



REVISIÓN

A panoramic review of DNA barcoding in microalgae: applications and challenge in the urgency of its use in Peru

Una revisión panorámica de los códigos de barras de ADN en microalgas: aplicaciones y desafío en la urgencia de su uso en el Perú

Diego Hiroshi Takei-Idiaquez¹  , Flor Matilda Yupanqui-Morales¹  , Alessandro Daniel Chavez-Alberto¹  , Ariana Ulloa-Osorio¹  , Hermila Belba Díaz-Pillasca¹  , Linder Ramírez-Viena²  , Aida Nerida Falcón-Cerna³  , Carlos Roberto Pesantes-Rojas³  

¹Escuela Profesional de Biología con mención en Biotecnología, Facultad de Ciencias. Universidad Nacional “José Faustino Sánchez Carrión”. Huacho, Perú.

²Departamento de Ciencias Naturales, Facultad de Educación. Universidad Nacional “José Faustino Sánchez Carrión”. Huacho, Perú.

³Escuela Profesional de Matemática Aplicada, Facultad de Ciencias. Universidad Nacional “José Faustino Sánchez Carrión”. Huacho, Perú.

Citar como: Takei-Idiaquez DH, Yupanqui-Morales FM, Chavez-Alberto AD, Ulloa-Osorio A, Díaz-Pillasca HB, Ramírez-Viena L, Falcón-Cerna AN, Pesantes-Rojas CR. A panoramic review of DNA barcoding in microalgae: applications and challenge in the urgency of its use in Peru. Salud, Ciencia y Tecnología. 2024; 4:1136. <https://doi.org/10.56294/saludcyt20241136>

Recibido: 20-01-2024

Revisado: 12-04-2024

Aceptado: 14-07-2024

Publicado: 15-07-2024

Editor: Dr. William Castillo-González 

ABSTRACT

DNA barcoding is a tool for species identification and classification, overcoming traditional limitations; being fundamental for multiple studies and applications. This article will review the progress of the application of DNA barcoding for algal identification; as it presents advantages such as accuracy in species identification, its applicability to various stages and conditions for ecological studies and intraspecific genetic variability, which according to its approach will depend on several factors. DNA barcoding applications in microalgae, such as its molecular identification, is fundamental for diversity and ecology; expanding knowledge about microalgae; being useful in monitoring harmful algae (HABs) that are a danger to aquatic ecosystems; In addition, DNA barcoding of microalgae is used in biotechnology and food industries. In Peru, taxonomic research is of lesser incidence because there is no method that provides precise identification at the species level, among other reasons, but this DNA barcoding technique has proven to be an efficient tool for research in the conservation and management of organisms that are difficult to access or complex to differentiate, such as microalgae. To conclude, DNA barcoding represents an essential tool in modern microalgae research, which should be developed in Peru, as it has significant potential to advance our knowledge and management of these crucial organisms in Peruvian aquatic ecosystems.

Keywords: Molecular Identification; Taxonomy; Diversity; Ecology; Biotechnology; HABs.

RESUMEN

El código de barras de ADN es una herramienta para la identificación y clasificación de especies, superando las limitaciones tradicionales; siendo fundamental para múltiples estudios y aplicaciones. Este artículo examinará los progresos de la aplicación del código de barras del ADN para identificación de algas; pues presenta ventajas como la precisión en la identificación de especies, su aplicabilidad a diversas etapas y condiciones para estudios ecológicos y la variabilidad genética intraespecífica, que según su enfoque dependerá de varios factores. Las aplicaciones del código de barras de ADN en las microalgas, como su identificación molecular, es fundamental para la diversidad y ecología; ampliando el conocimiento sobre las microalgas; siendo útil en el monitoreo de algas nocivas (HABs) que son un peligro para ecosistemas acuáticos; Además, el código de barras de ADN de microalgas es utilizado en industrias biotecnológicas y

alimentarias. En el Perú las investigaciones taxonómicas son de menor incidencia, debido a que no hay un método que dé una identificación precisa a nivel de especie, entre otros motivos, pero esta técnica de código de barras de ADN ha demostrado ser una herramienta eficiente para la investigación en conservación y manejo de organismos poco accesibles o de compleja diferenciación como las microalgas. Para finalizar, el código de barras de ADN representa una herramienta esencial en la investigación moderna de las microalgas, que debe ser desarrollada en Perú, ya que presenta un potencial significativo para avanzar en nuestro conocimiento y manejo de estos organismos cruciales en los ecosistemas acuáticos peruanos.

Palabras clave: Identificación Molecular; Taxonomía; Diversidad; Ecología; Biotecnología; HABs.

INTRODUCCIÓN

El código de barras de ADN se ha convertido en una herramienta crucial en la identificación y clasificación de organismos, esto incluye las microalgas, que son esenciales en los ecosistemas acuáticos.⁽¹⁾ Este método implica el uso de secuencias cortas y estandarizadas de ADN para identificar especies, ofreciendo una alternativa más precisa y rápida a las técnicas morfológicas tradicionales.⁽²⁾ La precisión del código de barras de ADN es relevante en microalgas debido a su diversidad y la dificultad de diferenciarlas sólo por su morfología.^(3,4)

Las microalgas juegan un papel fundamental en los ciclos biogeoquímicos y en la producción de oxígeno, además de ser la base de las cadenas alimentarias acuáticas. Su identificación precisa es crucial para estudios ecológicos y de biodiversidad.⁽⁵⁾ Tradicionalmente, la clasificación de microalgas se ha basado en características morfológicas, lo cual puede ser problemático debido a la plasticidad fenotípica y la presencia de especies crípticas.^(6,7)

El código de barras de ADN permite la identificación de microalgas en todas las etapas de su ciclo de vida y en diferentes condiciones ambientales. Esto es vital para la investigación ecológica y el monitoreo ambiental, ya que facilita la identificación de especies en muestras complejas.^(8,9) Además, este método ha mejorado la precisión en la detección de floraciones algales nocivas (HABs), que representan un problema significativo en muchos cuerpos de agua.^(10,11)

El uso del código de barras de ADN también tiene implicaciones importantes para la biotecnología y la industria.⁽¹²⁾ Identificar cepas de microalgas con características deseables, como alta productividad de lípidos para biocombustibles o capacidad antioxidante para suplementos alimenticios, es esencial para optimizar los procesos de producción.⁽¹³⁾ Este enfoque no solo mejora la eficiencia y sostenibilidad de estas aplicaciones, sino que también contribuye al avance del conocimiento científico en diversos campos.⁽¹⁴⁾

Las microalgas son una fuente valiosa de compuestos bioactivos, como lípidos, proteínas, carbohidratos y pigmentos, que tienen aplicaciones en la producción de biocombustibles, alimentos, nutraceuticos y productos farmacéuticos.^(15,16) La capacidad de identificar y seleccionar cepas óptimas mediante el código de barras de ADN ha mejorado la eficiencia de estos procesos y ha contribuido al desarrollo de tecnologías más sostenibles. Además, la bioprospección de nuevas cepas con capacidades metabólicas únicas ha ampliado el repertorio de recursos genéticos disponibles para la biotecnología.⁽¹⁷⁾

En esta revisión examinó los avances recientes en el uso del código de barras de ADN para la identificación de microalgas. También se analizó sus ventajas, desafíos y aplicaciones, de cómo esta herramienta ha transformado la taxonomía de las microalgas y su impacto en la investigación ecológica y la industria. De este modo, se proporciona una visión integral de su estado actual y futuras direcciones.

MÉTODO

Alcance y objetivo de la revisión: Esta revisión narrativa se realizó con el objetivo de recopilar y sintetizar información sobre los códigos de barras de ADN en microalgas en cuanto a sus aplicaciones y desafíos presentados en el Perú.

Fuentes de datos y estrategia de búsqueda: se realizó una búsqueda sistemática en múltiples bases de datos médicas y científicas, incluidas PubMed, SciELO, Scopus y Google Scholar. Las palabras clave y frases utilizadas en la búsqueda incluyeron, Identificación Molecular; Taxonomía; Diversidad; Ecología; Biotecnología, HABs.

Criterios de inclusión y exclusión: en la revisión se incluyó artículos que brindaron información directa y precisa relacionada con la identificación de microalgas utilizando técnicas como lo son el código de barras en un ámbito nacional, además se buscó información relacionada a las aplicaciones, ventajas y limitaciones que existen con el barcoding y su uso con microalgas en el Perú. Los criterios de exclusión fueron artículos no emparentados con nuestros objetivos y título planteado al inicio.

Análisis de Avances Tecnológicos: Se dio un enfoque específico al análisis de avances tecnológicos referentes al código de barras y su implicación con las microalgas en el Perú y de cómo esta se encuentra limitada actualmente.

Ventajas del Código de Barras de ADN

Precisión en la Identificación de Especies

El código de barras de ADN permite una identificación precisa de especies, brindando una alternativa más precisa y confiable que supera las limitaciones de los métodos tradicionales basados en la morfología. Este enfoque innovador utiliza secuencias genéticas específicas únicas para cada especie, lo que reduce la subjetividad y la dependencia de la experiencia del investigador.^(2,4,18) En microalgas, donde las diferencias morfológicas pueden ser mínimas, esta precisión es particularmente útil.⁽¹⁷⁾

La precisión del código de barras de ADN facilita la resolución de problemas taxonómicos complejos, como la identificación de especies crípticas. Estas especies, en cuanto a su morfología son indistinguibles, pero genéticamente distintas, son comunes en microalgas y su correcta identificación es crucial para comprender su ecología y distribución.^(1,19,20) Además, este método permite la identificación en todas las etapas del ciclo de vida, incluidas formas microscópicas y esporas.

El código de barras de ADN es invaluable en la identificación de microalgas en muestras mixtas, esencial para estudios de metagenómica y monitoreo ambiental.⁽⁶⁾ Esta capacidad de identificar múltiples especies en una sola muestra facilita la investigación de la biodiversidad y la monitorización de ecosistemas acuáticos.⁽⁸⁾ También permite estudios longitudinales que rastrean cambios en la composición de las comunidades de microalgas a lo largo del tiempo.

La precisión de este método es una ventaja clave en aplicaciones comerciales, como la selección de cepas de microalgas para la producción de biocombustibles y otros productos. Identificar y seleccionar cepas con características deseables que pueden mejorar la eficiencia y sostenibilidad de una manera rápida.⁽²¹⁾ En resumen, la precisión del código de barras de ADN es esencial para avanzar en la investigación y aplicación de microalgas en diversos campos.

Aplicabilidad a Diversas Etapas y Condiciones

El código de barras de ADN es aplicable a diversas etapas del ciclo de vida de las microalgas y bajo diferentes condiciones ambientales. Esto es crucial para estudios ecológicos que requieren la identificación de especies en una variedad de contextos y condiciones.⁽²²⁾ La capacidad de identificar microalgas en todas las etapas de su ciclo de vida, incluyendo formas microscópicas y esporas, ofrece una ventaja significativa sobre los métodos morfológicos.⁽³⁾

Esta versatilidad permite a los investigadores estudiar la dinámica de las poblaciones de microalgas en respuesta a cambios ambientales, como variaciones en la temperatura, la luz y la disponibilidad de nutrientes. Por ejemplo, el código de barras de ADN se ha utilizado para monitorear la composición de las comunidades de microalgas en ecosistemas acuáticos durante eventos estacionales y climáticos, proporcionando información valiosa sobre su ecología y adaptabilidad.⁽²³⁾

El código de barras de ADN también es útil para estudios de metagenómica, donde se analiza el ADN de muestras ambientales complejas para identificar todas las especies presentes. Esta técnica permite la identificación simultánea de múltiples especies de microalgas en una sola muestra, esencial para estudios de biodiversidad y monitoreo ambiental.⁽²⁴⁾ Ha revelado una diversidad mayor de microalgas de la que se conocía anteriormente, incluyendo muchas especies no identificadas por métodos tradicionales.

Además, utilizando esta herramienta se puede identificar microalgas en condiciones extremas, como ambientes hipersalinos, ácidos o extremadamente fríos. Esto es importante para la investigación en ecología extrema y la bioprospección de microalgas con características únicas que pueden tener aplicaciones industriales.⁽²⁵⁾ La capacidad de identificar especies en estos entornos amplía las posibilidades de descubrimiento y utilización de nuevas especies de microalgas.

La aplicabilidad del código de barras de ADN a diversas etapas y condiciones facilita su uso en estudios longitudinales y de monitoreo a largo plazo. Permite a los investigadores rastrear cambios en la composición de las comunidades de microalgas a lo largo del tiempo, proporcionando información crucial sobre los impactos de los cambios ambientales y las actividades humanas en la biodiversidad y la salud de los ecosistemas acuáticos.

⁽²⁶⁾

Variabilidad Genética Intraespecífica

Uno de los principales desafíos en el uso del código de barras de ADN es la variabilidad genética intraespecífica, que puede complicar la identificación precisa de especies. En algunos casos, las diferencias genéticas dentro de una misma especie pueden ser tan grandes como las diferencias entre especies, lo que puede llevar a identificaciones erróneas.⁽²⁰⁾ Esto es particularmente problemático en grupos de microalgas con alta variabilidad genética, como las diatomeas.⁽²⁷⁾

La variabilidad genética intraespecífica puede resultar de varios factores, incluyendo la recombinación genética, la deriva genética y la selección natural. En microalgas, la reproducción asexual frecuente puede aumentar la diversidad genética dentro de las poblaciones, complicando aún más la identificación basada en

ADN. Esta variabilidad puede afectar la precisión de los métodos de código de barras de ADN y requerir el uso de múltiples marcadores genéticos para una identificación fiable.⁽¹⁹⁾

Es importante reconocer que la variabilidad genética intraespecífica no solo es un desafío, sino también una oportunidad para estudiar la evolución y adaptación de las microalgas. Comprender cómo y por qué las especies de microalgas varían genéticamente puede proporcionar información valiosa sobre sus estrategias de supervivencia y respuestas a los cambios ambientales, que contribuya al conocimiento fundamental y aplicado en la biología de las microalgas.⁽²⁸⁾

Aplicaciones del Código de Barras de ADN en Microalgas

Identificación molecular

La identificación precisa de microalgas es fundamental para estudios de biodiversidad, ecología y biotecnología. El código de barras de ADN ha demostrado ser una herramienta invaluable en este ámbito, permitiendo la identificación de especies de microalgas con alta precisión y rapidez.⁽²²⁾ Las técnicas morfológicas tradicionales, aunque útiles, a menudo no son suficientes para diferenciar entre especies estrechamente relacionadas o crípticas, haciendo del código de barras de ADN una metodología complementaria esencial.⁽²⁹⁾

El código de barras de ADN debe presentar un tamaño adecuado (600-1000 pares de bases) para facilitar la reacción en cadena de polimerasa (PCR) y permitir la secuenciación del ADN, y como resultado el código de barras de ADN debe mostrar una heterogeneidad genética sustancial a nivel de especie.^(30,31) Este inicia con la colecta de la muestra, extracción de ADN, amplificación por PCR del código de barras de ADN seleccionado, confirmación de la presencia del amplicón mediante electroforesis, secuenciamiento del amplicón purificado y finalmente análisis de la data obtenida comparando con base de datos de referencias de secuencias de códigos de barras de ADN (figura 1).



Figura 1. Representación esquemática de los pasos para el desarrollo del código de barras del ADN en la identificación de microalgas

La utilización de bases de datos de referencia, como BOLD y GenBank, es fundamental para la identificación de microalgas mediante el código de barras de ADN.⁽³²⁾ Estas bases de datos proporcionan una plataforma para el almacenamiento y la comparación de secuencias de ADN, facilitando la identificación de especies y la validación de datos. La continua ampliación y curación de estas bases de datos son esenciales para mantener la precisión y fiabilidad del código de barras de ADN en estudios de microalgas.⁽³⁰⁾

La región genética más utilizada para la identificación de microalgas es el gen del *rbcL*, que codifica para la gran subunidad de la ribulosa-1,5-bisfosfato carboxilasa/oxigenasa (Rubisco), una enzima clave en la

fotosíntesis.^(22,33,34) Este gen ha demostrado ser útil debido a su variabilidad genética adecuada y su presencia universal en plantas y algas. Otros marcadores, como el *tufA* y el ITS, también se utilizan dependiendo del grupo de microalgas y los objetivos del estudio.^(35,36) Tanto el género investigado como el tema de la investigación influyen en la elección de la localización del código de barras. En esta revisión se resume una lista de cebadores utilizados para la identificación molecular de las microalgas mediante código de barras del ADN (tabla 1).

Tabla 1. Especies de microalgas identificadas utilizando código de barras de ADN		
Gen	Especie	Referencia
<i>rbcL</i>	<i>Chlorella vulgaris</i>	Yanuhar et al. ⁽²²⁾
	<i>Nannochloropsis oculata</i>	Fawley et al. ⁽³⁷⁾
	<i>Skeletonema costatum</i>	Kumar et al. ⁽³⁸⁾
	<i>Karenia brevis</i>	Gray et al. ⁽³⁹⁾
	<i>Nitzschia palea</i>	Crowell et al. ⁽⁴⁰⁾
	<i>Oophila amblystomatis</i>	Ballesteros et al. ⁽³³⁾
	<i>Parachlorella kessleri</i>	Ballesteros et al. ⁽³³⁾
	<i>Gloeotilopsis sterilis</i>	Ballesteros et al. ⁽³³⁾
	<i>Chlorobion braunii</i>	Ballesteros et al. ⁽³³⁾
	<i>Caespitella pascheri</i>	Ballesteros et al. ⁽³³⁾
	<i>Neochlorosarcina sempervirens</i>	Ballesteros et al. ⁽³³⁾
	<i>Micractinium inermum</i>	Ballesteros et al. ⁽³³⁾
	<i>Tetradismus deserticola</i>	Ballesteros et al. ⁽³³⁾
	<i>Tetradismus dimorphus</i>	Ballesteros et al. ⁽³³⁾
	<i>Symbiochloris tschermakiae</i>	Škaloud et al. ⁽⁴¹⁾
ITS	<i>Hydrodictyon reticulatum</i>	Buchheim et al. ⁽²³⁾
	<i>Tetraselmis suecica</i>	González et al. ⁽⁴²⁾
	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Rad-Menéndez et al. ⁽⁴³⁾
	<i>Skeletonema costatum</i>	Kumar et al. ⁽³⁸⁾
	<i>Heterocapsa triquetra</i>	Ahn et al. ⁽⁴⁴⁾
	<i>Alexandrium tamarense</i>	Wang et al. ⁽⁴⁵⁾
	<i>Cryptomonas curvata</i>	Hoef-Emden ⁽⁴⁶⁾
<i>tufA</i>	<i>Pediastrum duplex</i>	Vieira et al. ⁽⁴⁷⁾
	<i>Chlorella sorokiniana</i>	Ermis et al. ⁽⁴⁸⁾
	<i>Selenastrum bibraianum</i>	Vieira et al. ⁽⁴⁷⁾
	<i>Ankistrodesmus densus</i>	Vieira et al. ⁽⁴⁷⁾
	<i>Desmodesmus spinosus</i>	Vieira et al. ⁽⁴⁷⁾

La implementación del código de barras de ADN en microalgas ha permitido la descripción de nuevas especies y la aclaración de relaciones filogenéticas complejas. Por ejemplo, estudios utilizando el código de barras de ADN han revelado la existencia de especies crípticas en géneros bien estudiados, lo que ha llevado a revisiones taxonómicas y una mejor comprensión de la diversidad de microalgas.⁽³⁵⁾ Estos hallazgos subrayan la importancia del código de barras de ADN para la taxonomía moderna y la necesidad de integrar datos genéticos en las clasificaciones taxonómicas.⁽³⁶⁾

Estudios de Biodiversidad y Ecología

El código de barras de ADN ha revolucionado los estudios de biodiversidad y ecología de microalgas, permitiendo una identificación más precisa y rápida de las especies presentes en diferentes ecosistemas acuáticos.⁽⁴⁹⁾ Esta herramienta ha facilitado la exploración de la diversidad de microalgas en una variedad de hábitats, desde lagos y ríos hasta océanos y aguas subterráneas. La capacidad de identificar múltiples especies en una sola muestra ha ampliado nuestro conocimiento sobre la biodiversidad y la estructura de las comunidades de microalgas.⁽⁵⁰⁾

Los estudios de biodiversidad basados en el código de barras de ADN han revelado una mayor diversidad de microalgas de la que se conocía anteriormente, incluyendo la identificación de muchas especies nuevas y crípticas.⁽⁵¹⁾ Estos descubrimientos han proporcionado información valiosa sobre la evolución y biogeografía de las microalgas, así como sobre su papel en los ecosistemas acuáticos. La identificación precisa de especies

también ha permitido estudios detallados sobre las interacciones ecológicas y las dinámicas de las comunidades de microalgas.⁽²⁹⁾

El código de barras de ADN se ha utilizado para monitorear los cambios en la composición de las comunidades de microalgas a lo largo del tiempo y en respuesta a factores ambientales como la contaminación, el cambio climático y la eutrofización.⁽⁵²⁾ Estos estudios han proporcionado información crucial sobre los impactos de las actividades humanas y los cambios ambientales en la biodiversidad y la salud de los ecosistemas acuáticos.^(6,53) La capacidad de realizar monitoreos a largo plazo ha mejorado nuestra comprensión de las respuestas de las microalgas a las perturbaciones ambientales.⁽¹³⁾

Así también, el código de barras de ADN ha facilitado estudios de metagenómica, donde se analiza el ADN de muestras ambientales complejas para identificar todas las especies presentes.⁽⁵⁴⁾ Esta técnica ha permitido la identificación simultánea de múltiples especies de microalgas y otros microorganismos, proporcionando una visión más completa de la biodiversidad microbiana en los ecosistemas acuáticos.⁽⁵⁵⁾ Los estudios de metagenómica han revelado una diversidad mayor de microalgas de la que se conocía anteriormente, incluyendo muchas especies no identificadas por métodos tradicionales.^(54,55,56)

El uso del código de barras de ADN fue y es una herramienta valiosa en la conservación de la biodiversidad acuática. La identificación precisa de especies y la monitorización de las comunidades de microalgas han proporcionado datos esenciales para la gestión de los recursos acuáticos y la protección de los hábitats naturales. Los estudios basados en el código de barras de ADN han contribuido a la creación de estrategias de conservación más efectivas y a la implementación de políticas de gestión ambiental basadas en evidencia científica.^(49,50)

Monitoreo de Floraciones Algales Nocivas (HABs)

El código de barras de ADN ha sido particularmente útil en el monitoreo de floraciones algales nocivas (HABs), que representan un problema significativo en muchos cuerpos de agua alrededor del mundo. Las HABs pueden tener efectos devastadores en los ecosistemas acuáticos y la salud humana, produciendo toxinas que afectan a la fauna y la flora acuáticas, así como a las actividades económicas relacionadas con el agua, como la pesca y el turismo.^(11,57)

La identificación precisa y rápida de las especies de microalgas responsables de las HABs es crucial para la gestión y mitigación de estos eventos. El código de barras de ADN permite la detección de especies tóxicas en etapas tempranas de la floración, facilitando la implementación de medidas de control antes de que los efectos negativos se intensifiquen.⁽¹⁰⁾ Este enfoque ha mejorado significativamente la capacidad de los investigadores y gestores ambientales para monitorear y responder a las HABs de manera efectiva.

El uso de técnicas de secuenciación masiva y análisis bioinformáticos avanzados ha permitido la identificación simultánea de múltiples especies de microalgas en muestras ambientales, mejorando la precisión del monitoreo de HABs.⁽¹⁰⁾ Estos métodos han proporcionado datos detallados sobre la composición de las comunidades de microalgas durante los eventos de floración, incluyendo la identificación de especies co-ocurrentes que pueden influir en la dinámica de las HABs.⁽⁵⁸⁾

Los estudios de monitoreo basados en el código de barras de ADN también han revelado patrones temporales y espaciales en la ocurrencia de HABs, proporcionando información valiosa sobre los factores que desencadenan y mantienen estas floraciones.⁽⁵⁹⁾ Estos datos son esenciales para el desarrollo de modelos predictivos que puedan anticipar la ocurrencia de HABs y guiar la gestión proactiva de los cuerpos de agua afectados.

Además, el código de barras de ADN ha facilitado la investigación sobre las condiciones ambientales y los factores biológicos que favorecen el crecimiento y la proliferación de microalgas tóxicas. Esta información es crucial para desarrollar estrategias de manejo que puedan prevenir o mitigar las HABs, como el control de la eutrofización y la gestión de los nutrientes en los cuerpos de agua.⁽⁶⁰⁾ En resumen, el código de barras de ADN es una herramienta esencial en el monitoreo y gestión de floraciones algales nocivas, contribuyendo a la protección de los ecosistemas acuáticos y la salud pública.^(58,59)

Aplicaciones en Biotecnología y Bioingeniería

El código de barras de ADN ha encontrado aplicaciones importantes en la biotecnología y bioingeniería de microalgas, facilitando la identificación y selección de cepas con características deseables para diversas aplicaciones industriales.⁽¹⁴⁾ Las microalgas son una fuente prometedora de compuestos bioactivos, biocombustibles, alimentos y otros productos de valor añadido.⁽¹³⁾ La identificación precisa de cepas de microalgas es crucial para optimizar los procesos de producción y mejorar la eficiencia y sostenibilidad de estas aplicaciones.

En la producción de biocombustibles, el código de barras de ADN permite la identificación y selección de cepas de microalgas con alta productividad de lípidos, que son esenciales para la producción de biodiésel.⁽¹²⁾ La capacidad de identificar rápidamente las cepas más productivas puede acelerar el desarrollo de tecnologías de biocombustibles y reducir los costos de producción.⁽⁶¹⁾ Además, el código de barras de ADN facilita el monitoreo de la pureza y estabilidad de las cepas de microalgas en cultivos industriales.

En la industria alimentaria y de suplementos, el código de barras de ADN se utiliza para identificar cepas de microalgas ricas en compuestos bioactivos, como ácidos grasos omega-3, antioxidantes y proteínas.⁽¹²⁾ La identificación precisa de estas cepas es esencial para asegurar la calidad y seguridad de los productos derivados de microalgas.^(62,63) Además, el código de barras de ADN puede ayudar a detectar y prevenir la contaminación por microalgas tóxicas en productos alimentarios y suplementos.

El código de barras de ADN también ha sido utilizado en la bioprospección de nuevos compuestos bioactivos y enzimas producidas por microalgas. La identificación de especies y cepas con capacidades metabólicas únicas puede conducir al descubrimiento de nuevos productos farmacéuticos, nutraceuticos y biocatalizadores.⁽¹⁴⁾ Esta herramienta ha ampliado el repertorio de recursos genéticos disponibles para la biotecnología y ha impulsado la innovación en diversos campos industriales.

Asimismo, el código de barras de ADN es una herramienta valiosa en la ingeniería genética de microalgas. La identificación precisa de cepas y la caracterización de sus genomas facilita la modificación genética para mejorar características deseables, como la tolerancia a condiciones ambientales adversas, la productividad de biomasa y la síntesis de compuestos específicos.^(64,65) Estos avances en la bioingeniería de microalgas tienen el potencial de transformar industrias y contribuir a soluciones sostenibles para desafíos globales.

Urgencia del uso de códigos de barras de ADN en el Perú

El reconocimiento del Perú como país megadiverso implica la clasificación de las diferentes especies dentro de categorías biológicas que permitan su reconocimiento organizado. Sin embargo, al revisar la literatura procedente de investigaciones dentro del territorio nacional, se distingue la escasa información de identificación molecular de microalgas, presentándose mayor enfoque a otros organismos.⁽⁶⁶⁾ Esto debido a que el país no cuenta con medidas actualizadas o adecuadas para tratar este tipo de situaciones debido a que aún poseen técnicas retrógradas sin conocer las aplicaciones biotecnológicas del código de barras de ADN para identificación molecular de estos taxones.

En el Perú la identificación de microalgas en su mayoría de casos se basa en el uso común de técnicas tradicionales para la diferenciación morfológica, como la microscopía, que resulta insuficiente a pesar de contar con profesionales altamente capacitados.⁽⁶⁷⁾ El cual genera un estancamiento en la aplicación de nuevas técnicas de carácter molecular que nos dan una mejor visión de la biodiversidad a nivel microscópico para poder absorber aquellos datos que se consideran ajenos a la investigación debido a los diferentes factores mencionados.

Por otro lado, el retraso en la formulación de alternativas de solución frente a las dificultades expuestas se complica aún más por las constantes amenazas, como el cambio climático, el desorganizado crecimiento urbano y la introducción de especies invasoras que inciden en los espacios naturales donde se hallan estos organismos, produciendo graves consecuencias para la dinámica del ecosistema.⁽⁶⁸⁾ De modo que el Perú debe afrontar estas limitaciones e implementar técnicas innovadoras que resuelvan el trasfondo de la poca investigación.

Basado en estos motivos, la aplicación de técnicas como el código de barras de ADN se hace necesaria porque facilita la identificación de especies a partir de fragmentos de material biológico, demostrando ser una herramienta eficiente para la investigación en conservación y manejo de organismos poco accesibles o de compleja diferenciación como las microalgas.⁽⁶⁹⁾ Asimismo, se asegura el reconocimiento de una identidad taxonómica dentro de un compuesto de especies crípticas, disminuyendo la dificultad de identificación entre organismos morfológicamente similares dentro de un mismo rango de distribución. Esto hace posible ampliar el conocimiento que se tiene sobre ciertos organismos posterior a su identificación, para permitir explorar su potencial y distinguir el beneficio o perjuicio frente al ser humano u otras especies.⁽⁷⁰⁾

CONCLUSIONES

El código de barras de ADN ha demostrado ser una herramienta poderosa y versátil en el estudio de las microalgas, con ventajas significativas en términos de precisión y rapidez en la identificación de especies. A pesar de los desafíos técnicos y económicos, sus aplicaciones en estudios de biodiversidad, monitoreo ambiental y biotecnología subrayan su importancia en la investigación y gestión de los ecosistemas acuáticos. Estos avances no sólo facilitarán el estudio y conservación de la biodiversidad de microalgas, sino que también abrirán nuevas oportunidades en la biotecnología y la bioingeniería de una manera más sostenible para desafíos globales.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. De Groot GA, During HJ, Maas JW, Schneider H, Vogel JC, Erkens RHJ. Use of rbcL and trnL-F as a Two-Locus DNA Barcode for Identification of NW-European Ferns: An Ecological Perspective. PLoS ONE 2011;6:e16371. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0016371>.

2. Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, deWaard JR. Biological identifications through DNA barcodes. Proc Biol

Sci 2003;270:313-21. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>.

3. An SS, Friedl T, Hegewald E. Phylogenetic Relationships of *Scenedesmus* and *Scenedesmus*- like Coccoid Green Algae as Inferred from ITS-2 rDNA Sequence Comparisons. *Plant Biology* 1999;1:418-28. <https://doi.org/10.1111/j.1438-8677.1999.tb00724.x>.

4. Hebert PDN, deWaard JR, Landry J-F. DNA barcodes for 1/1000 of the animal kingdom. *Biol Lett* 2010;6:359-62. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2009.0848>.

5. Hegewald E, Wolf M. Phylogenetic relationships of *Scenedesmus* and *Acutodesmus* (Chlorophyta, Chlorophyceae) as inferred from 18S rDNA and ITS-2 sequence comparisons. *Plant Systematics and Evolution* 2003;241:185-91. <https://doi.org/10.1007/s00606-003-0061-7>.

6. Torres MA, Barros MP, Campos SCG, Pinto E, Rajamani S, Sayre RT, et al. Biochemical biomarkers in algae and marine pollution: a review. *Ecotoxicol Environ Saf* 2008;71:1-15. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2008.05.009>.

7. Becker B, Marin B. Streptophyte algae and the origin of embryophytes. *Ann Bot* 2009;103:999-1004. <https://doi.org/10.1093/aob/mcp044>.

8. Amengual-Morro C, Moyà Niell G, Martínez-Taberner A. Phytoplankton as bioindicator for waste stabilization ponds. *J Environ Manage* 2012;95 Suppl:S71-76. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2011.07.008>.

9. Krienitz L, Huss VAR, Bock C. Chlorella: 125 years of the green survivalist. *Trends Plant Sci* 2015;20:67-9. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2014.11.005>.

10. Borbor-Córdova MJ, Pozo-Cajas M, Cedeno-Montesdeoca A, Mantilla Saltos G, Kislik C, Espinoza-Celi ME, et al. Risk Perception of Coastal Communities and Authorities on Harmful Algal Blooms in Ecuador. *Front Mar Sci* 2018;5:365. <https://doi.org/10.3389/fmars.2018.00365>.

11. Oh J-W, Pushparaj SSC, Muthu M, Gopal J. Review of Harmful Algal Blooms (HABs) Causing Marine Fish Kills: Toxicity and Mitigation. *Plants* 2023;12:3936. <https://doi.org/10.3390/plants12233936>.

12. Sharma P, Sharma N. Industrial and Biotechnological Applications of Algae: A Review. *JAPB* 2017;1:1-25. <https://doi.org/10.14302/issn.2638-4469.japb-17-1534>.

13. Arora K, Kumar P, Bose D, Li X, Kulshrestha S. Potential applications of algae in biochemical and bioenergy sector. *3 Biotech* 2021;11:296. <https://doi.org/10.1007/s13205-021-02825-5>.

14. Narayanan M, Kandasamy S, He Z, Hemaiswarya S, Raja R, Carvalho IS. Algae biotechnology for nutritional and pharmaceutical applications. *Biotechnology in Healthcare, Volume 1, Elsevier*; 2022, p. 177-94. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-89837-9.00015-2>.

15. Eze CN, Onyejiaka CK, Ihim SA, Ayoka TO, Aduba CC, Ndukwe JK, et al. Bioactive compounds by microalgae and potentials for the management of some human disease conditions. *AIMSMICRO* 2023;9:55-74. <https://doi.org/10.3934/microbiol.2023004>.

16. Sousa V, Pereira RN, Vicente AA, Dias O, Geada P. Microalgae biomass as an alternative source of biocompounds: New insights and future perspectives of extraction methodologies. *Food Research International* 2023;173:113282. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2023.113282>.

17. Dolganyuk V, Belova D, Babich O, Prosekov A, Ivanova S, Katserov D, et al. Microalgae: A Promising Source of Valuable Bioproducts. *Biomolecules* 2020;10:1153. <https://doi.org/10.3390/biom10081153>.

18. Díaz-Pillasca HB, Hernández-Amasifuen AD, Machahua M, Pineda-Lázaro AJ, Argüelles-Curaca A, Lugo B. Código de barras de ADN de tres especies de árboles frutales con potencial económico del valle de Huaura, Lima, Perú. *RB* 2021;3:1992-2000. <https://doi.org/10.21931/RB/2021.06.03.18>.

19. Hajibabaei M, Singer GAC, Hebert PDN, Hickey DA. DNA barcoding: how it complements taxonomy,

molecular phylogenetics and population genetics. Trends in Genetics 2007;23:167-72. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2007.02.001>.

20. Bergmann T, Hadrys H, Breves G, Schierwater B. Character-based DNA barcoding: a superior tool for species classification Charakter-basierte DNS Kodierung: ein überlegenes Werkzeug für die Klassifizierung von Arten. Berl Münch Tierärztl Wschr 2009;446-50. <https://doi.org/10.2376/0005-9366-122-446>.

21. Subhadra B, Grinson-George. Algal biorefinery-based industry: an approach to address fuel and food insecurity for a carbon-smart world. J Sci Food Agric 2011;91:2-13. <https://doi.org/10.1002/jsfa.4207>.

22. Yanuhar U, Caesar NR, Musa M. Identification of Local Isolate of Microalgae *Chlorella Vulgaris* using Ribulose-1,5-Bisphosphate Carboxylase/Oxygenase Large Subunit (rbcL) Gene. IOP Conf Ser: Mater Sci Eng 2019;546:022038. <https://doi.org/10.1088/1757-899X/546/2/022038>.

23. Buchheim MA, Keller A, Koetschan C, Förster F, Merget B, Wolf M. Internal transcribed spacer 2 (nu ITS2 rRNA) sequence-structure phylogenetics: towards an automated reconstruction of the green algal tree of life. PLoS One 2011;6:e16931. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0016931>.

24. Burja AM, Tamagnini P, Bustard MT, Wright PC. Identification of the green alga, *Chlorella vulgaris* (SDC1) using cyanobacteria derived 16S rDNA primers: targeting the chloroplast. FEMS Microbiology Letters 2001;202:195-203. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2001.tb10803.x>.

25. Caisová L, Marin B, Melkonian M. A close-up view on ITS2 evolution and speciation - a case study in the Ulvophyceae (Chlorophyta, Viridiplantae). BMC Evol Biol 2011;11:262. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-11-262>.

26. Cecchin M, Marcolungo L, Rossato M, Girolomoni L, Cosentino E, Cuine S, et al. *Chlorella vulgaris* genome assembly and annotation reveals the molecular basis for metabolic acclimation to high light conditions. The Plant Journal 2019;100:1289-305. <https://doi.org/10.1111/tpj.14508>.

27. Liu M, Zhao Y, Sun Y, Li Y, Wu P, Zhou S, et al. Comparative study on diatom morphology and molecular identification in drowning cases. Forensic Science International 2020;317:110552. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2020.110552>.

28. Pombert J-F, Otis C, Lemieux C, Turmel M. The chloroplast genome sequence of the green alga *Pseudendoclonium akinetum* (Ulvophyceae) reveals unusual structural features and new insights into the branching order of chlorophyte lineages. Mol Biol Evol 2005;22:1903-18. <https://doi.org/10.1093/molbev/msi182>.

29. El-Sheekh M, Abu-Faddan M, Abo-Shady A, Nassar MZA, Labib W. Molecular identification, biomass, and biochemical composition of the marine chlorophyte *Chlorella* sp. MF1 isolated from Suez Bay. Journal of Genetic Engineering and Biotechnology 2020;18:27. <https://doi.org/10.1186/s43141-020-00044-8>.

30. CBOL Plant Working Group, Hollingsworth PM, Forrest LL, Spouge JL, Hajibabaei M, Ratnasingham S, et al. A DNA barcode for land plants. Proc Natl Acad Sci USA 2009;106:12794-7. <https://doi.org/10.1073/pnas.0905845106>.

31. Pawlowski J, Audic S, Adl S, Bass D, Belbahri L, Berney C, et al. CBOL protist working group: barcoding eukaryotic richness beyond the animal, plant, and fungal kingdoms. PLoS Biol 2012;10:e1001419. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001419>.

32. Ratnasingham S, Hebert PDN. BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). Mol Ecol Notes 2007;7:355-64. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x>.

33. Ballesteros I, Terán P, Guamán-Burneo C, González N, Cruz A, Castillejo P. DNA barcoding approach to characterize microalgae isolated from freshwater systems in Ecuador. Neotropical Biodiversity 2021;7:170-83. <https://doi.org/10.1080/23766808.2021.1920296>.

34. Fitriyah F, Faramitha Y, Sari DA, Kresnawaty I, Panji T, Santoso D. Molecular identification and phylogenetic

analysis of *Chlorella* isolates from Indonesia using *rbcl* gene. MP 2021;89. <https://doi.org/10.22302/iribb.jur.mp.v89i1.408>.

35. Zou S, Li Q, Kong L. Monophyly, Distance and Character-Based Multigene Barcoding Reveal Extraordinary Cryptic Diversity in *Nassarius*: A Complex and Dangerous Community. PLoS ONE 2012;7:e47276. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0047276>.

36. Zou S, Fei C, Wang C, Gao Z, Bao Y, He M, et al. How DNA barcoding can be more effective in microalgae identification: a case of cryptic diversity revelation in *Scenedesmus* (Chlorophyceae). Sci Rep 2016;6:36822. <https://doi.org/10.1038/srep36822>.

37. Fawley MW, Jameson I, Fawley KP. The phylogeny of the genus *Nannochloropsis* (Monodopsidaceae, Eustigmatophyceae), with descriptions of *N. australis* sp. nov. and *Microchloropsis* gen. nov. Phycologia 2015;54:545-52. <https://doi.org/10.2216/15-60.1>.

38. Kumar CS, Prabu VA, Kumar CP. DNA Barcode Genes (*rbcl*, 18s rRNA and ITS Phylogeny) in *Skeletonema costatum* Grevilli (Cleve, 1873). International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences 2015;4:195-203.

39. Gray M, Wawrik B, Paul J, Casper E. Molecular Detection and Quantitation of the Red Tide Dinoflagellate *Karenia brevis* in the Marine Environment. Appl Environ Microbiol 2003;69:5726-30. <https://doi.org/10.1128/AEM.69.9.5726-5730.2003>.

40. Crowell RM, Nienow JA, Cahoon AB. The complete chloroplast and mitochondrial genomes of the diatom *Nitzschia palea* (Bacillariophyceae) demonstrate high sequence similarity to the endosymbiont organelles of the dinotom *Durinskia baltica*. Journal of Phycology 2019;55:352-64. <https://doi.org/10.1111/jpy.12824>.

41. Škaloud P, Friedl T, Hallmann C, Beck A, Dal Grande F. Taxonomic revision and species delimitation of coccoid green algae currently assigned to the genus *Dictyochloropsis* (Trebouxiophyceae, Chlorophyta). Journal of Phycology 2016;52:599-617. <https://doi.org/10.1111/jpy.12422>.

42. González MA, Aguayo PA, Inostroza IDL, Castro PA, Fuentes GA, Gómez PI. Ultrastructural and molecular characterization of *Tetraselmis* strains (Chlorodendrophyceae, Chlorophyta) isolated from Chile. Gayana Bot 2015;72:47-57. <https://doi.org/10.4067/S0717-66432015000100007>.

43. Rad-Menéndez C, Stanley M, Green DH, Cox EJ, Day JG. Exploring cryptic diversity in publicly available strains of the model diatom *Thalassiosira pseudonana* (Bacillariophyceae). J Mar Biol Ass 2015;95:1081-90. <https://doi.org/10.1017/S0025315415000120>.

44. Ahn G, Park G-Y, Park D-Y, Jeong OC, Kim Y-H, Ahn J-Y. Microalgae Direct Extract Reagent for *Heterocapsa triquetra*. Toxicol Environ Health Sci 2019;11:73-8. <https://doi.org/10.1007/s13530-019-0390-8>.

45. Wang L, Zhuang Y, Zhang H, Lin X, Lin S. DNA barcoding species in *Alexandrium tamarense* complex using ITS and proposing designation of five species. Harmful Algae 2014;31:100-13. <https://doi.org/10.1016/j.hal.2013.10.013>.

46. Hoef-Emden K. Pitfalls of Establishing DNA Barcoding Systems in Protists: The Cryptophyceae as a Test Case. PLoS ONE 2012;7:e43652. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0043652>.

47. Vieira HH, Bagatini IL, Guinart CM, Vieira AAH. *tufA* gene as molecular marker for freshwater Chlorophyceae. ALGAE 2016;31:155-65. <https://doi.org/10.4490/algae.2016.31.4.14>.

48. Ermis H, Guven Gulhan U, Akca MS, Cakir T, Altinbas M. Valorization of Human Urine with Mixed Microalgae Examined through Population Dynamics, Nutrient Removal, and Biogas Content. Sustainability 2023;15:6922. <https://doi.org/10.3390/su15086922>.

49. Theissinger K, Fernandes C, Formenti G, Bista I, Berg PR, Bleidorn C, et al. How genomics can help biodiversity conservation. Trends in Genetics 2023;39:545-59. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2023.01.005>.

50. Formenti G, Theissinger K, Fernandes C, Bista I, Bombarely A, Bleidorn C, et al. The era of reference genomes in conservation genomics. *Trends in Ecology & Evolution* 2022;37:197-202. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2021.11.008>.
51. Famà P, Wysor B, Kooistra WHCF, Zuccarello GC. Molecular phylogeny of the genus *Caulerpa* (Caulerpales, Chlorophyta) inferred from chloroplast a gene. *Journal of Phycology* 2002;38:1040-50. <https://doi.org/10.1046/j.1529-8817.2002.t01-1-01237.x>.
52. Chakraborty C, Doss CGP, Patra BC, Bandyopadhyay S. DNA barcoding to map the microbial communities: current advances and future directions. *Appl Microbiol Biotechnol* 2014;98:3425-36. <https://doi.org/10.1007/s00253-014-5550-9>.
53. Collins RA, Armstrong KF, Meier R, Yi Y, Brown SDJ, Cruickshank RH, et al. Barcoding and border biosecurity: identifying cyprinid fishes in the aquarium trade. *PLoS One* 2012;7:e28381. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0028381>.
54. Krohn-Molt I, Wemheuer B, Alawi M, Poehlein A, Güllert S, Schmeisser C, et al. Metagenome Survey of a Multispecies and Alga-Associated Biofilm Revealed Key Elements of Bacterial-Algal Interactions in Photobioreactors. *Appl Environ Microbiol* 2013;79:6196-206. <https://doi.org/10.1128/AEM.01641-13>.
55. Gu X, Cao Z, Zhao L, Seswita-Zilda D, Zhang Q, Fu L, et al. Metagenomic Insights Reveal the Microbial Diversity and Associated Algal-Polysaccharide-Degrading Enzymes on the Surface of Red Algae among Remote Regions. *IJMS* 2023;24:11019. <https://doi.org/10.3390/ijms241311019>.
56. Toulza E, Blanc-Mathieu R, Gourbière S, Piganeau G. Environmental and Evolutionary Genomics of Microbial Algae: Power and Challenges of Metagenomics. *Advances in Botanical Research*, vol. 64, Elsevier; 2012, p. 383-427. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-391499-6.00010-4>.
57. Carnicer O, García-Altares M, Andree KB, Diogène J, Fernández-Tejedor M. First evidence of *Ostreopsis* cf. *ovata* in the eastern tropical Pacific Ocean, Ecuadorian coast. *Botanica Marina* 2016;59:267-74. <https://doi.org/10.1515/bot-2016-0022>.
58. Yarimizu K, Fujiyoshi S, Kawai M, Norambuena-Subiabre L, Cascales E-K, Rilling J-I, et al. Protocols for Monitoring Harmful Algal Blooms for Sustainable Aquaculture and Coastal Fisheries in Chile. *IJERPH* 2020;17:7642. <https://doi.org/10.3390/ijerph17207642>.
59. Jacobs-Palmer E, Gallego R, Cribari K, Keller AG, Kelly RP. Environmental DNA Metabarcoding for Simultaneous Monitoring and Ecological Assessment of Many Harmful Algae. *Front Ecol Evol* 2021;9:612107. <https://doi.org/10.3389/fevo.2021.612107>.
60. Saleem F, Jiang JL, Atrache R, Paschos A, Edge TA, Schellhorn HE. Cyanobacterial Algal Bloom Monitoring: Molecular Methods and Technologies for Freshwater Ecosystems. *Microorganisms* 2023;11:851. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11040851>.
61. Borowitzka MA. Algal Biotechnology. In: Sahoo D, Seckbach J, editors. *The Algae World*, vol. 26, Dordrecht: Springer Netherlands; 2015, p. 319-38. https://doi.org/10.1007/978-94-017-7321-8_11.
62. Siozios S, Massa A, Parr CL, Verspoor RL, Hurst GDD. DNA barcoding reveals incorrect labelling of insects sold as food in the UK. *PeerJ* 2020;8:e8496. <https://doi.org/10.7717/peerj.8496>.
63. Dawan J, Ahn J. Application of DNA barcoding for ensuring food safety and quality. *Food Sci Biotechnol* 2022;31:1355-64. <https://doi.org/10.1007/s10068-022-01143-7>.
64. Stengel DB, Connan S. Marine Algae: a Source of Biomass for Biotechnological Applications. In: Stengel DB, Connan S, editors. *Natural Products From Marine Algae*, vol. 1308, New York, NY: Springer New York; 2015, p. 1-37. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-2684-8_1.
65. Qin S, Wang K, Gao F, Ge B, Cui H, Li W. Biotechnologies for bulk production of microalgal biomass: from mass cultivation to dried biomass acquisition. *Biotechnol Biofuels* 2023;16:131. <https://doi.org/10.1186/>

s13068-023-02382-4.

66. Cossios E. 2do producto de la consultoria sobre Actualización del perfil de biodiversidad del país Sección VII del 6to Informe Nacional al CDB 2018:1-64.

67. Bellinger EG, Sigee DC. Freshwater Algae: Identification and Use as Bioindicators. 1st ed. Wiley; 2010. <https://doi.org/10.1002/9780470689554>.

68. Ordinola-Zapata A, Siccha Z, Castillo-Carrillo P, Luque C. Identification by DNA barcode of invading fish in the mangrove of Tumbes (Peru). Manglar 2019;16:91-7. <https://doi.org/10.17268/manglar.2019.013>.

69. Ekrem T, Willassen E, Stur E. A comprehensive DNA sequence library is essential for identification with DNA barcodes. Molecular Phylogenetics and Evolution 2007;43:530-42. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.11.021>.

70. Altamirano-Benavides M, Yanez-Moreta P. El código de barras de adn (barcoding): una herramienta para la investigación y conservación de la diversidad biológica en Ecuador. Lgr 2016;23. <https://doi.org/10.17163/lgr.n23.2016.01>.

FINANCIACIÓN

Los autores no recibieron financiación para el desarrollo de la presente investigación.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no existe conflicto de intereses.

CONTRIBUCIÓN DE AUTORÍA

Conceptualización: Diego Hiroshi Takei-Idiaquez, Flor Matilda Yupanqui-Morales, Alessandro Daniel Chavez-Alberto, Ariana Ulloa-Osorio.

Curación de datos: Diego Hiroshi Takei-Idiaquez, Ariana Ulloa-Osorio, Aida Nerida Falcón-Cerna, Carlos Roberto Pesantes-Rojas.

Análisis formal: Flor Matilda Yupanqui-Morales, Aida Nerida Falcón-Cerna, Carlos Roberto Pesantes-Rojas.

Investigación: Diego Hiroshi Takei-Idiaquez, Flor Matilda Yupanqui-Morales, Alessandro Daniel Chavez-Alberto, Ariana Ulloa-Osorio.

Metodología: Flor Matilda Yupanqui-Morales, Carlos Roberto Pesantes-Rojas, Linder Ramírez-Viena.

Administración del proyecto: Diego Hiroshi Takei-Idiaquez, Carlos Roberto Pesantes-Rojas,

Supervisión: Aida Nerida Falcón-Cerna, Carlos Roberto Pesantes-Rojas, Hermila Belba Díaz-Pillasca, Linder Ramírez-Viena.

Validación: Aida Nerida Falcón-Cerna, Carlos Roberto Pesantes-Rojas, Hermila Belba Díaz-Pillasca, Linder Ramírez-Viena.

Visualización: Flor Matilda Yupanqui-Morales.

Redacción - borrador original: Diego Hiroshi Takei-Idiaquez, Flor Matilda Yupanqui-Morales, Alessandro Daniel Chavez-Alberto, Ariana Ulloa-Osorio.

Redacción - revisión y edición: Aida Nerida Falcón-Cerna, Carlos Roberto Pesantes-Rojas, Hermila Belba Díaz-Pillasca, Linder Ramírez-Viena.