



## Filogenia del reino Chromista

Edy Luz Monterroza, Melissa Orozco Cepeda, Wendy Paola Otero Rodriguez & Yani Aranguren Díaz

*Facultad Ciencias Básicas y Biomédicas, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla, Colombia.*  
[edymonterroza3@gmail.com](mailto:edymonterroza3@gmail.com), [melioro020@gmail.com](mailto:melioro020@gmail.com), [wotero@misena.edu.co](mailto:wotero@misena.edu.co),  
[yani.aranguren@unisimonbolivar.edu.co](mailto:yani.aranguren@unisimonbolivar.edu.co)

*Recibido: Octubre 02, 2019.*

*Recibido en su versión corregida: Octubre 05, 2019.*

*Aceptación: Octubre 16, 2019.*

**Cómo citar:** Monterroza, E.L., Orozco Cepeda, M., Otero Rodriguez, W.P. & Aranguren Diaz, Y. (2019). Filogenia del reino Chromista. Revista Sextante, 21, pp. 34 - 50, 2019.

### Resumen

La clasificación de los organismos vivos ha sido modificada numerosas veces, debido a que algunos grupos han sido difíciles de catalogar. Actualmente se reconocen siete reinos: Animalia, Plantea, Protozoa, Fungí, Archaea, Bacteria y Chromista. Este último es un grupo polifilético, muy variable morfológicamente, importante en ecosistemas marinos.

La filogenia molecular permite clasificar de acuerdo con relaciones de parentesco. En este estudio se analizó la región ITS para verificar las relaciones entre diferentes filos del reino Chromista. Se seleccionaron 46 secuencias de ADN de especies diferentes de las bases de datos, se procesaron y analizaron, empleando métodos bioinformáticos de distancia y filogenia. Todos los dendrogramas mostraron una distribución de especies de acuerdo con la clasificación vigente, evidenciando que los chromistas forman un linaje diferente de los protozoos. Finalmente, es necesario realizar más estudios para descifrar mejor la evolución, fisiología y ecología; y así desarrollar estrategias de conservación, manejo y biotecnologías.

*Palabras claves: cladogramas, ITS, reinos biológicos, sistemática molecular.*

## Phylogeny of Chromista kingdom

### Abstract

The classification of living organisms has modified numerous times, because some groups have been difficult to catalog. Currently, seven kingdoms are recognized: Animalia, Plantea, Protozoa, Fungí, Archaea, Bacteria and Chromista. The latter is a polyphyletic group, very morphologically variable, important in marine ecosystems.

Molecular phylogeny allow classification according to kinship relationships. In this study, the ITS region was analyzed to verify the relationships between different edges of the Chromista kingdom. 46 DNA sequences of different species from the databases were selected, processed, and analyzed using bioinformatic methods of distance and phylogeny. All dendrograms showed a distribution of species according to the current classification, showing that the Chromistas form a different lineage of the Protozoa. Finally, more studies are needed to better decipher evolution, physiology, and ecology; and thus, develop conservation, management and biotechnology strategies.

*Keywords: cladograms, ITS, biological kingdoms, molecular systematics.*



## 1. Introducción

A mediados del siglo XVIII Carlos Linneo introdujo un sistema de clasificación que incluía tres reinos: Regnum Vegetable (plantas), Regnum Animale (animales) y Regnum Lapideum (minerales). Este modelo era binomial y estaba constituido por categorías taxonómicas como: clase, orden, género y especie (David et al., 2012; Ruggiero et al., 2015). En versiones posteriores de *Systema Naturae*, se incluyeron las categorías taxonómicas: familia y filo o división (Ruggiero et al., 2015). Durante el siglo XIX el evolucionista alemán Ernst Haeckel, observó que algunos microorganismos carecían de núcleo celular, y los nombró Monera (Haeckel, 1866). En 1986 fue propuesto un nuevo sistema de clasificación de tres reinos: Protista, Plantae y Animalia. Pese a esto, la diversidad del reino Protista ha hecho que sus especies hayan sido continuamente reclasificadas (T Cavalier-Smith, 1993; Maneveldt & Keats, 2003; Ruggiero et al., 2015). En 1956 Robert Whittaker y Lynn Margulis propusieron una nueva clasificación de los seres vivos en donde se establecían cinco reinos: Monera, Protista, Plantae, Fungi y Animalia (Curtis & Schnek, 2008). Partiendo de los avances en microscopía electrónica y el desarrollo de técnicas moleculares y bioquímicas, se reclasificaron los grupos existentes, Eucariota y Procariota, en tres dominios: Bacteria, Archaea y Eukarya (Thomas Cavalier-Smith, 2003; Maneveldt & Keats, 2003; Ruggiero et al., 2015). Posteriormente, fue propuesto un sistema de clasificación de siete reinos: Bacteria, Archaea, Protozoa, Fungi, Plantae, Animalia y Chromista (Ruggiero et al., 2015). A pesar de esto, ha existido controversia en relación con algunas de estas clasificaciones (Maneveldt & Keats, 2003).

Cavalier-Smith (1998) propuso redistribuir el reino Protista como dos reinos independientes: Protozoa y Chromista (Thomas Cavalier-Smith, 2004, 2010). En este último se agrupa la mayor parte de microorganismos que forman el fitoplancton, las algas marinas y heterotróficos marinos, terrestres, de agua dulce, así como algunos patógenos de humanos como *Plasmodium* spp, y de plantas como *Phytophthora* spp. (T Cavalier-Smith, 1993; Thomas Cavalier-Smith & Chao, 2006).

Los Chromistas se comportan como un grupo polifilético que tiene la característica de poseer

clorofila A y C, son fotosintéticos y tienen pared celular. Se ha determinado por análisis de fósiles, multiproteínas y secuencias de DNA ribosomal, que los Chromistas se originaron hace ~750 Mya (T Cavalier-Smith, 1993; Ruggiero et al., 2015). Este grupo de organismos surgió de un evento endosimbiótico entre dos eucariotas y se estima que ocurrió en las últimas etapas del origen simbiótico de las mitocondrias y los cloroplastos (T Cavalier-Smith, 1993; Thomas Cavalier-Smith, 2003). Conducir estudios filogenéticos para abordar la historia evolutiva del reino Chromista puede ayudar a comprender su enorme diversidad biológica, así como a estimar el posible potencial biotecnológico de sus especies, entender mejor la interacción con sus huéspedes (en el caso de patógenos y simbiontes), sus adaptaciones fisiológicas y morfológicas en el curso evolutivo, y su importancia ecológica (Borner et al., 2016).

Los ecosistemas marinos son tan variados que en ellos habitan especies chromistas con gran importancia ecológica y biogeoquímica, como las diatomeas, que son fundamentales en la fijación de carbono (CO<sub>2</sub>) y otros nutrientes, y en la composición de ciclos biogeoquímicos del carbono, nitrógeno y fósforo (Allen, Vardi, & Bowler, 2006).

Para el crecimiento de este tipo de especies y otros como radiolarios y silicoflagelados, se requiere de un nutriente esencial en la superficie del océano como lo es el ácido salicílico.

Además, el silicio es un elemento limitante e importante, ya que permite la producción de sílice (Si) por parte de estos organismos, este material se encuentra en casi todas las rocas. Asimismo, algunas de las especies de chromistas marinos cambian sus comportamientos ya que reaccionan ante cualquier variación ambiental, lo que las define como indicadores biológicos de cambio climático (Juárez, Sánchez, González-Yajimovich, Cota-Meza, & Ricaurte-Villota, 2015). Otras especies de gran importancia marina como las algas se encuentran involucradas en la producción de biomasa, material orgánico que es alimento para los peces y que además está presente en la producción de oxígeno en lagos, ríos, ciénagas y humedales (Salamanca, 2005).

Además de definir la importancia de los ecosistemas marinos, es importante destacar que

diversos autores han estudiado las especies y grupos taxonómicos dentro del reino Chromista; sin embargo, la mayoría de estos se han basado en el análisis de rasgos morfológicos y fisiológicos. Por lo tanto, se propone analizar las relaciones de parentesco entre especies representativas del reino, basado en secuencias génicas ITS (Internal Transcribed Spacer o Espaciador Interno Transcrito), con el fin de verificar y examinar la clasificación de este sistema de siete reinos.

## 2. Materiales y métodos

### *Búsqueda, selección y edición de secuencias*

Se estableció una población de estudio dividida en cuatro grupos, los cuales constaron de especies identificadas dentro del reino Chromista y grupos control de tres reinos diferentes (Plantae, Protozoa y Fungí), según la clasificación de Ruggiero et al. (Ruggiero et al., 2015). Para ello se realizó la búsqueda en la base de datos del GenBank del NCBI (National Center for Biotechnology information (Barros del Duca et al., 2018; Benson et al., 2012) de una secuencia de referencia (Pseudobodo tremulans) basada en la región ribosomal ITS. Luego, empleando la herramienta BLAST (Altschul et al., 1997), se realizó la comparación de P. tremulans en relación con las secuencias buscadas que corresponden a los grupos control. Para ello se tomó en cuenta que las secuencias tuvieran >70% de identidad y que cubrieran la extensión completa de la región ITS. Estas secuencias se guardaron en formato FASTA y se realizaron sucesivos alineamientos múltiples, empleando el algoritmo Clustal W con el programa BioEdit (Dagona, s. f.). Posteriormente, se analizaron y editaron los alineamientos para que todas las secuencias tuvieran el mismo tamaño y el formato correcto, necesario para seguir con el análisis filogenético.

### *Construcción y análisis filogenético*

Para entender las relaciones de parentesco y validar los nuevos sistemas de clasificación, se realizó la construcción de árboles de distancia y filogenéticos, empleando el programa bioinformático MEGA X (Kumar, Stecher, Li, Knyaz, & Tamura, 2018).

Inicialmente se determinó el modelo evolutivo al cuál se ajustan las secuencias analizadas calculando

el BIC score, Bayesian Information Criterion (Nei & Kumar, 2000). Posteriormente, se construyeron dendogramas empleando métodos de agrupamiento por distancia (Neighbour-Joining y UPGMA) y por filogenia (Máxima Verosimilitud y Máxima Parsimonia). Para cada uno de los métodos empleados, se aplicó un Bootstrap de entre 100-2000 repeticiones. Finalmente, se seleccionó el agrupamiento con mayor sentido biológico y se construyó un árbol consenso.

### *Correlación fenotípica*

Para determinar si las relaciones de parentescos calculados por secuencias genéticas ITS tienen una correlación con características fenotípicas; se hizo una lista de características morfológicas, ecológicas y fisiológicas de cada una de las especies, se compararon con los árboles construidos y se determinó cuáles de los agrupamientos tenían mayor sentido biológico. Cada una de las características fue analizada y comparada entre especies, y ubicadas dentro del árbol consenso.

## 3. Resultados

Se realizó la búsqueda de la región ITS en especies del reino Chromista, y a su vez, se verificó su identidad e integridad por alineamiento en BLAST con la secuencia de referencia (P. tremulans). Numerosos alineamientos fueron realizados para verificar que las secuencias eran correctas. Luego, las secuencias fueron editadas ya que tenían tamaños diferentes, en algunos casos se agregó "N" para completar la longitud de estas, y en otros se invirtió el sentido de la secuencia. Una vez seleccionadas y editadas las secuencias, se realizaron los alineamientos y se logró constatar la existencia de varias regiones conservadas y algunos indeles. Inicialmente se seleccionaron 111 especies en total (Chromistas y especies control) y finalmente se eligieron los grupos más relacionados fenotípicamente, es decir, 46 especies: 33 Chromistas, 2 Protozoos, 5 Fungí, 4 Plantae y 2 Rodhophyta (Tabla 1). Cabe resaltar que en el proceso de selección algunas especies fueron re-seleccionadas debido a que no correspondían a la misma región dentro de ITS.

## Construcción de dendogramas

Inicialmente, se calcularon las tasas de transición y transversión, para determinar el BIC score, donde el mejor modelo fue el de Tamura Nei 3, con un score de 55666.473, luego, para la construcción de los árboles se realizaron pruebas con Bootstrap de 100 a 2.000 réplicas. El modelo de Tamura Nei 3, fue aplicado en los métodos Neighbor-Joining, UPGMA y Máxima Verosimilitud; y al de Máxima Parsimonia, un simple modelo de sustitución nucleotídica. Los árboles seleccionados muestran una distribución similar entre ellos, destacando que algunos clados se conservan en todos los agrupamientos y tienen sentido biológico ([Figuras 1-4](#)).

Siguiendo el principio de iluminación recíproca se construyeron numerosos árboles, aumentando progresivamente en número de réplicas, hasta obtener los agrupamientos con más soporte estadístico y sentido biológico. Así, en varios se observa que hay clados muy bien conservados en los árboles construidos por todos los métodos cuando se armaron con Bootstrap de 2.000 réplicas. Además, todos estos clados correspondían con la clasificación taxonómica y las características fenotípicas. Finalmente, la mejor cladograma fue el de Máxima Verosimilitud y a partir de este se construyó el árbol consenso donde se representan los valores probabilísticos obtenidos en los clados principales con todos los métodos ([Figura 5](#)).

## 4. Discusión

El Catalogue of Life Col (<http://www.catalogueoflife.org/>) instituye un sistema que establece las taxonomías vigentes para la clasificación de los organismos vivos. La más reciente clasificación es del 2015, en donde se establecen siete reinos (Ruggiero et al., 2015). Por tanto, los criterios de selección de las especies evaluadas corresponden a esta clasificación donde se encuentra el Chromista. En la selección de secuencias se debieron realizar muchas búsquedas y análisis, ya que en las bases de datos se encontraban numerosos registros de secuencias ITS, y muchas de ellas corresponden solo a una parte de ITS. Además, se pudo observar que las especies clasificadas por Ruggiero et al. (2015) como Protozoa, poseen secuencias muy disimiles con las de Chromistas, hongos y plantas.

Los árboles de distancia ([Figuras 1 y 2](#)), como los filogenéticos, mostraron la misma tendencia de asociación de clados; es decir, no hubo mayor diferencia al momento de que estos se agruparon. Los métodos filogenéticos permiten esclarecer la relación que existe entre las especies y los cambios que han ocurrido en el proceso de adaptación, selección y especiación; permitiendo estudiar las relaciones de ancestralidad (especies basales y derivadas), parentesco y diferenciación biogeográfica (Salemi & Vandamme, 2017).

Para hacer inferencias evolutivas y tener mayor sentido biológico, es necesario basar los análisis en métodos que toman en cuenta las tasas mutacionales, permitiendo estimar los cambios en el tiempo evolutivo (Silva, Aranguren, Pena, Seber, & Miranda, 2015). En este sentido, los métodos de distancia se basan en comparación de similitudes y disimilitudes, por lo tanto, no puede ser empleado para hacer inferencias filogenéticas (Salemi & Vandamme, 2017; Silva et al., 2015).

Dentro de los métodos filogenéticos más empleados se encuentran Máxima Verosimilitud y Máxima Parsimonia ([Figuras 3 y 4](#)). Estos métodos fueron empleados en el análisis y se encontraron diferencias en la distribución de algunos clados como el grupo externo de los Trypanosomatidae. Sin embargo, según las características biológicas, el sistema de clasificación vigente y los trabajos más recientes, la cladograma con mayor sentido biológico fue el de Máxima Verosimilitud (Thomas Cavalier-Smith, 2018; Thomas Cavalier-Smith, Chao, & Lewis, 2018; Ruggiero et al., 2015). Por otro lado, en el clado principal se logró ver una politomía de tres clados ([Figuras 3 y 5](#)), que sugiere que es necesario incluir más especies u otras secuencias para resolver mejor esta filogenia.

Cabe resaltar que el reino Protozoa es uno de los más controversiales. Algunos parásitos intracelulares, han sido categorizados dentro del grupo de los Apicomplexa; no obstante, este grupo ha sido discutido por varios autores, ya que los ubican dentro del reino Protozoa y a su vez dentro los Alveolata en Chromista (Arisue & Hashimoto, 2015; D.A. Morrison, 2008; David A. Morrison, 2009; Silva et al., 2015) lo cual indica que especies como Babesia, Cryptosporidium, Plasmodium, Toxoplasma y Chromera velia, que se consideraban Protozoa corresponden realmente a los Chromistas,

**Tabla 1.** Especies analizadas en el estudio

CHROMISTA	PROTOZOO	PLANTAE	FUNGI
Thalassiosira concavuscula			
Asterionellopsis glacialis	Leishmania braziliensis	Nicotiana tabacum	
Phytophthora captiosa	Trypanosoma grayi	Chara globularis	
Coccolithus pelagicus	Stemonitis fusca	Botryococcus braunii	
Noctiluca scintillans		Pteridium esculentum	Hypocrea pseudokoningii
Plasmodium ovale			Cryptococcus aureus
Chromeria velia			Saccharomyces cerevisiae
Picomonas judraskeda			Trichoderma reesei
Paramesium busaria			
Lithomelissa setosa		Rodophyta	
Hematodinium perezi		Chondrus crispus	
Planktoniella sol		Porphyra yamadae	
Strombidium conicum			
Chlamydaster sterni			
Frontonia pusilla			
Phytophthora infestans			
Fucus distichus			
Navicula pulchripora			
Cruciplacolithus neohelis			
Ebria tripartita			
Pseudocubus obeliscus			
Babesia crassa			
Pseudobodo tremulans			
Cyclospora papionis			
Chilomonas paramecium			
Picobiliphyte			
Pterocystis foliacea			
Calcidiscus leptoporus			
Navicula pulchripora			
Cafeteria roenbergensis			
Spongomonas minima			
Cryothecomonas longipes			
Pterocanium trilobum			

**Fuente:** Los autores.

relacionándose con los Ciliados y Dinoflagelados (Huang et al., 2015; D.A. Morrison, 2008). Esto se debe a que poseen un plastidio no fotosintético llamado apicoplasto, este tipo de cloroplasto fue adquirido por endosimbiosis secundaria de una especie de alga eucariota, sin embargo, no se conoce con exactitud si fue gracias a un alga verde o roja (D.A. Morrison, 2008). El origen de este orgánulo se dio con la interacción de una especie ancestral de

Plasmodium, aunque perdió su capacidad fotosintética, que es esencial para la supervivencia celular (D.A. Morrison, 2008; David A. Morrison, 2009).

En los dendogramas se observó que los Trypanosomatidae, *L. braziliensis* y *T. grayi* (Filo Euglenozoa, Reino Protozoa) forman un clado diferente de los Chromistas, Hongos y Plantas. Estas

diferencias indican que el Filo Euglenozoa es un linaje muy diferente al resto, como ya ha sido evidenciado por otros autores que, incluso, proponen que se puede tratar de otro reino (T. Cavalier-Smith, 1981; Thomas Cavalier-Smith, 2016; Thomas Cavalier-Smith et al., 2018). Además, es necesario entender que organismos como *L. braziliensis*, sufren transformaciones exhaustivas capaces de apartarla del resto del grupo que corresponde ([Figuras 1-4](#)). Por tanto, el reino Protozoa debe ser mejor estudiado para entender su evolución, genética y fisiología.

Como lo indica Ruggiero et al. 2015, los Chromistas forman un agrupamiento coherente entre especies que corresponden al subreino Harosa (SAR), dentro del cual se establece el Superfilo alveolata y Heterokonta; y el subreino Hacrobia. Este reino de estudio es un grupo muy diverso, cuya evolución polifilética puede ser causa de procesos endosimbióticos, adaptaciones a nuevos hábitats o transferencia horizontal de genes (Thomas Cavalier-Smith, 2004; Ruggiero et al., 2015; Tang et al., 2015). A partir de la variación genética, adaptación y especiación, estos organismos se han diversificado morfológicamente, mostrando características como flagelos en algún punto de su ciclo de vida, los cuales se han especializado. Se pueden encontrar flagelos cubiertos de pelos (pilis) finos, rígidos, tubulares; y flagelos más cortos, que carecen de pelos rígidos. La pigmentación también es variada, por ejemplo, especies de algas pardas presentan pigmentos como la flucoxantina y vaucheriaxantina (Gordon, 2007).

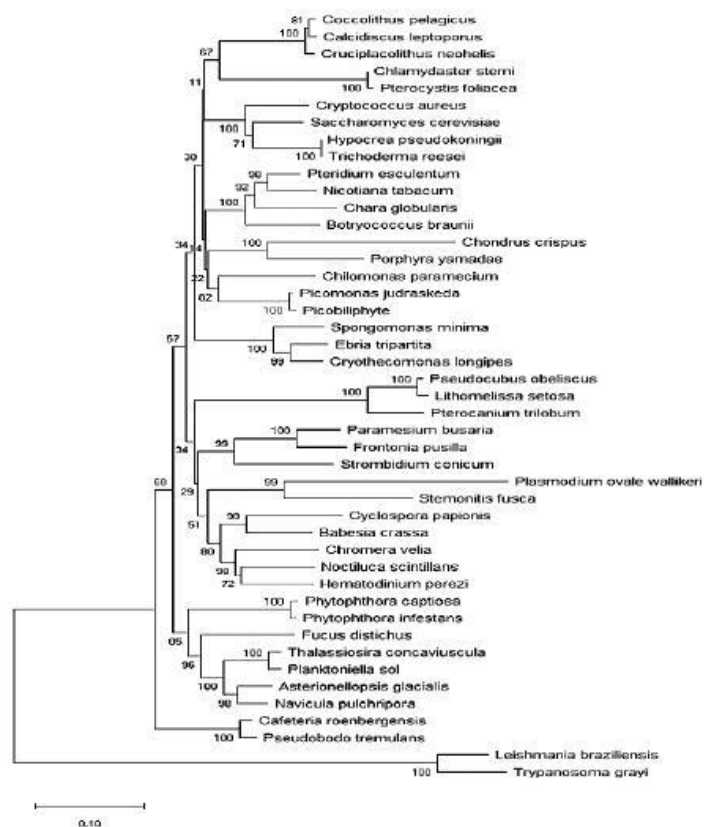
En la [Figura 5](#) se observa que, con excepción de *P. ovale* y *S. fusca*, todos los clados agrupan perfectamente las especies a nivel de filo y superfilo. A nivel de superfilo las especies de los taxones Alveolata y Heterokonta se agrupan según la clasificación de Ruggiero et al. 2015, y estas a su vez se relacionan siendo el primero un clado basal. Por su parte, el grupo Rizharia se encuentra dividido en dos filios (Cercozoa y Retaria) que quedan separados en todos los árboles analizados.

Las especies del subreino Hacrobia se agrupan en tres clados que corresponden a los filios Haptista, Heliozoa y Criptista. Los dos primeros se agrupan en el mismo clado superior, y el filo Criptista se separa, asociándose al clado de las plantas. Dentro

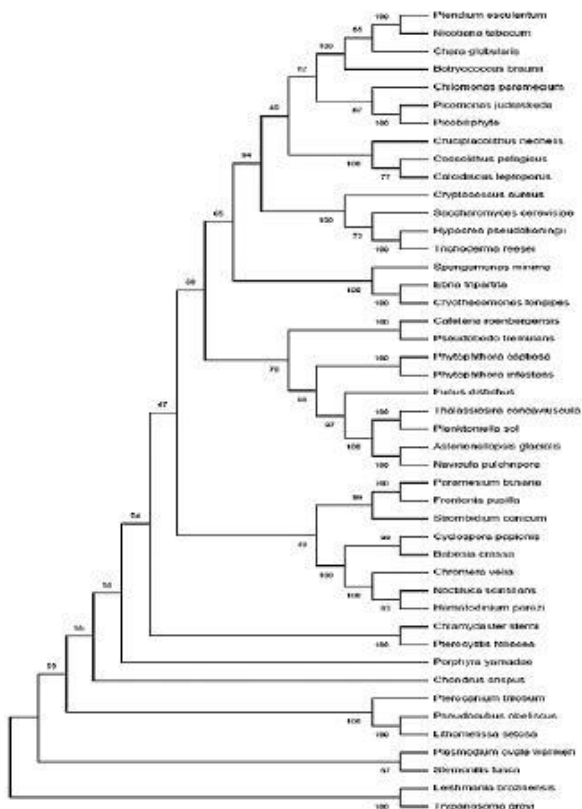
de este clado que agrupa a *Chilomonas paramecium*, *Picomonas judraskeda* y *Picobiliphyte*, hay una cercanía con las plantas, especialmente a las algas rojas (Rhodophytas), lo que corresponde a que estas especies Chromistas posiblemente derivaron de otro proceso endosimbiótico entre una planta y una cianobacteria, como lo contempla Cavalier-Smith (2004), y se pueden categorizar en otro grupo taxonómico diferente de Hacrobia, incluso a nivel de reino.

Los grupos externos se mantuvieron dispersos, sin embargo, permiten evidenciar la distribución de estas especies, teniendo en cuenta que organismos como *Hypocrea pseudokoningii*, *Saccharomyces cerevicea* y *Cryptococcus aureus* se establecen en una región del árbol, ya que hacen parte de un único reino, el fungí, al igual forma que las plantas, estableciendo un linaje monofilético dentro de los árboles. Según los resultados obtenidos, el linaje de las plantas y los hongos tienen un ancestro común con los Chromistas, y los Euglenozoa forman un linaje diferente; por tanto, los eucariotas se diversificaron tempranamente a partir de los Protozoos, formando al menos dos linajes diferentes de eucariotas.

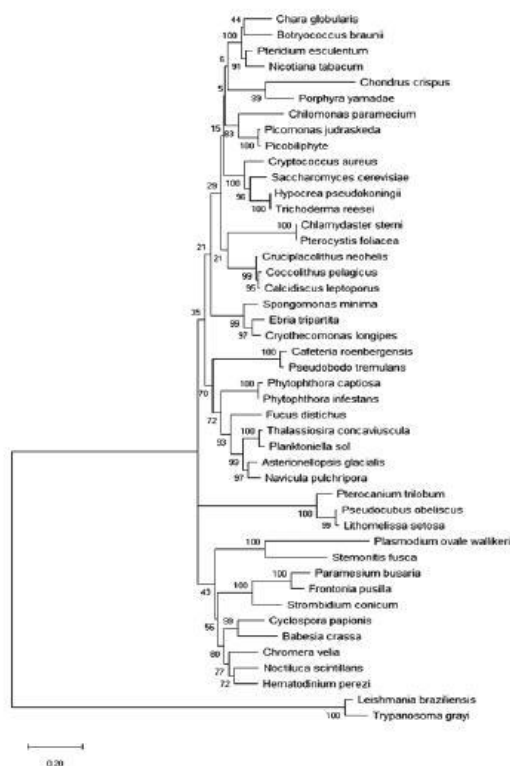
La presencia de un clado politómico, la marcada diferenciación de los tripanosomatidos y la parafilia del subreino Hacrobia, sugieren la necesidad de hacer análisis filogenéticos más robusto, con más secuencias que representen mejor sus genomas y más grupos taxonómicos. Los Chromistas son muy importantes ya que algunos géneros como el *Plasmodium*, *Babesia*, *Cyclospora* son patógenos en humanos y animales, o la *Phytophthora* en plantas, teniendo grandes repercusiones sanitarias y económicas (Bartley, Hamilton, Wilson, Innes, & Katzer, 2016; Casillas, Hall, & Herwaldt, 2019; Rogerson et al., 2018; Saville & Ristaino, 2019). Por otro lado, numerosas especies del reino, como las Diatomeas, tienen gran importancia ecológica ya que hacen parte del fitoplancton y de ecosistemas marinos, permitiendo secuestrar CO<sub>2</sub> y producir la mayor parte del oxígeno consumido en la tierra (Benoiston et al., 2017). En este sentido, un análisis más profundo permitirá entender mejor las especies, en especial aquellas de interés ambiental y biotecnológico, así como las patogénicas para lograr enfrentar mejor las enfermedades, obtener mayores beneficios y lograr conservarlas mejor.



**Figura 1.** Fenograma realizado con el método Neighbor-Joining y ajustado con el método Tamura Nei usando un Bootstrap de 2000. Agrupamiento por distancia de especies del reino Chromista  
**Fuente:** Los autores.

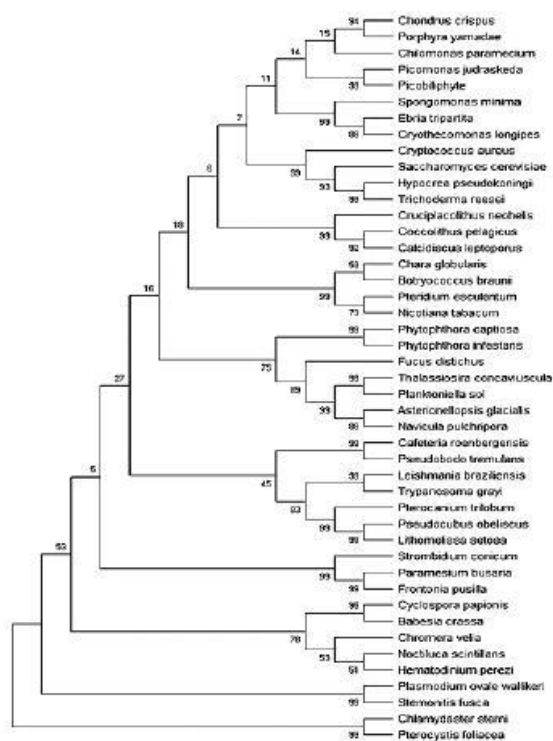


**Figura 2.** Fenograma realizado con el método UPGMA y ajustado con el modelo Tamura Nei, empleando un bootstrap de 2.000. Agrupamiento por distancia de especies del reino Chromista  
**Fuente:** Los autores.



**Figura 3.** Filogenia de especies del reino Chromista empleando el método Máxima Verosimilitud. La cladograma fue construida empleando el modelo Tamura Nei, con un bootstraps de 2.000 repeticiones.

**Fuente:** Los autores.



**Figura 4.** Cladograma realizada con el programa MEGA X en el que se evalúa el método Máxima Parsimonia que está ajustado con el modelo Subtree-Pruning-Regrafting usando un Bootstrap de 2.000.

**Fuente:** Los autores





## 5. Conclusión

Los análisis realizados confirman que el reino Chromista es un grupo polifilético en el cual podemos encontrar diversos organismos, englobando unicelulares, multicelulares, marinos, terrestres, con funciones ecológicas variadas, incluyendo patógenos en plantas y humanos. La cladograma obtenida por Máxima Verosimilitud tuvo mayor sentido biológico. No obstante, tanto los árboles de distancia, como los filogenéticos, mostraron la misma tendencia; es decir, no hubo mayor diferencia al momento de que estos se agruparon. Esto a pesar de que el árbol de distancia no mide mutaciones, y sólo los métodos filogenéticos representan las relaciones evolutivas. Sin embargo, el hecho de que todos mostraran la misma tendencia en los clados que agrupan los reinos infrareinos y filum, como lo hace la clasificación de los siete reinos, le da mayor soporte estadístico a las relaciones observadas.

Dentro de los Chromistas el subreino Harosa resultó monofilético y el subreino Hacrobia es parafilético; por lo tanto, puede tratarse de que Rizharia sea parte de Harosa y no de Hacrobia, o de que son linajes diferentes, soportando las posturas de que el dominio Eukarya está formado por más de 5 reinos. Sin embargo, para confirmar estas teorías se necesita realizar más estudios, incluyendo características morfológicas y otras secuencias genéticas. Por otro lado, los Trypanosomatides formaron un linaje diferente del resto de los eucariotas estudiados, evidenciando que los Chromistas son un linaje diferente de los Protozoos.

Finalmente, conocer las relaciones evolutivas de las especies del reino Chromista, permite entender mejor sus características morfológicas, fisiológicas y ecológicas. Esto a su vez permite desarrollar estrategias para su conservación y manejo; así como biotecnología como aplicaciones ambientales para enfrentar el cambio climático y en el caso de las especies patógenas, blancos terapéuticos.

## Referencias

Agnew, M. P., & Lauren, D. R. (1991). *Determination of ptaquiloside in bracken fern (Pteridium esculentum)*. *Journal of Chromatography A*, 538(2), 462–468.

Allen, A. E., Vardi, A., & Bowler, C. (2006). *An ecological and evolutionary context for integrated nitrogen metabolism and related signaling pathways in marine diatoms*. *Current opinion in plant biology*, 9(3), 264–273.

Altschul, S., Madden, T., Schäffer, A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W., & Lipman, D. J. (1997). *Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs*. *Nucleic Acids Research*, 27(17), 3389–3402.

Arisue, N., & Hashimoto, T. (2015). *Phylogeny and evolution of apicoplasts and apicomplexan parasites*. *Parasitology International*, 64(3), 254-259. <https://doi.org/10.1016/j.parint.2014.10.005>

Baliarsingh, S. K., Lotliker, A. A., Trainer, V. L., Wells, M. L., Parida, C., Sahu, B. K., ... Kumar, T. S. (2016). *Environmental dynamics of red Noctiluca scintillans bloom in tropical coastal waters*. *Marine Pollution Bulletin*, 111(1-2), 277-286. <https://doi.org/10.1016/J.MARPOLBUL.2016.06.103>

Barros del Duca, K. A., Padilla Morales, L. F., Ramírez Manotas, A. C., Ribón Molina, A. R., Sarabia Jiménez, Y. E., Sánchez Calderón, J. D., & Badillo Vilorio, M. A. (2018). *Identificación y análisis In Sílico de dominios conservados en el transportador de cromo CHRA de bacterias vinculadas a infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS)*.

Bartley, P. M., Hamilton, C., Wilson, C., Innes, E. A., & Katzer, F. (2016). *Detection of Babesia annae DNA in lung exudate samples from Red foxes (Vulpes vulpes) in Great Britain*. *Parasites & Vectors*, 9(1), 84. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1364-1>

Benedict, W. G. (1962). *Haplophase activity in Stemonitis fusca Roth*. *Canadian journal of botany*, 40(1), 71–76.

Benoiston, A.-S., Ibarbalz, F. M., Bittner, L., Guidi, L., Jahn, O., Dutkiewicz, S., & Bowler, C. (2017). *The evolution of diatoms and their biogeochemical functions*. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*,

- 372(1728), 201603 97.  
<https://doi.org/10.1098/rstb.2016.0397>
- Benson, D. A., Cavanaugh, M., Clark, K., Karsch-Mizrachi, I., Lipman, D. J., Ostell, J., & Sayers, E. W. (2012). *GenBank. Nucleic Acids Research*, 41(D1), D36-D42.  
<https://doi.org/10.1093/nar/gks1195>
- Bilgic, H. B., Bakırcı, S., Kose, O., Unlu, A. H., Hacilarlioglu, S., Eren, H., ... Karagenc, T. (2017). Prevalence of tick-borne haemoparasites in small ruminants in Turkey and diagnostic sensitivity of single-PCR and RLB. *Parasites & Vectors*, 10(1), 211.  
<https://doi.org/10.1186/s13071-017-2151-3>
- Bojorge-García, M. G., & Cantoral Uriza, E. A. (2016). La importancia ecológica de las algas en los ríos. *Hidrobiológica*, 26(1), 1–8.
- Boltovskoy, D., Anderson, R. O., & Correa, N. M. (2017). Radiolaria and phaeodaria. En *Handbook of the Protists: Second Edition* (pp. 731-763). [https://doi.org/10.1007/978-3-319-28149-0\\_19](https://doi.org/10.1007/978-3-319-28149-0_19)
- Borner, J., Pick, C., Thiede, J., Kolawole, O. M., Kingsley, M. T., Schulze, J., ... Burmester, T. (2016). Phylogeny of haemosporidian blood parasites revealed by a multi-gene approach. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 94, 221-231.  
<https://doi.org/10.1016/J.YMPEV.2015.09.003>
- Casillas, S. M., Hall, R. L., & Herwaldt, B. L. (2019). Cyclosporiasis Surveillance - United States, 2011–2015. *MMWR. Surveillance Summaries*, 68(3), 1-16.  
<https://doi.org/10.15585/mmwr.ss6803a1>
- Cavalier-Smith, T. (1981). Eukaryote kingdoms: Seven or nine? *Biosystems*, 14(3-4), 461-481.  
[https://doi.org/10.1016/0303-2647\(81\)90050-2](https://doi.org/10.1016/0303-2647(81)90050-2)
- Cavalier-Smith, T. (1993). Kingdom protozoa and its 18 phyla. En *Microbiological reviews* (Vol. 57).
- Cavalier-Smith, Thomas. (2003). Protist phylogeny and the high-level classification of Protozoa. *European Journal of Protistology*, 39(4), 338-348. <https://doi.org/10.1078/0932-4739-00002>
- Cavalier-Smith, Thomas. (2004). Only six kingdoms of life. *Proceedings. Biological sciences / The Royal Society*, 271 (1545), 1251-1262.  
<https://doi.org/10.1098/rspb.2004.2705>
- Cavalier-Smith, Thomas. (2010). Kingdoms Protozoa and Chromista and the eozoan root of the eukaryotic tree. *Biology Letters*, 6(3), 342-345. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2009.0948>
- Cavalier-Smith, Thomas. (2016). Higher classification and phylogeny of Euglenozoa. *European Journal of Protistology*, 56, 250-276.  
<https://doi.org/10.1016/j.ejop.2016.09.003>
- Cavalier-Smith, Thomas. (2018). Kingdom Chromista and its eight phyla: a new synthesis emphasising periplastid protein targeting, cytoskeletal and periplastid evolution, and ancient divergences. En *Protoplasma* (Vol. 255). <https://doi.org/10.1007/s00709-017-1147-3>
- Cavalier-Smith, Thomas, Chao, E. E., & Lewis, R. (2018). Multigene phylogeny and cell evolution of chromist infrakingdom Rhizaria: contrasting cell organisation of sister phyla Cercozoa and Retaria. *Protoplasma*, 255(5), 1517-1574.  
<https://doi.org/10.1007/s00709-018-1241-1>
- Cavalier-Smith, Thomas, & Chao, E.E.-Y. (2003a). Molecular Phylogeny of Centrohelid Heliozoa, a Novel Lineage of Bikont Eukaryotes That Arose by Ciliary Loss. *Journal of Molecular Evolution*, 56(4), 387-396. <https://doi.org/10.1007/s00239-002-2409-y>
- Cavalier-Smith, Thomas, & Chao, E. E.-Y. (2003b). Phylogeny and Classification of Phylum Cercozoa (Protozoa). *Protist*, 154(3-4), 341-358.  
<https://doi.org/10.1078/143446103322454112>
- Cavalier-Smith, Thomas, & Chao, E.E.-Y. (2006). Phylogeny and Megasystematics of Phagotrophic Heterokonts (Kingdom Chromista). *Journal of Molecular Evolution*, 62(4), 388-420. <https://doi.org/10.1007/s00239-004-0353-8>
- Chavatte, J.-M., Tan, S. B. H., Snounou, G., & Lin, R. T. P. V. (2015). Molecular characterization of

- misidentified *Plasmodium ovale* imported cases in Singapore. *Malaria Journal*, 14(1),454. <https://doi.org/10.1186/s12936-015-0985-8>
- Curtis, H., & Schnek, A. (2008). Curtis. *Biología. Ed. Médica Panamericana. da Silva Maria, L., de Oliveira da Rocha Franco, A., Odebrecht, C., Giroldo, D., & Abreu, P. C. (2016). Carbohydrates produced in batch cultures of the surf zone diatom *Asterionellopsis glacialis* sensu lato: Influence in vertical migration of the microalga and in bacterial abundance. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 474, 126-132. <https://doi.org/10.1016/J.JEMBE.2015.10.009>*
- Dagona, A. G. (s. f.). *BioEdit: a userfriendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucleic acids symposium series.*
- Daniels, C. J. (2015). *The biogeochemical role of *Coccolithus pelagicus*.*
- David, J., Garrity, G. M., Greuter, W., Hawksworth, D. L., Jahn, R., Kirk, P. M., ... Patterson, D. J. (2012). *Biological nomenclature terms for facilitating communication in the naming of organisms. ZooKeys*, (192), 67.
- Dick, M. A., Dobbie, K., Cooke, D. E. L., & Brasier, C. M. (2006). *Phytophthora captiosa* sp. nov. and *P. fallax* sp. nov. causing crown dieback of *Eucalyptus* in New Zealand. *Mycological research*, 110(Pt 4), 393-404. <https://doi.org/10.1016/j.mycres.2006.01.008>
- Domingues, F. C., Queiroz, J. A., Cabral, J. M. S., & Fonseca, L. P. (2000). *The influence of culture conditions on mycelial structure and cellulase production by *Trichoderma reesei* Rut C-30. *Enzyme and Microbial Technology*, 26(5-6), 394-401.*
- Ecology of *Chondrus crispus* Stackhouse (Rhodophyta) in the Northern coast of Spain. (s. f.). España.*
- Fan, X., Lin, X., Liu, W., Xu, Y., Al-Farraj, S. A., Al-Rasheid, K. A., & Warren, A. (2013). *Morphology of three new marine Frontonia species (Ciliophora; Peniculida) with note on the phylogeny of this genus. *European journal of protistology*, 49(2), 312-323.*
- Franco, A. de O. da R., They, N. H., Canani, L. G. de C., Maggioni, R., & Odebrecht, C. (2016). *Asterionellopsis tropicalis (Bacillariophyceae): a new tropical species found in diatom accumulations. *Journal of Phycology*, 52 (5), 888-895. <https://doi.org/10.1111/jpy.12435>*
- Fry, W. (2008). *Phytophthora infestans: the plant (and R gene) destroyer. *Molecular plant pathology*, 9(3), 385- 402.*
- Gaponova, L. (2008). *The centrohelid heliozoans (Protista, Centrohelida) of algal mats from the water body in Ukrainian Polissya. *Vestnik zoologii*, 42(2), e-38.*
- Gordon, D. (2007). *Kingdom Chromista in New Zealand. *Water & Atmosphere*, 15(4), 14-15.*
- Haeckel, E. (1866). *Generelle Morphologie der Organismen allgemeine Grundzuge der organischen Formen-Wissenschaft, mechanisch begründet durch die von Charles Darwin reformirte Descendenz-Theorie von Ernst Haeckel: Allgemeine Entwicklungsgeschichte der Organismen kritische G (Vol. 2). Verlag von Georg Reimer.*
- Hargraves, P. E. (2002). *The ebridian flagellates *Ebria* and *Hermesinum*. *Plankton Biology and Ecology*, 49(1), 9-16.*
- Harris, A., Medlin, L. K., Lewis, J., & Jones, K. J. (2006). *Thalassiosira species (Bacillariophyceae) from a Scottish sea-loch. *European Journal of Phycology*, 30(2), 117-131. <https://doi.org/10.1080/09670269500650881>*
- Hoare, C. A. (1929). *Studies on *Trypanosoma grayi*. 2. Experimental Transmission to the Crocodile. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 23(1).*
- Hoare, C. A. (1931). *Studies on *Trypanosoma grayi*. III. Lifecycle in the tsetse-fly and in the crocodile. *Parasitology*, 23(4), 449-484.*

- Honjo, S. (1976). *Coccoliths: production, transportation, and sedimentation*. *Marine Micropaleontology*, 1, 65–79.
- Hu, X., Lin, X., & Song, W. (2019). *Class Oligohymenophorea*. En *Ciliate Atlas: Species Found in the South China Sea* (pp. 359–488). Springer.
- Huang, Y., He, L., Hu, J., He, P., He, J., Yu, L., ... Zhao, J. (2015). *Characterization and annotation of Babesia orientalis apicoplast genome*. *Parasites & Vectors*, 8(1), 543. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-1158-x>
- Jaimes Villarreal, N. A., & Kafarov, V. (2016). *Desarrollo preliminar de una metodología de suministro de CO2 a cultivos de Botryococcus Braunii para la producción de biocombustibles*. *Revista Ion, Investigación, Optimización y Nuevos procesos en Ingeniería*, 28 (2), 33-50. <https://doi.org/1018273/revion.v28n2-2015003>
- John, D. M., Whitton, B. A., Brook, A. J., *Natural History Museum (London, E., & British Phycological Society*. (2013). *The Freshwater algal flora of the British Isles: an identification guide to freshwater and terrestrial algae*. *Choice Reviews Online*, 40(06), 40- 3394-40-3394. <https://doi.org/10.5860/choice.40-3394>
- Juárez, M., Sánchez, A., González-Yajimovich, O., Cota-Meza, M. S., & Ricaurte-Villota, C. (2015). *Productividad primaria marina dominada por diatomeas en el Pacífico nororiental mexicano durante el último milenio*. *Hidrobiológica*, 25(3), 375–381.
- Jurkevitch, E., & Davidov, Y. (2006). *Phylogenetic diversity and evolution of predatory prokaryotes*. En *Predatory Prokaryotes* (pp. 11–56). Springer.
- Kaczmarska, I., & Chan, A. M. (1995). *Navicula Pulchripora, a New Species from the Coastal Waters of Texas, USA*. *Diatom Research*, 10(1), 131– 143.
- Kawachi, M., & Inouye, I. (1994). *Observations on the flagellar apparatus of a coccolithophorid, Cruciplacolithus neohelis (Prymnesiophyceae)*. *Journal of plant research*, 107(1), 53–62.
- Kling, S. A. (1979). *Vertical distribution of polycystine radiolarians in the central North Pacific*. *Marine Micropaleontology*, 4, 295–318.
- Korhola, A., & Grönlund, T. (1999). *Observations of Ebria tripartita (Schumann) lemmermann in baltic sediments*. *Journal of Paleolimnology*, 21(1), 1–8.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). *MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms*. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547-1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Kunitomo, Y., Sarashina, I., Iijima, M., Endo, K., & Sashida, K. (2006). *Molecular phylogeny of acantharian and polycystine radiolarians based on ribosomal DNA sequences, and some comparisons with data from the fossil record*. *European journal of protistology*, 42(2), 143– 153.
- Kurihara, T., & Matsuoka, A. (2005). *Shell variability of Pseudocubus obeliscus Haeckel in the early autumn radiolarian fauna off Tassha, Sado Island, central Japan*.
- Li, R., Jiao, N., Warren, A., & Xu, D. (2018). *Changes in community structure of active protistan assemblages from the lower Pearl River to coastal Waters of the South China Sea*. *European Journal of Protistology*, 63, 72-82. <https://doi.org/10.1016/j.ejop.2018.01.004>
- Li, W., Kiulia, N. M., Mwenda, J. M., Nyachio, A., Taylor, M. B., Zhang, X., & Xiao, L. (2011). *Cyclospora papionis, Cryptosporidium hominis, and human-pathogenic Enterocyto zoon bienensei in captive baboons in Kenya*. *Journal of clinical microbiology*, 49(12), 4326-4329. <https://doi.org/10.1128/JCM.05051-11>
- Maneveldt, G. W., & Keats, D. W. (2003). *Chromista. eLS, (September 2014)*. <https://doi.org/10.1038/npg.els.0001960>
- McManus, M. A. (1961). *Culture of Stemonitis fusca on glass*. *American Journal of botany*, 48(7), 582–588.

- Mitra, A., Flynn, K. J., Tillmann, U., Raven, J. A., Caron, D., Stoecker, D. K., ... Lundgren, V. (2016). Defining Planktonic Protist Functional Groups on Mechanisms for Energy and Nutrient Acquisition: Incorporation of Diverse Mixotrophic Strategies. *Protist*, 167(2), 106-120. <https://doi.org/10.1016/J.PROTIS.2016.01.003>
- Morrison, D.A. (2008). Prospects for elucidating the phylogeny of the Apicomplexa. *Parasite*, 15(3), 191-196. <https://doi.org/10.1051/parasite/2008153191>
- Morrison, David A. (2009). Evolution of the Apicomplexa: where are we now? *Trends in Parasitology*, 25(8), 375-382. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2009.05.010>
- Możdżeń, K., Leśnicka, P. Z., Burnecki, T., Śliwińska-Wilczewska, S., Skoczowski, A., & Greczek-Stachura, M. (2018). Photosynthetic efficiency of endosymbiotic algae of *Paramecium bursaria* originating from locations with cold and warm climates. *Océano logical and Hydrobiological Studies*, 47(2), 202-210. <https://doi.org/10.1515/ohs-2018-0019>
- Murillo, W., Araque, P., & Peláez, C. A. (2012). Actividad fungicida e insecticida de emulsiones agua/aceite de mezclas de extractos de *Nicotiana tabacum*, *Azadiractha indica* y *Eucalyptus tereticornis*. *Información tecnológica*, 23 (1), 139-152.
- Nei, Masatoshi., & Kumar, S. (2000). *Molecular evolution and phylogenetics*. Oxford University Press. Not, F., Valentin, K., Romari, K., Love joy, C., Massana, R., Töbe, K., ... Medlin, L. K. (2007). Picobiliphytes: a marine picoplanktonic algal group with unknown affinities to other eukaryotes. *science*, 315(5809), 253-255.
- Oborník, M., Vancová, M., Lai, D.-H., Janouškovec, J., Keeling, P. J., & Lukeš, J. (2011). Morphology and Ultrastructure of Multiple Life Cycle Stages of the Photosynthetic Relative of Apicomplexa, *Chromera velia*. *Protist*, 162(1), 115-130. <https://doi.org/10.1016/j.protis.2010.02.004>
- Ola, P. S., & Ola, P. S. (2018). Morphological Description of Calcareous Nannofossils Assemblage of a Middle-Miocene to Late-Miocene Section in the Niger-Delta, Nigeria. *Open Journal of Geology*, 08(09), 925-936. <https://doi.org/10.4236/ojg.2018.89055>
- Park, J.-S., & Lee, J.-H. (2010). A study on the fine structure of marine diatoms in Korean coastal waters: Genus *Thalassiosira* 5. *ALGAE*, 25(3), 121-131. <https://doi.org/10.4490/algae.2010.25.3.121>
- Pereira, M. G., Facchini, F. D. A., Filó, L. E. C., Polizeli, A. M., Vici, A. C., Jorge, J. A., ... Polizeli, M. de L. T. de M. (2015). Immobilized lipase from *Hypocrea pseudokoningii* on hydrophobic and ionic supports: Determination of thermal and organic solvent stabilities for applications in the oleochemical industry. *Process Biochemistry*, 50(4), 561-570. <https://doi.org/10.1016/j.procbio.2014.12.027>
- Quitral R, V., Morales G, C., Sepúlveda L, M., & Schwartz M, M. (2012). Propiedades nutritivas y saludables de algas marinas y su potencialidad como ingrediente funcional. *Revista chilena de nutrición*, 39(4), 196-202. <https://doi.org/10.4067/S0717-75182012000400014>
- Renaud, S., Ziveri, P., & Broerse, A. T. (2002). Geographical and seasonal differences in morphology and dynamics of the coccolithophore *Calcidiscus leptoporus*. *Marine Micropaleontology* 46(3-4), 363-385.
- Rodríguez-Vivas, R. I., Rosado-Aguilar, J. A., Ojeda-Chi, M. M., Pérez-Cogollo, L. C., Trinidad-Martínez, I., & Bolio-González, M. E. (2014). Control integrado de garrapatas en la ganadería bovina. *Ecosistemas y recursos agropecuarios*, 1(3), 295-308.
- Rogerson, S. J., Desai, M., Mayor, A., Sicuri, E., Taylor, S. M., & van Eijk, A. M. (2018). Burden, pathology, and costs of malaria in pregnancy: new developments for an old problem. *The Lancet Infectious Diseases*, 18(4), e107-e118. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(18\)30066-5](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(18)30066-5)
- Ruggiero, M. A., Gordon, D. P., Orrell, T. M., Bailly, N., Bourgoin, T., Brusca, R. C., ... Kirk,

- P. M. (2015). A higher-level classification of all living organisms. *PLoS ONE*, 10(4), 1-60.  
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0119248>
- Salamanca, E. J. P. (2005). *Algas como indicadoras de contaminación*. Universidad del Valle.
- Salemi, M., & Vandamme, A.-M. (2017). *The phylogenetic handbook (2th ed.)*. Glasglow: Cambridge University Press.
- Sánchez, V., & Rebolledo, O. (2010). *Especies de Trichoderma en suelos cultivados con Agave tequilana en la región de Los Altos Sur, Jalisco y valoración de su capacidad antagónica contra Thielaviopsis paradoxa*. *Revista mexicana de micología*, 32, 11–18.
- Saville, A., & Ristaino, J. B. (2019). Genetic structure and subclonal variation of extant and recent US lineages of *Phytophthora infestans*. *Phytopathology*, PHYTO-09-18-0357-R.  
<https://doi.org/10.1094/PHYTO-09-18-0357-R>
- Schnepf, E., & Kühn, S. F. (2000). Food uptake and fine structure of *Cryothoe comonas longipes* sp. nov., a marine nanoflagellate incertae sedis feeding on large diatoms. *Helgoland Marine Research*, 54(1), 18-32.  
<https://doi.org/10.1007/s101520050032>
- Seenivasan, R., Sausen, N., Medlin, L. K., & Melkonian, M. (2013). *Picomonas judraskeda* Gen. Et Sp. Nov.: The First Identified Member of the Pico zoa Phylum Nov., a Widespread Group of Picoeukaryotes, Formerly Known as 'Picobiliphytes'. *PLoS ONE*, 8(3), e59565.  
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0059565>
- Sekh, S., Biswas, B., Mandal, M., & Sarkar, N. Sen. (2016). Seasonal dynamics of the genus: *Planktoniella* Schutt in the estuarine waters of Indian Sundarbans. *SpringerPlus*, 5(1), 611.  
<https://doi.org/10.1186/s40064-016-2195-4>
- Sheng, J., Chi, Z., Li, J., Gao, L., & Gong, F. (2007). Inulinase production by the marine yeast *Cryptococcus aureus* G7a and inulin hydrolysis by the crude inulinase. *Process Biochemistry*, 42 (5), 805-811.
- <https://doi.org/10.1016/J.PROCBIO.2007.01.016>
- Sideman, E. J., & Mathieson, A. C. (1985). MORPHOLOGICAL VARIATION WITHIN AND BETWEEN NATURAL POPULATIONS OF NON-TIDE POOL *FUCUS DISTICHUS* (PHAEOPHYTA) IN NEW ENGLAND 1, 2. *Journal of phycology*, 21(2), 250–257.
- Silva, S. R., Aranguren, Y., Pena, M., Seber, G., & Miranda, V. F. O. (2015). Filogenia: Ancestralidade X Similaridade. En *Temas Especiais em Genética Aplicada* (p. 109). Jaboticabal: Funep.
- Smith, B. L., Embling, P. P., Agnew, M. P., Lauren, D. R., & Holland, P. T. (1988). Carcinogenicity of brackenfern (*Pteridium esculentum*) in New Zealand. *New Zealand veterinary journal*, 36(2), 56–58.
- Suárez, Caridad., Garrido, N. Antonio., & Guevara, Carmen. (2016). Levadura *Saccharomyces cerevisiae* y la producción de alcohol. *ICIDCA*, 50(Sobre los Derivados de la Caña de Azúcar), 20-28.
- Suzuki, N., Ogane, K., Aita, Y., Kato, M., Sakai, S., Kurihara, T., ... Nakaguchi, K. (2009). Distribution patterns of the radiolarian nuclei and symbionts using DAPI-fluorescence. *Bull Natl Mus Nat Sci, Ser B*, 35, 169–182.
- Tang, K., Guo, Y., Zhang, L., Rowe, L.A., Roellig, D. M., Frace, M. A., ...Xiao, L. (2015). Genetic similarities between *Cyclospora cayetanensis* and cecum infecting avian *Eimeria* spp. In *apicoplast and mitochondrial genomes. Parasites & Vectors*, 8(1), 358.  
<https://doi.org/10.1186/s13071-015-0966-3>
- Tanifuji, G., Onodera, N. T., Wheeler, T. J., Dlutek, M., Donaher, N., & Archibald, J. M. (2011). Complete Nucleo morph Genome Sequence of the Nonphotosynthetic Alga *Cryptomonas paramecium* Reveals a Core Nucleomorph Gene Set. *Genome Biology and Evolution*, 3, 44-54.  
<https://doi.org/10.1093/gbe/evq082>
- Torres-Guerrero, E., Quintanilla-Cedillo, M. R., Ruiz-Esmenjaud, J., & Arenas, R. (2017).

*Leishmaniasis: a review. F1000Research*, 6, 750.

<https://doi.org/10.12688/f1000research.11120.1>

Tsai, S.-F., Wu, L.-Y., Chou, W.-C., & Chiang, K.-P. (2018). *The dynamics of a dominant dinoflagellate, Noctiluca scintillans, in the subtropical coastal waters of the Matsu archipelago. Marine Pollution Bulletin*, 127, 553-558.

<https://doi.org/10.1016/J.MARPOLBUL.2017.12.041>

Wang, J., Li, M., Xiao, J., Xu, W., & Li, C. (2017). *Hematodinium spp. Infections in wild and cultured populations of marine crustaceans along the coast of China. Diseases of Aquatic Organisms*, 124(3), 181-191.

<https://doi.org/10.3354/dao03119>

Weber, F., Mylnikov, A. P., Jürgens, K., & Wylezich, C. (2017). *Culturing Heterotrophic Protists from the Baltic Sea: Mostly the “Usual Suspects” but a Few Novelties as Well. Journal of Eukaryotic Microbiology*, 64(2), 153- 163.

<https://doi.org/10.1111/jeu.12347>