica fluviolacustre Chucul (Córdoba, Argentina). *Biológicas* 13: 14-23.
- Taboada, M. de los A., M.L. Gultemirian, S.N. Martínez de Marco & B.C. Tracanna. 2015. Ficoflora epilítica y variables ambientales del Arroyo Calimayo (Tucumán-Argentina). *Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica* 50: 467-480.
- Ulacco, H., S. Rodríguez, M. Mallea, J. Daruich, & M. Garbagnati. 2002. Caracterización hidrogeoquímica y biológica de la cuenca del Río Nogolí, Provincia de San Luis, Argentina. *XV Congreso Geológico Argentino. Santa Cruz. Argentina*. Actas II, pp: 631-636.
- Villafañe, V.E & F.M.H. Reid. 1995. Métodos de microscopía para la cuantificación del fitoplancton. In: K. Alveal, M.E. Ferrario, E.C. Oliveira, E. Sar. (Eds.) *Manual de métodos ficológicos*. Universidad de Concepción, Concepción, p 169-185.
- Ward, J.V. 1989. The four-dimensional nature of lotic ecosystem. *Journal of the North American Benthological Society* 8: 2-8.
- Zalócar de Domitrovic, Y., M. Devercelli & M.O. García de Emiliani. 2007. Phytoplankton. In: M.H. Iriondo, J.C. Paggi & M.J. Parma (Eds.). *The middle Paraná river: limnology of a subtropical wetland*. Springer, Berlin-Heidelberg.

Sometido: 18 de septiembre de 2020

Revisado: 28 de noviembre de 2020

Corregido: 15 de diciembre de 2020

Aceptado: 19 de diciembre de 2020

Evaluation of bioinformatic practices for environmental DNA metabarcoding of intertidal algal communities.

Evaluación de prácticas bioinformáticas para códigos de barras de ADN ambiental de comunidades de algas intermareales.

Sergei Bombin y Juan Manuel Lopez-Bautista*

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

*Email: jlopez@ua.edu

Bombin, S. & J.M. Lopez-Bautista. 2020. Evaluation of bioinformatic practices for environmental DNA metabarcoding of intertidal algal communities. Alabama. *Cymbella* 6(3): 130-138.

ABSTRACT

Environmental DNA (eDNA) metabarcoding is a recent technology that allows for a more effective and cost-efficient evaluation of biotic communities. However, as with all new methodologies, eDNA metabarcoding is under continuous development and improvement. In this study, we evaluated bioinformatics approaches for processing eDNA sequencing data to investigate intertidal algal communities' biodiversity. We also assessed methodologies for dealing with problematic amplicons data and provided suggestions on using such data in biodiversity studies. Overall, this study showed that paired-reads without overlap could be joined with "N" s or processed as the single-end reads without disrupting correct beta diversity clustering. Evaluated amplicon clustering and reads abundance scaling methods also did not significantly affect beta diversity results. The most vulnerable step appeared to be the taxonomic assignment of clustered amplicons. The presence of "N" in the middle of joined reads dramatically reduces taxonomic assignment effectiveness. Also, k-mer based taxonomy assignment tools tend to assign lower taxonomic ranks to

shorter amplicons.

Keywords:

RESUMEN

Metabarcoding del DNA Ambiental (eDNA) es una tecnología reciente que permite una evaluación más efectiva y eficiente en costo de las comunidades bióticas. Sin embargo, como en todas las metodologías nuevas, el metabarcoding eDNA está en continuo desarrollo y mejoramiento. En este estudio, evaluamos los enfoques bioinformáticos para el procesamiento de datos de secuencia de eDNA para investigar la biodiversidad de las comunidades algales intermareales. También evaluamos las metodologías que tratan con datos de amplicones problemáticos y proveemos sugerencias para utilizar dichos datos en estudios de biodiversidad. En general, este estudio demuestra que pares de lecturas sin traslapamiento podrían ser unidas con "N" s, o procesadas como lecturas de un solo extremo sin perturbar el agrupamiento correcto de la diversidad beta. La evaluación del agrupamiento de amplicones y los métodos escalados de abundancia

de lecturas tampoco afectaron significativamente los resultados de diversidad beta. El paso más vulnerable parecer ser la asignación taxonómica de los amplicones agrupados. La presencia de “N” en medio de las lecturas unidas reduce dramáticamente la efectividad de las asignaciones taxonómicas. También, las herramientas de asignación taxonómica basada en los k-meros tienden a asignar rangos taxonómicos menores a amplicones cortos.

Palabras Clave:

INTRODUCTION

High-throughput sequencing (HTS) has extended DNA-based species identification by providing the opportunity to sequence and identify multiple taxa from the same environment (Ji *et al.* 2013). The method of environmental DNA (eDNA) sequencing and identification of many distinct species from a common environment is known as metabarcoding. The declining cost of sequencing allows a wide use of metabarcoding for biodiversity surveillance and monitoring.

Like many innovative techniques, metabarcoding has several potential pitfalls which could affect the accuracy of biodiversity estimation. These include PCR-generated errors, sequencing errors, and errors due to partial DNA degradation (Cristescu 2014, Coissac *et al.* 2012). Formation of chimeric molecules—the primary PCR-generated error—could cause chimeric reads to compose approximately 30% of all amplified sequences (Wang & Wang 1997, Edgar *et al.* 2011, Smyth *et al.* 2010). Chimeric reads are caused by the annealing of an incomplete DNA strand to the template of a different DNA sequence. These incomplete strands then act as primers and can be extended to form artificial chimeric reads (Smyth *et al.* 2010, Edgar *et al.* 2011). Another set of less common mechanisms of chimeric read formation includes stochastic dissociation of the polymerase, secondary structure induced pausing and dissociation, and nucleotide mis-incorporation (Smyth *et al.* 2010). Chimeric reads are difficult to identify from the pooled eDNA sequences due to a low confidence in the initial sequence structure. Chimeric sequence bias could be reduced by removing rare amplicons during downstream OTU read clustering (Lammers *et al.* 2014, de Boer *et al.* 2015). In recent years, several algorithms have been developed and incorporated into bioinformatics packages to identify chimeric sequences. The most common chimeric read fin-

ding software include: UCHIME, ChimeraSlayer, DECIPHER, and CATCH (Edgar *et al.* 2011, Haas *et al.* 2011, Wright *et al.* 2012, Mysara *et al.* 2015).

Sequencing errors remain one of the major problems in such studies (Coissac *et al.* 2012). Sequencing errors could cause a two-fold exaggeration of an actual biodiversity estimate (Kunin *et al.* 2010). Such overestimation could be crucial if these results were to be used for creating or maintaining environmental management policies. Repetitive sequences such as homopolymers and sequencing duplicates are some of the most influential sequencing artifacts, especially if they occur in high-quality regions (Coissac *et al.* 2012, Balzer *et al.* 2013). Such reads cannot be removed by quality filtering and are difficult to align to one specific region. Also, the high abundance of the same sequences could mask important rare reads. Several studies demonstrated that up to 50 % of OTUs could be represented by few or single sequences, which could be falsely removed as sequencing artifacts due to their low representation (Agogue *et al.* 2011, Gilbert *et al.* 2009, Reeder & Knight 2010).

Overall, the standard bioinformatics pipelines for metabarcoding analyses are still in a developmental stage, especially for non-bacterial communities. Most of these pipelines are developed and used for very specific purposes, which creates an enormous number of tools that were used only one or two times (Cristescu 2014, McPherson 2009, Ratnasingham & Hebert 2013, Bik *et al.* 2012). Also, it raises the question of which data processing steps are crucial for accurate and efficient analyses of metabarcoding data. The major goals of this publication are to present an assessment of multiple bioinformatics approaches for processing eDNA sequencing data and to provide troubleshooting options for amplicons data with imperfections that could limit an efficiency of default bioinformatics approaches. The methodology was tested on UPA and LSU eDNA sequences collected from the coastal area of the northern Gulf of Mexico (NGoM) with the particular interest for the algal communities.

METHODS

The dataset (Bombin *et al.* 2020) for this study included paired-end DNA sequences of Universal plastid amplicon (UPA), from the 23S rDNA (primers p23SrV_f1 and p23SrV_r1, 410-450 bp amplicons) (Sherwood & Presting 2007) and part of a large nuclear ribosomal subunit (LSU rDNA) (primers C1FL and D1FL, 550-590 bp amplicons) (Leliaert *et al.* 2007). The Illumina libraries for both amplicons were prepared with 2x250 basepair

(bp) paired-end chemistry and the second time with 2x300 bp paired-end chemistry, MiSeq Reagents kits v2 and v3 respectively (MS-102-2003 and MS-102-3003) and sequenced on Illumina MiSeq platform at the Genomics and Sequencing Center at the University of Rhode Island. Environmental DNA samples were collected from intertidal and water column zones of Cape San Blas (CSB), FL, USA and Grand Isle (GIS), LA, USA.

Demultiplexed reads were processed with *Trimmomatic-0.36* (Bolger *et al.* 2014) with the default options. *Trimmomatic-0.36* checked a correct elimination of standard Illumina-specific barcode sequences discarding leading and trailing low-quality bases, and completely removed all sequences shorter than 36 bases. Forward and reverse reads were merged and assembled by USEARCH *-fastq_mergepairs* tool (Edgar 2010). Merged reads and sequences that did not have a merging pair were filtered with *-fastq_filter* command, discarding all reads with an expected error greater than one. Reads were dereplicated and unique sequences were counted with VSEARCH *--derep_fulllength* command (Rognes *et al.* 2016) removing reads shorter than 50, 75, and 150 bp for comparisons. Singletons and chimeric reads were removed, and reads were clustered into operational taxonomic units (OTUs) with 97 % identity or zero-radius OTU (ZOTU) with 100 % identity using *-cluster_otus* or *-unoise3* tools, respectively. OTUs were assigned to the lowest possible taxonomic rank by the UCLUST algorithm implemented in QIIME 1.9.1 (Caporaso *et al.* 2010, Edgar 2010) and by the SINTAX tool (Edgar 2016) implemented in VSEARCH (Rognes *et al.* 2016). The custom-designed sequence database, which included Sherwood's Lab database (Sherwood *et al.* 2017) and published reference sequences of seaweeds and phytoplankton, was used as the reference for taxonomy assignment. The database was filtered to include only taxonomic groups that belong to: Rhodophyta, Bacillariophyta, Cercozoa, Charophyceae, Chlorarachniophyceae, Chlorokybophyceae, Chlorophyta, Chrysophyceae, Ciliophora, Coleochaetales, Coleochaetophyceae, Cryptophyta, Cyanobacteria, Dictyochophyceae, Dinophyceae, Euglenida, Eustigmatophyceae, Haptophyceae, Klebsormidiophyceae, Mesostigmatophyceae, Mesotaeniaceae, Oomycetes, Pelagophyceae, Phaeophyceae, Phaeothamniophyceae, Raphidophyceae, Xanthophyceae, and Zygnematophyceae.

Reads cumulative sum scaling (CSS) normalization and/or rarefaction for alpha and beta diversities

were performed through QIIME 1.9.1 with metagenomeSeq 1.26.1 (Paulson *et al.* 2013). Rarefaction was performed with depths of 1, 10, 200 and 300 thousand(s) reads. UPA and LSU sequences were aligned separately with MUSCLE 3.8 (Edgar 2004) with the default options. Alignments were filtered by QIIME's *filter_alignment.py* script and OTUs/ZOTUs neighbor-joining trees were inferred by MUSCLE 3.8. Binary Jaccard (Jaccard 1912), Bray Curtis (Faith *et al.* 1987), and Weighted UniFrac distance and principal coordinates (PCoA) analysis matrices were calculated by *beta_diversity_through_plots.py* script with R 3.6.1 and Vegan v2.4-2 package.

RESULTS AND DISCUSSION

Processing of Unmerged Paired-end Reads: Up to 99 % of LSU and 68 % of UPA paired reads did not merge due to lack of overlap between forward and reverse sequences (Bombin *et al.* 2020). Therefore, two strategies for the processing such sequences were compared: 1) treating unmerged paired reads as single-end reads (Lanner *et al.* 2019) and 2) joining forward and reverse reads with a region of the ambiguous bases (N) (Eckert *et al.* 2018). The chosen method for processing unmerged reads had a strong impact on the number of reads that pass quality filtration. The unmerged reads that were processed as the single-end reads generally passed USEARCH quality filtration step with the same rate of ~98.2 % as the merged reads. However, 15.27 % more reads were discarded by the USEARCH filtering algorithm if the same reads were joined beforehand (Table 1), even when the highest Phred quality score was assigned to joining bases (N). USEARCH v.11 documentation and other literature search did not provide any explanation for this behavior of the filtration algorithm. Therefore, the best solution was to join reads after they passed the quality filtration step. Also, removal of primer binding sites, which is suggested by creator of USEARCH R. Edgar (https://drive5.com/usearch/manual/pipe_readprep_primers.html) in order to decrease an expected error value of reads, was evaluated as well. Stripping primers binding sites just slightly increased the number of reads that pass the filtration step (Table 1). However, this increase was almost completely cancelled out when reads were filtered to the minimum length of 150 bp.

OTUs/ZOTUs resulting from any joining method had at least two-fold lower ratio of reads that were able to map back to OTU/ZOTU sequences, which is a required step for calculating a relative abundance. Therefore, OTU/ZOTU abundance tables showed lower fraction of non-zero values, which could decrease effectiveness of statistical compari-

son and diversity estimates between environmental samples (Kaul *et al.* 2017, Weiss *et al.* 2017). Also, lower number of mapped reads decreased the possible rarefaction depth. This was especially noticeable for LSU's ZOTU with joined reads (Fig. 1a), which showed the lowest (among tested methods) average sequence per sample count of 16,908.3 (Median: 15,697). When unmerged reads from the same samples were processed as single-end reads, the average sequence per sample count reached 317,614.4 (Median: 318,474.5), which increased the possible rarefaction depth (Fig. 2b). A low subsampling rarefaction depth leads to an overall decrease in diversity (Weiss *et al.* 2017) and raises the impact of random chance (McMurdie & Holmes 2014). However, Procrustes analysis showed that there is no statistically significant difference between sample diversity (beta diversity) caused by unmerged reads processing method. These results indicate that reads loss, which occurred on the mapping stage due to the reads joining method, was even (or almost even) between all environmental samples.

Data Transformations for Diversity Metrics: In the current study we also evaluated effects of reads clustering methods (OTUs and ZOTUs), minimum length of sequences for the analysis, and the relative abundance data transformation techniques including rarefaction and scaling normalization on alpha- and beta- diversity results. Overall, the OTUs approach was more tolerant to the unmerged reads joining method and had more mapped reads in all environmental samples. Also, the utilization of the OTUs instead of ZOTUs relative abundance table increased an average alpha diversity and decreased a standard deviation value (Fig. 1c).

HTS data cannot be used to estimate and compare diversity metrics immediately because in most cases, the abundance of sequenced reads is not proportional to the abundance of organisms in the sampled environment. Such absence in the meaningful correlation between the reads and organisms' frequencies is often referred as the "abundance bias," which is caused by unequal DNA-template preferability during PCR and sequencing procedures. Currently, there is no universal methodology to correct abundance bias in metabarcoding data, but the most widely used data transformation methods include rarefaction and scaling normalization (Weiss *et al.* 2017). Rarefaction is dependent on the sequencing depth of a sample with the lowest reads count, which could cause diversity loss and increased chance of type 1 and type 2 errors when samples are sequences with unequally (McMurdie

& Holmes 2014). On the other hand, accuracy of the scaling normalization can be greatly affected by zero values and rare OUT/ZOTU presence in samples with variability of the sequencing depth (Weiss *et al.* 2017). Unexpectedly, the multiple Procrustes analysis indicated that the tested data transformation method or any other reads processing modification did not have a statistically significant impact (p -values ≤ 0.5) on the beta diversity results (Table 2). These results can be due to rather high sequencing depth of all environmental samples and/or relatively limited number of tested environmental samples in our dataset.

Taxonomic Assignments: Stripping the primer binding sites only decreased the average amplicon length and taxonomic resolution (*i.e.*, ability to recover low ranks such as genus and species) and had no effect on diversity. Lower taxonomic resolution of primer binding sites free reads was caused due to a reduction of nucleotides available for alignment against the reference database and loss of taxonomic signal. A similar pattern was also reported by Pauvert *et al.* (2019), who showed that splicing ITS1F-ITS2 primer sequences did not enhance a reconstruction of mock community structure. Removal of primers that do not contain degenerate nucleotides is unnecessary, because non-degenerate primers do not affect the denoising clustering (Pauvert *et al.* 2019). Joined reads worked poorly for the LSU marker, which was due to the actual large gap size between forward and reverse reads. Also, the current data demonstrates that SINTAX and several other k-mer based taxonomy assignment tools tend to assign lower taxonomic ranks to shorter amplicons, which highlights the importance of an accurately composed and filtered reference databases to prevent a false positive, by chance matches.

In the current work we evaluated strategies for the processing of unmerged paired reads and reads filtering thresholds and their effect on produced amplicons, diversity results, and taxonomic assignments. Overall, saving high-quality unmerged reads does not disrupt samples clustering according to their collection origin (*i.e.*, sample 1 and sample 2 of CSB intertidal) and unmerged paired-reads could provide further comparative information about algal communities according to their respective biological zonation. Also, as it is shown in this study, the processing of unmerged reads and/or data transformation methods should not have a significant impact on the diversity estimates if the samples are sequenced with enough depth.

However, it should be noticed that the k-mer based taxonomic assignment methods could be sensitive to the choice of reads processing methodology, which could affect species richness estimates.

REFERENCES

- Agogue, H., D. Lamy, P.R. Neal, M.L. Sogin, & G.J. Herndl. 2011. Water mass-specificity of bacterial communities in the North Atlantic revealed by massively parallel sequencing. *Molecular Ecology* 20: 258-274.
- Balzer, S., K. Malde, M.A. Grohme & I. Jonassen. 2013. Filtering duplicate reads from 454 pyrosequencing data. *Bioinformatics* 29: 830-836.
- Bik, H. M., D.L. Porazinska, S. Creer, J.G. Caporaso, R. Knight & W.K. Thomas. 2012. Sequencing our way towards understanding global eukaryotic biodiversity. *Trends in Ecology and Evolution* 27: 233-243.
- Bolger, A.M., M. Lohse & B. Usadel. 2014. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* 30: 2114-2120.
- Bombin, S., B. Wysor & J.M. Lopez-Bautista. 2020. Assessment of littoral algal diversity from the northern Gulf of Mexico using environmental DNA metabarcoding. *Journal of Phycology* 57: 269-278
- Caporaso, J. G., J. Kuczynski, J. Stombaugh, K. Bittinger, F.D. Bushman, E.K. Costello, N. Fierer, A.G. Pena, J.K. Goodrich, J.I. Gordon, G.A. Huttley, S.T. Kelley, D. Knights, J.E. Koenig, R.E. Ley, C.A. Lozupone, D. McDonald, B.D. Muegge, M. Pirrung, J. Reeder, J.R. Sevinsky, P.J. Turnbaugh, W.A. Walters, J. Widmann, T. Yatsunencko, J. Zaneveld & R. Knight. 2010. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature methods* 7: 335.
- Coissac, E., T. Riaz & N. Puillandre. 2012. Bioinformatic challenges for DNA metabarcoding of plants and animals. *Molecular Ecology* 21: 1834-47.
- Cristescu, M. E. 2014. From barcoding single individuals to metabarcoding biological communities: towards an integrative approach to the study of global biodiversity. *Trends in Ecology and Evolution* 29: 566-571.
- de Boer, H. J., M.C. Ichim & S.G. Newmaster. 2015. DNA Barcoding and Pharmacovigilance of Herbal Medicines. *Drug Safety* 38: 611-620.
- Eckert, I.M., J.E. Littlefair, G.K. Zhang, F.J. Chain, T.J. Crease & M.E. Cristescu. 2018. Bioinformatics for biomonitoring: Species detection and diversity estimates across Next-Generation Sequencing Platforms. *Advances in Ecological Research* 59: 1-32.
- Edgar, R. 2016. SINTAX: a simple non-Bayesian taxonomy classifier for 16S and ITS sequences. *BioRxiv*:074161.
- Edgar, R.C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic acids research* 32: 1792-1797.
- Edgar, R.C. 2010. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics* 26: 2460-2461.
- Edgar, R.C., B.J. Haas, J.C. Clemente, C. Quince & R. Knight. 2011. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection. *Bioinformatics* 27: 2194-2200.
- Faith, D. P., P.R. Minchin & L. Belbin. 1987. Compositional Dissimilarity as a Robust Measure of Ecological Distance. *Vegetatio* 69: 57-68.
- Gilbert, J.A., D. Field, P. Swift, L. Newbold, A. Oliver, T. Smyth, P.J. Somerfield, S. Huse & I. Joint. 2009. The seasonal structure of microbial communities in the Western English Channel. *Environmental Microbiology* 11: 3132-3139.
- Haas, B.J., D. Gevers, A. Earl, M. Feldgarden, D.V. Ward, G. Giannoukos, D. Ciulla, D. Tabbaa, S.K. Highlander, E. Sodergren, B. Methé, T.Z. DeSantis, Human Microbiome Consortium, J.F. Petrosino, R. Knight & B.W. Birren. 2011. Chimeric 16S rRNA sequence formation and detection in Sanger and 454-pyrosequenced PCR amplicons. *Genome Research* 21: 494-504.
- Jaccard, P. 1912. The distribution of the flora in the alpine zone. 1. *New phytologist* 11: 37-50.
- Ji, Y., L. Ashton, S.M. Pedley, D.P. Edwards, Y. Tang, A. Nakamura, R. Kitching, P.M. Dolman, P. Woodcock, F.A. Edwards, T.H. Larsen, W.W. Hsu, S. Benedick, K.C. Hamer, D.S. Wilcove, C. Bruce, X. Wang, T. Levi, M. Lott, B. C. Emerson & D.W. Yu. 2013. Reliable, verifiable and efficient monitoring of biodiversity via metabarcoding. *Ecology Letters* 16: 1245-1257.
- Kaul, A., S. Mandal, O. Davidov & S.D. Peddada. 2017. Analysis of microbiome data in the presence of excess zeros. *Frontiers in Microbiology* 8: 2114.
- Kunin, V., A. Engelbrektson, H. Ochman & P. Hugenholtz. 2010. Wrinkles in the rare biosphere: pyrosequencing errors can lead to artificial inflation of diversity estimates. *Environmental Microbiology* 12: 118-123.
- Lammers, Y., T. Peelen, R.A. Vos & B. Gravendeel. 2014. The HTS barcode checker pipeline, a tool for automated detection of illegally traded species from high-throughput sequencing data. *BMC Bioinformatics* 15: 44.
- Lanner, J., M. Curto, B. Pachinger, U. Neumüller & H. Meimberg. 2019. Illumina midi-barcodes: quality proof and applications. *Mitochondrial Dna Part A* 30: 490-499.
- Leliaert, F., O. De Clerck, H. Verbruggen, C. Boedeker & E. Coppejans. 2007. Molecular phylogeny of the Siphonocladales (Chlorophyta: Cladophorophyceae). *Molecular phylogenetics and evolution* 44: 1237-1256.
- McMurdie, P.J. & S. Holmes. 2014. Waste not, want not: why rarefying microbiome data is inadmissible. *PLoS Computational Biology* 10:e1003531.
- McPherson, J.D. 2009. Next-generation gap. *Nature Methods* 6: S2-5.
- Mysara, M., Y. Saeys, N. Leys, J. Raes & P. Monsieus. 2015. CATCh, an ensemble classifier for chimera detection in

- 16S rRNA sequencing studies. *Applied Environmental Microbiology* 81: 1573-1584.
- Paulson, J.N., O.C. Stine, H.C. Bravo & M. Pop. 2013. Differential abundance analysis for microbial marker-gene surveys. *Nature methods* 10: 1200.
- Pauvert, C., M. Buée, V. Laval, V. Edel-Hermann, L. Fauchery, A. Gautier, I. Lesur, J. Vallance & C. Vacher. 2019. Bioinformatics matters: the accuracy of plant and soil fungal community data is highly dependent on the metabarcoding pipeline. *Fungal Ecology* 41: 23-33.
- Ratnasingham, S. & P.D. Hebert. 2013. A DNA-based registry for all animal species: the barcode index number (BIN) system. *PLoS One* 8: e66213.
- Reeder, J. & R. Knight. 2010. Rapidly denoising pyrosequencing amplicon reads by exploiting rank-abundance distributions. *Nature Methods* 7: 668-669.
- Rognes, T., T. Flouri, B. Nichols, C. Quince & F. Mahé. 2016. VSEARCH: a versatile open source tool for metagenomics. *PeerJ* 4: e2584.
- Sherwood, A.R., M.N. Dittbern, E.T. Johnston & K.Y. Conklin. 2017. A metabarcoding comparison of windward and leeward airborne algal diversity across the Ko'olau mountain range on the island of O'ahu, Hawai'i (1). *Journal of Phycology* 53: 437-445.
- Sherwood, A.R. & G.G. Presting. 2007. Universal primers amplify a 23s rDNA plastid marker in eukaryotic algae and cyanobacteria 1. *Journal of Phycology* 43: 605-608.
- Smyth, R. P., T.E. Schlub, A. Grimm, V. Venturi, A. Chopra, S. Mallal, M.P. Davenport & J. Mak. 2010. Reducing chimera formation during PCR amplification to ensure accurate genotyping. *Gene* 469: 45-51.
- Wang, G. C. & Y. Wang. 1997. Frequency of formation of chimeric molecules as a consequence of PCR coamplification of 16S rRNA genes from mixed bacterial genomes. *Applied and Environmental Microbiology* 63: 4645-4650.
- Weiss, S., Z. Xu, S. Peddada, A. Amir, K. Bittinger, A. Gonzalez, C. Lozupone, J.R. Zaneveld, Y. Vázquez-Baeza & A. Birmingham. 2017. Normalization and microbial differential abundance strategies depend upon data characteristics. *Microbiome* 5: 27.
- Wright, E.S., L.S. Yilmaz & D.R. Noguera. 2012. DECIPHER, a search-based approach to chimera identification for 16S rRNA sequences. *Applied and Environmental Microbiology* 78: 717-725.

Sometido: 3 de diciembre de 2020

Revisado: 5 de marzo de 2021 (Dr. Francisco F. Pedroche y Dr. James T. Melton)

Corregido: 18 de marzo de 2021

Aceptado: 19 de marzo de 2021

Table 1. Number of reads remaining after filtration

Sample	Joined Before Filtration	Joined After Filtration	Joined After Filtration and Primer Sites Removed
UPA_2x250	1,748,302	1,906,182	1,909,162
UPA_2x300	2,190,248	2,583,900	2,589,312
LSU_2x250	953,322	1,144,234	1,145,174
LSU_2x300	1,242,244	1,605,528	1,609,698
Average	1,533,529	1,809,961	1,813,336.5

Table 2. Procrustes Analyses between differently transformed relative abundance matrices. P-value and M2 respectively. W-Unif stands for Weighted UniFrac, Un-UniF for Unweighted UniFrac, Rarefaction-N k for the rarefaction subsampling in thousands of reads, and CSS-Normal for Cumulative Sum Scaling Normalization

LSU	ZOTU Rarefaction-200k L > 150 bp	ZOTU Rarefaction-10k L > 150 bp	ZOTU Rarefaction-1k L > 150 bp	OUT CSS-Normal L > 150 bp	ZOTU CSS-Normal L > 75 bp
ZOTU W-UniF CSS-Normal L > 150 bp	0.004 0.163	0.006 0.163	0.008 0.165	0.001 0.041	0 0.08
ZOTU UnW-UniF CSS-Normal L > 150 bp	0.002 0.172	0 0.129	0.002 0.097	0 0.068	0 0.058
UPA	ZOTU W-UniF Rarefaction-300k L > 150 bp	ZOTU W-UniF Rarefaction-10k L > 150 bp	ZOTU Rarefaction-1k L > 150 bp	OUT W-UniF CSS-Normal L > 150 bp	ZOTU W-UniF CSS-Normal L > 75 bp
ZOTU W-UniF CSS-Normal L > 150 bp	0.008 0.199	0.007 0.203	0.008 0.189	0.003 0.054	0.003 0.122
ZOTU UnW-UniF CSS-Normal L > 150 bp	0 0.168	0.004 0.134	0.007 0.131	0.001 0.115	0.003 0.124

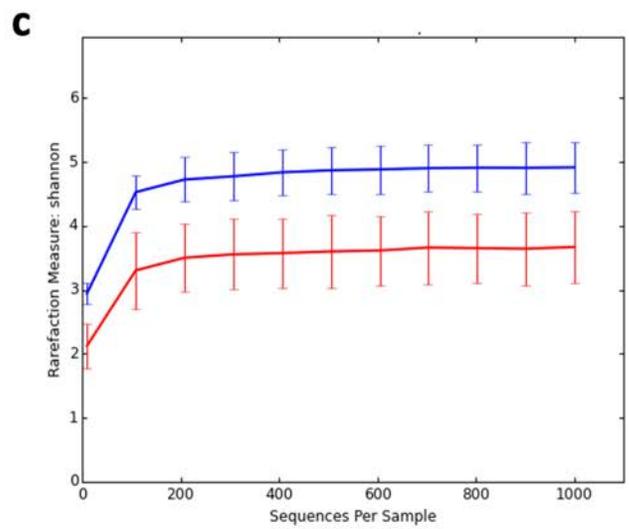
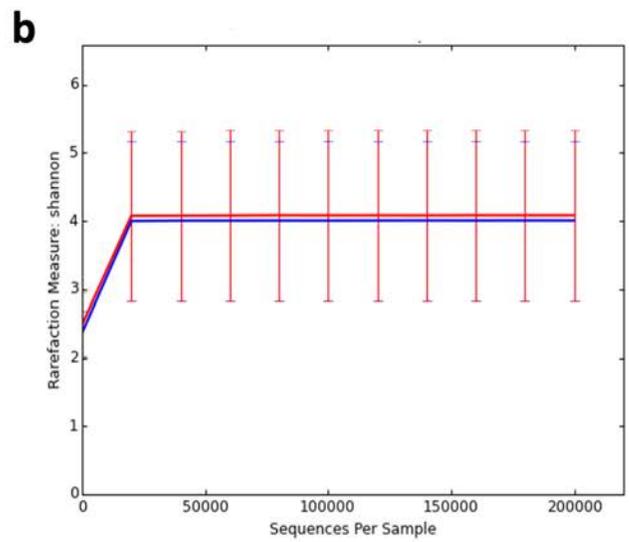
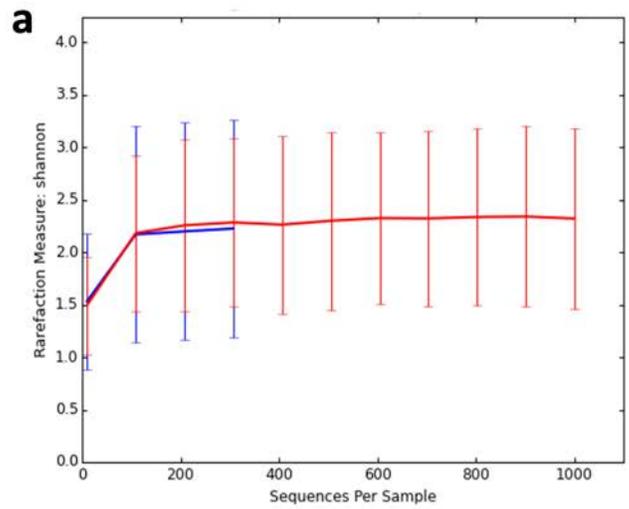


Figure 1. Shannon Alpha Diversity relation with sequencing depth. The red line shows 2x250 bp paired-end reads samples and the blue line shows 2x300 bp paired-end reads samples. (a) LSU ZOTUs with joined paired reads, (b) LSU ZOTUs with single unmerged reads, (c) LSU OTUs with joined paired reads.

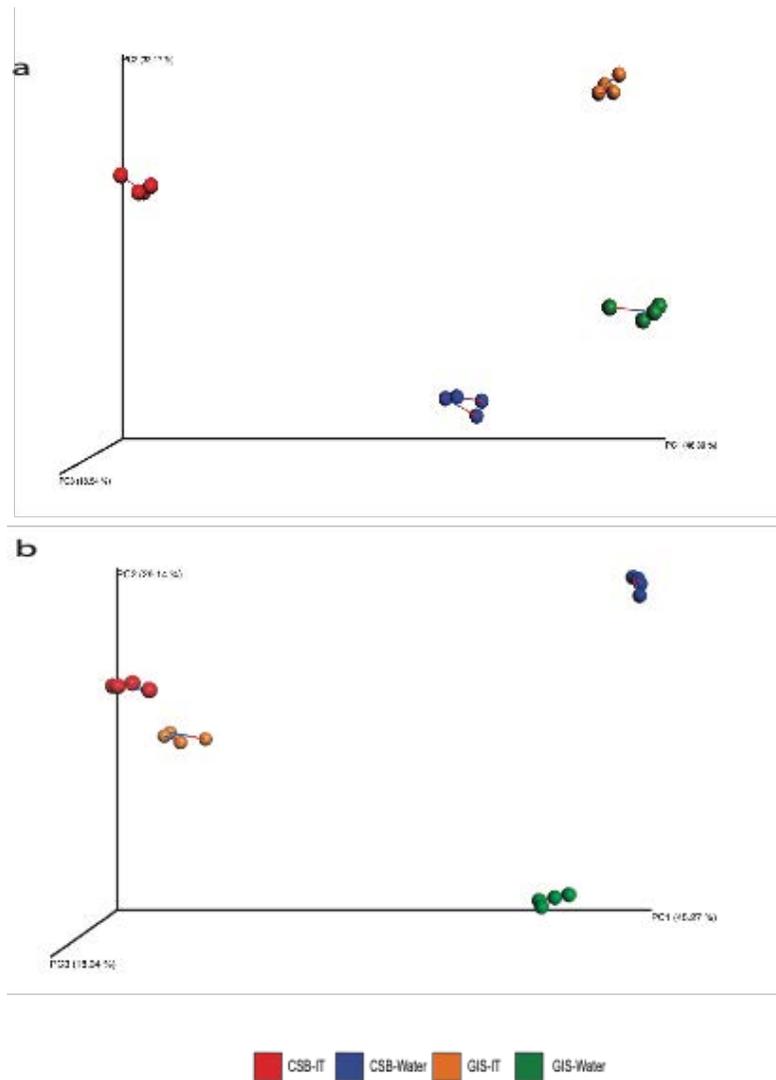


Figure 2. Procrustes Analysis of Bray-Curtis PCoA between joining and single-end methods for processing unmerged reads. (a)UPA (b) LSU.

Las interpretaciones de los taxones, uno de los problemas de la taxonomía tradicional. Caso: *Scenedesmus sensu lato* (Sphaeropleales, Chlorophyceae).

Taxa interpretations, one of the problems of traditional taxonomy. Case: *Scenedesmus sensu lato* (Sphaeropleales, Chlorophyceae).

Augusto A. Comas González

Centro de Estudios Ambientales de Cienfuegos, Apartado Postal 5, C.P. 59350. Cienfuegos, Cuba.

email: comasaugusto@gmail.com; agosto@gestion.ceac.cu

Comas González. A.A. 2020. Las interpretaciones de los taxones, un de los problemas de la taxonomía tradicional. Caso: *Scenedesmus sensu lato* (Sphaeropleales, Chlorophyceae). *Cymbella* 6(3): 139-150.

INTRODUCCIÓN

La taxonomía tradicional presenta serias limitaciones, entre ellas, su incapacidad de dar respuesta a la amplia variabilidad de muchas especies, en consecuencia, se han descrito taxones con caracteres diagnósticos y límites imprecisos, tipos no designados o los seleccionados por autores posteriores, con frecuencia, no se corresponden exactamente con las descripciones originales, lo que ha propiciado diferentes interpretaciones complicando la taxonomía de los taxones involucrados, especialmente su nomenclatura.

Interpretación (acción y efecto de interpretar) posee varias acepciones, me adscribo a la de: "concebir, ordenar o expresar de un modo personal la realidad" que, en mayor o menor grado, está siempre presente en la taxonomía tradicional. Me referiré exclusivamente a aquellas interpretaciones sobre algunas especies de *Scenedesmus sensu lato* cuyos caracteres diagnósticos y límites específicos son imprecisos, originando diferentes criterios taxonómicos.

No obstante, creo conveniente mencionar brevemente dos conceptos clásicos en la taxonomía de cianobacterias y microalgas: 1) F. Drouet (1907-1982), ficólogo norteamericano dedicado al estudio de las cianofíceas (cianobacterias), seguía el criterio de taxones muy amplios con una gran variabilidad morfológica, de ello, la existencia de pocos géneros que incluían un número reducido de especies y 2) T. Hortobágyi (1912-1990), ficólogo húngaro dedicado a las Chlorococcales *sensu lato*, quien, a diferencia del anterior autor, concebía taxones en un sentido muy estrecho, cada morfotipo constituía un taxón, ya sea especie, variedad o forma. Era fiel exponente de la llamada concepción politética (Komárek 1978). Tampoco incluyo a los conceptos o principios de trabajo (no a los conceptos o definiciones de especies), a la hora de definir cuándo se trata de una especie, variedad o forma.

Hasta ahora, la nomenclatura de las algas ha sido regulada por el Código Internacional de Nomenclatura Botánica. Tanto en sus diferentes ediciones

como en el actual Código Internacional de Nomenclatura de algas, hongos y plantas, se ha permitido que los holotipos de las especies de microalgas, el tipo nomenclatural, sea una ilustración, denominada iconotipo o "*typus tabula*", aportando ventajas y desventajas. El material tipo conservado en ejemplares de herbarios, ya prácticamente en desuso, no era un ejemplar como en las plantas superiores, sino una mezcla de especímenes, no solo de una misma entidad, sino de diferentes. El iconotipo aclara cuál taxón es el que se describe, descartando al resto, sin embargo, antes de la invención de las fotografías, la "fidelidad" o representación exacta de la especie en cuestión, dependía de las habilidades del dibujante y por supuesto, de una selección adecuada, en correspondencia con la diagnosis. Ejemplo de inmejorables ilustraciones son las aportadas por los trabajos de Skuja y Hortobagyi. El iconotipo debía representar el espécimen más representativo, lo que, generalmente, no ha ocurrido. En la actualidad se designan cultivos tipo debidamente conservados y depositados en instituciones reconocidas.

Podemos afirmar que de las diferentes interpretaciones surgen de taxones con descripciones escuetas, con definiciones imprecisas de los caracteres diagnósticos y de los diacríticos, es decir, de aquellos por los cuales se diferencian de los taxones más relacionados. En muchos casos los tipos nomenclaturales no se han designado, se han extraviado, o no coinciden plenamente con las diagnosis.

PRINCIPALES CARACTERÍSTICAS Y BREVE HISTORIA DEL GÉNERO *SCENEDESMUS*.

Scenedesmus Meyen 1829, es uno de los géneros morfológicos dentro de las clorofíceas cocales más distribuido en las aguas dulces del orbe. Por su particular morfología, salvo excepciones, se reconoce fácilmente de los demás géneros: i) forma colonias especiales (cenobios) más o menos lineales, en una o dos hileras, o marcadamente alternadas, ii) formas celulares diversas, desde obtusas, cilíndricas, ovoides, ovales hasta fusiformes, iii) algunas especies con deposiciones en la pared celular o con estructuras específicas de esta, como espinas, denticulos, costillas, verrugas, etc. iv) con un cloroplastidio parietal con un pirenoide y v) presenta una reproducción por autosporas unidas en autocenobios, aunque existen algunos registros de formación de estadios flagelares (Lukavský 1991, Trainor 1963).

A pesar de su relativa facilidad para ser reconocido como género, muchas de sus especies, por su amplia variabilidad morfológica y, por ende, con una complicada taxonomía, han constituido un

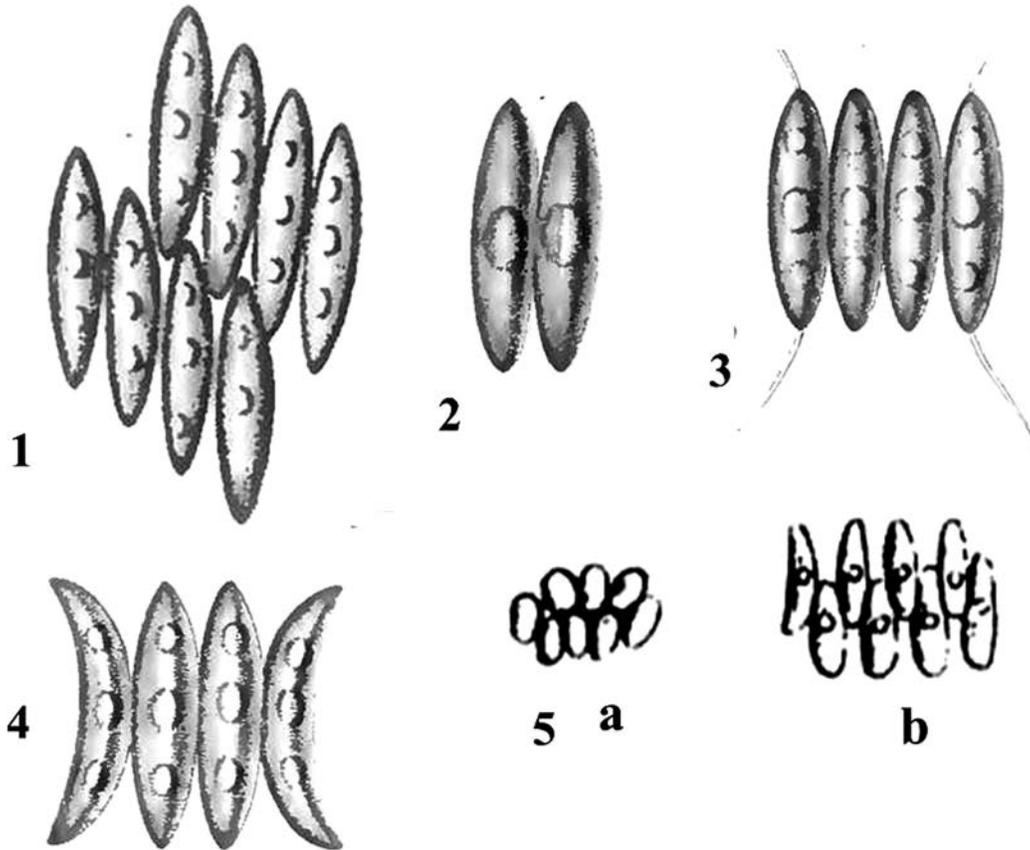
reto para los taxónomos y para los que precisan de una correcta identificación.

Pudiéramos afirmar que *Scenedesmus* tuvo un origen "*sui generis*". Hasta ahora, las consideradas sus primeras especies, fueron descritas dentro de la diatomea *Achnanthes* (Turpin 1828). Sus ilustraciones eran muy esquemáticas, estilizadas, además las formas celulares eran muy similares entre ellas (Figs. 1-4). El autor para la identificación de las especies hizo énfasis en el número y disposición de las células en la colonia, así como en la presencia, al menos en una de ellas, de espinas en los polos de las células marginales. Véase que entre *A. bijuga* y *A. obliqua* (Figs. 1-2), la diferencia estriba en el número y disposición de las células. *A. quadricauda* se distingue por la presencia de espinas en los polos de las células marginales (Fig. 3) y *A. dimorpha*, por la curvatura de las células marginales (Fig. 4).

En la descripción original, Meyen (1829) no designa tipo. La etimología del nombre proviene del griego: *σκηνή* (*skeni*) = cinta, celda, tienda, *δεσμός* (*desmos*) = unión, ligadura). Su diagnosis fue simple: "Alga acinada, sin talo propio, formada por células elípticas iguales agregadas lateralmente en una serie plana. Masa interna regularmente dispuesta, de color verde, gruesa de márgenes doblados". Su ortografía fue relevantemente controvertida: Meyen (1829), en el texto escribe *Scenedesmus*; pero en las láminas *Scaenaedesmus*. Ehrenberg (1834), propone, sobre bases idiomáticas, *Scenodesmus*. A pesar de esta fundamentada corrección, el nombre *Scenedesmus* (aplicado por Kützing en 1849, ha prevalecido hasta hoy. Nägeli (1949) designa a *S. obtusus* Meyen como tipo del género; pero lo escribe como *Scenodesmus*. El tipo seleccionado incluye las Figs. 30 y 31 de Meyen (1829), que actualmente representan, sin lugar a duda a dos especies diferentes. La Fig. 5a (Fig.30 de Meyen 1829), es muy similar a *S. verrucosus* Roll. La Fig. 5b (Fig.31 de Meyen 1829), fue seleccionada por Hegewald *et al.* (1975) como tipo del género.

Aunque el objetivo fundamental de este artículo es mostrar las diferentes interpretaciones con algunos ejemplos, creo necesario referirme a algunos aspectos generales. Las primeras aportaciones a la taxonomía se fundamentan en criterios morfológicos, luego se tomó en cuenta a la ultraestructura de la pared celular, así como a su ecología, distribución geográfica, características bioquímicas y más recientemente en los análisis de sus filogenias moleculares.

La taxonomía tradicional demostró que dentro del género era posible diferenciar varios grupos. De esta manera se propusieron diferentes sistemas dentro del taxón, algunos complicados, definiendo subgéneros, secciones, series, etc.



Figuras.1-5: Tipos de *Scenedesmus* (Turpin 1828 sub *Achnanthes*), **1)** *A. obliqua*, **2)** *A. bijuga*, **3)** *A. quadricauda*, **4)** *A. dimorpha*, **5)** Figuras 30 (5a), 31 (5b) de *S. obtusus* (Meyen 1829), 31 tipo de acuerdo con Hegewald (1975).

Entre los más recientes tenemos a los sistemas de Hegewald & Schepf (1978) y Komárek & Fott (1983). En general diferencian tres grupos principales a nivel de subgéneros: sin estructuras de la pared como espinas, dientes, etc. *Scenedesmus* y *Acutodesmus*, este último caracterizado por células en principio fusiformes con sus extremos más o menos aguzados; dentro de *Desmodesmus* se incluyen las especies con estructuras parietales. Los avances en la microscopía electrónica permitieron confirmar la composición de la pared celular: una capa interna de celulosa y externamente, 3-4 capas de esporopolenina. (Fig. 6). Los subgéneros *Scenedesmus* y *Acutodesmus* presentan 3 capas de esporopolenina sin ningún tipo de estructuras. Si al microscopio fotónico se observaban formaciones semejantes a costillas o granulaciones, estas no eran verdaderas estructuras, sino deposiciones. *Desmodesmus* presenta, por otro lado, 4 capas, la más externa formando estructuras diversas. Se definieron no solo las espinas, dentículos y costillas, sino también otras

estructuras no observadas al microscopio fotónico. De esta manera, se identificaron las denominadas rosetas (a veces observadas al microscopio fotónico como diminutas estructuras tubulares), así como ornamentaciones reticuladas, patrones, mediante los cuales pudieran atribuirse a determinadas especies, por tanto, de indiscutible valor taxonómico (Bisalputra & Weier 1963, Hegewald & Braband 2017, Komárek & Ludvik 1971, 1972, Peličaric 1970). *S. intermedius* Chodat y *S. nanus* Chodat, morfológicamente muy similares pudieron ser diferenciadas por la diferente ultraestructura de la pared celular. Como dato curioso, *S. perforatus* Lemmermann y *S. tropicus* Crow, morfológicamente diferentes, presentan similar ultraestructura de la pared. De modo que la ultraestructura de la pared celular no ha tenido el mismo peso taxonómico. Todas las especies de *Scenedesmus* con estructuras en las paredes celulares: espinas, costillas, dentículos, gránulos, etc. han sido ubicadas en el género *Desmodesmus* (An et al. 1999, Hegewald 2000).

ULTRAESTRUCTURA DE LA PARED CELULAR

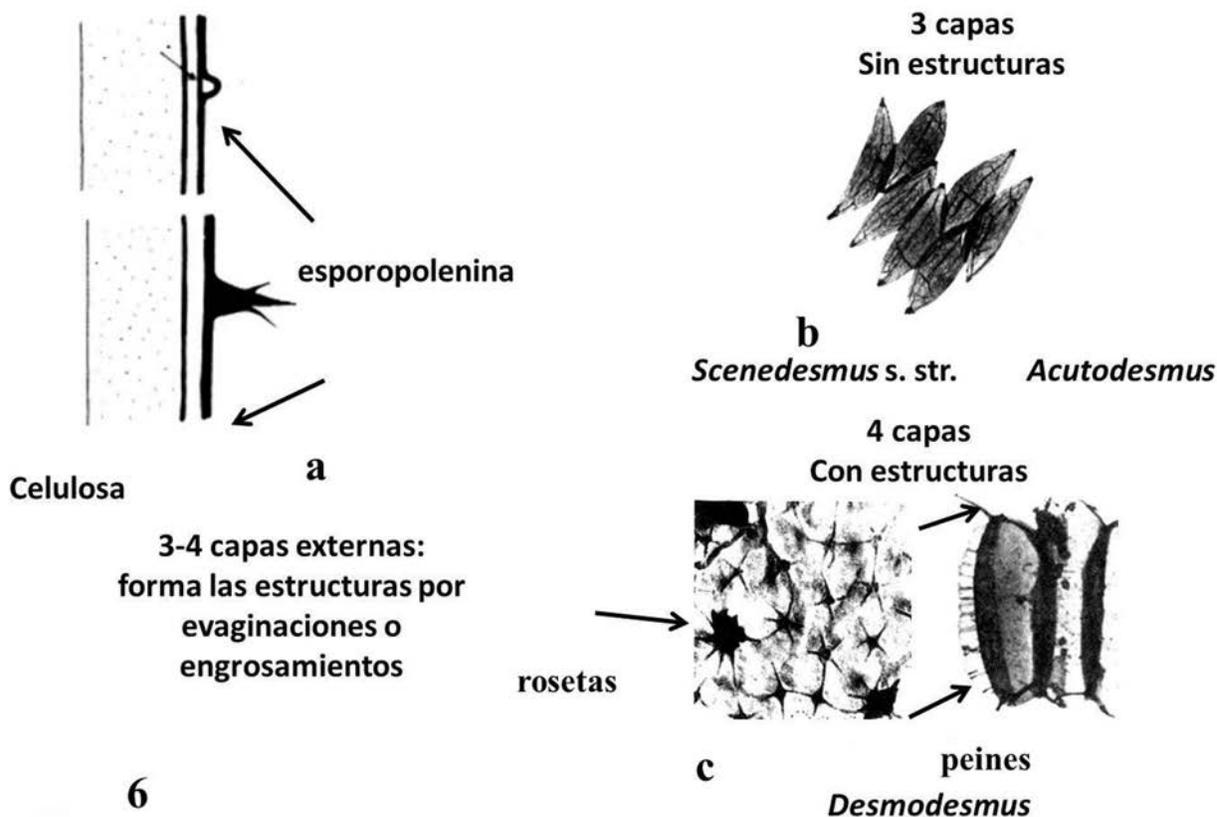


Figura. 6: Ultraestructura de la pared celular en *Scenedesmus sensu lato*, **a)** estructura general del género, **b)** subgen. *Scenedesmus s. str.* y *Acutodesmus*, **c)** subgen. *Desmodesmus*.

Tanto la taxonomía tradicional, estrictamente morfológica, como los avances con las investigaciones ultraestructurales contribuyeron al conocimiento de las especies morfológicas, aunque las aportaciones de la microscopía electrónica de transmisión y de barrido no se consideran morfológicas en el sentido tradicional, sí se basan también en el fenotipo. De manera que podemos resumir que en *Scenedesmus s.l.* existen morfoespecies: i) con sus caracteres bien definidos, más o menos estables, ii) con caracteres diagnósticos de amplia variabilidad, que solo evaluaciones poblacionales o de la ultraestructura de la pared permiten su separación, iii) caracteres diagnósticos que se superponen con los de otras, por tanto de dudosa existencia y iv) ocurrencia de morfotipos con ubicación taxonómica incierta, en espera de confirmación o de estudios particulares. Algunos ejemplos de diferentes interpretaciones en especies de *Scenedesmus sensu lato*. He querido seleccionar solo algunos ejemplos en

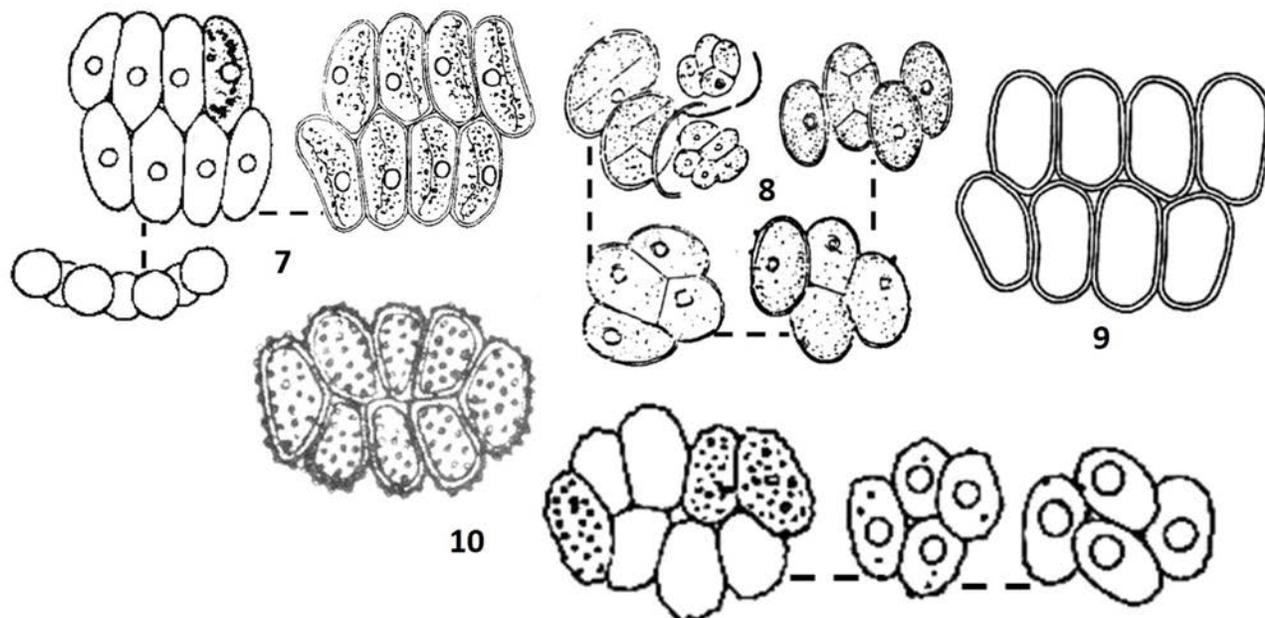
morfoespecies del género *Scenedesmus s. l.* En la actualidad, principalmente por resultados de las investigaciones genético-moleculares, este género ha sido dividido en varios. De manera que por razones puramente didácticas no aplico los nombres actuales en el momento de presentar los ejemplos, ya que dificultaría la comprensión del tema abordado. No obstante, al finalizar cada grupo se ofrece los nombres más actualizados.

S. disciformis-arcuatus-verrucosus.

S. disciformis (Chodat) Fott et Komárek 1960 (Fig. 7), tiene como basónimo a *S. bijugatus* var. *disciformis* Chodat 1902 (Fig.8) sin embargo, representa a un taxón con cenobios discoidales o con células alternadas pudiendo presentar diminutos dientes. *S. disciformis sensu* Fott et Komárek posee cenobios con dos hileras de células (con o sin diminutos espacios entre ellas) y carece de dentículos. Este morfotipo existe y ocurre frecuentemente en Cuba y en

mi opinión, está relacionado estrechamente con *S. arcuatus* var. *platydiscus* G.M. Smith 1916 (Fig. 9), nombrado sin embargo como *Comasiella arcuata* var. *platydisca* (Hegewald in Hegewald et al. 2010). *S. bijugatus* var. *disciformis* sensu Chodat, de acuerdo con Hegewald & Schnepf (1978) y Hegewald et al. (1988), es *S. verrucosus* Roll 1925 (Fig.

10), aunque esta especie no presenta denticulos, solo verrugas que no constituyen estructuras de la pared celular sino deposiciones, que a veces son visibles solo en los márgenes o cubriendo toda la superficie parietal. *S. verrucosus* se ubica dentro de un género independiente: *Verrucodesmus* Hegewald et al. 2013.



Figuras.7-10: 7) *S. disciformis* (Chodat) Fott & Komárek (1960), 8) *S. bijugatus* var. *disciformis* Chodat (1902), 9) *S. arcuatus* var. *platydiscus* G.M. Smith (1916), 10) *S. verrucosus* Roll (1925).

S. obliquus-dimorphus-acutus.

S. obliquus (Turpin) Kützing 1834, basado en *A. obliqua* Turpin 1829 (Fig. 11), ha tenido varias interpretaciones. De acuerdo con Hegewald (1982) incluye a *S. acutus* Meyen 1829 y a *S. dimorphus* (Turpin) Kützing 1834 (Fig. 12a): Cenobios de 2-4-8 células, alineados, ligera o marcadamente alternados; células más o menos fusiformes hasta cilíndrico-fusiformes, con los extremos atenuados, cónico-puntiagudos con o sin engrosamientos apicales, más o menos rectos o curvos, a veces digitiformes; todas las células iguales, o las marginales lunulares o levemente arqueadas, las internas más o menos rectas; caras celulares de las células externas, rectas o convexas. Esta convexidad sobrepasa o no la línea de los polos. De acuerdo con Komárek & Fott (1983) y Toledo & Comas (1988) (Fig. 12b-c), presenta células muy variables; pero básicamente oval-delgadas hasta anchamente fusiformes, las externas son más o menos rectas y sus polos son obtusos, no alargados.

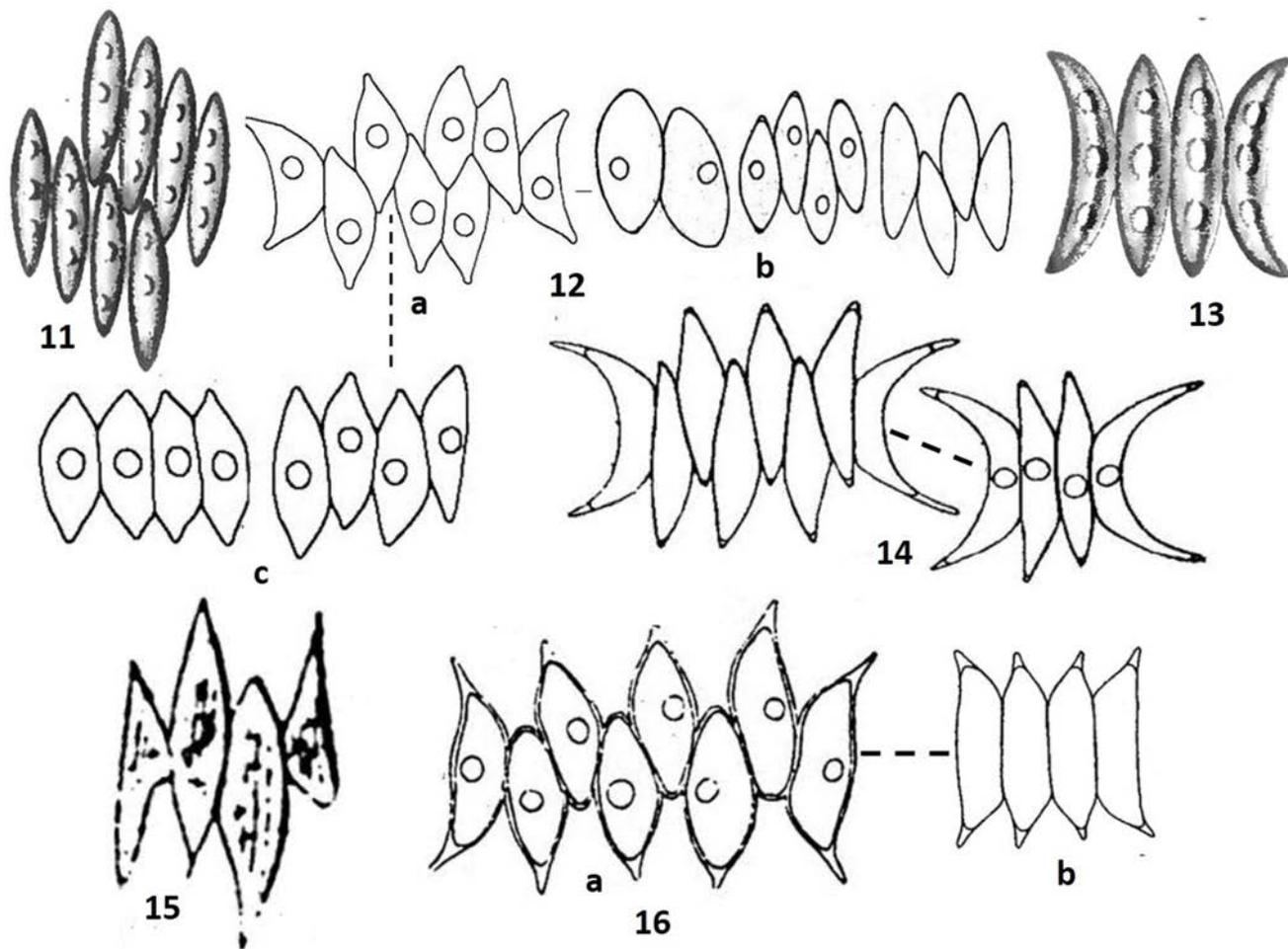
S. dimorphus, basado en *A. dimorpha* Turpin 1828 (Fig. 13), según Komárek & Fott 1983, Toledo & Comas 1988 y varios autores (Fig. 14) está caracterizada por sus células fusiformes, arqueadas, lunulares las externas, si los lados externos de estas células son convexas, esta convexidad no sobrepasa la línea que une a los polos celulares, con polos celulares agudos, cortos o algo pronunciados.

S. acutus, de acuerdo con el iconotipo (Meyen 1829) las células son fusiformes con los polos puntiagudos, las marginales, levemente arqueadas, heteropolares, los márgenes externos de estas células son más o menos rectos (Fig. 15). De acuerdo con diversos autores, la especie presentaba células externas algo curvas hacia fuera del cenobio; pero con sus márgenes externos convexas, convexidad variable, que podía sobrepasar la línea de los polos celulares (Fig. 16a-b).

Estudiando la variabilidad se pueden definir poblaciones que se ajustan a uno de estos tres

morfortipos, sin embargo, existen poblaciones intermedias cuya ubicación resulta insegura. La existencia de estas poblaciones intermedias pudiera indicar, siguiendo a la taxonomía tradicional, que se trata de una sola especie con posi-

lidades de establecer categorías infraespecíficas (Toledo & Comas 1988). Se han incluido dentro de *Acutodesmus* (Tsarenko *in* Tsarenko & Petlovanny 2001) y de *Tetradesmus* (Wynne & Hallan 2015).



Figuras.11-16: 11) *Achnanthes obliqua* (Turpin 1828), 12a-c) *S. obliquus*, a, (Hegewald 1982), b-c, (Komárek & Fott 1983, Toledo & Comas 1988), 13) *A. dimorpha* (Turpin 1828), 14) *S. dimorphus* sensu autores diversos (Toledo & Comas 1988), 15) *S. acutus* (iconotipo Meyen 1829), 16) *S. acutus* sensu autores diversos (Toledo & Comas 1988).

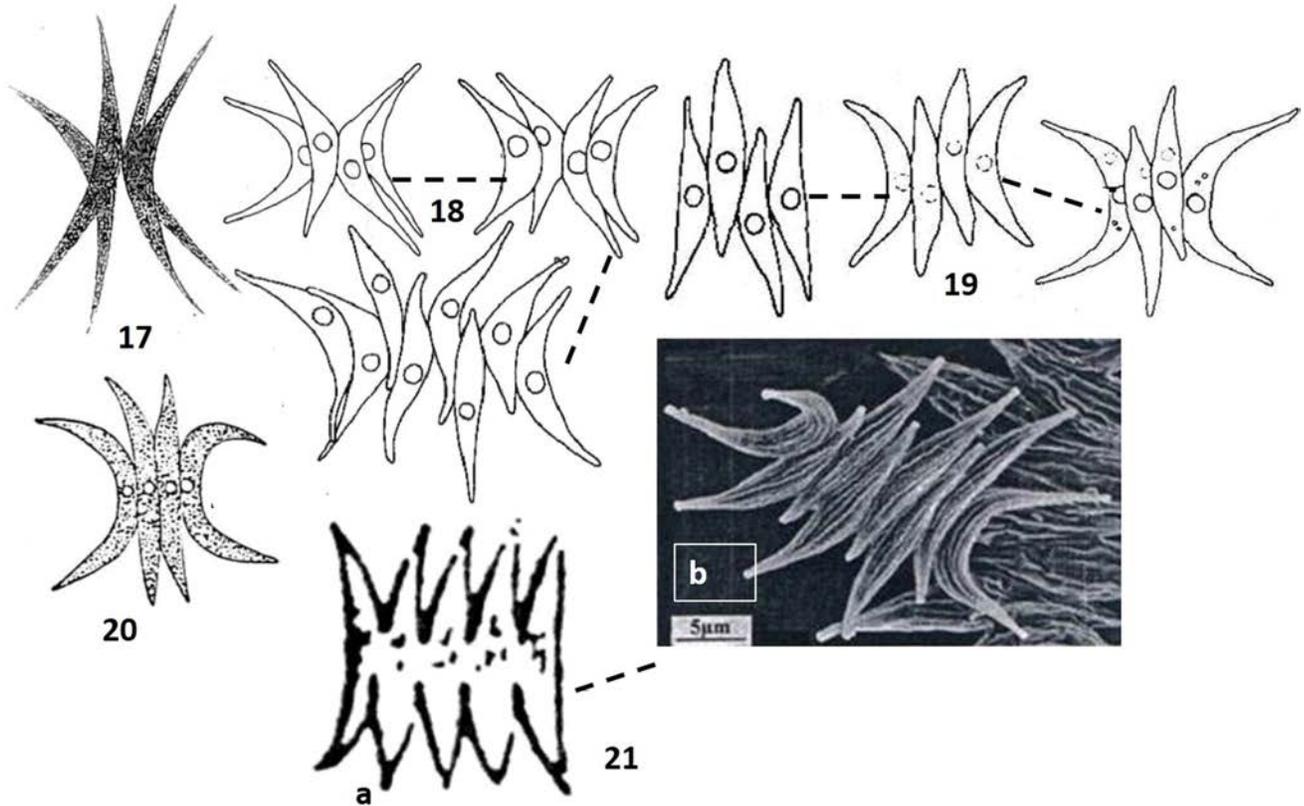
S. acuminatus-pectinatus.

S. acuminatus (Lagerheim) Chodat 1902, basado en *Selenastrum acuminatum* Lagerheim 1882 (Fig. 17), presenta células fusiformes, delgadas, arqueadas, unidas por sus caras convexas, dispuestas en uno o en diferentes planos, con polos alargados y puntiagudos. Bajo este nombre existían, al menos, dos morfotipos principales, uno con las células delgadas, arqueadas, en diferentes planos, semejante a *Selenastrum acuminatum* (Fig. 18), al que Hegewald (1979), designa propiamente como

Scenedesmus acuminatus, recientemente nombrado *Tetradesmus lagerheimii* (Wynne & Guiry 2016). El otro morfotipo, con células también arqueadas, delgadas, con polos no tan alargados, formando un cenobio en un mismo plano (Fig. 19), al que Hegewald (1979), aplica primero el nombre de *S. falcatus* Chodat 1926 (Fig. 20); pero por ilegitimidad del nombre, Holtmann & Hegewald (1986), usan el de *S. pectinatus* Meyen 1829. El iconotipo de esta especie (Fig. 21a), muestra un taxón, en mi opinión, cercano a *S. dimorphus*, de hecho, así fue

considerado por Komárek & Fott (1983). Como carácter importante, *S. pectinatus* sensu Holtmann & Hegewald (1986), al microscopio electrónico presenta delicadas costillas en la pared celular (Fig. 21b). No tengo dudas en afirmar que *S. pecti-*

natus sensu Holtmann & Hegewald (1986) existe, sin embargo, el nombre aplicado es fruto de una interpretación de *S. pectinatus* sensu Meyen 1829. A partir de 2013 se incluye en el género *Pectinodesmus* (Hegewald *et al.* 2013).



Figuras. 17-21: **17)** *Selenastrum acuminatum* Lagerheim (iconotipo, Lagerheim 1892), **18)** *Scenedesmus acuminatus* (Holtmann & Hegewald 1896), **19)** *S. falcatus* (Hegewald 1979), **20)** *S. falcatus* (iconotipo, Chodat 1926), **21a)** *S. pectinatus* (iconotipo, Meyen 1829), **b,** *S. pectinatus* (Holtmann & Hegewald 1986).

S. bernardii-javanensis-schroeteri.

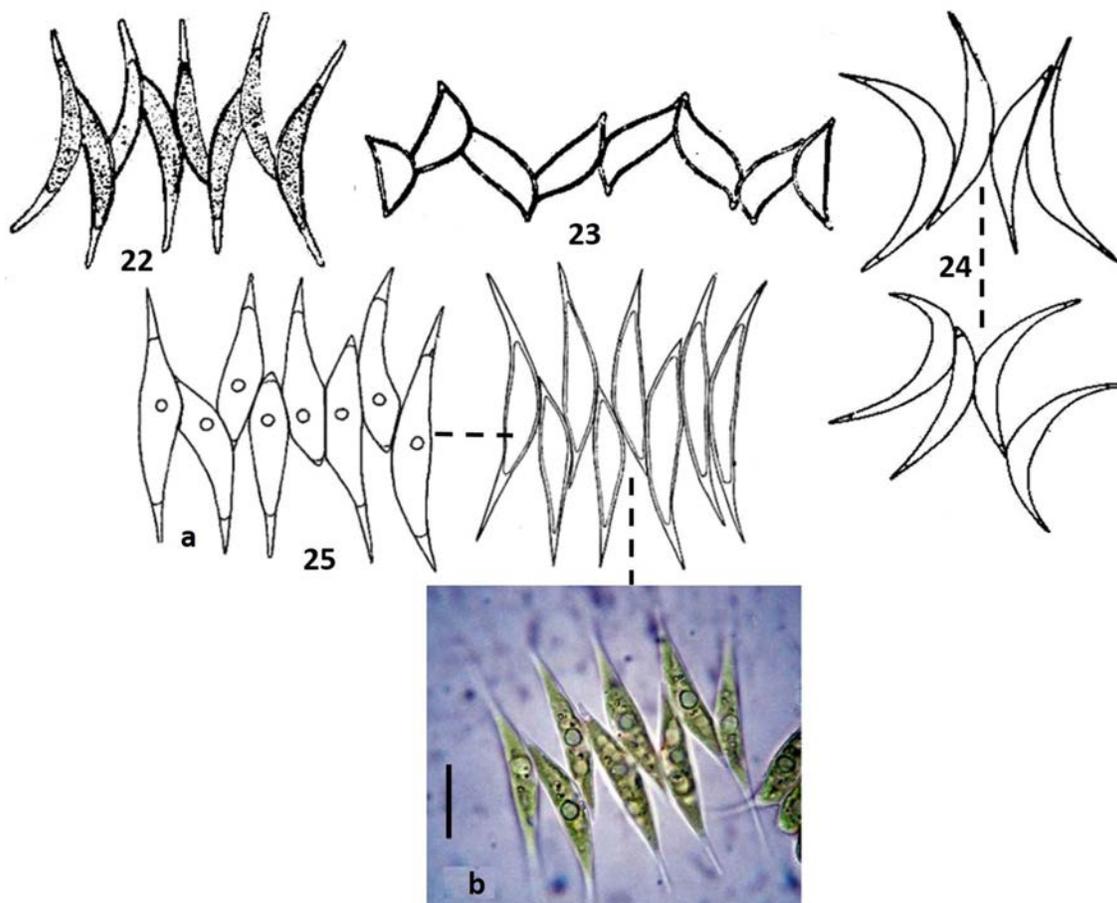
Bernard (1908), describe para Java (Indonesia) a *S. obliquus* f. *magnus* (Fig. 22) que se caracterizaba por sus células fusiformes, delgadas, en cenobios muy alternados (zigzag). G.M. Smith (1916), encuentra en los Estados Unidos una especie con similar formación de cenobios muy alternados, en zigzag, aunque las células eran menos aguzadas y de menores dimensiones (Fig. 23). A pesar de esas diferencias la considera taxonómicamente idéntica a la especie de Bernard (1908), usa el epíteto "*bernardii*", ya que "*magnus*," a nivel específico existía ya en *Scenedesmus* (*S. magnus* Meyen 1829). No designa tipo, ni hace referencia como tal a las figuras de Bernard (1908). Chodat (1926), considera las diferencias morfológicas entre *S. bernardii* sensu G.M. Smith

(1916) y la especie de Bernard (1908), considerándola como una especie diferente: *S. javanensis* (Fig. 24). Huber-Pestalozzi (1929), describe para Sudáfrica a *S. schroeteri*, que formaba cenobios en zigzag; pero con células evidentemente mayores y con sus extremos muy alargados (Fig. 25). Comas & Komárek (1984), consideran que *S. bernardii*, sin tipo designado y diferente al material de Bernard (1908) sería una fuente permanente de error y proponen *Scenedesmus pseudobernardii* para la especie de G. M. Smith (1916), reteniendo a *S. javanensis*. La primera solución fue rechazada por Holtmann & Hegewald (1986), quienes seleccionan como tipo de *S. bernardii* a la propia diagnosis de G.M. Smith (1916). De acuerdo con Hegewald *et al.* (2010), *S. javanensis* pertenece a *Pectinodesmus* (Hegewald

et al. 2010), mientras que *S. bernardii* ha sido ubicada en *Acutodesmus* (Hegewald et al. 2013) y en *Tetradesmus* (Wynne & Hallan 2015).

En mi opinión, en el actual *Pectinodesmus javanensis* se pueden diferenciar dos tipos morfológicos que coinciden en la formación de cenobios en zigzag;

pero se diferencian por la morfología celular y por sus dimensiones: morfotipo "*javanensis*" (*S. javanensis* f. *javanensis* sensu Comas & Komárek 1984) (Fig. 24) y morfotipo "*schoeteri*" (*S. schoeteri* f. *schoeteri* (Huber-Pestalozzi) Comas et Komárek 1984) (Fig. 25).



Figuras. 22-25: **22)** *S. obliquus* f. *magnus* (Bernard 1908), **23)** *S. bernardii* (G.M. Smith), **24)** *S. javanensis* (Comas & 1986 como *S. javanensis* f. *javanensis*), **25)** *S. schoeteri*, a (Comas 1996 como *S. schoeteri* f. *schoeteri*).

Una de las más frecuentes interpretaciones ocurre cuando un autor describe una especie cumpliendo con todas las reglas del código vigente. Puede ser considerada dudosa si no se ha encontrado nuevamente después de la descripción original. Ha sucedido más de una vez, que otro autor aplica ese mismo nombre a un morfotipo diferente; pero es adoptado por la mayoría de los autores posteriores. Todo hubiese quedado de esta manera; si no fuese que otro autor halla ambos morfotipos, los estudia y llega a la conclusión de que son buenas especies e independientes, la primera debe mantener el nombre prioritario, la segunda precisa de un

nombre nuevo. La selección de este nombre debe ser cuidadosa y consecuente. Tal es el caso de:

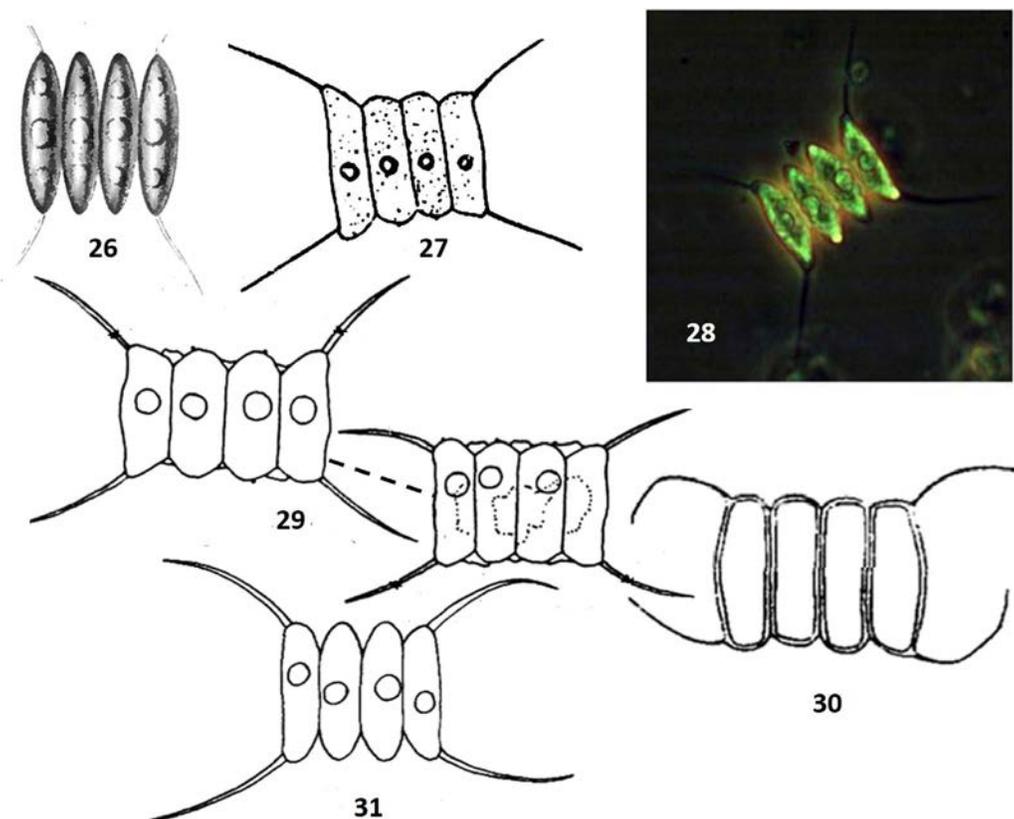
S. quadricauda-communis.

Basado en *Achnanthes quadricauda* Turpin 1828 (Fig. 26) y formalmente transferido por Brébisson (1835), *S. quadricauda* (Turpin) Brébisson ha sido una de las especies más comunes y de más amplia distribución, especialmente en los países templados, sin embargo, todos sus hallazgos e identificación se han basado en Chodat (1926), es decir, en una interpretación de este autor (Fig. 27). Hegewald (1977) logra estudiar el material tipo del herbario

de Turpin, señaló que aparecían varias especies de *Scenedesmus*, entre ellas *S. opoliensis* Richter 1895 (Fig. 28). No halló ningún elemento que coincidiera de manera inequívoca con *A. quadricauda*. La existencia de *S. quadricauda* (Turpin) Brébisson en sentido de Chodat (1926), lo motivó a una solución taxonómica, es decir: una nueva especie con nombre nuevo para *S. quadricauda* sensu Chodat (1926). Para ello, lo más consecuente era seleccionarlo entre los sinónimos anteriores válidamente publicado. Hegewald (1977), descartó a todos los candidatos posibles, hasta llegar a la publicación de *S. communis* Hegewald (Fig. 29). En mi opinión, *S. westii* (G.M. Smith) Chodat 1926 (*S. quadricauda* var. *westii* G.M. Smith 1916) (Fig. 30) era un candidato posible, sin embargo, lo considera sinónimo de *S. maximus* (W. et G. S. West) Chodat 1913 (Fig.31), que es en mi opinión diferente.

Según Hegewald (1977), es característica distintiva de *S. communis*, la membrana entre las células y

las rosetas visibles al microscopio fotónico. Ambos caracteres los he observado a veces en poblaciones naturales de *S. communis* así como también en *S. magnus*. *S. communis* fue transferida a *Desmodesmus* (*D. communis* (Hegewald) Hegewald 2000). Encuentro gran semejanza entre *Achnanthes quadricauda* Turpin (Fig.26) y *Scenedesmus opoliensis* Richter, especialmente con la var. *mononensis* G.M. Smith 1916 (Fig.28) y soy del criterio de que ambos nombres pudieran pertenecer a una misma especie. Hegewald & Braband (2017), reconocieron esta semejanza. Proponer una solución taxonómica a este problema que además de complicado estaría alejado del objetivo de este trabajo. Menciono además, que Compère & Komárek (1990), propusieron la conservación de *S. quadricauda*, aceptándose por Greuter *et al.* (2000), sin embargo, Hegewald & Braband (2017), consideran a esta decisión como no robusta, recomendando su no aplicación (consultese Hegewald & Braband 2017).



Figuras. 26-31: **26)** *Achnanthes quadricauda* (iconotipo, Turpin 1828), **27)** *S. quadricauda* (Turpin) Brebisson sensu Chodat 1926), **28)** *S. opoliensis* var. *mononensis* (original), **29)** *S. communis* (Hegewald 1977), **30)** *S. westii* (Chodat 1926), **31)** *S. maximus* (Chodat 1913).

LA BIOLOGÍA MOLECULAR. ¿SOLUCIÓN A LAS INTERPRETACIONES?

Sin duda el valor científico y los nuevos horizontes que brindan estos estudios avanzados han aclarado y solucionado muchos problemas, entre ellos, las relaciones genético-moleculares entre los grandes grupos y algunos casos a nivel de género y especies. Probablemente el primer estudio de este tipo sobre la familia Scenedesmaceae fue publicado por Paschma & Hegewald (1986)

Sin embargo, algunas soluciones taxonómicas a partir de resultados obtenidos mediante la biología molecular no siempre escapan del subjetivismo. En un inicio, los estudios moleculares se basaron en materiales biológicos identificados previamente siguiendo los criterios tradicionales (morfológicos). Posteriormente estas identificaciones son sustentadas o rectificadas de acuerdo con los resultados genético-moleculares. El clásico ciclo: ¿"qué fue primero, el huevo o la gallina"? Esta coloquial expresión no es tan así.

Primero estuvo la **selección** de los materiales a estudiar. Al principio, los genetistas moleculares requerían abundante material que fuese genéticamente homogéneo. Fueron entonces a los cultivos depositados en renombradas colecciones. La selección se basó en el nombre de los registros y en las etiquetas correspondientes. Los que hemos tenido la oportunidad de estudiar cultivos de colecciones, sabemos, que no pocas veces, el nombre en las etiquetas no se corresponde con el organismo indicado. El prestigio de esas instituciones estriba fundamentalmente en el estado y conservación de los cultivos; pero por lo general no cuentan con especialistas en cada uno de los grupos taxonómicos, por ejemplo: Hegewald (1989, 1997) en una revisión de la colección UTEX (Universidad de Austin, Texas) de 14 cepas de *Scenedesmus* rectifica la identificación en 10 de ellas. Los resultados obtenidos mediante los análisis genéticos pueden haber sido científicamente precisos; pero las conclusiones taxonómicas pueden haber sido basadas en materiales incorrectamente identificados. Por experiencia personal, muchas cepas de *Coelastrum* Nägeli depositadas en colecciones aparecen erróneamente identificadas, lo que ha sido corroborado por Wolf *et al.* (2003).

Los resultados de estos primeros estudios mostraron que muchos géneros y/o especies presentaban una marcada heterogeneidad, es decir polifiléticos y que los caracteres morfológicos hasta ese momento utilizados por la taxonomía tradicional no definían taxones filogenéticos. Esta última conclusión es correcta. Posteriormente, los equipos de científicos incorporaron taxónomos experimentados que podían ayudar en la selección del

material biológico. En esta fase, si los materiales seleccionados se corresponden con los nombres asignados, hay pues garantías en los resultados y en las conclusiones. Existen en la actualidad técnicas de aislamiento que logran obtener cultivos monoclonales que garantizan el material de estudio, no así el nombre aplicado. Debo señalar que, aunque los análisis moleculares sean correctos, si los nombres aplicados son fruto de una interpretación, las conclusiones taxonómico-sistemáticas se apartan de la realidad objetiva. Pudiera abordar otros aspectos sobre los estudios genético-moleculares, concretamente acerca de las conclusiones taxonómico-sistemáticas emanadas de estos. Son aspectos dignos de reflexión; pero me alejaría del tema propuesto para esta contribución.

Para revisiones sobre la taxonomía de los géneros de difícil delimitación, principalmente de aquellos grupos más comunes e importantes en los ecosistemas acuáticos como es el caso de *Scenedesmus*, es conveniente recordar a los taxónomos la importancia de que las nuevas descripciones se basen en poblaciones representativas, precisa definición de sus caracteres diagnósticos y con una adecuada selección de los tipos nomenclaturales, con una apropiada aplicación del Código Internacional de Nomenclatura para algas, hongos y plantas (ICN). El reconocimiento de especies delimitadas solo por la biología molecular carece de aplicación práctica, no obstante, los estudios moleculares han resultado fundamentales en el entendimiento de las variaciones específicas y tratan de arribar a un concepto de especies dentro de las protistas. Recomendando las reflexiones de Komárek (2020) sobre cianobacterias que pueden ser aplicadas a todos las microalgas en amplio sentido.

REFERENCIAS

- An, S. S., T. Friedl & E. Hegewald, 1999. Phylogenetic relationship of *Scenedesmus* and *Scenedesmus*-like coccoid green algae as inferred from ITS-2 rDNA sequence comparisons. *Plant Biology* 1: 1-11.
- Bernard, C. 1908. Protococccacées et desmidiées d'eau douce, récoltées à Java. Batavia, 230 pp.
- Bisalputra, T. & T.E. Weier. 1963. The cell wall of *Scenedesmus* quadricauda. *American Journal of Botany* 50: 1011-1019.
- Brébisson de, A. 1835. Algues des environs de Falaise. *Mémoire de la Société Academie de Falaise, Flaise*, 66 pp.
- Buchheim, M.A., E. Michalopoulos & J. Buchheim. 2001. Phylogeny of Chlorophyceae with special references to the Sphaeropleales: A study of 18S and 26S rDNA data. *Journal of Phycology* 37: 819-835.
- Chodat, R. 1902. Algues vertes de la Suisse. Pleurococ-

- coides et Chroolépiales. - *Matériaux Flora Cryptogamie Suisse* 1: 373 pp.
- Chodat, R. 1913. Monographie d'algues en culture pure. *Matériaux Flore Cryptogamie Suisse* 4: 1-266.
- Chodat, R. 1926. *Scenedesmus*. Étude de génétique, de systématique expérimentale et d'hydrobiologie. *Zeitschrift Hydrologie* 3: 71-258.
- Comas, A. & J. Komárek. 1984. Taxonomy and nomenclature of several species of *Scenedesmus* (Chlorellales). *Algological Studies* 35: 135-157.
- Compère, P. & J. Komárek. 1990. Proposal to conserve *Scenedesmus quadricauda* (Turpin) Brébisson with a conserving type under Art. 69.3 (algae). *Taxon* 39: 530-531.
- Ehrenberg, C.G. 1834. Dritter Beitrag zur Erkenntniss grosser Organisation in der Richtung des kleinsten Raumes. *Abhandlungen der Königl. Akademie der Wissenschaften zu Berlin, Physikalische Klasse* 1833: 145-336.
- Fott, B. & J. Komárek. 1960. Das Phytoplankton der Teiche im Tschener Schlesien. *Preslia* 32: 113-141.
- Greuter, W., J. McNeill, F.R. Barrie, H. Burdet, V. Demoulin, T.S. Filgueiras, D.H. Nicolson, P.C. Silva, J.E. Skog, P. Treharne, N.J. Turland & M.D.L. Hawksworth. 2000. International Code of Botanical Nomenclature (St. Louis code). Regnum Vegetabile 138. Koeltz Scientific Books, Königstein. <http://www.bgbm.org/IATP/Nomenclature/Code/SaintLouis/0000StLuistitle.htm>
- Hegewald, E. 1977. *Scenedesmus communis* Hegew., a new species and its relation to *Scenedesmus quadricauda* (Turp.) Bréb. *Algological Studies* 19: 142-155.
- Hegewald, E. 1979. Vergleichende Beobachtungen und Herbarmaterial und Freilandmaterial von *Scenedesmus*. *Algological Studies* 19: 142-155.
- Hegewald, E. 1982. Taxonomisch-morphologische Untersuchung von *Scenedesmus*-Isolaten aus Stammsammlungen. *Algological Studies* 29: 375-406.
- Hegewald, E. 1997. Taxonomy and Phylogeny of *Scenedesmus*. Algae. *The Korean Journal of Phycology* 12(4): 235-246.
- Hegewald, E. 1989. The *Scenedesmus* strains of the Culture Collection of the University of Texas at Austin (UTEX). *Algological Studies* 55: 153-189.
- Hegewald, E. 2000. New combinations in the genus *Desmodesmus* (Chlorophyceae, Scenedesmaceae). *Algological Studies* 96: 1-18.
- Hegewald, E., C. Bock & L. Krienitz. 2013. A phylogenetic study on Scenedesmaceae with the description of a new species of *Pectinodesmus* and the new genera *Verrucodesmus* and *Chodatodesmus* (Chlorophyta, Chlorophyceae). *Fottea* 14: 149-164.
- Hegewald, E. & A. Braband. 2017. A taxonomic revision of *Desmodesmus* serie *Desmodesmus* (Sphaeropleales, Scenedesmaceae). *Fottea* 17: 191-208.
- Hegewald, E., N. Jeeji Bai. & M. Hesse. 1975. Taxonomische und floristische Studien an Phytoplanktonalgen aus ungarischen Gewässern. *Algological Studies* 13: 392-432.
- Hegewald, E. & E. Schnepf. 1978. Investigations on the lakes of Perú and their phytoplankton. 3. Three new taxa of *Scenedesmus* from tropical Perú. *Algological Studies* 20: 308-317.
- Hegewald, E. & P. Silva. 1988. Annotated catalogue of *Scenedesmus* and nomenclaturally related genera including original descriptions and figures. *Bibliotheca Phycologica* 80: 1-587.
- Hegewald, E., M. Wolf, A. Keller, T. Friedl, & L. Krienitz. 2010. ITS2 sequence-structure phylogeny in the Scenedesmaceae with special reference to *Coelastrum* (Chlorophyta, Chlorophyceae), including the new genera *Comasiella* and *Pectinodesmus*. *Phycologia* 49: 325-335.
- Holtmann, T. & E. Hegewald 1986. Der Einfluss von Nährlösungen auf die Variabilität von Isolaten der Gattung *Scenedesmus*. Untergattung *Acutodesmus*. *Archiv für Hydrobiologie. Suppl.* 73: 365-380.
- Huber-Pestalozzi, G. 1929. Algologische Mitteilungen VI. *Archiv für Hydrobiologie* 20: 413-426.
- Komárek, J. 1978. Taxonomické Metody. In: Hindák, F. (Ed.). *Sladkovodné Riasy, Slovenske Pedagogicke Nakladatelstvo, Bratislava*, 197-234 pp.
- Komárek, J. 2020. Quo vadis, taxonomy of Cyanobacteria (2019). *Fottea* 20(1): 104-110.
- Komárek, J. & A. Comas. 1982. Taxonomical definition of the genera and several species of *Ankistrodesmus* and *Selenastrum* (Chlorococcales). *Algological Studies* 32: 259-277.
- Komárek, J. & B. Fott 1983. Chlorococcales. In: Huber-Pestalozzi (Ed.): *Das Phytoplankton des Süßwassers, Systematik und Biologie*". Teil 7, Stuttgart.
- Komárek, J. & J. Ludvik. 1971. Die Zellwandstruktur als taxonomische Merkmal in der Gattung *Scenedesmus* 1. Die Ultrastrukturelemente. *Algological Studies* 5: 301-333.
- Komárek, J. & J. Ludvik. 1972. Die Zellwandstruktur als taxonomische Merkmal in der Gattung *Scenedesmus* 2. Übersicht der untersuchten Arten. *Algological Studies* 6: 11-47.
- Kützing, F.T. 1849. *Species Algarum, Lipsiae*, 922 pp.
- Lagerheim, G. 1882. Bidrag till kännedomen om stockholmstraktens Pediastrer, Protococcaceer och Palmellaceer. Öfversigt af Kongl. *Vetenskaps-Akademiens Förhandlingar Arg.* 39: 47-81.
- Lukavský, J. 1991. Motile cells in *Scenedesmus obliquus* in outdoor mass culture. *Archiv Protistenkunde* 140: 345-348.
- Meyen, F.J.F. 1829. Beobachtungen über einige niedere Algenformen. *Nova Acta Physico-Medica Academiae Caesareae Leopoldino-Carolinae Naturae* 14: 768-778.
- Nägeli, C. 1949. Gattungen einzelliger Algen, physiologisch und systematisch bearbeitet. *Allgemeine Schweizerisch*

- Gesellschaft für die Gessamnte Naturwissenschaften* 10(7): 139 pp.
- Pelicarič, Š, J. Sulek & J. Ludvik. 1970. Ultrastructure of the cell Wall of *Scenedesmus quadricauda* (Turp.) Bréb. Strain Greifswald/15. *Algological Studies* 2/3: 1-6.
- Paschma, R. & E. Hegewald. 1986. DNA base composition within the genus *Scenedesmus* (Chlorophyta). *Plant Systematic Evolution* 153: 171-180.
- Richter, P. 1895. *Scenedesmus opoliensis* P. Richt, nov. sp. *Zeitschrift für angewandte Mikroskopie* 1: 3-7.
- Roll, J.V. 1925. Les nouvelles espèces des Algues trouvées aux environs de la station biologique du Donetz du Nord. *Russkii Arkhiv Protistologii* 4: 137-152.
- Smith, G. M .1916. A monograph of the algal genus *Scenedesmus* based upon pure culture studies. *Transactions Wisconsin Academy Sciences Arts & Letters* 18 (2): 422-530.
- Toledo, L. & A. Comas. 1988, Sobre la variabilidad morfológica y la taxonomía de algunas especies de *Scenedesmus* (Chlorellales). *Acta Botánica Cubana* 57: 1-32.
- Trainor, F.R. 1963. Zoospores in *Scenedesmus obliquus*. *Science* 142: 1673-1674.
- Tsarenko, P.M. & O.A. Petlovanny. 2001. Droplolnieniek Raznoobrazijr vodoroslej Ukrainy. *Algologia Suppl.*: 1-130.
- Turpin, P. J. F. 1828. Apercu organographique sur le nombre deux. *Memoire Museum Historia naturell, Paris*, 16: 296-344.
- Wolf, M., D. Hepperle & L. Krienitz. 2003. On the phylogeny of *Planktosphaeria* and *Schizochlamydella* (Radiococcaeae, Chlorophyta). *Biologia, Bratislava* 58: 759-765.
- Wynne, M.J. & J.K. Hallan. 2015. Reinstatement of *Tetrademus* G. M. Smith (Sphaeropleales, Chlorophyta). *Feddes Repertorium* 126: 83-86.
- Wynne, M.J. & M.D. Guiry. 2016. *Tetrademus lagerheimii* M.J. Wynne & Guiry, nomen novum, a replacement name for *Tetrademus acuminatus* (Lagerheim) M.J. Wynne, nom. illeg. (Sphaeropleales, Chlorophyta). *Notulae Algarum* 12: 1.

Sometido: 13 de noviembre de 2020

Revisado: 12 de febrero (Dra. Thais da Silva y Dra. Rosaluz Tavera)

Corregido: 12 de marzo de 2021

Aceptado: 13 de marzo de 2021

Nombres huérfanos en taxonomía y sus consecuencias en la estimación de la biodiversidad algal.

Orphan names in taxonomy and their consequences in estimations of algal biodiversity.

Francisco F. Pedroche¹ y Eberto Novelo²

¹Comité Internacional de Nomenclatura – sección Algas.

¹Departamento de Ciencias Ambientales, Universidad Autónoma Metropolitana-Lerma, Av. de las Garzas 10, Col. El Panteón, Lerma de Villada 52005, Estado de México, México & University Herbarium, University of California at Berkeley, USA.

Email: fpedroche@correo.ler.uam.mx

²Departamento de Biología Comparada, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México.

Email: enm@ciencias.unam.mx

Pedroche, F.F. y E. Novelo. 2020. Nombres huérfanos en taxonomía y sus consecuencias en la estimación de la biodiversidad algal. *Cymbella* 6(3): 151-156.

INTRODUCCIÓN

La estimación de la biodiversidad se ha vuelto una tarea apremiante y fundamental para el conocimiento y conservación de las especies que se encuentran en un espacio geográfico determinado. Esto, basado principalmente en la tasa tan alta de extinción de organismos diversos y en la modificación acelerada de diferentes escenarios naturales por parte de los humanos. A esta tarea se ha incorporado gran cantidad de material presente en herbarios, colecciones antiguas y modernas, y se han construido también bases de datos nacionales e internacionales. Wikipedia cita unas 45, aunque marca que esta lista está incompleta (https://en.wikipedia.org/wiki/Category:Biodiversity_databases). No obstante que muchas de ellas repiten información y son un punto de partida para construir e interpretar datos biológicos. El punto crucial de las bases de datos y que ha sido mencionado por algunos autores, es qué tan fidedigna es la información depositada y qué tan completa está dicha información (Jansen & Dengler 2010, Meyer 2016, Sigovini *et al.* 2016). Un aspecto adicional es, cómo se incorporan en una base de

datos, los registros que utilizan la nomenclatura abierta (Pedroche & Novelo 2020) o bien aquellos registros no actualizados nomenclaturalmente, algunos de ellos por limitaciones propias del taxón o por la inexperiencia del investigador que se enfrenta a ellos. Algunos ejemplos son los homónimos tardíos, los taxones bajo la denominación de *auctorum* o los nombres ilegítimos. En este trabajo exploramos una de estas condiciones, la existencia de los nombres huérfanos (“*orphan names*”) en taxonomía.

NOMBRES HUÉRFANOS

En una contribución anterior se mencionaron estos nombres y su posible impacto en el conocimiento de la flora de las algas marinas de México (Pedroche & Sentíes 2020). Sin embargo, este problema no solo aqueja a las algas marinas, sino que también es recurrente en las algas de agua dulce. En nuestra experiencia, no es fácil encontrar referencias a esta condición que, aunque no es digamos de lo más común, sí está presente en varios listados florísticos y catálogos del mundo. Para iniciar, quizá sería adecuado tomar una definición mencio-

nada precisamente en un catálogo: "Un taxón..... huérfano es un taxón que no encaja perfectamente en nuestro esquema taxonómico y nomenclatural elegido" (*An orphaned infraspecific taxon is a taxon that does not fit neatly into our chosen taxonomic and nomenclatural scheme*) (Silva et al. 1996).

UN EJEMPLO ILUSTRATIVO

Durante 1958, Dawson visitó la parte sur del Golfo de California, México a bordo del M/V Stella Polaris (Dawson 1959). Viajaron de La Paz a Isla San Pedro Mártir recolectando algas marinas todos los días durante 14 días, el 18 de abril encontró un alga verde pequeña, a 3 m de profundidad en la Isla San Francisco, que se asemejaba a un alga anteriormente encontrada por él en las Islas Marshall, la cual había registrado como *Geppella mortensenii* Børgesen (= *Rhipiliopsis mortensenii* (Børgesen) Farghaly & Denizot) (Dawson 1956, p. 39, fig. 27) (Fig. 1) indicando sin embargo que: "los talos están un poco menos ampliamente flabelados que el tipo de Børgesen". Más tarde (Dawson 1959, p. 16), señaló que el espécimen "carece de los apegos anulares entre las ramas, característicos de los especímenes de *G. mortensenii* recolectados por Børgesen en Mauricio" y en ausencia de más material para comparar, le dejó ese nombre al individuo de las Islas Marshall. Sin embargo, una vez que recolectó el individuo del Golfo de California, decidió describir una especie nueva: *Geppella decussata* Dawson, con el si-

guiente protólogo: "Talo pequeño, 2-3 mm de altura, monosifónico, que consiste en una parte superior dicotómicamente ramificada y de un estípote alargado que surge de un pie basal postrado. El estípote de 1.0 a 1.5 mm de largo y unos 40 µm en diámetro, densamente pigmentado, ramificado dicotómicamente, decusado en la parte terminal, las dos o tres primeras ramificaciones a intervalos de 80-150 µm, luego a intervalos de 250-400 µm, muy ligeramente constreñidos en las dicotomías, reducidos gradualmente en diámetro a los segmentos finales que son alrededor de 25 µm de diámetro. Ápices redondeados, cromatóforos largos elípticos, alrededor de 1.75 por 4.0 µm en dimensiones" Así, concluyó que esta alga era la misma que la de las Islas Marshall.

Farghaly & Denizot (1979, p. 181) resolvieron que *Geppella mortensenii*, que solía ser el generitipo de *Geppella* Børgesen era realmente un miembro del género *Rhipiliopsis* A. Gepp & E. S. Gepp, por lo que ambos géneros se convirtieron en sinónimos, teniendo prioridad el segundo. Por lo tanto, en todo caso, *G. decussata* debería haber sido transferida a *Rhipiliopsis* lo cual no se realizó dejando un nombre huérfano.

¿CÓMO RESOLVER ESTA SITUACIÓN?

Primero hay que revisar la información proporcionada por los autores. En el caso de *Geppella decussata*, la descripción y la figura de Dawson (Fig. 2) muestran claramente que este individuo tiene fila-

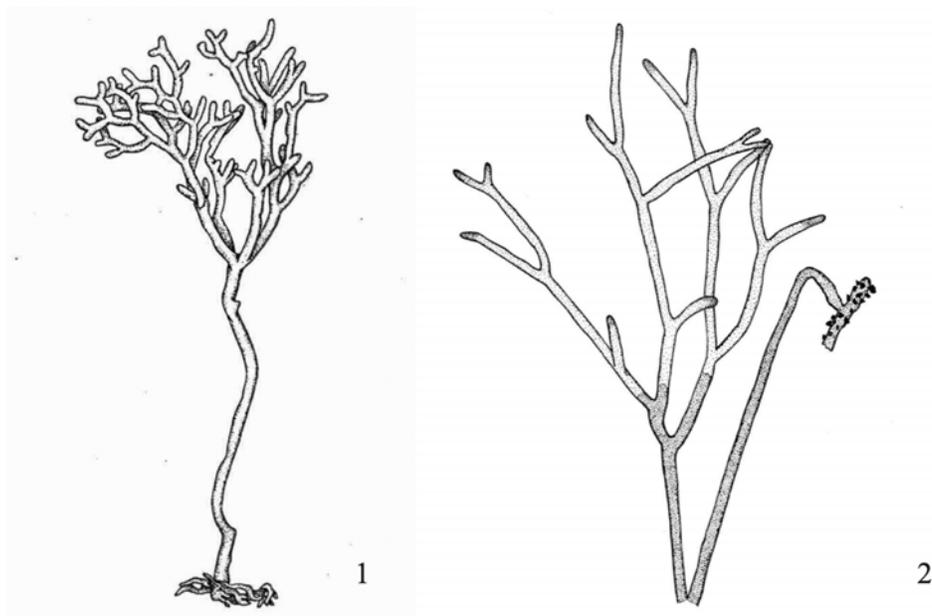


Figura 1. *Geppella mortensenii* Børgesen (*sensu* Dawson 1956): Hábito de una planta. X 10.

Figura 2. *Geppella decussata* E. Y. Dawson (tomado de Dawson 1959): Hábito de una planta de la colección tipo. X 64.

mentos libres y no anastomosados por tenáculos, esta última característica atribuida a los miembros del género *Rhipiliopsis* (Kraft 2007, p. 238). Por lo que la información disponible parecería suficiente para ubicarla en el género *Pseudochlorodesmis* Børgesen (ver opinión de Kraft en Guiry & Guiry 2021) y realizar una combinación nueva. Una acción que refuerza el juicio taxonómico es acudir y revisar el holotipo, que en este caso está depositado en UC (Thiers 2020) pero en líquido, y no existe espécimen seco o imagen del mismo. Peor aún, según registros, Setzer (com. pers.) informó que la mayor parte del material en el vial es *Sphacelaria* y *Polysiphonia* (ver https://ucjeps.berkeley.edu/ina/algal_types.html), por lo que el holotipo podría estar perdido. La situación se complica pues no existe material adicional y desde su descripción, esta especie no ha sido registrada de nuevo (Pedroche *et al.* 2005). Además, no existe información ni imagen de *G. mortensenii* alojada en BISH (Thiers 2020). Ante estos hechos, la única alternativa disponible es recolectar esta alga en la localidad tipo o en áreas cercanas y contar así con observaciones nuevas que permitan tomar una decisión sobre la ubicación de esta entidad. Por lo pronto seguirá siendo un nombre huérfano.

En resumen, cada taxón se agrega al taxón aceptado que se considera más relacionado. Para realizar este ajuste se requiere una investigación que conduzca a la eliminación del nombre como sinónimo, su aceptación bajo una nueva combinación o su descripción como una entidad nueva. En el caso de las subespecies, variedades o formas, éstas deben estar en la circunscripción de una especie. Si se traslada una especie a otro género se deberán mover también los taxones infraespecíficos, excepto si se valora que uno de ellos no está en la circunscripción del otro género y se eleva al rango de especie. Cuando el subtaxón lleva el mismo nombre que el taxón, entonces se aplican las reglas de autónimo, véase el glosario y artículos 6.8 y 26.3 del Código (Greuter & Ranklin Rodríguez 2018). Si los nuevos datos muestran que uno o más taxones pertenecen a otro taxón, entonces no se transfieren. Si un nombre transferido es ahora un homónimo tardío, se debe proporcionar un nombre sustituto. Si el nombre es para un segundo o tercer subtaxón, cada no autónimo debe tener una referencia completa y directa al basiónimo (Art. 41). En el caso de que estos subtaxones adicionales hayan sido ignorados, entonces están en el limbo (huérfanos). No han sido combinados (transferidos) ni colocados en sinónimos y permanecerán en esta situación hasta que alguien publique una decisión sobre los

mismos. Por otro lado, alguien puede considerar que no es una variedad reconocida o alguien puede considerarla una especie independiente. **Aquí es donde la taxonomía impacta a la nomenclatura.**

ALGUNOS CASOS DETECTADOS EN LA FICOFLOTA MEXICANA

A manera de ejemplo presentamos algunos taxones que se encuentran en esta situación.

Algas marinas

Gigartina leptorhynchos J. Agardh fue trasladada al género *Mazzaella* por Hommersand *et al.* (1993, p. 110) estableciendo la combinación nueva *M. leptorhynchos* (J. Agardh) Leister. Sin embargo, *Gigartina leptorhynchos* f. *cylindrica* E. Y. Dawson no fue transferida o reubicada, por lo que este nombre sigue siendo taxonómicamente aceptado. *Lithophyllum daedaleum* Foslie & M. Howe fue colocado como sinónimo de *L. kaiseri* (Heydrich) Heydrich por Hernández-Kantun *et al.* (2016, p. 621), dejando a la variedad *L. daedaleum* var. *pseudodontatum* Foslie & M. Howe como un nombre huérfano. Kim *et al.* (2007, p. 1317), propusieron que tres géneros: *Jania*, *Cheilosporum* y *Halitilon* son cogenéricos con prioridad en el nombre de *Jania* y transfiriendo varias de las especies; sin embargo, *Halitilon janioides* (E. Y. Dawson) Garbary & H.W. Johansen quedó en espera de una solución taxonómica. En estudios de cultivo e hibridación, Guiry y West (1983, p. 490) encontraron que no existían diferencias entre *Petrocelis cruenta* J. Agardh, especie que tipificaba al género *Petrocelis* y *Gigartina stellata* (Stackhouse) Batters (= *Mastocarpus stellatus* (Stackhouse) Guiry), determinando que ambas son entidades eran sinónimos. Aunque varios taxones del género *Petrocelis* han sido reubicados, la única especie registrada para México (*Petrocelis ascendens* Dawson) aún se encuentra en espera de estudios, morfológicos y moleculares, para determinar su ubicación taxonómica; por lo tanto, representa un nombre huérfano para la flora algal del Pacífico de México.

Algas dulceacuólicas

Glenodinium cinctum Ehrenberg la especie que tipificaba al género *Glenodinium* fue transferida por Woloszynska (1916) al género *Glenodiniopsis*, el cual tiene como generitipo a *Glenodiniopsis steinii* Woloszynska. De todas las especies contempladas en el primero, 44 permanecen bajo su jerarquía sin que al momento haya una asignación de un nuevo generitipo o bien su reubicación en algún otro género de dinoflagelados. Todos estos nombres están en el limbo y son considerados nombres huérfanos. De las 6 especies registradas en

México, *G. pulvisculum* (Ehrenberg) Stein queda como nombre huérfano.

La utilización de secuencias genéticas para caracterizar géneros de Chlorophyta ha generado una buena cantidad de casos que son dudosos respecto de su ubicación nomenclatural actual. Uno de los más complicados es el género *Scenedesmus* Meyen. Komárek y Fott (1983) reconocieron más de 150 especies reunidas en 5 grandes grupos morfológicos. Con la utilización de secuencias esos grupos se han separado en más de 6 géneros que todavía están en discusión. Uno de ellos es *Desmodesmus*, elevado a género por An *et al.* en 1999. Hegewald (2000) hizo las nuevas combinaciones y sinonimias de todos los taxones específicos e infraespecíficos de *Scenedesmus* a *Desmodesmus* (781 nombres) sin otro criterio que los parecidos morfológicos. Muchos taxones no fueron incluidos en ese trabajo y quedaron huérfanos. De las especies registradas en México que se quedaron en el limbo tenemos: *Scenedesmus gutwinski* Chodat es sinónimo de *S. subspicatus*, a su vez sinónimo de *Desmodesmus subspicatus* (Chodat) Hegewald & Schmidt, pero *Scenedesmus gutwinski* var. *bacsensis* Uherkovich registrada en Yucatán no fue transferida a *Desmodesmus* y por ello en AlgaeBase aparece como nombre aceptado.

Lo mismo pasó con *Scenedesmus opoliensis* var. *brevicaudatus* Hortobágyi, sin combinación para *Desmodesmus opoliensis* (Richter) Hegewald.

El caso más complicado es *Scenedesmus quadricauda* (Turpin) Brébisson. Uno de los nombres más comunes en listados florísticos y ecológicos. El nombre fue propuesto como nombre a conservar por Compère y Komárek (1990) pero Hegewald en 1977 propuso *Sc. communis* Hegewald para muchas de las especies nombradas como *S. quadricauda* (excepto la de (Turpin) Brébisson) y por tanto ese nombre no fue incluido en su trabajo de 2000. Para Guiry y Guiry (2021) es el “nombre de una entidad que es actualmente aceptada taxonómicamente”, pero sin ubicación dentro de *Desmodesmus*. Muchos ejemplares de *Sc. quadricauda* s. str. fueron identificados como *Sc. communis* y además algunos autores de floras mencionan *Desmodesmus quadricauda* (Turpin) Hegewald que no ha sido publicado por ese autor. Otro problema es que existe *Scenedesmus quadricauda* Chodat (*nom. illeg.*) el cual es sinónimo de *D. communis*. De lo anterior tenemos que muchas variedades de *S. quadricauda* (Turpin) Brébisson pasaron a otras especies no relacionadas con *Desmodesmus communis* o con las relacionadas directamente con *S. quadricauda* (Turpin) Brébisson, o quedaron huérfanas; en México aparecen: *Sc. quadricauda* var. *acutiformis* (Schröder)

Schmidle, *Sc. quadricauda* var. *inermis* Playfair y *Sc. quadricauda* var. *hystricoides* Massjuk¹.

Otro caso es el de *Scenedesmus polyglobulus* Hortobágyi que en Hegewald (2000) aparece como sinónimo de *Desmodesmus lunatus* (W. West & G.S. West) Hegewald, pero *D. lunatus* tiene espinas, no verrugas; por lo que quizá podría ser un *Desmodesmus* del grupo no espinoso, o bien un *Verrucodesmus*, pero seguro *S. polyglobulus* no es sinónimo de *D. lunatus*; mientras, se queda como *Scenedesmus polyglobulus*.

También en las diatomeas hay casos ejemplares: *Synedra goulardii* Brébisson incluye como sinónimo a *Fragilaria goulardii* (Brébisson) Lange-Bertalot, un nombre del que no hay referencia de publicación válida. Pero *Fragilaria ulna* var. *goulardii* (Brébisson) Lange-Bertalot si está válidamente publicada. En México existen registros de *Fragilaria goulardii* y 6 registros de *Ulnaria goulardii* (Brébisson) Lange-Bertalot nombre que tampoco aparece registrado en ningún lado, ni en INA, ni en AlgaeBase ni en CAS (2021). Se trata claramente de una especie de *Ulnaria* por la disposición paralela de las estrías, con acortamiento en la zona central y sobre todo por la presencia de dos rimopórtulas en cada valva. Por eso en la página web de Diatoms of North America (Spaulding 2013) aparece como una de las especies de *Ulnaria* bajo el nombre *Synedra goulardii*.

La combinación *Tryblionella compressa* (Bailey) Poulin fue hecha con base en *Nitzschia compressa* Bailey junto con algunas de sus variedades, excepto, la variedad *vexans* (Grunow) Lange-Bertalot que se quedó en el limbo como *Nitzschia compressa* var. *vexans* registrada en México en Puebla y Oaxaca.

CONSIDERACIONES FINALES

En la base de datos AlgaeBase (Guiry & Guiry 2021) los nombres huérfanos se consideran nombres taxonómicamente aceptados, hasta que no se realice alguna acción taxonómica o nomenclatural, por lo que la evaluación de la biodiversidad no es completamente confiable, por este tipo de datos (“datos oscuros” o por publicaciones que no están al alcance de todos los investigadores (“textos oscuros”) (Page 2016. El posible impacto de estos datos no ha sido explorado; por ejemplo, en el catálogo del océano Índico se registran aproximadamente 70 taxones huérfanos (2% de un total de 3,289 taxones infragenéricos, en cinco clases: Cyanophyceae, Rhodophyceae, Phaeophyceae, Xanthophyceae y Chlorophyceae (Silva *et al.* 1996. En el elenco florístico de nuestro país no tenemos datos suficientes para estimar este impacto, solo en el caso concreto de las algas marinas, cuya diversidad se ha estimado en 1698 taxones (Pedroche & Senties 2020). En el

¹. N. del E. Ver artículo de Comas en este mismo número.

Pacífico de México se han detectado una veintena de nombres huérfanos, de los 1183 taxones registrados (1.6 % lo que aparentemente no es significativo). Se requiere entonces, un trabajo más minucioso y de detección en las costas mexicanas y así mismo, en la flora ficológica de agua dulce. Los taxones huérfanos y aquellos de situación indefinida (Pedroche & Novelo 2020) se convierten en datos taxonómicos de calidad heterogénea que, sin un número suficiente de expertos, se vuelven una carga pesada en lugar de ser una herramienta para la identificación, toma de decisiones o en la estimación de la biodiversidad y, por lo tanto, en términos de la taxonomía, no deberían permitirse bajo circunstancia alguna, pues socavan el poder perdurable de los nombres (Winston 2018). En opinión de Riedel *et al.* (2013) estos problemas auto infligidos por los mismos investigadores e inherentes por otra parte, a los sistemas digitalizados, empleados en el registro y seguimiento de la diversidad, son la razón principal de una falta de actualización taxonómica, posiblemente seguida de cerca por una falta de determinación de las distintas instituciones para incluir el presupuesto necesario y suficiente para el trabajo taxonómico cotidiano en todos los países del mundo.

AGRADECIMIENTOS

A Bob Andersen, Mike Guiry, dos revisores anónimos de *Notulae Algarum* y dos revisores adicionales por parte de *Cymbella*, por sus comentarios acertados.

REFERENCIAS

- An, S.S., T. Friedl & E. Hegewald. 1999. Phylogenetic relationships of *Scenedesmus* and *Scenedesmus*-like coccoid green algae as inferred from ITS-2 rDNA sequence comparisons. *Plant Biology* 1: 418-428.
- California Academy of Sciences. Catalogue of diatom names, On-line version (CAS) <http://researcharchive.calacademy.org/research/diatoms/names/index.asp>. Consultado el 3 de marzo de 2021.
- Compère, P. & J. Komárek. 1990. Proposal to conserve *Scenedesmus quadricauda* (Turpin) Brébisson with a conserved type under Art. 69.3 (Algae). *Taxon*, 39: 530-531.
- Dawson, E.Y. 1956. Some marine algae of the southern Marshall Islands. *Pacific Science* 10: 25-66. <http://hdl.handle.net/10125/8182>
- Dawson, E.Y. 1959. Marine algae from the 1958 cruise of the *Stella Polaris* in the Gulf of California. *Los Angeles County Museum Contributions in Science* 27: 1-39.
- Farghaly, M.S. & M. Denizot. 1979. Le genre *Rhipiliopsis*. définition et place dans les Caulerpales (Chlorophycées). *Revue Algologique* sér. 2, 14: 169-184.
- Greuter, W. & R. Ranklin Rodríguez. Eds. 2018. Código Internacional de Nomenclatura para algas, hongos y plantas (Código de Shenzhen). Occasional papers from the Herbarium Greuter. 4. *Stiftung Herbarium Greuter*, Berlin.
- Guiry, M.D. & G.M Guiry. (2021). AlgaeBase. World-wide electronic publication. National University of Ireland, Galway. <http://www.algaebase.org>; consultado el 3 de marzo de 2021.
- Guiry, M.D. & J.A. West. 1983. Life history and hybridization studies on *Gigartina stellata* and *Petrocelis cruenta* (Rhodophyta) in the north Atlantic. *Journal of Phycology* 19: 474-494.
- Hegewald, E. 1977. *Scenedesmus communis* Hegewald, a new species and its relation to *Scenedesmus quadricauda* (Turp.) Bréb. *Algological Studies* 19: 142-155.
- Hegewald, E. 2000. New combinations in the genus *Desmodesmus* (Chlorophyceae, Scenedesmaceae). *Algological Studies* 96: 1-18.
- Hernández-Kantun, J.J., P. Gabrielson, J.R. Hughey, L. Pezzolesi, F. Rindi, N.M. Robinson, V. Peña, R. Riosmena-Rodríguez, L.L. Gall & W. Adey. 2016. Reassessment of branched *Lithophyllum* spp. (Corallinales, Rhodophyta) in the Caribbean Sea with global implications. *Phycologia* 55: 619-639.
- Hommersand, M.H., M.D. Guiry, S. Fredericq & G.L. Leister. 1993. New perspectives in the taxonomy of the *Gigartinae* (Gigartinales, Rhodophyta). *Hydrobiologia* 260/261: 105-120.
- Jansen, F. & J. Dengler. 2010. Plant names in vegetation databases – a neglected source of bias. *Journal of Vegetation Science* 21: 1179-1186.
- Kim, J.H., M.D. Guiry, J.H. Oak, D.S. Choi, S.-H. Kang, H. Chung & H.-G. Choi. 2007. Phylogenetic relationships within the tribe *Janieae* (Corallinales, Rhodophyta) based on molecular and morphological data: a reappraisal of *Jania*. *Journal of Phycology* 43: 1310-1319.
- Komárek, J. & B. Fott. 1983. *Chlorophyceae* (Grüalgen). Ordnung: Chlorococcales (Vol. 16/7.1) *E. Schweizerbart'sche Verlagsbuchhandlung, Stuttgart*.
- Kraft, G.T. 2007. Algae of Australia. Marine benthic algae of Lord Howe Island and the southern Great Barrier Reef, 1. *Green algae*. Australian Biological Resources Study & CSIRO Publishing. Canberra & Melbourne.
- Meyer, C. 2016. Limitations in global information on species occurrences. *Frontiers of Biogeography* 8.2: e28195 (1-7).
- Page, R.D.M. 2016. DNA barcoding and taxonomy: dark taxa and dark texts. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences* 371: 20150334-20150337.
- Pedroche, F.F. & E. Novelo. 2020. Pertinencia de la nomenclatura abierta en ficología. *Cymbella* 6: 99-105.
- Pedroche, F.F. & A. Sentíes. 2020. Diversidad de macroalgas marinas en México. Una actualización florística y nomenclatural. *Cymbella* 6: 4-55.

- Pedroche, F.F., P.C. Silva, L. Aguilar-Rosas, K. Dreckmann & R. Aguilar-Rosas. 2005. Catálogo de las algas marinas bentónicas del Pacífico de México. I. *Chlorophycota*. UAM, UABC, UC Berkeley, Berkeley.
- Riedel, A., K. Sagata, Y.R. Suhardjono, R. Tänzler & M. Balke. 2013. Integrative taxonomy on the fast track - towards more sustainability in biodiversity research. *Frontiers in Zoology* 10(1): 15 (1-9).
- Sigovini, M., E. Keppel & D. Tagliapietra. 2016. Open nomenclature in the biodiversity era. *Methods in Ecology and Evolution* 7: 1217-1225.
- Silva, P.C., P. W. Basson R.L. & Moe. 1996. Catalogue of the benthic marine algae of the Indian Ocean. *University of California Publications in Botany* 79: 1259 pp.
- Spaulding, S. 2013. Ulnaria. In *Diatoms of North America*. de <https://diatoms.org/genera/ulnaria>, consultado el 3 de marzo de 2021.
- Thiers, B. 2020. Index Herbariorum: A global directory of public herbaria and associated staff. New York Botanical Garden's Virtual Herbarium. <http://sweetgum.nybg.org/science/ih/>, consultado el 3 de marzo de 2021.
- Winston, J.E. 2018. Twenty-First Century Biological Nomenclature—The Enduring Power of Names. *Integrative and Comparative Biology* 550: 225-210.
- Woloszynska, J. 1916. Polnische Süßwasser-Perideen. Bulletin international de la Académie des sciences de Cracovie, Classe des sciences mathématiques et naturelles. *Série B, Sciences naturelles* 1915: 260-285, pls 10-14.

Sometido: 13 de noviembre de 2020

Revisado: 9 de marzo de 2021 (Dr. Adolfo Espejo Serna y un revisor anónimo)

Corregido: 7 de abril de 2021

Aceptado: 8 de abril de 2021

Karen Alejandra Olán Jiménez

Identificación de microalgas con potencial biotecnológico del lago Bosque Azul, Montebello, Chiapas.

Maestría en Ciencias en Ingeniería Bioquímica

Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez. Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México.

Correspondencia: Karen_A_Jimenez@hotmail.com

Se realizó el aislamiento y la identificación morfológica y molecular de microalgas de la laguna Bosque Azul con el propósito de cuantificar la producción de lípidos y clorofila como potencial biotecnológico. En la primera etapa se realizó un análisis físico-químico del agua en sitios de muestreo del lago, el cual presentó condiciones aceptables para el crecimiento microalgal. El aislamiento de microalgas se realizó por diluciones seriadas cultivadas en un fotoperiodo 12:12 a $25\pm 2^\circ\text{C}$ y posteriormente, se realizó una identificación morfológica en microscopio óptico. El análisis molecular realizado con los genes ribosomales 16S rRNA, 18S rRNA y 23 rRNA confirmaron en un 99% de similitud con la cianobacteria *Limnothrix planctonica* y la clorofita *Pectinodesmus pectinatus*, los cuales son los primeros registros para el PNLM y para estado de Chiapas; siendo *L. planctonica* el primer registro para México.

La segunda etapa consistió en el crecimiento microalgal y la cuantificación de biomasa, clorofila, lípidos y perfil de los ácidos grasos, siendo estos microorganismos, prometedores para su aplicación como colorante natural y la producción de biocombustibles debido a su concentración de clorofila a y lípidos.

Se cuantificaron ácidos grasos de cadena larga hasta C18:3 siendo los más abundantes en los dos microorganismos el ácido palmítico y el ácido oleico. Estos ácidos grasos le confieren a *L. planctonica* y *P. pectinatus* ventajas ante cambios de temperatura, pH y baja iluminación que se presentan en lago Bosque Azul.

Palabras clave: Bosque Azul, biotecnología, Chiapas, *Limnothrix planctonica*, Montebello, *Pectinodesmus pectinatus*.

Texto completo a solicitud a la autora.

César Lobato Benítez

Comunidades fitoplanctónicas de dos lagunas de la Reserva de la Biósfera Pantanos de Centla, Tabasco, México.

Maestría en Ciencias (Limnología).

Universidad Nacional Autónoma de México, México
Correspondencia: cianoprocarionte@gmail.com

La Reserva de la Biósfera Pantanos de Centla (RBPC) es un humedal tropical que se encuentra al noreste de Tabasco (17°57' 53" y 18°39' 03" N, y 92°06'39" y 92°47' 58" O), con una extensión de 3027.06 km², siendo el humedal más extenso de México, el tercero en América Latina, y una zona relevante por poseer una importante cantidad de plantas y animales representativos de los humedales de Mesoamérica, influenciada principalmente por la región hidrológica Grijalva-Usumacinta (RHGU). En este trabajo, se presenta por primera vez, la ficoflora manifiesta de dos lagunas al interior de la RBPC, el Viento y San Pedrito, obtenida a partir de dos muestreos realizados durante noviembre 2016 y febrero 2017, de los cuáles se adquirieron datos bióticos y abióticos. Las especies registradas fueron documentadas por sus caracteres morfológicos, su distribución geográfica en el mundo y en México, sus ambientes y formas de vida. Además, se cuantificaron sus abundancias para ser analizadas con los índices ecológicos de diversidad (Shannon-Wiener), equidad (Pielou) y dominancia (Simpson); complementadas con los datos ambientales, para un análisis de correspondencia canónica (ACC). Aunado a esto, se hizo una caracterización hidroquímica de las lagunas de estudio, a través de los diagramas de Piper-Hill-Langelier, y el establecimiento del estado trófico por medio del índice de la OCDE y el índice multiparamétrico TRIX. Los resultados hidroquimi-

cos reflejaron que las lagunas durante nortes presentan aguas bicarbonatas, pero en secas tienden a ser cloruradas, esto por la influencia marina que incrementa su salinidad. El estado trófico del agua es eutrófico en ambos sistemas. Se documentaron 68 especies, de las cuáles, 4 se registraron por primera vez para México, y 22 para Tabasco. El 67 % se han registrado en sistemas acuáticos eutrofiados e hipertróficos, registrándose con forma de vida típicamente planctónica (73 %), presentando una baja diversidad en ambas lagunas. Se observó que la dinámica de la RHGU y la estacionalidad a lo largo del año en el Golfo de México (secas, lluvias y lluvias de norte) influyen de manera importante sobre las lagunas, siendo la concentración de oxígeno disuelto, el pH, la temperatura y la salinidad, factores abióticos relevantes para la comunidad fitoplanctónica. Se concluye que pese a ser categorizado como una zona de conservación prioritaria para el país, se encuentra en un estado de deterioro, en donde la reducción de las zonas de selva, los aportes antropogénicos y las actividades económicas, han ido deteriorando los sistemas acuáticos, lo que repercute en el estado y la conservación de la biodiversidad que alberga la Reserva.

Texto completo en: TesiUNAM:
<http://132.248.9.195/ptd2020/mayo/0801957/Index.html>

Blanca Olivia Trejo Paniagua

Estudio de la suplementación de bicarbonatos sobre el crecimiento de microalgas de las Cascadas “El Chiflón”.

Maestría en Ciencias de Ingeniería Bioquímica

Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez, Chiapas.
Correspondencia: oli450@hotmail.com

El efecto de la concentración de bicarbonato y la longitud de onda de luz se evaluó sobre el crecimiento de microalgas aisladas de las cascadas El Chiflón, del municipio de Tzimol del estado de Chiapas, México. El proyecto fue dividido en dos etapas: la primera fue el aislamiento e identificación de microalgas, posteriormente en la segunda etapa se llevó a cabo una selección de las microalgas con mayor potencial biotecnológico, para estudiar el efecto de la longitud de onda de luz y la suplementación de bicarbonato de sodio.

En la primera etapa se identificaron 14 especies de microalgas, de las cuales nueve se aislaron. Las especies aisladas fueron: *Chlorella vulgaris*, *Desmodesmus communis*, *Desmodesmus opoliensis*, *Desmodesmus subspicatus*, *Haematococcus pluviialis*, *Komvophoron constrictum*, *Scenedesmus ecornis*, *Messastrum gracile* y *Tetradasmus obliquus*. Las especies que son los primeros reportes para el estado de Chiapas son: *Desmodesmus magnus*, *Desmodesmus opoliensis*, *Desmodesmus subspicatus*, *Haematococcus pluviialis*, *Komvophoron constrictum*, *Pandorina morum*, *Scenedesmus ecornis*, *Messastrum gracile* y *Ulnaria acus*.

En la segunda etapa se seleccionaron tres microalgas: *Desmodesmus communis*, *Haematococcus pluviialis* y *Scenedesmus ecornis*, con base en un análisis de su potencial biotecnológico. La evaluación del crecimiento microalgal se llevó a cabo mediante un diseño factorial completamente al azar, teniendo como variables de estudio la concentración de bicarbonato de sodio (0 y 1 g) y la longitud de onda dada por la luz (blanca, roja y azul); las variables de respuesta fueron: la concentración celular, biomasa, y pigmentos fotosintéticos (clorofila a, b y carotenoides totales). Los resultados obtenidos de la evaluación de crecimiento determinaron que, el tratamiento con luz azul y 1 g de bicarbonato de sodio presentó la mayor producción de biomasa y pigmentos fotosintéticos para las tres microalgas.

Palabras claves: bicarbonato, *D. communis*, *H. pluviialis*, longitud de onda, *S. ecornis*.

Texto completo a solicitud a la autora.

Claudia Itzel Pedraza Acevedo
**Relación de la comunidad fitoplanctónica y los factores
abióticos del Lago Cantemual en Tabasco.**

Maestría en Ciencias (Limnología).

Universidad Nacional Autónoma de México, México.

Correspondencia: claudia.itzel@ciencias.unam.mx

En este trabajo se exploró la relación entre la composición fitoplanctónica y las variables ambientales del lago Cantemual en Tabasco, en los años 2016 durante la temporada de lluvias (noviembre) y 2017 temporada de secas (febrero) a través de un Análisis de correspondencia canónica (ACC). Se identificaron 148 especies fitoplanctónicas propias de ambientes eutróficos, los grupos dominantes fueron Bacillariophyta (36 %), Chlorophyta (27 %) y Euglenophyta (19 %). *Kansodinium amibiguum*, *Cocconeis placentula* y *Phacotus lenticularis* fueron las especies más abundantes y frecuentes y se encuentran alejadas del centro del ACC. Los primeros dos ejes del ACC explicaron un 54.7 % de la correlación entre las especies y las variables ambientales, donde se visualizó la separación entre la temporada de lluvias y la temporada de secas. La temporada de secas se relacionó más con la conductividad (CON), la concentración del fósforo total (PTOT), el coefi-

ciente de atenuación (KD), mientras que la temporada de lluvias se relacionó más con el nitrógeno inorgánico disuelto (NID), el SiO₂ y la saturación del oxígeno (OD%). De acuerdo con los resultados, la mitad de las especies fitoplanctónicas tienen preferencias ecológicas entre temporadas. Además, el resultado del Análisis de similitud (ANOSIM, por sus siglas en inglés) indicó que la composición de las especies fitoplanctónicas fue diferente entre las temporadas, mientras que el Análisis de varianza multivariado permutacional (PERMANOVA) mostró que no hay diferencias significativas entre las variables ambientales en ambas temporadas. De hecho, se registraron en su mayoría especies eutróficas, alcalófilas y con tolerancia alta al fósforo.

Texto completo en TesiUNAM:

<http://132.248.9.195/ptd2020/agosto/0802449/Index.html>.

Martha Isabel Vilchis Alfaro

Caracterización morfométrica de las especies simpátridas de los géneros *Crassiphycus* y *Gracilaria* (Rhodophyta) en la Península de Yucatán, México.

Doctorado en Ciencias Biológicas y de la Salud

Doctorado en Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa.

Correspondencia: miva.uam@gmail.com

En los últimos años, los análisis morfométricos han sido foco de interés dentro de la ficología marina debido a que han permitido, mediante la evaluación objetiva y estadísticamente sólida de la variabilidad morfológica, la delimitación de especies dentro de complejos crípticos, problema muy frecuente dentro de esta área de estudio. En el presente trabajo se muestran los resultados de la discriminación morfométrica de las especies que conforman a los complejos crípticos *Crassiphycus corneus*/*C. usneoides* y *Gracilaria mammillaris*, a partir de las proporciones (incluyendo el diámetro mayor y menor del talo) y la forma de las células corticales, subcorticales y medulares de las porciones apical, media y basal del talo. Los análisis de componentes principales y el NP-MANOVA, arrojaron que los caracteres que permiten la discriminación de *Crassiphycus corneus* y *C. usneoides* son el diámetro mayor del talo en la porción media, el diámetro menor y la forma de las células corticales en la porción media. Estos análisis también arroja-

ron que la única especie dentro del complejo *Gracilaria mammillaris* que se discrimina es *G. curtissiae* y las variables que permiten la separación son: largo y ancho de las células corticales y medulares de la porción media y la forma de las células corticales y medulares en la porción media y basal respectivamente. Los análisis de desigualdad isoperimétrica y UPGMA robustecieron los resultados anteriores. Los análisis morfométricos realizados demostraron ser eficientes para la caracterización y discriminación de las especies dentro de los complejos bajo estudio. Este trabajo podrá servir como punto de referencia para la delimitación taxonómica de otras especies crípticas de macroalgas.

Palabras clave: algas rojas, componentes principales, descriptores elípticos de Fourier, desigualdad isoperimétrica, discriminación, distribución simpátrica, especies crípticas, NP-MANOVA.

Texto disponible a solicitud al autor.

DIRECTORIO

COMITÉ EJECUTIVO NACIONAL

Sociedad Mexicana de Ficología
Mesa Directiva 2020-2022

Dr. Enrique Arturo Cantoral Uriza

Presidente
Unidad Multidisciplinaria de Docencia e Investigación
Facultad de Ciencias (UMDI-FC-J-UNAM)
Juriquilla, Querétaro
sombico2022@gmail.com

Dra. Ileana Ortigón Aznar

Vicepresidenta
Universidad Autónoma de Yucatán (UADY)
Mérida, Yucatán
oaznar@correo.uady.mx

Dr. José Zertuche González

Secretario Académico
Instituto de Investigaciones Oceanológicas (IIO-UABC)
Ensenada, BC
zertuche@uabc.edu.mx

Dra. Miriam G. Bojorge García

Secretaria Administrativa
Unidad Multidisciplinaria de Docencia e Investigación
Facultad de Ciencias (UMDI-FC-J-UNAM)
Juriquilla, Querétaro
mbg@ciencias.unam.mx

Dr. José Antolín Aké Castillo

Secretario de Difusión y Extensión
Instituto de Ciencias Marinas y Pesquerías
Universidad Veracruzana
aake@uv.mx

CRÉDITO DE FOTO DE LA PORTADA

Ambiente inframareal con un ensamble de macroalgas bentónicas, resaltando la población de *Cymopolia barbata* (Linnaeus) J. V. Lamouroux (alga verde), en Playa Paraíso, La Mancha, Veracruz, México.

Foto de A. Senties ©