

4º Taller de la Red colaborativa en Ecología Microbiana Acuática en América Latina

4º Workshop da rede Colaborativa em Ecologia Microbiana Aquática da América Latina



Red Colaborativa en Ecología Acuática Microbiana de América Latina

28 de octubre al 1 de noviembre de 2024
Buenos Aires, Argentina

Libro de Resúmenes

Livro de Resumos



Bienvenidos al 4º Taller de la Red colaborativa en Ecología Microbiana Acuática en América Latina (μ SudAqua)! Con gran placer recibimos su participación en el cuarto taller de nuestra red. Desde el 28 de octubre al 1 de noviembre de 2024, 67 investigadores y estudiantes de grado y de posgrado representando grupos de trabajo en ecología microbiana acuática de, Argentina, Brasil, Colombia, Canadá, Costa Rica, Chile, España, México y Uruguay se reunirán para iniciar esta cuarta etapa de trabajo colaborativo a escala regional.

Nos convoca fortalecer y expandir nuestra interacción para desarrollar un espacio fructífero de colaboración a largo plazo en investigación y formación de recursos humanos en ecología microbiana acuática. Nuestra intención con este taller es generar un espacio de discusión en un ambiente estimulante y amigable. Las actividades a desarrollar incluyen: i) Presentación de los grupos de investigación, ii) Presentación de resultados, iii) Presentaciones plenarias a cargo de invitados internacionales, iv) Sesiones de discusión acerca del funcionamiento de la red, v) Sesiones de trabajo en grupos definidos entorno a temáticas específicas y vi) Sesiones de puesta en común y síntesis.

Agradecemos especialmente a los conferencistas invitados, Dolors Vaqué y Mar Benavides, a los colegas que propusieron grupos de trabajo, y un agradecimiento especial a la "Research Chair in Carbon Biogeochemistry in Boreal Aquatic Systems (CarBBAS Chair)" da Université du Québec à Montréal (UQAM), Canadá, por todo el apoyo a la organización del evento, permitiendo cubrir inscripciones de estudiantes de doctorado y posdoctorado, así como algunas becas para estudiantes que asisten al curso post-workshop. Y a todos ustedes por confiar y hacer realidad.



Bem-vindo ao 4º Workshop da Rede Colaborativa em Ecologia Microbiana Aquática na América Latina (μ SudAqua)! É com grande prazer que recebemos a sua participação no quarto workshop da nossa rede. De 28 de outubro a 01 de novembro de 2024, 67 pesquisadores e alunos de graduação e de pós-graduação representando grupos de trabalho em ecologia microbiana aquática da Argentina, Brasil, Colômbia, Canadá, Costa Rica, Chile, Espanha, México e Uruguai se encontrarão para iniciar esta quarta etapa de trabalho colaborativo em escala regional.

Nos juntamos com o propósito de fortalecer e ampliar nossa interação para desenvolver um espaço frutífero de ampla colaboração em pesquisa e formação de recursos humanos em ecologia microbiana aquática. A nossa intenção com este workshop é criar um espaço de discussão em um ambiente estimulante e amigável. As atividades a realizar incluem: i) Apresentação de grupos de pesquisa, ii) Apresentação de resultados, iii) Apresentações plenárias de convidados internacionais, iv) Sessões de discussão sobre o funcionamento da rede, v) Sessões de trabalho em grupos definidos em torno de tópicos e vi) Sessões de discussão e síntese.

Agradecemos especialmente aos palestrantes convidados, Dolors Vaqué e Mar Benavides, e aos colegas que propuseram grupos de trabalho, e um agradecimento especial ao "Research Chair in Carbon Biogeochemistry in Boreal Aquatic Systems (CarBBAS Chair)" da Université du Québec à Montréal (UQAM), Canadá, por todo o apoio na organização do evento, permitindo cobrir as inscrições de estudantes de doutorado e pós-doutorado, além

de algumas bolsas para estudantes que participam do curso pós-workshop. E a todos vocês por confiarem e tornarem este encontro uma realidade.

Coordinación MicroSudAqua

Maria Paula Huber
Universidade Federal de São Carlos
Departamento de Hidrobiologia - DHb
email: mariapaulahuber@gmail.com

Michaela de Melo
Université du Québec à Montréal, Montréal, Canadá
Département de Sciences Biologiques
email: michaelaldemelo@gmail.com

Juan Pablo Niño-García
Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia
Escuela de Microbiología
email: juan.nino@udea.edu.co

Comité Organizador del Taller

M. Laura Sánchez
Universidad de Buenos Aires/ CONICET, Argentina
Departamento Ecología, Genética y Evolución/IEGEBA
email: laurasanchez@ege.fcen.uba.ar

Irina Izaguirre
Universidad de Buenos Aires/ CONICET, Argentina
Departamento Ecología, Genética y Evolución/IEGEBA
email: irinaizaguirre00@gmail.com

Carmen Sabio y García
Universidad de Buenos Aires/ CONICET, Argentina
Departamento Ecología, Genética y Evolución/IEGEBA
email: carmeniica@gmail.com

María Luz Padulles
Universidad Nacional de Moreno, Argentina
Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología
email: luzpadulles@gmail.com

María Victoria Quiroga
Universidad de San Martín/ CONICET, Argentina
Instituto Tecnológico de Chascomús (INTECH)
email: mvquiroga@iib.unsam.edu.ar

Apoyan y financian

Université du Québec à Montréal (UQAM), Canadá: Research Chair in Carbon Biogeochemistry in Boreal Aquatic Systems (CarBBAS Chair)

Fundación Williams

Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA - CONICET/UBA), Argentina

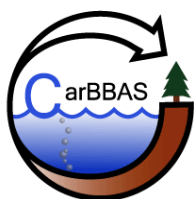
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales de la Universidad de Buenos Aires, Argentina

Dto. de Ciencias Aplicadas y Tecnología, Universidad Nacional de Moreno, Argentina

Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Brasil

Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Université du Québec à Montréal, Montréal, Canadá





Red Colaborativa en Ecología Acuática Microbiana de América Latina

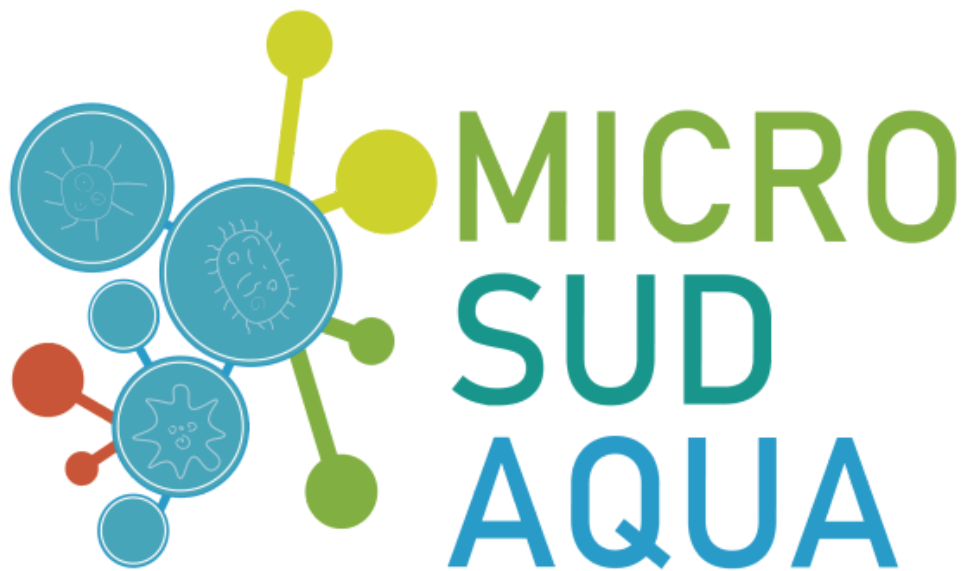
Lista de presentación de pósteres

Lista de apresentação de pôsteres

Título del póster/título do pôster	Expositor/Expositor	Código	Fecha/data
Modulação da composição da matéria orgânica dissolvida de um ecossistema aquático mediada pela comunidade microbiana, hidrologia e temperatura	Israel Cassiano de Oliveira	M8	29 de octubre
Efeito relativo das Variáveis Ambientais e da Paisagem na qualidade da Matéria Orgânica Dissolvida em Lagoas Costeiras Rasas Subtropicais utilizando espectroscopia e espectrofluorimetria.	Lucas Teixeira de Oliveira	E1	29 de octubre
Local terrestrial landscape, aquatic conditions and dendritic distance shape bacterioplankton communities along a hydrological network located in the colombian amazon	Angie Natalie Díaz Ruiz	M9	29 de octubre
Dinámica temporal del bacterioplancton y la composición de la MOD en un arroyo urbano	Sebastian Gomez Lugo	D14	29 de octubre
Dinámica de metano y dióxido de carbono en lagos de la Meseta del Lago Strobel (Patagonia Sur, Argentina)	María Carolina Bernal	D15	29 de octubre
Análisis de la frecuencia y distribución de las floraciones de fitoplancton en un embalse eutrófico tropical y su relación con el fenómeno El Niño-Oscilación del Sur"	Katherine Gallego Hurtado	M10	29 de octubre
Análise da dinâmica fitoplanctônica associada a fatores ambientais utilizando métodos morfológicos e moleculares	Eloisa Hummer	E2	29 de octubre
De la luz hacia la oscuridad: efecto de la fluctuación de ciclos de luz-oscuridad sobre el crecimiento del fitoplancton de una laguna somera turbia	Rodrigo Fernandez	D16	29 de octubre
Variación espaciotemporal de la comunidad fitoplanctónica del Río Reconquista: comparación de tres clasificaciones funcionales (GFR, GMF y GFBM)	Maria Celina Barreiro	D17	29 de octubre
Análisis de la variabilidad temporal de comunidades microbianas planctónicas en un arroyo urbano	Michelle Ramer	E3	29 de octubre
Distribución y diversidad de microorganismos oxidantes del amonio en ambientes marinos	María del Carmen Pelayo Zárate	M11	29 de octubre
Evaluación del potencial tóxico de picocianobacterias en lagunas pampeanas	Melina Barrios	P26	29 de octubre

Título del póster/título do pôster	Expositor/Expositor	Código	Fecha/data
Identification of key bacteria for ecological dynamics in a coastal marine observatory	Erick Mateus-Barros	P27	29 de octubre
La espiral de nutrientes en arroyos urbanos: Factores y procesos que modulan la asimilación de nitrógeno y fósforo	Bárbara Marion Gomez	D19	30 de octubre
La amenaza creciente de cianobacterias: Un estudio de dos décadas de la laguna Chascomús	Gladys Janet Santucho	D20	30 de octubre
Presencia de indicadores de contaminación fecal en ríos y arroyos del Bajo Delta del Paraná	Lautaro Eliseo Palacio	D21	30 de octubre
La huella de la agriculturización en la estructura y capacidad funcional de las comunidades microbianas del humedal pampeano	Patricia Yong Macias	D22	30 de octubre
Fomento de la Conciencia Ambiental mediante la Evaluación de la Dinámica Microbiana y la Calidad del Agua en Cursos Recreativos del Noreste del Uruguay.	Isabel Andrea Volz Gonzalez	D23	30 de octubre
Avaliação do impacto de um incêndio de grandes proporções em um reservatório de água doce tropical (Represa do Lobo, Itirapina)	Daniel Guido Giongo	E4	30 de octubre
Indicadores microbianos de contaminación emergente en un observatorio marino	Martina Hagenlocher	E5	30 de octubre
Impactos de Eventos Extremos em Comunidades Planctônicas	Larissa Broggio Raymundo	D24	30 de octubre
Estudio de los determinantes genéticos de rasgos asociados a la persistencia ambiental de Escherichia coli en arroyos urbanos	Martín Saraceno	P28	30 de octubre
Análise comparativa de métodos de fixação de amostras para a enumeração de comunidades microbianas de ecossistemas aquáticos continentais por citometria de fluxo.	Rafael Araújo de Lemos	E6	30 de octubre
Desarrollo de herramientas para el monitoreo de procesos ecosistémicos (producción primaria y respiración): aportes para la gestión del área marina protegida "Laguna de Rocha" desde un enfoque del Manejo Costero Integrado.	Juan Zanetti	M12	30 de octubre
Criopreservação de microalgas utilizando exopolissacarídeo algal isolado como crioprotetor	Ana Luiza Bortolozzo	E7	30 de octubre
Desarrollo de herramientas bioinformáticas en ecología microbiana: estimando la distribución de rasgos funcionales en datos metagenómicos	Patricia Viera	M13	30 de octubre
Distribución global y expansión potencial de Ceratium (Dinophyceae) en Sudamérica: creación de una plataforma web interactiva	Victoria Accattatis	D25	30 de octubre

Título del póster/título do pôster	Expositor/Expositor	Código	Fecha/data
Datatones: Colaboración Regional para Reutilizar Datos de Biodiversidad Microbiana	Clara María Arboleda Baena	P29	30 de octubre
Dinámica temporal del picofitoplancton en dos lagos profundos y un lago somero andino- patagónicos y su relación con la temperatura del agua	Marina Gereá	I30	1 de noviembre
Effects of the Floc & Sink technique on the biomass and composition of phytoplankton morpho-functional groups using natural ballasts	Vanessa Becker	I31	1 de noviembre
Unveiling protists in a polyextreme ecosystem, Salar de Huasco (Atacama Desert, Chile), using high-throughput sequencing and unamended enrichments.	Raquel Rodríguez Martínez	I32	1 de noviembre
Golfo de Nicoya: un lugar para seguir aprendiendo	Eddy H. Gómez Ramírez	I33	1 de noviembre
Potencial metabólico de un estudio con WMS en el Golfo de México	Luciana Raggi	I34	1 de noviembre
La composición de la comunidad bacteriana es el principal determinante del consumo de oxígeno durante la degradación de la materia orgánica disuelta	Cecilia Alonso	I35	1 de noviembre
Caracterización y contraste de la composición, diversidad y procesos de ensamblaje de comunidades microbianas marinas a nivel funcional y taxonómico a lo largo del tiempo y de gradientes ambientales	Emiliano Pereira Flores	I36	1 de noviembre
Indicadores de eutrofización en lagunas costeras basados en la composición de la comunidad microbiana	Luciana Griffiero	I37	1 de noviembre
Metabarcoding de amebas tecadas (Arcellinida), una nueva herramienta de evaluación de la salud ambiental en sistemas lénticos	Enrique Lara	I38	1 de noviembre



Red Colaborativa en Ecología Acuática Microbiana de América Latina

Resúmenes de trabajos presentados

Resumos dos trabalhos apresentados

1. Criopreservação de microalgas utilizando exopolissacarídeo algal isolado como crioprotetor

Ana Luiza Bortolozzo¹; Wesley Figueiredo de Souza¹; Inessa Lacativa BagatiniInessa Lacativa¹

¹Laboratório de ficologia, Departamento de Botânica, Universidade Federal de São Carlos, Brasil.

As microalgas possuem uma ampla gama de aplicações, mas ainda são pouco exploradas dada a sua grande diversidade. As coleções de culturas são fundamentais para manutenção da diversidade e para fornecerem o organismo isolado e substratos para estudos biotecnológicos e aplicações comerciais. A criopreservação é um método de manutenção que possui uma série de vantagens, como redução de chances de contaminação, do custo de manutenção a longo prazo, além de manter as propriedades morfológicas, fisiológicas, bioquímicas e genéticas das microalgas. Entretanto, os agentes crioprotetores (CPA) utilizados afetam a viabilidade dos organismos pós-descongelamento, por possuírem certa toxicidade. Como alternativa, CPAs naturais menos tóxicos, como polissacarídeos produzidos por bactérias têm sido testados em microalgas para aumentar essa viabilidade. Neste trabalho, testamos polissacarídeos extracelulares (EPSs) de microalga da Coleção de Microalgas de Água Doce da Universidade Federal de São Carlos (CCMA-UFSCar) como CPA em diferentes concentrações (50%, 20%, 10% e 5%), para otimizar a viabilidade celular após a criopreservação, quando comparado com controle, dimetilsulfóxido (DMSO) a 5%. O EPS foi extraído por filtração tangencial e liofilizado para uso como crioprotetor (CPAp). Seis cepas de microalgas foram testadas com o CPAp e passaram por um protocolo de congelamento e descongelamento, seguido por teste de viabilidade celular e crescimento em meio WC. Os dados foram comparados utilizando Análise de Variância (ANOVA), seguido do Teste de Tukey para dados normais, e Teste de Kruskal-Wallis para dados não normais. De modo geral, as cepas responderam de maneira satisfatória (viabilidade média acima de 80%) aos tratamentos, com exceção de duas cepas, uma microalga verde e uma cianobactéria, que responderam de maneira insatisfatória a todos os tratamentos, incluindo o controle. As demais cepas de microalgas verdes apresentaram resultados semelhantes ($p>0,05$) ao controle com DMSO 5%, indicando eficiência do CPAp para evitação de danos celulares durante o congelamento e descongelamento. Resultados preliminares de cultivo após congelamento apontam ainda para maior crescimento das cepas em CPAp 10% em comparação ao DMSO 5%, indicando menor toxicidade do crioprotetor natural.

2. Local terrestrial landscape, aquatic conditions and dendritic distance shape bacterioplankton communities along a hydrological network located in the colombian amazon

Natalie Díaz-Ruiz¹, Juan Luis Parra², María Carolina García-Chaves¹, Marcela Núñez³, Sonia Sua³, Gladys Inés Cardona³, Hugo Sarmento⁴, Juan Pablo Niño-García¹

¹GAIA, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ²Ecología y evolución de invertebrados, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ³Instituto Sinchi, Bogotá D.C., Colombia. ⁴Departamento de Hidrobiología, Universidade Federal de São Carlos, Brasil.

The study of freshwater ecosystems in the context of aquatic networks implies a metacommunity perspective, where bacterioplankton local communities are connected by the movement of water across the landscape. Although this approach has shown that a balance between local selection and dispersal drives bacterioplankton community composition, little efforts have been devoted to explore the influence of the surrounding terrestrial landscape on the composition of these aquatic communities. Here, we explored the relative importance of terrestrial landscape composition, local aquatic conditions, and dendritic distance in explaining the variation in aquatic bacterial communities along a small Amazonian hydrological network; this included streams and oxbow lakes. We amplified and sequenced the 16S rRNA gene for bacterial community composition inventory and used a Generalized Dissimilarity Modeling for quantifying the relative importance of land cover composition, local aquatic conditions and dendritic distance in explaining bacterioplankton dissimilarity. We found that land cover composition had more explanatory power than local aquatic conditions and dendritic distance on bacterial community dissimilarity, mainly in streams. In addition, we observed that land cover composition was related to aquatic conditions, well differentiated between streams and lakes. Finally, we identified changes in the abundance of some bacterial classes associated with terrestrial heterogeneity and aquatic conditions. Our results stress the importance of the terrestrial surrounding landscape as an element that interacts with hydrology and local aquatic conditions in driving the bacterioplankton community structure. These advances further our understanding of the dynamics of freshwater bacterioplankton metacommunities, and provide clear links between freshwater and surrounding terrestrial environments, which may promote new approaches to ecosystem conservation and biomonitoring strategies that include the bacterioplankton.

3. La espiral de nutrientes en arroyos urbanos: Factores y procesos que modulan la asimilación de nitrógeno y fósforo

Gomez B. M.¹, Saraceno M.², Saveika C.^{1,2}, Gomez Lugo S.², Feijoó C.³, Graziano M.²

¹Subgerencia Laboratorio de Calidad de Agua, Instituto Nacional del Agua. ²Laboratorio de Limnología, IEGEBA-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. ³INEDES, Universidad Nacional de Luján.

El exceso de nitrógeno (N) y fósforo (P), derivado de las actividades humanas, ha degradado los arroyos urbanos. Aunque se han propuesto múltiples estrategias de restauración ecológica para mejorar la retención de N y P en estos entornos, se conoce poco sobre los drivers que modulan dichos procesos. Este estudio se centra en el arroyo San Francisco (Claypole, Almirante Brown, Buenos Aires), caracterizado por altas concentraciones de nitrato, fósforo reactivo soluble (PRS) y amonio (3.5, 1.1 y 22.2 ppm, respectivamente). El objetivo fue evaluar la asimilación de N y P y los factores que influyen en su ciclado.

Se realizaron adiciones puntuales de nutrientes en dos tramos del arroyo, junto con análisis fisicoquímicos en agua y sedimento, evaluación de la cobertura vegetal, métricas geomorfológicas y secuenciación de ADN ambiental. Las tasas de asimilación de nitrato ($U=5554 \pm 2660 \mu\text{gmm}^{-1}\text{m}^{-2}$) fueron más altas que las de PRS ($UP=1640 \pm 1300$

$\mu\text{gmm}^{-1}\text{m}^{-2}$), comparables a las de arroyos en buen estado. U mostró una correlación positiva con el tamaño de las zonas de almacenamiento transitorio (ZAT) ($r=0.75$, $p<0.05$) y la cobertura vegetal ($r=0.73$, $p<0.05$). En contraste, UP se asoció negativamente con la ZAT ($r=-0.23$, $p<0.05$) y el pH ($r=-0.59$, $p<0.05$). La concentración de PRS se relacionó negativamente con la clorofila ($r=-0.82$, $p<0.05$) y positivamente con un estado redox más reductor ($r=0.79$, $p<0.05$).

Los resultados de la secuenciación de ADNr 16S del bacterioplancton en proceso permitirán identificar las vías metabólicas y las comunidades microbianas involucradas, aportando una comprensión más profunda de los procesos que sustentan la funcionalidad metabólica del arroyo San Francisco.

4. La composición de la comunidad bacteriana es el principal determinante del consumo de oxígeno durante la degradación de la materia orgánica disuelta

Cecilia Alonso¹, Juan Zanetti¹, Luciana Griffero¹, Emiliano Pereira¹, Andrés Pérez-Parada¹, Carolina Crisci¹, Rudolf Amann²

¹CURE, UdelaR, Uruguay. ²MPI para Microbiología Marina, Alemania.

Un proceso crucial en el ciclo del C marino es la producción y degradación de materia orgánica disuelta (DOM). Esta DOM es consumida principalmente por el bacterioplancton heterótrofo, resultando en producción de biomasa, producción de CO₂ o transformándose en compuestos que pueden resistir la degradación durante períodos más largos. Estas rutas alternativas dependen de la calidad de la DOM (vinculada a su origen), pero presumiblemente también de la composición del bacterioplancton. El objetivo de este trabajo fue evaluar si la composición del bacterioplancton puede efectivamente predecir el consumo de oxígeno durante experimentos de degradación de DOM. Se realizaron 50 experimentos durante los muestreos realizados entre 2018 y 2021 en el Observatorio Microbiano del Atlántico Sur (SAMO, Uruguay), integrante de la red AMOLat. Los experimentos se realizaron incubando muestras de agua pre-filtrada por triplicado, más un control muerto, durante ca. 1 semana en oscuridad y a temperatura *in situ*. La concentración de oxígeno en los experimentos se midió continuamente utilizando sensores ópticos no invasivos. Mediante secuenciación Illumina se determinó la composición taxonómica (16S) y funcional (metagenómica) de la comunidad bacteriana. La calidad de DOM se evaluó mediante cromatografía líquida acoplada con un detector de fluorescencia (HPLC-FLD). Se formularon modelos lineales generalizados empleando a la composición taxonómica, funcional y calidad de la DOM como variables explicativas del consumo de oxígeno. Los modelos basados en la composición taxonómica fueron capaces de explicar una alta proporción del consumo de oxígeno. La adición de variables relativas a la composición funcional (CAZymes) y calidad de la DOM mejoraron la explicación y fueron capaces de predecir el consumo de oxígeno con alta exactitud. La identificación de los grupos claves en este proceso fue congruente entre diferentes aproximaciones, seleccionando taxa con capacidad de procesar diferentes componentes de la DOM.

5. Datatones: colaboración regional para reutilizar datos de biodiversidad microbiana

Stephanie Jurburg¹, Clara María Arboleda Baena², María José Álvarez Blanco², Santiago Castillo³, Anahita J. N. Kazem², Birgitta Koenig-Ries⁴, Eva Figuerola⁵, Silvia Garaycochea⁶

¹Helmholtz Centre for Environmental Research–UFZ. ²German Centre for Integrative Biodiversity Research–iDiv. ³Leipzig University, Germany. ⁴University of Jena, Germany. ⁵University of Buenos Aires (UBA), Argentina. ⁶ National Institute of Agricultural Research (INIA), Uruguay

La crisis de biodiversidad a nivel global exige actuar rápidamente para recopilar, organizar y compartir datos de inventarios de especies que permitan realizar análisis y predicciones generales. En este contexto, el Datatón es una iniciativa que busca promover la reutilización de datos entre ecólogos microbianos, facilitando el archivado y análisis de información existente. Este enfoque amplía el alcance global sin requerir recursos adicionales, genera nuevos conocimientos y cierra la brecha entre quienes producen y utilizan estos datos.

El Datatón se desarrolla de manera virtual y tiene tres etapas: la primera, "Inspirar", incluye un simposio híbrido sobre la importancia de los datos abiertos y el panorama actual de la investigación de síntesis de biodiversidad. La segunda fase, "Capacitar", ofrece guías prácticas para el depósito de secuencias de microorganismos en el NCBI. La fase final, "Colaborar", se centra en aprovechar los datos depositados o reutilizados, construyendo redes de colaboración entre investigadores para desarrollar proyectos de síntesis. Posteriormente, los metadatos y datos de abundancia de especies microbianas se centralizan en una base de datos única llamada MiCoDa, que mejora su visibilidad y accesibilidad.

Del Datatón Latinoamérica 2023 surgieron seis grupos de trabajo que abordan temas clave: 1. Ecosistemas de agua dulce y diversidad de cianobacterias, 2. Diversidad del bioma de la Pampa, 3. Gremios de hongos del suelo, 4. Microbiota de animales silvestres, 5. Microbiota en plantas y suelos asociados, 6. Salud del suelo, indicadores y restauración. Estos grupos promueven investigaciones colaborativas que enriquecen nuestro entendimiento de la biodiversidad en diversos ecosistemas. MiCoDa continuará promoviendo Datatones para cerrar brechas de datos entre el norte y el sur global, fortaleciendo la colaboración entre investigadores. Invitamos a nuevas personas a participar en grupos de trabajo que aborden preguntas de investigación globales y profundicen en el estudio de microbiomas en diversos ambientes.

6. Avaliação do impacto de um incêndio de grandes proporções em um reservatório de água doce tropical (Represa do Lobo, Itirapina)

Daniel Guido Giongo¹, Clara Maria Arboleda Baena¹, Eloisa Hummer¹, Erick Mateus Barros¹, Gilmar Perbiche Neves¹, Greice Espolau¹, Icaro Zapparoli¹, Inessa Lacativa Bagatini², Israel Cassiano de Oliveira¹, Karime de Araujo Paina¹, Mariana R. A. Costa¹, Michaela Ladeira de Melo¹, Pedro Ciarlini Junger Soares¹, Rafael Araújo de Lemos¹, Roberta Mafra Freitas da Silva¹, Hugo Sarmento¹

¹Departamento de Hidrobiologia, Universidade Federal de São Carlos, Brasil. ²Departamento de Botânica, Universidade Federal de São Carlos, Brasil.

Incêndios são cada vez mais frequentes e intensos devido às atividades humanas e às mudanças climáticas. Os efeitos dos incêndios nos ecossistemas terrestres e na atmosfera são bastante evidentes, com a emissão de gases e cinzas e uma maior exposição do solo a intempéries. No entanto, as suas consequências sobre os ambientes aquáticos são ainda pouco conhecidas. O objetivo desta pesquisa é avaliar as alterações nos parâmetros limnológicos, como o aumento do pH por conta das cinzas que são alcalinas e na dinâmica

das comunidades planctônicas, como a diminuição de fitoplâncton e consequentemente do zooplâncton de um reservatório tropical (Represa do Broa/Lobo, Itirapina), após um incêndio de grandes proporções, ocorrido em setembro de 2021. Os dados de sólidos totais dissolvidos, pH, condutividade, zona eufótica, número de cladóceros, copépodos, rotíferos e *synechococcus* foram coletados no dia seguinte ao incêndio e nas quatro semanas subsequentes foram comparados com uma série temporal mensal que engloba 29 amostras anteriores e 26 posteriores ao incêndio. As partículas liberadas pela queimada em contato com a água causaram um aumento gradual na quantidade de sólidos suspensos totais nas semanas após o incêndio e uma diminuição gradual da zona eufótica, causando um aumento abrupto no pH e na condutividade na quinta e quarta semanas após o incêndio, respectivamente. A população da pico cianobactéria *Synechococcus* aumentou bruscamente na segunda semana, os rotíferos decaíram gradualmente, os cladóceros aumentaram gradativamente e os copépodos tiveram um pico na terceira e quarta semana após a queimada. Além disso, foi possível observar que o sistema voltou ao equilíbrio durante os meses seguintes, retornando aos padrões dos anos anteriores. Essa pesquisa contribui para ampliar o conhecimento sobre os efeitos dos incêndios em áreas circundantes a ambientes aquáticos, fenômeno crescente tendo em perspectiva um futuro de mudanças climáticas.

7. Golfo de Nicoya: un lugar para seguir aprendiendo

Eddy H. Gómez Ramírez¹, Carolina Marin Vindas²

¹CIMAR, Universidad de Costa Rica (UCR). ²Universidad Nacional de Costa Rica (UNA).

El Golfo de Nicoya, situado en la costa pacífico de Costa Rica, es el estuario más estudiado del país y la principal fuente de recursos pesqueros, los cuales han sido sobreexplotados y en los últimos años se han incrementado los eventos de mareas rojas, así como un aumento de la temperatura de sus aguas. Por estos y otros motivos es que amerita conocer la dinámica de nutrientes y microbiana en las aguas de este lugar, con el fin de entender cómo los diferentes estresores afectan dicho sistema.

8. Análise da dinâmica fitoplanctônica associada a fatores ambientais utilizando métodos morfológicos e moleculares

Eloisa Hummer¹, Clara Maria Arboleda Baena², Daniel Guido Giongo¹, Erick Mateus Barros³, Gilmar Perbiche Neves¹, Israel Cassiano de Oliveira¹, Rafael Araújo de Lemos¹, Hugo Sarmento¹

¹Departamento de Hidrobiologia, Universidade Federal de São Carlos, Brasil. ²German Centre for Integrative Biodiversity Research, IDIV, Alemanha. ³Universidad de la Republica, CURE Rocha, Uruguay

O fitoplâncton é formado por organismos microscópicos fotossintéticos que desempenham papéis fundamentais nos ciclos biogeoquímicos e são a base das teias tróficas. As populações fitoplanctônicas respondem às mudanças nas condições ambientais através de alterações em sua abundância, morfologia e composição de espécies, sendo, portanto, indicadores da qualidade da água. Estudos comparativos mostraram que as análises de comunidades de fitoplâncton, utilizando observação de características morfológicas em microscopia óptica e sequenciamento de amplicons de 18S (para eucariotos) e 16S (para procariotos e cloroplastos), podem ser aplicadas no monitoramento de ecossistemas aquáticos. Embora esses métodos descrevam o ambiente de formas diferentes, determinar

qual é o mais adequado para o monitoramento do ambiente aquático continua sendo um desafio. Para responder a essa pergunta, foram analisadas 60 amostras mensais do Reservatório Broa entre março de 2018 e março de 2023, utilizando microscopia óptica e sequenciamento de amplicons de rRNA 18S e 16S. A composição das comunidades foi comparada a nível de gênero, considerando a exclusividade e o compartilhamento de grupos, a fim de identificar como cada abordagem detecta e descreve a composição. Os métodos moleculares são mais abrangentes, capturando uma maior riqueza de táxons em comparação com a microscopia. No entanto, a microscopia é mais detalhada, pois identifica um maior número de táxons a nível de gênero e espécie. Comparando os gêneros exclusivos e compartilhados entre as duas metodologias, encontramos um maior número de gêneros exclusivos na microscopia, enquanto os gêneros compartilhados são mais numerosos entre a microscopia e os amplicons de rRNA 18S, percebe-se que cada método descreve a composição de maneira diferente. Além disso, foi realizada uma análise da alfa diversidade, constatou-se que há diferenças significativas entre os métodos, que podem estar relacionadas à composição das amostras ou à distribuição da abundância dos organismos, uma vez que a uniformidade e a riqueza apresentam variações. Portanto, os diferentes métodos capturam resultados distintos. Assim, sugerimos que as abordagens ofereçam detalhes que não necessariamente são apropriados para o monitoramento e que de acordo com o enfoque desejado, deve-se ter um direcionamento a escolha do método a ser utilizado.

9. Caracterización y contraste de la composición, diversidad y procesos de ensamblaje de comunidades microbianas marinas a nivel funcional y taxonómico a lo largo del tiempo y de gradientes ambientales

Emiliano Pereira¹, Luciana Griffero¹, Juan Zanetti¹, Cecilia Alonso¹

¹Grupo Ecología Microbiana de Sistemas Acuáticos, Centro Universitario Regional Este, Rocha, Uruguay

Los ecosistemas marinos albergan una diversidad microbiana asombrosa que sostiene procesos ecosistémicos a escala global. A la luz de las crecientes perturbaciones antropogénicas, especialmente el calentamiento global, es particularmente relevante dilucidar los factores que moldean las comunidades microbianas marinas. En este contexto, los set de datos de series temporales pueden ser de gran ayuda al permitirnos estudiar los mecanismos que gobiernan el ensamblaje, la estructura, la diversidad y las capacidades funcionales de las comunidades microbianas marinas a lo largo del tiempo. Tal conocimiento es fundamental para modelar, y posiblemente mitigar, el impacto que el calentamiento global (entre otros factores) tiene y tendrá en los ecosistemas marinos y en los procesos biogeoquímicos que ocurren en este ambiente.

En este trabajo, nos propusimos caracterizar los cambios en la composición de comunidades microbianas costeras asociadas con dinámicas estacionales, así como sus respuestas y resiliencia a cambios ambientales, utilizando datos de una serie temporal obtenida del Observatorio Microbiano del Atlántico Sur (SAMO), ubicado frente a la costa uruguaya. Este set de datos abarca un período de tres años y está compuesto por muestras metagenómicas y metataxonómicas. Específicamente, nuestro análisis reveló fuertes patrones estacionales a nivel taxonómico y funcional, asociados con cambios en las condiciones ambientales y la influencia de diferentes corrientes oceánicas (Brasil y Malvinas). Emergieron dos patrones principales que representan las comunidades habitando este sitio durante los semestres de verano/otoño e invierno/primavera, las cuales muestran una composición, estructura, patrones de diversidad y mecanismos de ensamblaje contrastantes. Además, también estudiamos la redundancia funcional y el desacoplamiento

taxón-funcional, así como los factores ambientales asociados con estos rasgos a nivel comunitario. Por último, investigamos cómo la pérdida de diversidad de las comunidades microbianas afecta las capacidades metabólicas involucradas en un proceso ecosistémico crítico: la respiración microbiana.

10. Identification of key bacteria for ecological dynamics in a coastal marine observatory

Erick Mateus-Barros¹, Emiliano Pereira-Flores¹, Cecília Alonso¹

¹Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República

Bacteria are essential organisms for diverse ecological functions and community structuring. These organisms are key for ecosystem maintenance, nutrient and organic matter cycling, biogeochemical cycles, blooms, and toxin production, which are related to anthropogenic impacts and human life quality. Thus, these organisms have always been considered relevant and extensively studied. Despite this, some of its characteristics could only be fully understood after the advent of culture-independent molecular techniques. In this way, a more recent effort to unify studies in classical and microbial have been allowing us to apply some theoretical approaches and best understand their dynamics. The core-satellite hypothesis states that the frequency of regional occupancy in a metapopulation should be bimodal. This spatial pattern indicates that most of the organisms found in a landscape should be present in few sites, while others will be widely distributed. From this perspective, it is possible to recover details on topics such as colonization and extinction, adaptiveness and dispersal capacity, niche partition, and competition. Also, biological interactions can be a relevant feature, as a microbial community is connected in an intricate interaction web by compounds excretion and incorporation. In this context, this project aims to investigate the local temporal processes contributing to the abundance and persistence of bacteria, and their roles in guarantying or preventing certain organisms from being included in the core of a metacomunity. Using molecular approaches like amplicons and metagenomes, we will recover information about the main bacteria found at the South Atlantic Microbial Observatory (SAMO) to test their interactions with environmental and biological features. In this way, we expect to contribute to shed light on the elements that contribute locally to the geographic features observed in marine bacteria, and to identify the pathways for this local increase of abundance and potential organisms' key functions.

11. Fomento de la Conciencia Ambiental mediante la Evaluación de la Dinámica Microbiana y la Calidad del Agua en Cursos Recreativos del Noreste del Uruguay.

Volz, I.¹, Viera, P.¹, Mendez, S.², Cantero, J.², Lavaggi, ML.¹, Iribarne, P.³, Velasco, A.¹, Iribarne F.²

¹Sede Rivera, Cenur Noreste, Universidad de la República, Uruguay. ²Facultad de Química, Universidad de la República, Uruguay. ³Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Uruguay.

Este proyecto tiene como objetivo promover la conservación de los recursos hídricos y fortalecer la gestión participativa de los mismos. La investigación se desarrollará en los departamentos de Rivera, Tranqueras y Tacuarembó de la región Noreste del Uruguay. Se

centrará en el análisis microbiológico y fisicoquímico de cursos de agua utilizados para recreación.

La iniciativa busca evaluar la calidad del agua mediante técnicas de secuenciación avanzada y análisis bioinformáticos para identificar la presencia de patógenos y otros microorganismos que afecten la salud de los ecosistemas acuáticos. Además, se llevarán a cabo pruebas fisicoquímicas para comprender mejor las condiciones ambientales que influyen en la dinámica microbiana.

El proyecto incluye un enfoque de investigación-acción participativa (IAP), que fomenta el aprendizaje colaborativo y la participación activa de los clubes de ciencias, involucrando a jóvenes estudiantes en la investigación y promoviendo la educación ambiental. Estos clubes actuarán como plataformas clave para conectar el conocimiento científico con la experiencia local, permitiendo integrar saberes comunitarios en el proceso de toma de decisiones sobre la gestión de los recursos hídricos.

Se realizarán actividades trimestrales de recolección de muestras y reuniones con los clubes de ciencias, lo que permitirá un monitoreo continuo de los cursos de agua a lo largo de un año. Este enfoque participativo busca no solo generar datos científicos relevantes, sino también aumentar la conciencia ambiental en las comunidades locales, fomentando la sostenibilidad en la gestión de los recursos naturales.

Los resultados esperados incluyen una mejor comprensión de la calidad del agua en las áreas de estudio y la implementación de medidas de conservación basadas en evidencia científica. Además, se pretende que los participantes desarrollen competencias en investigación y conciencia ambiental, contribuyendo a la protección de los cursos de agua recreativos del noreste de Uruguay.

12. Modulação da composição da matéria orgânica dissolvida de um ecossistema aquático mediada pela comunidade microbiana, hidrologia e temperatura

Israel Cassiano de Oliveira¹, Clara Maria Arboleda Baena², Daniel Guido Giongo¹, Eloisa Hummer¹, Erick Mateus Barros³, Gilmar Perbiche Neves¹, Karime de Araujo Paina¹, Mariana R. A. Costa⁴, Michaela Ladeira de Melo⁵, Pedro Ciarlini Junger Soares⁶, Rafael Araújo de Lemos¹, Hugo Sarmiento¹, Adriana Miwa⁷, Maria do Carmo Calijuri⁷

¹Departamento de Hidrobiologia, Universidade Federal de São Carlos, Brasil. ²German Centre for Integrative Biodiversity Research, IDIV, Alemanha. ³Universidad de la República, CURE Rocha, Uruguay. ⁴ELKH-P Limnology Research Group, University of Pannonia, Hungary. ⁵Université du Québec à Montréal, Canada. ⁶Ecole Normale Supérieure Paris, ENS/Paris, France. ⁷Departamento de Hidráulica e Saneamento, Universidade de São Paulo, Brasil.

O metabolismo e a estrutura de comunidades e de ecossistemas são resultados de uma influência mútua entre os organismos e o ambiente. Nesse contexto, os fluxos e os balanços de carbono desempenham um papel central ao influenciarem tanto as condições ambientais (p. ex. o clima, o pH e a disponibilidade de luz) como a composição e o funcionamento do microbioma (através das relações tróficas, taxas de fotossíntese e respiração). Os ambientes de água doce atuam como reatores, sedimentando e emitindo carbono de origem terrestre por meio de processos nos quais a microbiota e a matéria orgânica dissolvida (MOD) emergem como elementos principais em uma relação estreita de influência recíproca. Além disso, tal dinâmica está fortemente sujeita a fatores ambientais, sobretudo climáticos e hidrológicos, constituindo um sistema de interações complexo e pouco compreendido,

especialmente em águas tropicais, onde as emissões de carbono são geralmente elevadas. Desse modo, este trabalho propõe-se a investigar a composição e interação entre comunidades microbianas e MOD com gradientes sazonais contrastantes. Será utilizada uma série temporal de 5 anos de dados mensais coletados no reservatório do Broa, em Itirapina-SP. Redes de correlação integrando as comunidades de protozoários, bactérias, fito e zooplâncton (acessadas por microscopia e sequenciamento de DNA) serão construídas e testadas em função de dados meteorológicos e hidrológicos e da caracterização da MOD (por espectroscopia de fluorescência). Esperamos que mudanças no tempo de residência da água e na temperatura desencadeiem cascatas de retroalimentação entre MOD e o microbioma, resultando em alterações na composição e nas dinâmicas de ambos os compartimentos. Este trabalho visa elucidar a interação entre as comunidades aquáticas e a matéria orgânica dissolvida, e a sua influência no ciclo do carbono.

13. Desarrollo de herramientas para el monitoreo de procesos ecosistémicos (producción primaria y respiración): aportes para la gestión del área marina protegida “Laguna de Rocha” desde un enfoque del Manejo Costero Integrado.

Zanetti Juan Andrés¹, Calliari Danilo², Pereira Emiliano¹, Alonso Cecilia¹

¹Grupo Ecología Microbiana de Sistemas Acuáticos, Centro Universitario Regional Este, Rocha, Uruguay. ²Grupo Ecología Funcional de Sistemas Acuáticos, Centro Universitario Regional Este, Rocha, Uruguay.

Las continuas presiones sobre los ecosistemas, así como alteraciones funcionales asociadas al cambio climático, representan un desafío para la ciencia, los académicos y los tomadores de decisión, respecto a los métodos y herramientas disponibles para monitorear y evaluar servicios ecosistémicos en la naturaleza. Un método clásico para evaluar procesos como la respiración y la producción primaria en sistemas acuáticos, data de 1888 y se basa en la titulación del oxígeno disuelto generado/consumido tras experimentos con luz y oscuridad en un ambiente controlado (Winkler 1888). Sin embargo estas técnicas resultan laboriosas y demandan tiempo de experimentación y no pueden ser realizadas a gran escala. En este trabajo se presentará un proyecto de tesis de Maestría en Manejo Costero Integrado (Udelar) donde se busca generar indicadores basados en ADN, en base a la composición taxonómica y funcional de comunidades microbianas, modelados estadísticos y herramientas de aprendizaje automático. Se desarrollará una metodología para la generación de los modelos, que abarca desde la toma de la muestra (en el Observatorio SAMO ubicado en el área marina protegida “Laguna de Rocha”), extracción de ADN, secuenciación metagenómica, metabarcoding 16S y 18S, hasta el entrenamiento de los modelos para predecir los procesos de producción primaria y respiración en el observatorio. A su vez, se identificarán los principales desafíos vinculados a la implementación de estrategias de monitoreo basadas en ADN en sistemas marinos, y cómo se pretenden abordar desde el trabajo de investigación. Se presentarán algunos modelos predictivos preliminares de los procesos en estudio, con énfasis en la metodología empleada. Se presentará el estado de avance del proyecto en general y se introducirán las herramientas de indagación social (entrevistas) y análisis integrados previstos, para estudiar la viabilidad de la implementación de las herramientas moleculares y su potencial aplicación en el manejo de áreas marinas protegidas.

14. Impactos de Eventos Extremos em Comunidades Planctônicas

Larissa Broggio Raymundo¹, Eloisa Hummer¹, Daniel Guido Giongo¹, Rafael Araújo de Lemos¹, Israel Cassiano de Oliveira¹, Clara Maria Arboleda Baena¹, Adriana Miwa¹, Erick Mateus Barros², Mariana R. A. Costa³, Gilmar Perbiche Neves¹, Hugo Sarmento¹

¹Departamento de Hidrobiologia, Universidade Federal de São Carlos, Brasil. ²Universidad de la República, CURE Rocha, Uruguay. ³ELKH-P Limnology Research Group, University of Pannonia, Hungary.

As mudanças climáticas têm aumentado a frequência e intensidade de eventos extremos globais, definidos como alterações significativas em variáveis meteorológicas ou climáticas. Os exemplos incluem secas, tempestades, ondas de calor e de frio, grandes incêndios, inundações, entre outros. Em águas continentais, mudanças no hidrológico alteram os padrões de precipitação, impactando a oxigenação, o balanço de gases de efeito estufa e a concentração de poluentes. As comunidades planctônicas, como o fitoplâncton, o zooplâncton e as bactérias desempenham papéis cruciais na ciclagem de nutrientes e transferência de energia. Apesar da importância desses estudos, ainda pouco se sabe sobre os efeitos de eventos extremos em regiões tropicais e na análise conjunta dessas comunidades planctônicas em tais situações. Portanto, o objetivo deste estudo é avaliar o efeito de eventos extremos (anomalias de temperatura ou precipitação) na composição das comunidades de bactérias, de fitoplâncton e de zooplâncton em uma represa tropical. Foram analisadas amostras de água e de plâncton realizadas mensalmente entre 2018 e 2023, seguidas de análises morfológicas por microscopia e de DNA utilizando sequenciamento de amplicons, para identificar e quantificar a composição das comunidades planctônicas. As análises foram feitas pela comparação de matrizes de distância para avaliar a dissimilaridade das comunidades antes e depois dos eventos extremos ao longo da série temporal de coletas mensais. O estudo busca aprofundar o entendimento das respostas dessas comunidades aos eventos extremos e assim melhorar a capacidade preditiva dada a frequência crescente destes eventos.

15. Indicadores de eutrofización en lagunas costeras basados en la composición de la comunidad microbiana

Luciana Griffero¹, Carolina Lescano¹, Lorena Rodríguez-Gallego¹, Anders Lanzén², Cecilia Alonso¹

¹Departamento Interdisciplinario de Sistemas Costeros y Marinos, Centro Universitario Regional Este, Uruguay. ²AZTI, Centro de Investigación Marina y Alimentaria, Pasaia (Gipuzkoa), España.

Las lagunas costeras se encuentran sometidas a una variedad de estresores determinados por la proximidad a zonas de impacto antrópico, tales como la eutrofización o la entrada de contaminantes. Las comunidades microbianas responden a los diferentes impactos antrópicos tanto en términos de abundancia como función y, en virtud de esto, están siendo utilizadas exitosamente como indicadores de calidad ambiental. El objetivo de este trabajo fue evaluar el uso de la composición taxonómica de la comunidad microbiana, para la búsqueda de indicadores de impacto por eutrofización en lagunas costeras. Se analizó la composición de la comunidad microbiana asociada al sedimento a partir de la secuenciación Illumina del gen 16S. Se realizó la caracterización fisicoquímica del sedimento, analizando las variables materia orgánica, clorofila A, fósforo y nitrógeno total. A partir de estas variables se calculó un índice de impacto por eutrofización (Pleutro). Se formularon modelos lineales generalizados para modelar el Pleutro utilizando la composición de la comunidad microbiana como variable explicativa, luego de un proceso de selección de variables. A su vez, se realizó la búsqueda de indicadores asociados a las categorías de eutrofización. Los

modelos generados a partir de la composición taxonómica de la comunidad fueron capaces de explicar una alta proporción del Pleutro, logrando predecir los valores de dicha variable con una alta exactitud. Además, se pudieron encontrar diferentes grupos taxonómicos que se asociaron de manera diferencial y significativa a los sitios con distinto grado de impacto por eutrofización. Los resultados reafirman la necesidad de incorporar información de indicadores generados a partir de la estructura de las comunidades microbianas para una gestión integral en estos ecosistemas, que permita comprender tanto los impactos como los procesos asociados a los mismos.

16. Estudio de los determinantes genéticos de rasgos asociados a la persistencia ambiental de *Escherichia coli* en arroyos urbanos

Martín Saraceno¹², Nicolás Frankel²³, Martín Graziano¹²

¹CONICET - Universidad de Buenos Aires, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA). ²Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Ecología, Genética y Evolución. ³CONICET - Universidad de Buenos Aires, Instituto de Fisiología, Biología Molecular y Neurociencias (IFIBYNE).

La persistencia extendida de *E. coli* en aguas superficiales es un fenómeno de reciente documentación. Los mecanismos fisiológicos que la permiten, así como sus bases genómicas, son escasamente descritos. Se hipotetiza que los grupos intraespecíficos A y B1 serían ecológicamente más generalistas, con mejor fitness para habitar ambientes secundarios. En un estudio previo, caracterizamos la tasa de crecimiento planctónica y la capacidad formadora de biofilm, dos rasgos asociados a la persistencia ambiental, en aislamientos de *E. coli* de los distintos grupos filogenéticos obtenidos de una cuenca con un elevado grado de degradación ecológica. Los ensayos se realizaron empleando aguas del mismo origen. Sólo A y B1 exhibieron crecimiento positivo, mientras que la capacidad formadora de biofilm fue significativamente mayor para B1. También se observó una importante variabilidad dentro de cada grupo. Con el objetivo de identificar determinantes genéticos vinculados a estos rasgos, se seleccionaron 30 aislamientos pertenecientes mayormente a los grupos filogenéticos A y B1, y se secuenciaron sus genomas. Tras ensamblar a los mismos, se determinó el contenido de genes de virulencia y de resistencia antibiótica. La tasa de crecimiento planctónica se correlacionó negativamente con la cantidad de factores de resistencia antibiótica ($r=-0.50$, $p<0,05$), mientras que la capacidad formadora de biofilm no evidenció asociaciones significativas. La menor ocurrencia de genes de resistencia antibiótica en aislamientos que expresan rasgos de persistencia ambiental podría deberse a una menor incidencia, en los ambientes secundarios, de las presiones de selección que contribuyen a su acumulación, incluso favoreciendo la progresiva pérdida de estos. Se está explorando, a través de un estudio de asociación del genoma microbiano completo, la relación entre determinantes genéticos y los rasgos analizados experimentalmente para profundizar en la identificación de las bases genómicas que condicionan la naturalización de *E. coli* en ecosistemas naturales, dadas las implicancias ecológicas y sanitarias de este fenómeno.

17. Análisis de la variabilidad temporal de comunidades microbianas planctónicas en un arroyo urbano

Ramer M.¹, Saraceno M.¹, Gómez-Lugo S.¹, Bernal C.¹, Porcel S.¹, Sabio y García C.¹, Graziano M.¹.

¹Laboratorio de Limnología, IEGEBA-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.

Las comunidades microbianas de ecosistemas acuáticos se ven modificadas en espacio y tiempo en respuesta a presiones ambientales. Comprender la dinámica de dichas comunidades en torno a su estructura taxonómica y funcional es de relevancia para la gestión de los arroyos urbanos, afectados por diversos factores ambientales y de origen antropogénico. El objetivo de este trabajo fue analizar la variabilidad temporal del bacterioplancton y fitoplancton de un arroyo urbano, a lo largo de un ciclo hidrológico. Los datos fueron obtenidos bi-mestralmente durante los años 2019 y 2020, como parte de la Red de Observatorios Microbianos Acuáticos de América Latina. Además de variables hidráulicas y físicoquímicas del hábitat acuático, se analizó la abundancia y composición de la comunidad fitoplanctónica, a través de microscopía óptica, y del bacterioplancton, mediante metagenómica dirigida al gen ARNr 16S y citometría de flujo. Se observó una mayor variabilidad - evaluada por su coeficiente de variación (CV) - de los estimadores de riqueza, abundancia y diversidad (Simpson) para la comunidad fitoplanctónica que para el bacterioplancton. Las relaciones $CV_{fitoplancton}/CV_{bacterioplancton}$ para cada estimador fueron 4.57, 3.16 y 20.57, respectivamente. La partición aditiva de la diversidad evidenció una mayor contribución de la beta diversidad en la dinámica temporal del fitoplancton respecto al bacterioplancton (62.80% vs. 50.82%), siendo también mayor su variabilidad temporal (CV_{fito} 0.18 vs CV_{bact} 0.07). La contribución de cada muestreo a la beta diversidad total evidenció para el fitoplancton un máximo de recambio en julio y septiembre, mientras que para el bacterioplancton dicho recambio fue más equitativo en el tiempo. Estos resultados sugieren que la estabilidad temporal de la comunidad bacteriana es mayor que la fitoplanctónica, evidenciando una mayor estacionalidad del componente autotrófico respecto al heterotrófico, aunque no se descarta que distintos sub-grupos bacterianos puedan tener una respuesta marcadamente estacional.

18. Desarrollo de herramientas bioinformáticas en ecología microbiana: estimando la distribución de rasgos funcionales en datos metagenómicos

Patricia Viera¹, Emiliano Pereira¹, Cecilia Alonso¹.

¹Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República

La metagenómica representa una de las aproximaciones más prometedoras en ecología microbiana. No obstante, también plantea desafíos dados por el volumen y la complejidad de los datos, que limitan nuestra capacidad de análisis. Típicamente, un metagenoma generado con tecnologías de secuenciación actuales se compone de varios millones de secuencias cortas, para las cuales no sabemos su origen taxonómico ni sus coordenadas en el genoma. En consecuencia, se hace indispensable el desarrollo de herramientas bioinformáticas que mejoren la capacidad de extraer información de estos datos. En este sentido, es muy oportuna la aplicación de marcos teóricos de ecología funcional, particularmente, mediante la estimación de rasgos funcionales (RFs). No obstante, aunque la metagenómica permite con relativa facilidad el cómputo de medidas resumen de ciertos RFs (ej., la abundancia total de una capacidad metabólica específica), estimaciones más precisas, como la varianza o su distribución son más complejas de computar y no son comúnmente utilizadas. En este trabajo nos proponemos desarrollar una herramienta que permita la estimación de la diversidad y variabilidad de RFs medidos a partir de la anotación de genes. Con este desarrollo pretendemos suplementar las anotaciones de genes vinculados a RFs de interés, con estimaciones de diversidad y variabilidad intra-funcional. Específicamente, lo que estamos desarrollando consiste en un pipeline para el ensamblaje y clusterización de

marcos abiertos de lectura, de forma construir unidades proteicas operacionales (OPUs) (en analogía a las unidades taxonómicas operaciones (OTUs)). Estos OPUs podrán ser utilizados para caracterizar la diversidad intra funcional de RFs de interés que puedan ser identificados mediante la anotación de genes. Una vez desarrollada la herramienta, aplicaremos un análisis de validación en base a datos metagenómicos simulados a partir de genomas completos. De esta forma, podremos comparar las estimaciones de diversidad y variabilidad intra-funcional obtenidas utilizando nuestra herramienta, con estimaciones generadas a partir de secuencias de genes completos.

19. Análise comparativa de métodos de fixação de amostras para a enumeração de comunidades microbianas de ecossistemas aquáticos continentais por citometria de fluxo.

Rafael Araújo de Lemos¹, Hugo Miguel Preto de Moraes Sarmiento¹, Paula Huber¹

¹Laboratório de Biodiversidade e Processos Microbianos.

Os ecossistemas aquáticos continentais são essenciais para os ciclos biogeoquímicos, fornecendo serviços ecossistêmicos fundamentais regulando os fluxos de energia e a ciclagem de nutrientes. As comunidades microbianas aquáticas desempenham um papel importante nesses ecossistemas, sobretudo no ciclo do carbono já que uma parte do carbono de origem terrestre é processado, sequestrado nos sedimentos ou emitido para a atmosfera como resultado da respiração bacteriana. A citometria de fluxo é uma ferramenta que permite a quantificação de bactérias aquáticas de forma rápida, precisa e de baixo custo. O protocolo padrão envolve o uso de fixadores específicos e congelamento em nitrogênio líquido. No entanto, tanto a coleta quanto o processamento de amostras de água doce enfrenta desafios logísticos devido ao difícil acesso aos corpos d'água em regiões remotas onde a infraestrutura para a pesquisa é limitada. Por isso é necessário adaptar e rever os protocolos para a preservação de amostras de bactérias aquáticas para o uso da citometria de fluxo. O presente trabalho tem como objetivo analisar 8 fixadores celulares distintos, comparando sua ação para a conservação das populações bacterianas armazenadas em 3 diferentes condições de temperatura, pela comparação dos dados obtidos por citometria de fluxo. Assim, espera-se que a pesquisa revele um novo método de fixação celular, que facilite a amostragem e caracterização de comunidades microbianas aquáticas em sistemas continentais. Esse avanço poderá eliminar a necessidade de congelamento para conservar amostras, facilitando a quantificação de bactérias aquáticas em corpos d'água interiores e remotos.

20. Unveiling protists in a polyextreme ecosystem, Salar de Huasco (Atacama Desert, Chile), using high-throughput sequencing and unamended enrichments.

Raquel Rodríguez-Martínez¹²³, Cristina Dorador¹²³, María Francisca Luza-Miric²³

¹Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias del Mar, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile. ²Laboratorio Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile. ³Centre for Biotechnology and Bioengineering (CeBiB), Santiago, Chile.

Microbial Eukaryotes (protists) are extremely diverse and ecologically relevant, presenting key roles as bacterial grazers and nutrient remineralizers in aquatic systems. Analysis

through high throughput sequencing to identify and to have a representative fraction of protist diversity at different ecosystems has been a challenge. Furthermore, this diversity has been understudied in polyextreme systems. In this study, we are analysing the protist diversity at Salar de Huasco, a high-altitude (3,800 m) saline aquatic system (Chile). Environmental water samples were filtered for sequence analysis by two different pore sizes filters (0.8 and 5 μ m). For a wider sampling and better understanding of their microbial diversity samples were processed using two DNA extraction kits. Moreover, the selection of primers is crucial to be able to cover the diversity. Thereby, we have tested 2 set of primers for V4 region and another set for V9 region of the 18S rRNA gene. The amplicons were sequenced with Illumina MiSeq and analysed through DADA2 using PR2 database for taxonomic assignment. Additionally, three unamended enrichments have been done and analysed by a confocal microscope. As general results, relative abundance composition was highest for Alveolata, Archaeplastida, Opisthokonta and Stramenopiles. Dinoflagellates classified as Suessiales were the most abundant group in the highest salinity site (64 PSU). Additionally, in a small reddish pond, a dominant Chlorophyta appear together with a Perkinsea group. The classification also shows a great number of reads for Fungi and Ochrophyta (diatoms). This work is contributing to a better understanding of eukaryotes communities in polyextreme environments.

21. Distribución y diversidad de microorganismos oxidantes del amonio en ambientes marinos

Silvia Pajares¹, María del Carmen Pelayo¹

¹Unidad Académica de Ecología y Biodiversidad Acuática, Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Universidad Nacional Autónoma de México

Las arqueas y bacterias oxidantes de amonio (AOA y AOB) son ubicuas y abundantes en el océano global, desempeñando un papel fundamental en la nitrificación dentro del ciclo del nitrógeno marino. La ecología de estos organismos ha sido ampliamente estudiada a través de la subunidad α del gen amonio-monooxigenasa (amoA) en una gran variedad de hábitats marinos. Sin embargo, nuestro conocimiento sobre los patrones de distribución de estos actores clave en los entornos marinos aún es limitado y se basa principalmente en generalizaciones previas. Mediante un extenso metaanálisis y análisis filogenético de 11,657 secuencias de amoA de arqueas y 6,070 secuencias de amoA de bacterias, recopiladas de la literatura y bases de datos públicas, este estudio ofrece el primer marco integrador para comprender la biogeografía y diversidad de las comunidades oxidantes del amonio en diferentes entornos marinos.

En particular, encontramos un desbalance en los estudios de amoA realizados en los ambientes marinos, con la mayoría de estas secuencias recuperadas de sedimentos y agua, mientras que los arrecifes y las dorsales oceánicas permanecen en gran medida sin muestrear. Las AOA mostraron una mayor diversidad filogenética en comparación con las AOB, con una proporción significativa de secuencias amoA no clasificadas de AOA que podrían representar clados nuevos. En consecuencia, las AOA caracterizadas hasta ahora probablemente no representan a los grupos predominantes en los océanos. Los clados *Nitrosoarchaeum* y *Nitrosopumilus* fueron los más dominantes entre las AOA, mientras que *Nitrospira* fue dominante entre las AOB. La mayoría de los clados de AOA y AOB se concentraron en hábitats estuarinos, donde se ha enfocado la mayor parte de las investigaciones. Por lo tanto, es esencial ampliar los esfuerzos para recuperar secuencias amoA de hábitats poco explorados, como las ventilas hidrotermales, los manglares y el océano profundo.

22. Effects of the Floc & Sink technique on the biomass and composition of phytoplankton morpho-functional groups using natural ballasts

Vanessa Becker¹, Fernanda Monicelli Câmara Brito², Karina Patrícia Vieira da Cunha¹, Juliana Déo Dias³, Fabiana Oliveira Araújo⁴

¹Depto. de Engenharia Civil e Ambiental, Universidade Federal do Rio Grande do Norte.

²Programa de Pós-Graduação em Ecologia, Universidade Federal do Rio Grande do Norte.

³Depto. de Limnologia e Oceanografia, Universidade Federal do Rio Grande do Norte.

⁴Programa de Pós-Graduação em Engenharia Civil e Ambiental, Universidade Federal do Rio Grande do Norte.

The different characteristics of phytoplankton species, such as morphology and the mechanism of resistance to sedimentation, can impact the effectiveness of the Floc & Sink (F&S) technique. In this study, we aimed to analyze the effects of the F&S on biomass and phytoplankton composition, in eutrophic waters from semi-arid. We applied a chemical coagulant (Polyaluminum chloride-PAC), isolated and in combination with natural ballasts (Planosol, Beige Lime and White Lime). To assess adaptive strategies, such as positive buoyancy, we applied the Morphology-Based Functional Groups (MBFG) approach. The technique effects on the phytoplankton biomass and composition varied according to the sedimentation resistance mechanism. Group IV, lacking specialized characteristics, sedimented in all treatments. The presence of a mucilage sheath and aerotopes prevented its sedimentation in all treatments, and when *Microcystis aeruginosa* was not present, Group VII sedimented after all treatments. Neither Group V (flagellates) and VI (small diatoms), exhibited sedimentation. Also, filamentous cyanobacteria (Group VIII) demonstrated enhanced resistance to sedimentation and only sedimented when there was a combination of PAC + natural ballasts. Furthermore, employing natural ballast materials provides a cost-effective alternative for removing algal biomass, being observed a drop of 70 to 80%. Thus, the combination of PAC+ natural ballasts was more suitable to remove biomass than PAC alone.

23. Distribución global y expansión potencial de *Ceratium* (Dinophyceae) en Sudamérica: creación de una plataforma web interactiva

Victoria Accattatis¹, Micaela Milano², Ruan Dutra da Silva³, Paula Huber⁴, Sebastián Metz⁵, Antônio J. Calado⁶, Sandra C. Craveiro⁶, Marina Forastier⁷, Claudia Piccini⁸, Luciana de Souza Cardoso³, Melina Devercelli¹⁹

¹Instituto Nacional de Limnología (INALI), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Universidad Nacional del Litoral, Ciudad Universitaria, Santa Fe, Argentina.

²Facultad de Humanidades, Artes y Ciencias Sociales, Universidad Autónoma de Entre Ríos (UADER), Entre Ríos, Argentina. ³Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil. ⁴Departamento de Hidrobiología,

Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, Brasil. ⁵Department of Archaeology, University of York, York, UK. ⁶Department of Biology and GeoBioTec Research Unit,

University of Aveiro, P-3810-193 Aveiro, Portugal. ⁷Centro de Ecología Aplicada del Litoral (CECOAL), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET),

Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Corrientes, Argentina. ⁸Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Avenida Italia 3318,

11600 Montevideo, Uruguay. ⁹Centro Regional Litoral, Instituto Nacional del Agua, Santa Fe, Argentina.

Ceratium (clase Dinophyceae, familia Ceratiaceae) es un género de dinoflagelados de agua dulce distribuido en todo el mundo y considerado una especie invasora en varios sistemas acuáticos. Este estudio presenta una base de datos global que documenta las especies de *Ceratium*, la cual incluye registros publicados entre 1881 y 2023, además de 42 registros nuevos. Para visualizarlos, junto con la información ambiental asociada, desarrollamos una plataforma web interactiva y actualizable denominada "Ceratium Tracker" (<https://hjcw-mica-milano.shinyapps.io/CeratiumTracker/>). Dado que Sudamérica presentó el mayor número de registros recientes, calculamos la tasa de expansión y modelamos la distribución potencial en esta región, enfocándonos en las especies más frecuentes: *C. furcoides* y *C. hirundinella*. Encontramos que *C. hirundinella* tuvo una magnitud de expansión menor en comparación con *C. furcoides*, pero su invasión en Sudamérica comenzó antes. En solo una década, de 2002 a 2012, *C. furcoides* expandió su territorio invadiendo aproximadamente el 70% de Sudamérica. A partir de los modelos de distribución potencial resultantes, observamos que las áreas más susceptibles a *C. furcoides* se encuentran principalmente en la costa de Brasil y sus países vecinos. En contraste, las áreas de susceptibilidad para *C. hirundinella* se concentraron principalmente en el oeste de Argentina y Chile, en concordancia con las preferencias ambientales obtenidas de nuestros análisis.

24. Potencial metabólico de un estudio con WMS en el Golfo de México

Luciana Raggi¹, Alejandra Escobar-Zepeda², Ernestina Godoy³, Katy Juárez⁴

¹Instituto de Investigaciones en Ecosistemas y Sustentabilidad (IIES), Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). ²Sanger Institute, UK. ³Instituto Nacional de Salud Pública (INSP). ⁴Instituto de Biotecnología (IBT), Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).

El Golfo de México (GoM) es un entorno expuesto a hidrocarburos naturales, y la comunidad microbiana interactúa directa y continuamente con estos. Se realizó un análisis metagenómico para estudiar la composición bacteriana y su rol en la biogeoquímica del sistema. Se compararon dos regiones geográficamente distantes del GoM: noroeste (NW) y sureste (SE). Se hallaron diferencias en la composición microbiana y el potencial metabólico entre estas regiones, indicando un equilibrio delicado que sostiene a las comunidades microbianas y a los ciclos biogeoquímicos. Los sedimentos del NW son más oxigenados que los del SE, que tienen condiciones anaeróbicas. Ambos ambientes presentan genes para el metabolismo de azufre, nitrógeno e hidrocarburos, con una alta diversidad en genes degradadores de hidrocarburos. *Nitrospira* y *Sva0081* predominan en sedimentos, mientras que *Vibrio*, *Alteromonas* y *Alcanivorax* son comunes en el agua.

25. La amenaza creciente de cianobacterias: Un estudio de dos décadas de la laguna Chascomús

Janet Santucho¹, María Victoria Quiroga¹, María Eugenia Llames¹, Paula Huber², Leonardo Lagomarsino¹, José Bustingorry¹, Roberto Escaray¹, Horacio Zagarese¹, Fernando Unrein¹

¹Instituto Tecnológico de Chascomús (CONICET-UNSAM); Escuela de Bio y Nanotecnologías (UNSAM), Chascomús, Argentina. ²Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, Brasil.

Las floraciones de cianobacterias son cada vez más frecuentes en cuerpos de agua eutrofizados de la región pampeana en Argentina. Estas pueden afectar a la biota autóctona y ser un riesgo para la salud humana debido a sus cianotoxinas. La laguna Chascomús es

una laguna típica de la llanura pampeana, en la que se han registrado floraciones en los dos últimos años. El objetivo de este trabajo es analizar la dinámica del fitoplancton, en particular la composición específica de cianobacterias potencialmente tóxicas, durante dos décadas. Para ello, se cuantificaron las especies fitoplanctónicas y se calcularon sus biovolúmenes. A través de modelos aditivos generalizados (GAM) y análisis multivariados (PCA) se analizaron los cambios intra e interanuales (estacionalidad y tendencia) en los biovolúmenes del fitoplancton. Los taxones más representativos fueron las cianobacterias, clorofitas y diatomeas. Los análisis GAM mostraron una estacionalidad, con picos máximos de biovolumen total de cianobacterias durante los meses de otoño-invierno, de clorofitas en primavera y de diatomeas durante los primeros meses de verano. Por otra parte, se observó un incremento del biovolumen de cianobacterias filamentosas potencialmente nocivas como *Raphidiopsis mediterranea*, *Anabaenopsis spp.* y *Sphaerospermopsis aphanizomenoides* en detrimento de especies coloniales a lo largo del período estudiado. Los GAM mostraron que estas cianobacterias filamentosas tuvieron mayores biovolúmenes durante periodos de verano-otoño con tendencias al incremento durante periodos de aguas bajas, destacando que una de ellas (*R. mediterranea*) llegó a representar un 70% de biovolumen total de fitoplancton. Asimismo, el análisis de ordenamiento (PCA) basado en el biovolumen de las especies de cianobacterias mostró una evolución temporal gradual hacia el incremento de estas especies filamentosas. En conclusión, se observa un cambio gradual unidireccional a lo largo de dos décadas de estudio que tiende hacia una predominancia de cianobacterias potencialmente tóxicas.

26. Presencia de indicadores de contaminación fecal en ríos y arroyos del Bajo Delta del Paraná

Palacio Lautaro Eliseo¹, Chaparro Griselda¹, Sánchez María Laura¹, Sabio y García Carmen Alejandra¹

¹Laboratorio de Limnología, DEGE-IEGEB, UBA-CONICET, Buenos Aires, Argentina.

El Bajo Delta del Paraná (BDP), una zona de humedales muy importante en Sudamérica, ha sufrido en los últimos años grandes cambios antropogénicos como aumento de la ganadería, forestaciones, silvicultura e incendios, entre otros. En particular, la descarga directa de los efluentes domésticos sin tratar y las heces de animales que ingresan por escorrentía, dan lugar a la presencia de bacterias, virus y parásitos, los cuales representan un riesgo para la salud de la población que utiliza esta agua para beber o con fines recreativos. El objetivo general del proyecto es evaluar la calidad del agua en los ríos y arroyos del BDP y determinar los factores que influyen sobre la misma. En el presente trabajo, se analizó la abundancia de bacterias de origen fecal. Para esto, en marzo de 2024 se tomaron muestras de agua en 21 sitios ubicados sistemáticamente cada 10 km a lo largo de los principales ríos y arroyos del BDP. En cada sitio se hicieron recuentos de coliformes y *E. coli* mediante el método de filtración por membrana y cultivo en medio agarizado, selectivo y diferencial (Chromocult), incubándose hasta 48h a 37°C. Además, en cada sitio se midieron distintas variables limnológicas para su caracterización. La abundancia de *E. coli* superó el límite establecido por la US-EPA para el agua de uso recreativo (235 UFC/100mL) en el 91% de los sitios muestreados. El rango de abundancia, en los sitios donde se observó su presencia, fue de 333 a 20250 UFC/100mL. Se observó un gradiente espacial en el BDP de sitios con mayor abundancia, tanto de coliformes como *E. coli*, en las zonas cercanas al continente y con mayor población. En una siguiente etapa se realizará un nuevo muestreo para analizar posibles variaciones temporales debidas a la influencia de factores ambientales (precipitaciones, cambios hidrológicos, etc).

27. Efeito relativo das Variáveis Ambientais e da Paisagem na qualidade da Matéria Orgânica Dissolvida em Lagoas Costeiras Rasas Subtropicais utilizando espectroscopia e espectrofluorimetria.

Lucas Teixeira¹, Ng Haig They¹, Cecília Alonso²

¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS). ²Universidad de la República, Uruguay.

El objetivo de este estudio fue investigar el papel de las variables ambientales (VA) y del paisaje (VP) en la calidad de la materia orgánica disuelta (MOD) en 14 lagunas costeras someras del litoral sur de Brasil. Se realizaron muestreos en tres puntos de cada laguna y los datos del paisaje se obtuvieron de la bibliografía. Se llevaron a cabo análisis físicos y químicos del agua, obteniéndose 11 índices de calidad de la MOD (ICMOD) mediante espectroscopía, matrices de emisión/excitación y análisis PARAFAC. El Análisis de Redundancia Parcial (pRDA) reveló que las VP explicaron el 10,2% y las VA el 8,8% de la composición de la MOD, siendo un 22,5% explicado en conjunto. La pRDA de las VA mostró que índices como BIX > 0.6 y < 0.8 (MOD envejecida), Sr (MOD de menor peso molecular, acuático) y C3 (fluoróforos húmicos terrestres y ácido fúlvico) fueran influenciados por pH, clorofila-a, temperatura y sólidos suspendidos totales, especialmente en Marcelino, altamente eutrófica. La alta productividad, la pequeña área y la gran influencia marginal sugieren una mezcla de MOD de orígenes alóctonos y autóctonos. La pRDA de las VP con ICMOD mostró que Hix (índice de humificación), ag465/ag665 (MOD aromática) y C2 (MOD húmica terrestre) están relacionados con la distancia al mar y la variación de área en las lagunas Suzana y Emboabinha, que tienen baja productividad y menor entrada de MOD de origen terrestre. Sin embargo, índices como FI < 1,3 (MOD terrestre) y C3 se relacionaron con el área, conectividad y forma en la laguna Quadros, la mayor de la cuenca. Esta laguna recibe grandes cargas de efluentes agrícolas, comprometiendo la calidad del agua. Los ICMOD ayudan a entender cómo las variables ambientales y del paisaje afectan la MOD en las lagunas costeras, siendo importantes para orientar estrategias de conservación y gestión de estos ecosistemas.

28. Dinámica del metano y dióxido de carbono en lagos de la Meseta del Lago Strobel (Patagonia Sur, Argentina)

María Carolina Bernal¹, Sol Porcel¹, Paul A. del Giorgio², Carmen A. Sabio y García¹, Juan F. Saad³, Julio Lancelotti⁴, Irina Izaguirre¹

¹Laboratorio de Limnología, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. ²Carbon Biogeochemistry of Boreal Aquatic Systems" (CarBBAS) Laboratory, Département des sciences Biologiques, Université du Québec à Montréal (UQÀM). ³Centro De Investigación Aplicada Y Transferencia Tecnológica En Recursos Marinos "Almirante Storni" (CIMAS), Centro Científico Tecnológico CONICET - Centro Nacional Patagónico (CCT CENPAT) - CONICET. ⁴Instituto Patagónico Para El Estudio De los Ecosistemas Continentales (IPEEC-CENPAT), Centro Científico Tecnológico CONICET - Centro Nacional Patagónico (CCT-CENPAT) - CONICET.

Se realizó un muestreo exploratorio de la dinámica de metano (CH₄) y dióxido de carbono (CO₂) en cinco lagos de la Meseta del Lago Strobel (Santa Cruz, Argentina) cuyo nivel hídrico ha estado disminuyendo en los últimos años. Para ello se midieron variables limnológicas, presiones parciales en agua (pCH₄ y pCO₂) y flujos de intercambio difusivo en la interfase agua-atmósfera para ambos gases en dos sitios por lago. Los lagos Rod2, Rod3

y Rod16 albergan peces, a diferencia de Rod18 y Rod19. El ordenamiento por PCA explicó el 86% de la variabilidad total entre lagos; éstas se dividieron en primer lugar (65% de variabilidad explicada) entre aquellas con mayor concentración de nutrientes totales, Clorofila a y sólidos en suspensión orgánicos e inorgánicos (Rod3 y Rod18) y aquellas con mayor transparencia, pCO₂ y concentración de carbono inorgánico disuelto (Rod19). El segundo componente principal (21% de variabilidad explicada) las dividió en base a pCH₄ y concentración de carbono orgánico disuelto (mayores valores en Rod3, Rod18 y Rod19 y menores valores en Rod2 y Rod16). El mayor flujo medio de CH₄ hacia la atmósfera fue en Rod3 (5.8 mmol CH₄ m⁻²d⁻¹) seguido de Rod18 (1.8 mmol CH₄ m⁻²d⁻¹) mientras que el resto de los lagos presentó flujos de CH₄ menores a 1 mmol m⁻²d⁻¹. En cuanto a flujos de CO₂, Rod3 y Rod18 fueron sumideros de CO₂ atmosférico (-24.5 mmol CO₂ m⁻²d⁻¹ en ambas) mientras que el resto de los lagos emitió entre 0.2 y 4.1 mmol CO₂ m⁻²d⁻¹, comparable a emisiones de CO₂ de otros lagos pequeños oligotróficos en el mundo. El mayor flujo de CH₄ en Rod3 y Rod18, así como el ser sumideros de CO₂, podrían estar relacionados a la mayor disponibilidad de DOC como sustrato para la metanogénesis y a la mayor producción primaria en el caso del CO₂.

29. Variación espaciotemporal de la comunidad fitoplanctónica del Río Reconquista: comparación de tres clasificaciones funcionales (GFR, GMF y GFBM)

M. Celina Barreiro¹, Laura M. Calfayan¹, Marcos Tascon¹², Vanesa N. Salomone¹

¹Instituto de Investigación e Ingeniería Ambiental (IIIA-CONICET), Escuela de Hábitat y Sostenibilidad (EHyS), Universidad Nacional de San Martín (UNSAM), Campus Miguelete, 25 de mayo y Francia, 1650-San Martín, Buenos Aires, Argentina. ²Centro de Estudios sobre Patrimonios y Ambiente (CEPyA), Escuela de Hábitat y Sostenibilidad - Escuela de Arte y Patrimonio (EHyS-EAyP), Universidad Nacional de San Martín (UNSAM), Campus Miguelete, 1650-San Martín, Buenos Aires, Argentina.

El Río Reconquista (Buenos Aires, Argentina) recibe a lo largo de su curso vertidos de efluentes de actividades agrícolas, industriales, domiciliarias y de arroyos tributarios muy contaminados, que alteran la calidad del agua y pueden provocar cambios en la comunidad del fitoplancton. El objetivo de este trabajo es comparar el efecto de la variación espaciotemporal de distintos parámetros fisicoquímicos sobre la comunidad fitoplanctónica agrupada según diferentes clasificaciones funcionales reportadas en la literatura. Se tomaron muestras de agua y fitoplancton estacionalmente durante un año en 10 sitios, desde la naciente del río hasta su desembocadura. Se analizaron *in situ* y en laboratorio parámetros fisicoquímicos y limnológicos. Se determinó la abundancia (ind/mL) por método Utermöhl en muestras cuantitativas de fitoplancton y los individuos se clasificaron según Grupos Funciones de Reynolds (GFR), Grupos Morfofuncionales (GMF) y Grupos Funcionales Basados en Morfologías (GFBM). Para indagar las relaciones entre los dos conjuntos de variables se realizó un Análisis de Redundancia (RDA). Los dos primeros ejes lograron explicar el 48,99% de la variabilidad con un R² de 0,66 para GFR, 38,36% y R² de 0,54 para GMF y 55,26% y R² de 0,63 para GFBM. Los tres análisis mostraron una fuerte asociación espacial, agrupando a los sitios según el grado de contaminación. A su vez, las clasificaciones en GFR y GMF separaron mejor los sitios por estación del año. La gran variabilidad temporal sugiere ampliar el periodo de análisis. En los tres análisis se observó una respuesta distinta del grupo asociado a Chlorococcales unicelulares respecto al resto de grupos. Las tres clasificaciones utilizadas resultaron útiles para explicar la variación del fitoplancton en respuesta a la calidad de agua del Río Reconquista.

30. Indicadores microbianos de contaminación emergente en un observatorio marino

Martina Hagenlocher¹, Luciana Griffero¹ & Cecilia Alonso¹

¹Grupo Ecología Microbiana en Sistemas Acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República

La contaminación causada por contaminantes es una de las principales preocupaciones ambientales en aguas marinas y costeras y, en consecuencia, una temática de interés en el área de gestión ambiental. En particular, los contaminantes emergentes (CEs) comprenden sustancias no reguladas que tienen un efecto directo o indirecto en los organismos. Éstos incluyen pesticidas, productos farmacéuticos y de cuidado personal, hormonas, drogas veterinarias, drogas de abuso y detergentes, entre otros. Los niveles de contaminantes emergentes en ambientes acuáticos marinos suelen ser bajos, por lo tanto, su detección requiere métodos analíticos muy sensibles y muchas veces difíciles de implementar a escala de monitoreo. Nuestro grupo de trabajo viene desarrollando exitosamente una línea de identificación de indicadores microbianos de contaminación emergente en lagunas costeras. En este proyecto se buscará encontrar indicadores de diferentes niveles de contaminación por CEs a partir del uso de la composición taxonómica de las comunidades microbianas en un área protegida marina. Para ello, se analizarán muestras del Observatorio Microbiano del Atlántico Sur (SAMO, Uruguay), integrante de la red AMOLat. Se realizará la determinación analítica de un grupo de CEs utilizando cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas de alta resolución (HPLC-MS). Además, se analizará la composición del bacterioplancton a partir de la secuenciación Illumina del gen codificante de ARNr16 S. Se llevarán a cabo análisis estadísticos incluyendo el análisis del valor indicador (IndVal) para la determinación de indicadores asociados a diferentes categorías de impacto por CEs. A partir de los resultados obtenidos, se espera encontrar indicadores que respondan al impacto por estos contaminantes, y generar un insumo para ser aplicado en programas de monitoreo y evaluación de la calidad ambiental de sistemas marinos y costeros.

31. Evaluación del potencial tóxico de picocianobacterias en lagunas pampeanas

Melina Barrios¹, Fernando Unrein², María Carolina Bernal¹, Rodrigo Fernandez², Claudia Piccini³, Inés O'Farrell¹, Irina Izaguirre¹

¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires, Argentina. ²Instituto Tecnológico de Chascomús (CONICET-UNSAM); Escuela de Bio y Nanotecnologías (UNSAM), Chascomús, Argentina. ³Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay.

En la región pampeana, las floraciones de cianobacterias potencialmente tóxicas han aumentado significativamente en las últimas dos décadas como consecuencia del impacto de la actividad antrópica, convirtiéndose en un problema relevante para la calidad del agua y la integridad ecológica de los ecosistemas acuáticos. Este incremento no sólo incluye especies de cianobacterias filamentosas, como *Raphidiopsis mediterranea*, y coloniales, como *Microcystis aeruginosa*, conocidas por su producción de toxinas, sino que también se está registrando un notable aumento en la abundancia de picocianobacterias (Pcy). El aumento en el uso de agroquímicos podría estar impulsando el incremento de las Pcy en lagunas de la región. A pesar de su importancia, sólo unos pocos trabajos se han centrado en las floraciones masivas de las Pcy y su potencial tóxico. El objetivo de este trabajo fue evaluar la capacidad de las Pcy para producir cianotoxinas. Para ello, durante el verano se muestrearon 36 lagunas pampeanas con elevada biomasa fitoplanctónica en las que a partir de imágenes satelitales se infirió un probable desarrollo de floraciones de cianobacterias.

Las poblaciones de Pcy se cuantificaron mediante citometría de flujo, y luego se aislaron por cell-sorting aquellas poblaciones citométricas que resultaron de interés en cada laguna. Se extrajo ADN de las muestras sorteadas y se cuantificaron los genes mcyJ (microcistina) y sxt (saxitoxina) mediante qPCR. El gen mcyJ se detectó en nueve muestras, lo que permite inferir que las lagunas San Miguel del Monte, Lobos, Rocha, El Carpincho, Vedia, San Lorenzo y Chascomús albergan Pcy con potencial para producir estas toxinas. Por otro lado, no se detectó el gen sxt en ninguna de las muestras analizadas de Pcy. Este trabajo resalta la importancia de estudiar las fracciones más pequeñas del fitoplancton cianobacteriano, como las Pcy, debido a su potencial impacto como productoras de toxinas en los ecosistemas acuáticos.

32. La huella de la agriculturización en la estructura y capacidad funcional de las comunidades microbianas del humedal pampeano

Patricia Yong Macias¹, María de los Ángeles González Sagrario², María E. Llames^{1*}

¹Laboratorio de Ecología Acuática, Instituto Tecnológico Chascomús (INTECH, CONICET-UNSAM), Escuela de Bio y Nanotecnologías (UNSAM), Chascomús, Argentina. ²Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras (IIMyC), Universidad Nacional de Mar del Plata, CONICET, Mar del Plata, Argentina.

La eutrofización de las lagunas pampeanas, impulsada por la agriculturización y los cambios climáticos, ha alterado profundamente estos ecosistemas, afectando la diversidad y estructura de las comunidades microbianas. Este Plan de Tesis Doctoral tiene como objetivo utilizar el ADN ambiental conservado en sedimentos para reconstruir la historia reciente (últimos 150-200 años) de las comunidades bacterianas y comprender cómo los cambios en el uso del suelo y el clima han influido en su estructura y funcionalidad.

Las preguntas clave son: ¿Qué patrones de diversidad taxonómica y funcional bacteriana se observan a lo largo del tiempo?, ¿Cuáles son las variables forzantes en estos patrones? y ¿Cómo han respondido las comunidades bacterianas a las crecientes presiones antropogénicas?

Para ello, se analizará ADN preservado en sedimentos (sed-ADN) junto con indicadores paleolimnológicos y datos contemporáneos, con el fin de trazar la evolución de estas comunidades desde finales del siglo XIX hasta la actualidad. La hipótesis central plantea que los cambios en el clima y el uso del suelo han alterado las comunidades bacterianas, principalmente a través del reemplazo de filotipos dominantes.

Las predicciones incluyen: un aumento en la relación autótrofos: heterótrofos debido a la mayor carga de nutrientes derivada de la agriculturización y cambios climáticos; una disminución de la diversidad beta a lo largo del tiempo por la homogeneización de las comunidades; y la aparición de comunidades bacterianas adaptadas a ambientes ricos en nutrientes (copiotróficas).

Teniendo en cuenta los desafíos ambientales que enfrenta la región, obtener información histórica precisa sobre estas comunidades bacterianas es esencial para entender el impacto de estos cambios ambientales en la funcionalidad de los ecosistemas y en los servicios que estos proporcionan. Los resultados contribuirán a desarrollar estrategias informadas para el manejo sustentable y la restauración de estos cuerpos de agua, abordando un desafío crítico en el contexto del cambio global.

33. De la luz hacia la oscuridad: efecto de la fluctuación de ciclos de luz-oscuridad sobre el crecimiento del fitoplancton de una laguna somera turbia

Fernández, R.¹, Lagomarsino, L.¹, Calzadilla, P.², Unrein, F.¹

¹Instituto Tecnológico Chascomús (CONICET-UNSAM), Escuela de Bio y Nanotecnologías (UNSAM), Chascomús, Argentina. ²Department of Earth and Environmental Sciences, Faculty of Science and Engineering, University of Manchester, Manchester, United Kingdom.

La laguna Chascomús, un cuerpo de agua somero e hipertrófico típico la región Pampeana, se caracteriza por su alta turbidez (Zecchi promedio de 10 cm), lo que provoca la extinción de la luz en los primeros centímetros de profundidad. En consecuencia, el fitoplancton solo puede captar fotones en la superficie, pasando aproximadamente el 80% del tiempo en oscuridad. El movimiento vertical del fitoplancton es influenciado por el viento y determina su exposición a ciclos de luz y oscuridad, afectando su crecimiento y abundancia. Evaluamos la hipótesis de que la frecuencia de estos ciclos de luz y oscuridad influye directamente en la abundancia y crecimiento del picoplancton fotosintético. Para ello, se realizaron experimentos con cultivos de picocianobacterias y picoeucariotas aisladas de la laguna, sometiénolas a 4 frecuencias distintas de luz-oscuridad. Los cultivos fueron expuestos a una relación de 1:4 de luz manteniendo igual concentración de fotones en los 4 tratamientos. Una vez identificada la frecuencia de mayor crecimiento y se evaluó la respuesta fotosintética a distintas intensidades lumínicas, simulando irradiancia de invierno y verano en la laguna. Los cambios en la abundancia y las diferencias en la concentración de pigmentos se analizaron por citometría de flujo, mientras que los cambios morfológicos fueron evaluados por microscopía de epifluorescencia, además se realizaron curvas de producción de O₂ para estimar tasas de fotosíntesis en los tratamientos. Los resultados mostraron que la abundancia de picocianobacterias fue mayor en tratamientos con menor frecuencia, que simulaban una menor intensidad de viento. Además, se observó un aumento en la proporción de picocianobacterias agregadas y en la concentración de clorofila-a por célula. En contraste, las picoeucariotas no mostraron diferencias significativas en la tasa de crecimiento o agregación entre tratamientos, aunque también presentaron un aumento en la concentración de clorofila-a por célula en condiciones de menor intensidad de viento.

34. Dinámica temporal del bacterioplancton y la composición de la MOD en un arroyo urbano

Gomez Lugo, S.¹, Saraceno, M.¹, Gomez, B. M.², Bernal, C.¹, Saveika, C.^{1,2}, Porcel, S.¹, Sabio y García, C.¹, Graziano, M.¹

¹Laboratorio de Limnología, IEGEBA-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. ²Subgerencia Laboratorio de Calidad de Agua, Instituto Nacional del Agua.

Los arroyos del conurbano bonaerense, profundamente condicionados por las políticas de gestión de los últimos 60 años, presentan características hidrológicas, ambientales y sociales distintivas que condicionan su funcionamiento y la dinámica temporal de sus comunidades biológicas. En ellos, la comunidad bacteriana no ha sido profundamente estudiada, siendo de vital importancia para múltiples funciones, como el ciclado de nutrientes y el metabolismo ecosistémico. El objetivo fue analizar, en un arroyo urbano fuertemente impactado por la descarga de efluentes domésticos, la dinámica temporal del bacterioplancton y la Materia Orgánica Disuelta (MOD), y su relación con distintos factores climáticos, hidrológicos, y del hábitat ripario y acuático. En el marco de la Red AMOLat, se llevó a cabo el monitoreo mensual (Junio 2022-actualidad) de un sitio del arroyo San

Francisco (Claypole, Prov. Bs. As.). El bacterioplancton se analizó mediante citometría de flujo, y se caracterizó la composición de la MOD coloreada por espectrofotometría UV. La abundancia bacteriana estuvo en el rango entre 5.25×10^5 y 8.59×10^6 , predominando la fracción HNA (90% de las veces, HNA/LNA > 1). Por su parte, la MOD presentó una composición enriquecida en materia lábil y fresca (rango SlopeRatio, 0.93-2.54) en particular en los meses de invierno, y con muy bajo contenido de compuestos aromáticos (rango SUVA₂₅₄, 0.004-0.02), siendo el verano la estación que presenta mayor contenido. La abundancia bacteriana mostró una estacionalidad leve, asociada positivamente a la temperatura media del aire (rp 0.52, $p < 0.05$), mientras que la relación HNA/LNA se encontró asociada significativamente a los niveles de nitratos (rs 0,35) y NT (rs 0,57). En ambos casos, la composición de la MOD no mostró una asociación significativa. Estos resultados sugieren que el componente microbiano heterotrófico es relevante para comprender el funcionamiento del A° San Francisco, y su estructura se encuentra mayormente asociada a forzantes climáticos y a variaciones en el microhábitat acuático.

35. Dinámica temporal del picofitoplancton en dos lagos profundos y un lago somero andino- patagónicos y su relación con la temperatura del agua

Gerea, M.¹, Soto Cárdenas, C.¹, De Stefano, L.¹, Mansilla Ferro, C.¹, Allen Dohle, S.¹, Rizzo, A.², Diéguez, M. C.¹, Queimaliños, C.¹, García, P. E.¹

¹GESAP (Grupo de Ecología de Sistemas Acuáticos a escala de Paisaje), INIBIOMA (Universidad del Comahue-CONICET), Argentina. ²Laboratorio de Análisis Por Activación Neutrónica (LAAN), Centro Atómico Bariloche, Comisión Nacional de Energía Atómica, San Carlos de Bariloche, Argentina.

El picofitoplancton constituye entre 26-56% de la biomasa fitoplanctónica global, y junto con las bacterias heterotróficas cumplen un papel protagónico en el bucle microbiano de los sistemas acuáticos. En este estudio se analizó la dinámica temporal del picofitoplancton en 3 lagos templados andino-patagónicos, el lago somero Trébol (polimíctico) y los lagos profundos Moreno Este y Oeste (monomíctico-cálidos). En el lago somero, el análisis del picofitoplancton se abordó a través de muestreos sub-superficiales durante 32 meses consecutivos, mientras que en los lagos profundos se evaluó su dinámica vertical con una frecuencia estacional (5 fechas en un año). Los resultados obtenidos indicaron que las picocianobacterias (Pcy) y las picoeucariotas (Peuk) presentaron una dinámica temporal similar en ambos tipos de lagos. Las Pcy presentaron abundancias 2 ó 3 órdenes de magnitud superiores ($\sim 10^4 \text{ cel.mL}^{-1}$) a las Peuk ($\sim 10^2 \text{ cel.mL}^{-1}$), fluctuando ambas sincrónicamente con la temperatura del agua. En los lagos profundos la sincronía de las Pcy y los Peuk con la temperatura del agua fue muy precisa la mayor parte del año, exceptuando el invierno (período de mixis). La relación positiva hallada entre la temperatura del agua y la abundancia de las Pcy y de las Peuk en este estudio, coincide con resultados de otras investigaciones. En el contexto de cambio climático actual con sequías prolongadas y temperaturas crecientes que afectan la dinámica de los ingresos alóctonos y los procesos termo-dependientes en los lagos, es importante conocer los controles climáticos sobre las comunidades microbianas ya que éstas tienen un rol central en la dinámica trófica y biogeoquímica de lagos oligotróficos.

36. Análisis de la frecuencia y distribución de las floraciones de fitoplancton en un embalse eutrófico tropical y su relación con el fenómeno El Niño-Oscilación del Sur

Katherine Gallego Hurtado¹, Fabio de Jesús Vélez Macías²³, Juan Pablo Niño García¹³, Julie Andrea Arteaga Carrera⁴, Francisco José Molina Pérez¹³, María Carolina García Chaves¹³

¹Grupo de investigación en Gestión y Modelación Ambiental GAIA, Universidad de Antioquia, Medellín.

²Grupo de investigación GeoLimna, Universidad de Antioquia, Medellín.

³Profesor vinculado, Universidad de Antioquia, Medellín.

⁴Empresas Públicas de Medellín.

Las floraciones de fitoplancton son un fenómeno multifactorial ampliamente extendido en los sistemas acuáticos que ocasiona efectos adversos en los ecosistemas y la calidad del agua. En las zonas tropicales, este fenómeno es más frecuente y persistente, ya que factores como la luz y la temperatura presentan una menor variación estacional en comparación con latitudes más altas. Adicionalmente, la estacionalidad en estas regiones está regulada principalmente por los cambios de precipitación, que favorece los procesos de escorrentía y acumulación de nutrientes. Lo anterior, dificulta el estudio de la dinámica de las floraciones y sus factores impulsores en estas regiones. Nuestra hipótesis principal es que los patrones de distribución y frecuencia de las floraciones de fitoplancton en un embalse eutrófico tropical responden a las anomalías de precipitación y temperatura asociadas al fenómeno El Niño-Oscilación del Sur (ENSO). Para evaluar esta hipótesis, analizamos datos de clorofila-*a* del Embalse Porce II derivados del satélite Sentinel-2 durante el 2020 a 2023. Aplicamos un algoritmo de predicción de chl-*a* (R^2 : 0.56, MAPE: 38.0) para obtener mapas de distribución y frecuencia de las floraciones. Encontramos que la zona baja y media del embalse presenta la mayor frecuencia e intensidad de los eventos de floración, con un impacto en el 30.4% del área total del embalse. La chl-*a* presentó una alta variación temporal intra-anual (CV: ~30%) por lo que no identificamos patrones asociados a la estacionalidad. Por el contrario, observamos correlaciones estadísticamente significativas ($p < 0.05$) entre las variaciones interanuales de la chl-*a* y los índices del ENSO, siendo los meses asociados a condiciones de El Niño los que presentaron mayor frecuencia e intensidad de los eventos a diferencia de los meses asociados a La Niña. Estas diferencias están correlacionadas con el caudal del principal tributario del Embalse. Este trabajo identificó un patrón en la frecuencia e intensidad de las floraciones asociadas a las condiciones de El Niño en un sistema acuático tropical en un contexto de alta variabilidad climática.

37. Metabarcoding de amebas tecadas (Arcellinida), una nueva herramienta de evaluación de la salud ambiental en sistemas lénticos

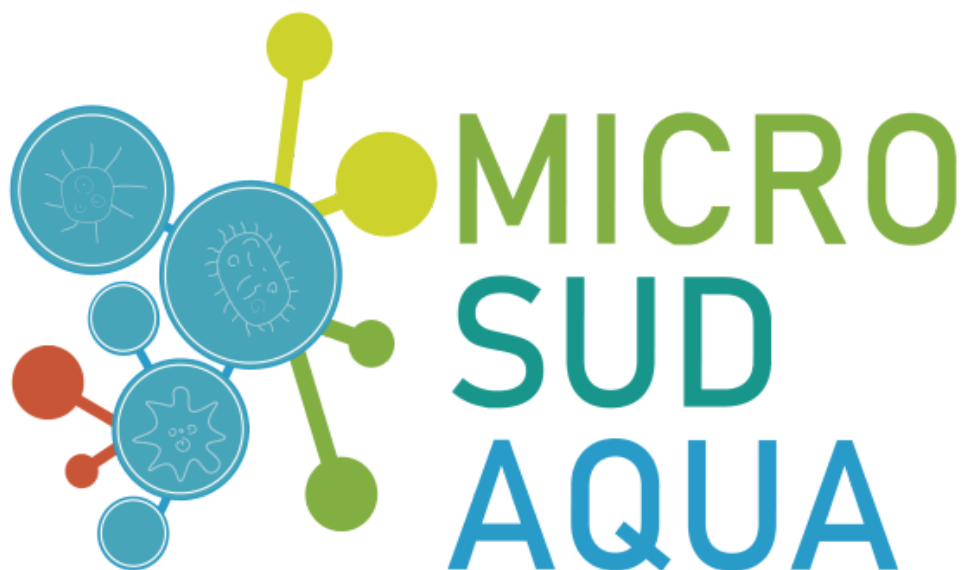
Enrique Lara 1 , Rubén González Miguéns 2 , Carmen Soler Zamora 1,3

¹Real Jardín Botánico-CSIC, Madrid, España,

²Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-Universitat Pompeu Fabra), Barcelona, España,

³Eurofins Cavendish, Ctra. Bailén-Motril, Parcela 102-B, Pol. Juncaril 18210 Peligros, Granada, Spain

La bioindicación, la evaluación de las respuestas biológicas a las perturbaciones ambientales, es crucial para evaluar la salud ambiental. Tradicionalmente, la bioindicación en ecosistemas de agua dulce se basaba en la observación y enumeración de organismos macroscópicos como los artrópodos. En la actualidad, el avance tecnológico que supone la secuenciación masiva y aplicada al ADN ambiental (eDNA) permite utilizar protistas como bioindicadores sin necesidad de pasar por una etapa de identificación morfológica. Proponemos aquí un nuevo enfoque basado en eDNA enfocado en Arcellinida, un grupo de protistas depredadores altamente especializados, para monitorear la calidad de los ecosistemas de agua dulce. Para ello, hemos desarrollado un protocolo específico de eDNA que permite evaluar su diversidad en muestras ambientales. A continuación, caracterizamos la diversidad de Arcellinida durante un año en tres puntos diferentes del Lago de Sanabria, un antiguo lago glaciar conocido por estar sujeto a perturbaciones antropogénicas, y comparamos esta diversidad con un sitio de control no perturbado. Los resultados indican una diversidad reducida en el Lago, tanto a nivel específico como infraespecífico. Asimismo, hemos realizado un muestreo extensivo de las cuencas hidrográficas de dos ríos del Sur de España, el Segura y el Guadiana. La diversidad más alta se encuentra en zonas de perturbación mediana. Además, hemos puesto en evidencia la existencia de potenciales especies bioindicadoras. Este trabajo permitirá el desarrollo de índices de calidad biótica que permitirán la evaluación de la calidad ambiental, con especial énfasis en sistemas lénticos.



Red Colaborativa en Ecología Acuática Microbiana de América Latina

Participantes

Nombre	Correo	Afiliación institucional	Situación laboral
Argentina			
Bárbara Marion Gomez	barbaramarion@gmail.com	Subgerencia Laboratorio de Calidad de Aguas, Instituto Nacional del Agua	Estudiante de doctorado
Carmen Sabio y García	carmeniica@gmail.com	Laboratorio de Limnología-DEGE-IEGEB, UBA-CONICET	Investigador
Fernando Unrein	funrein@intech.gov.ar	INTECH (CONICET-UNSAM)	Investigador
Gladys Janet Santucho	janetsantucho@gmail.com	Laboratorio de ecología acuática microbiana, Instituto Tecnológico de Chascomús, Universidad Nacional de San Martín	Estudiante de doctorado

Nombre	Correo	Afiliación institucional	Situación laboral
Irina Izaguirre	irinaizaguirre00@gmail.com	IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias exactas y Naturales, UBA	Investigador
Ines OFarrel	ines@ege.fcen.uba.ar	IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias exactas y Naturales, UBA	Investigador
Lautaro Eliseo Palacio	lautaro.eliseo.palacio@gmail.com	Laboratorio de Limnología, DEGE-IEGEBA, UBA-CONICET, Buenos Aires, Argentina.	Estudiante de doctorado
Marcela Bastidas Navarro	mbastidas@comahue-conicet.gob. ar	INIBIOMA (CONICET-UNCO)	Investigador
María Carolina Bernal	carobernal90@gmail.com	Laboratorio de Limnología, IEGEBA (CONICET-UBA), DEGE (FCEN-UBA)	Estudiante de doctorado
Maria Celina Barreiro	mbarreiro@unsam.edu.ar	Instituto de Investigación e Ingeniería Ambiental (IIIA-CONICET), Escuela de Hábitat y Sostenibilidad (EHyS), Universidad Nacional de San Martín (UNSAM), Campus Miguelete, 25 de mayo y Francia, 1650-San Martín, Buenos Aires, Argentina	Estudiante de doctorado
Maria Laura Sanchez	sanchezlaura80@gmail.com	Laboratorio Limnología, DEGE/IEGEBA, UBA/CONICET	Investigador
Maria Luz Padulles	luzpadulles@gmail.com	Programa de Estudios del ambiente, Departamento de Ciencias Aplicadas y Tecnología, Universidad Nacional de Moreno-CONICET	PosDoc
María Victoria Quiroga	mavictoriaq.vq@gmail.com	INTECH (CONICET-UNSAM)	Investigador
Mariana Lozada	lozada.mari@gmail.com	Laboratorio de Microbiología Ambiental, Instituto de Biología de Organismos Marinos IBIOMAR-CONICET, CCT CONICET CENPAT	Investigador
Marina Gereá	marinagerea@gmail.com	INIBIOMA (Universidad Nacional del Comahue-CONICET)	Investigador
Martín Graziano	martinymartin@gmail.com	Laboratorio de Limnología,	Investigador

Nombre	Correo	Afiliación institucional	Situación laboral
		IEGEBA CONICET-UBA	
Martín Saraceno	saracenomartin@gmail.com	Laboratorio de Limnología, IEGEBA-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.	PosDoc
Melina Barrios	melina.e.barrios@gmail.com	EGE	PosDoc
Melina Devercelli	meldevercelli@gmail.com	Ecología Microbiana Acuática / Instituto Nacional de Limnología / CONICET-UNL	Investigador
Michelle Ramer	michramer@gmail.com	Laboratorio de Limnología, IEGEBA-CONICET, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.	Otro
Nicolas Martyniuk	nmartyniuk@comahue-conicet.gob.ar	Lab. Limnología (INIBIOMA, CONICET - UN del Comahue)	Investigador
Patricia Yong Macias	p.yong@intech.gov.ar	Laboratorio de Ecología Acuática. Instituto Tecnológico de Chascomús. Universidad de San Martín	Estudiante de doctorado
Paulina Fermani	paulinafermani@gmail.com	IBIOMAR-CENPAT-CONICET	Investigador
Rodrigo Fernandez	rodriz.fernandez@gmail.com	Laboratorio de Ecología Acuática - INTECH	Estudiante de doctorado
Romina Schiaffino	rschiaffino77@gmail.com	Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CITNOBA, UNNOBA-UNSADA-CONICET).	Investigador
Sebastian Gomez Lugo	correocheogl@gmail.com	Laboratorio de Limnología (IEGEBA - UBA)	Estudiante de doctorado
Veronica Diaz Villanueva	diazv@comahue-conicet.gob.ar	Laboratorio de Limnología. Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medio Ambiente	Investigador
Victoria Accattatis	vickyaccattatis@gmail.com	Ecología microbiana acuática. Instituto Nacional de Limnología (CONICET-UNL)	Estudiante de doctorado
Brasil			
Ana Luiza Bortolozzo	abortolozzo@estudante.ufscar.br	Laboratório de Ficologia, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar)	Estudiante de grado

Nombre	Correo	Afiliación institucional	Situación laboral
Daniel Guido Giongo	daniel.giongo@estudante.ufscar.br	Laboratório de Processos e Biodiversidade Microbiana, Universidade Federal de São Carlos	Estudiante de grado
Eloisa Hummer	eloisahummer@estudante.ufscar.br	Laboratório de Processos e Biodiversidade Microbiana, Universidade Federal de São Carlos	Estudiante de grado
Hugo Sarmento	hsarmento@ufscar.br	LBPM / Laboratório de Processos e Biodiversidade Microbiana. Universidade Federal de São Carlos.	Investigador
Inessa Lacativa Bagatini	inessalacativa@ufscar.br	Laboratório de Ficologia, Universidade Federal de São Carlos	Investigador
Israel Cassiano de Oliveira	israelco@estudante.ufscar.br	Laboratório de Biodiversidade e Processos Microbianos, Universidade Federal de São Carlos	Estudiante de maestría
Larissa Broggio Raymundo	larissabr@estudante.ufscar.br	Laboratório de Processos e Biodiversidade Microbiana, Universidade Federal de São Carlos	Estudiante de doctorado
Lucas Teixeira de Oliveira	lucastdeoliveira1@gmail.com	Laboratório de Ecologia Aquática Microbiana, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)	Otro
Ng Haig They	haig.they@gmail.com	Laboratório de Ecologia Aquática Microbiana (LEAM), Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos (Ceclimar), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)	Investigador
Paula Huber	mariapaulahuber@gmail.com	Laboratório de Processos e Biodiversidade Microbiana, Universidade Federal de São Carlos	PosDoc
Rafael Araújo de Lemos	rafael.lemos@estudante.ufscar.br	LBPM / Laboratório de Processos e Biodiversidade Microbiana. Universidade Federal de São Carlos.	Estudiante de grado

Nombre	Correo	Afiliación institucional	Situación laboral
Vanessa Becker	becker.vs@gmail.com	Estudos Limnológicos do Semiárido (ELISA). Laboratório de Recursos Hídricos e Saneamento Ambiental, Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN)	Investigador
Canadá			
Michaela de Melo	michaelaldemelo@gamil.com	Département des sciences biologiques, Université du Québec à Montréal (UQAM)	PosDoc
Paul del Giorgio	del_giorgio.paul@uqam.ca	Dept. des sciences biologiques, Université du Québec à Montréal	Investigador
Chile			
Raquel Rodriguez Martinez	raquelrmcs@gmail.com	Ecología de protistas en sistemas acuáticos. Facultad de Ciencias del Mar. Instituto Antofagasta. Universidad de Antofagasta	Investigador
Colombia			
Katherine Gallego Hurtado	katherine.gallego@udea.edu.co	Grupo de Investigación en Gestión y Modelación Ambiental (GAIA) - Universidad de Antioquia	Estudiante de maestría
Angie Natalie Díaz Ruiz	natalie.diaz@udea.edu.co	Grupo de Investigación en Gestión y Modelación Ambiental (GAIA) - Universidad de Antioquia	Estudiante de maestría
Clara María Arboleda Baena	claraarboledab@gmail.com	Synthesis Centre, German Centre for Integrative Biodiversity Research	PosDoc
María Carolina García Chagas	mcarolina.garcia@udea.edu.co	Gestión y Modelación Ambiental (GAIA). Escuela de Microbiología. Universidad de Antioquia	Investigador
Juan Pablo Niño García	juan.nino@udea.edu.co	Gestión y Modelación Ambiental (GAIA). Escuela de Microbiología. Universidad de Antioquia	Investigador
Costa Rica			
Eddy H. Gómez Ramírez	eddy.gomez@ucr.ac.cr	Centro de Investigación en Ciencias del Mar y Limnología-CIMAR_Universid	Investigador

Nombre	Correo	Afiliación institucional	Situación laboral
		ad de Costa Rica.	
Carolina Marin Vindas	carolina.marin.vindas@una.cr	Universidad Nacional, Costa Rica	Investigador
España			
Enrique Lara	enrique.lara@rjb.csic.es	Departamento de Micología, Real Jardín Botánico-CSIC	Investigador
México			
Luciana Raggi	luciana.raggi@iies.unam.mx	Laboratorio de Agroecología, Instituto de Investigaciones en Ecosistemas y Sustentabilidad, UNAM	Investigador
María del Carmen Pelayo Zárate	marpelayozar@gmail.com	Maestría en Ecohidrología, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, Argentina // Unidad Académica de Ecología y Biodiversidad Acuática, Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Universidad Nacional Autónoma de México	Estudiante de maestría
Silvia Pajares Moreno	spajares@cmarl.unam.mx	Laboratorio de Ecología Microbiana Acuática, Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Universidad Nacional Autónoma de México	Investigador
Uruguay			
Martina Hagenlocher	martihagenlocher@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Estudiante de grado
Patricia Viera	imagodf@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Estudiante de maestría
Erick Mateus-Barros	erickmbarros@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del	PosDoc

Nombre	Correo	Afiliación institucional	Situación laboral
		Este. Universidad de la República	
Carla Kruki	carla.kruki@gmail.com	Centro Universitario Regional Este y Facultad de Ciencias, Universidad de la República	Investigador
Cecilia Alonso	ceci.babilonia@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Investigador
Claudia Piccini	claudia.piccini@gmail.com	Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE)	Investigador
Luciana Grifero	lugrif@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Investigador
Emiliano Pereira	pereiramemo@gmail.com	Centro Universitario Regional Este, Universidad de la República, Uruguay.	Investigador
Juan Zanetti	elgurudelmar@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Estudiante de maestría
Isabel Andrea Volz Gonzalez	volzisabel@gmail.com	Universidad de la República	Estudiante de doctorado