

HACIA UNA NUEVA SISTEMÁTICA FILOGENÓMICA PARA LAS ALGAS

Juan M. López-Bautista, The University of Alabama, Tuscaloosa, AL, USA,
jlopez@ua.edu

Las algas exhiben una vasta diversidad en cuanto a su morfología, ciclos de vida, ultraestructura, tamaños, pigmentos y vías moleculares, entre otros. Las algas han sido examinadas intensivamente en algunas aplicaciones biotecnológicas y se han monitoreado por sus impactos negativos al medio ambiente, la salud humana y el biodeterioro. Su aprovechamiento económico es indiscutible en la alimentación humana y en la industria de ficocoloides. Esta diversidad algal es el resultado de la combinación de materiales genéticos entre entidades no relacionadas entre sí (procariota:eucariota y eucariota:eucariota) y se manifiesta desde el origen de la organización eucariótica y continua en nuestros días. El resultado quimérico de este proceso evolutivo son los grupos algales que conocemos en el presente. El estudio del origen y las relaciones entre los grupos algales es una de las metas de la sistemática contemporánea y de nuestro laboratorio, el PhycoLab. Para resolver estas metas es necesario la implementación de un enfoque integrativo que incluya la colecta de campo, ejemplares de herbario, cultivo de especímenes, filogenia de genes, desarrollo de canales de bioinformática y análisis de la organización y arquitectura de los genomas algales. En nuestro laboratorio nos hemos enfocado a los genomas plastidiales y mitocondriales. En esta plática se ofrecerán ejemplos seleccionados para demostrar la diversidad morfológica y genómica, el uso de la filogenómica para resolver relaciones evolutivas y su impacto en la sistemática algal contemporánea. Nuestros estudios han descubierto los genomas más densos en algunos grupos algales e incluyen ejemplos de transferencia horizontal de genes a partir de genes bacterianos que viven dentro de las células de las algas. También estos análisis demuestran que algunas clases taxonómicas son apoyadas (grupos monofiléticos), mientras que otras clases no lo reciben y su clasificación se está reconsiderando (Ulvophyceae, Trebouxiophyceae). También se demostrará que la taxonomía basada en la morfología puede resolver casos de sobrestimación y subestimación de la diversidad algal, cuando se correlaciona con marcadores genéticos. Finalmente, nuestra investigación más reciente mostrará cómo la información integrativa ha permitido resolver la evolución de un grupo enigmático, las Palmofilofíceas, como el clado algal divergente más profundo o temprano en la evolución de las Chlorophyta. Una comparación de la arquitectura genómica indica que el plastidoma de este grupo representa el plastidio ancestral de las algas verdes. La peculiaridad filogenética de este grupo garantiza su reconocimiento como una nueva clase taxonómica entre las algas verdes (Palmophyllophyceae *classis nova*). Con el decrecimiento de los costos de producción de datos genómicos, el desarrollo de nuevos algoritmos y el aumento en la producción de canales de bioinformática y de otras tecnologías filogenómicas de punta, se puede decir que la sistemática algal se encuentra en un punto de ruptura al inicio de este nuevo milenio.

Palabras claves: sistemática, taxonomía, clasificación, filogenómica, bioinformática, diversidad