

F) ¿Quién es quién? El desafío de delimitar especies que ponen en peligro la salud y el ambiente

Pilar Alda, Julia Pizá y Nicolás Bonel

Genética y Ecología Evolutiva, CERZOS, CONICET-UNS,

¿*Quién es quién?* es un juego de la infancia donde cada jugador elige una carta de un personaje y, mediante preguntas de sí o no, el otro jugador intenta averiguar el personaje. El taxónomo hace algo similar: busca características propias de cada especie que le permiten identificar y delimitar a las especies. Sin embargo, los límites entre las especies no siempre son fáciles de establecer y, a menudo, los nombres de las especies cambian según el criterio del taxónomo. El desafío de establecer límites claros entre las especies es cada vez más reconocido por la comunidad científica, no solo para producir inventarios precisos de especies, sino, para poder responder preguntas sobre biología evolutiva, ecología, biología de la conservación o biogeografía. Los límites imprecisos entre especies o las estimaciones inexactas de diversidad pueden llevarnos a dar respuestas sesgadas a esas preguntas. Cuando los grupos de organismos son muy diversos o taxonómicamente conflictivos es esencial aplicar un enfoque integrador que combine diversas herramientas para delimitar a las especies (Pante *et al.*, 2015). Es por eso que la diversidad biológica necesita ser estudiada desde perspectivas múltiples y complementarias que requieren la colaboración de morfólogos, biólogos moleculares, biogeógrafos y modeladores.

La delimitación robusta de especies también tiene implicaciones directas en la sociedad. Por ejemplo, la identificación incorrecta de especies morfológicamente similares que son invasoras o que transmiten enfermedades infecciosas, puede traer consecuencias negativas para los ecosistemas y la salud. Las especies morfológicamente similares pueden exhibir grandes diferencias en la capacidad invasora y en el impacto en los ecosistemas. En tales situaciones, se requiere una delimitación precisa de las especies para rastrear las invasiones y prevenir o mitigar los daños. También, hay especies que son morfológicamente similares pero que exhiben diferencias en la transmisión de enfermedades. Por eso, es esencial una identificación precisa en cada región para un control eficaz de vectores y enfermedades infecciosas.

Un caso particular que engloba estas dos problemáticas es el de las especies de caracol del género *Galba*, que son morfológicamente similares y que han invadido hábitats de agua dulce en todos los continentes (excepto la Antártida). Además, difieren en la susceptibilidad al parásito que transmite la fasciolosis, una enfermedad infecciosa que afecta a humanos, a la vida silvestre y al ganado (Vázquez *et al.*, 2018). Por eso, una delimitación precisa de estas especies de caracoles es fundamental para un control eficaz de la fasciolosis. Sin embargo, hace más de un siglo que los taxónomos que estudian este género disienten en el número de especies que lo constituyen, pudiendo ser sólo cuatro o tanto como 30 especies de *Galba*. Este desacuerdo se debe a que la morfología (la única herramienta utilizada hasta hace poco) es muy plástica, y por ende, imprecisa, ya que varía en función del hábitat donde viva el organismo (Figura 1). Esto hace que la identificación y denominación de las especies sea extremadamente subjetiva.

En un estudio reciente logramos poner un poco de orden al caos taxonómico que muestra el género *Galba* (Alda, *et al.*, 2021). Analizamos la morfología de la concha y de los órganos internos y aplicamos marcadores moleculares en caracoles recolectados, durante dos décadas, en diferentes ecosistemas del continente americano. Con estos datos, redefinimos los límites de las especies de *Galba* aplicando reconstrucciones filogenéticas bayesianas. Como resultado, identificamos claramente cuatro especies. Además, identificamos un gran complejo de especies que podría tratarse de una, de dos o de tres especies de *Galba* o de una sola especie muy diversa que está distribuida a lo largo de todo el continente americano. Este trabajo destaca la necesidad de delimitar especies combinando un enfoque integrador con muestreos que contemplen toda el área de distribución de las especies con el objetivo de abarcar su diversidad genética y morfológica. En ese estudio enfatizamos que todo programa político o de investigación que busque proteger la biodiversidad y prevenir la transmisión de enfermedades infecciosas debe comenzar con una correcta identificación de las especies.

Referencias

- Pante, E., Schoelinck, C. & Puillandre, N. (2015) From Integrative Taxonomy to Species Description: One Step Beyond. *Systematic Biology* 64, 152–160.
- Vázquez A.A., Alda P., Lounnas M., Sabourin E., Alba A., Pointier J. P. y Hurtrez-Boussès, S. (2018) Lymnaeid snails hosts of *Fasciola hepatica* and *Fasciola gigantica* (Trematoda: Digenea): a worldwide review. *CAB Reviews* 13, 1–15.
- Alda P., Lounnas M., Vázquez A.A., Ayaqui R., Calvopiña M., Celi-Erao M. ... y Hurtrez-Boussès S. (2021). Systematics and geographical distribution of *Galba* species, a group of cryptic and worldwide freshwater snails. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 157, 107035.