Taller virtual de la Red colaborativa en Ecología Microbiana Acuática en América Latina (µSudAqua)

21 y 22 de Octubre de 2021



Bienvenidos a nuestro 3er Taller y 1er encuentro virtual de la Red Colaborativa en Ecología Microbiana Acuática en América Latina (µSudAqua).

Como todos saben, debido a las condiciones sanitarias, este año no pudimos concretar el ansiado encuentro presencial, sin embargo no queríamos dejar de encontrarnos aunque sea de manera virtual. Este encuentro nos permitió seguir fortaleciendo nuestra red y dar continuidad a los grupos de trabajo.

En esta oportunidad, durante los dos días que duró el encuentro se inscribieron 88 investigadores y estudiantes, con una participación diaria promedio de alrededor de 60 personas, pertenecientes a 30 grupos de trabajo en ecología acuática microbiana de Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Costa Rica, México, Perú, Uruguay, Canadá, USA, España y Francia.

Queremos agradecer particularmente a la Dra. Clara Ruiz González por la excelente charla plenaria y por su activa participación a lo largo de las dos jornadas de trabajo. También le agradecemos a todos los integrantes, y a aquellos que se sumaron por primera vez, por seguir confiando en el trabajo grupal y por hacer realidad estos encuentros que fortalecen cada vez más nuestra red.

Ceriho Alerso

Comité organizador

Cecilia Alonso Universidad de la República Centro Universitario Regional del Este Intersección Rutas nacionales 9 y 15 27000. Rocha, Uruguay

Tel: +5998 4472 7001 interno 388 email: calonso@cure.edu.uy

Fernando Unrein

Instituto Tecnológico de Chascomús (INTECH), UNSAM-CONICET

Av. Intendente Marino Km 8,200

Chascomús (7130), Buenos Aires, Argentina

Tel: +54-2241-430323 ext110 email: funrein@intech.gov.ar

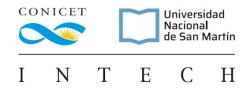
Hugo Sarmento Universidade Federal de São Carlos Dept. Hidrobiologia-DHb Rodovia Washington Luiz 13565-905. São Carlos, SP, Brasil

Tel: +55 (16) 3351 8451 (or8310) email: hsarmento@ufscar.br









Programa

Jueves 21 de Octubre	Viernes 22 de Octubre	
9-9:30 Bienvenida	9:00-11:30 Puesta en común del trabajo de cada uno de los Grupos de Trabajo al colectivo	
9:30-10:30. Plenaria Dra. Clara Ruiz González		
"Microbial metacommunities: Dispersal and connectivity as key drivers of the diversity and function of aquatic microorganisms"	11:30-12:30. Síntesis y Perspectiva	
11:00-17:00. Trabajo en Grupos		

Grupos de trabajo

Actualmente existen cuatro *grupos de trabajo* activos que se formaron en nuestro primer encuentro en Rocha (Uruguay) en diciembre de 2017.

El grupo de trabajo de "Composición química de bacterioplancton en sistemas acuáticos sudamericanos" durante el encuentro presentó un breve informe oral del estado actual de los trabajos que viene realizando. Mientras que los otros tres grupos de trabajo se reunieron durante los dos días que duró el taller virtual. A continuación incluimos un breve resumen de lo trabajado por cada uno.

Red de observatorios microbianos acuáticos latinoamericanos

El objetivo general de este microobservatorio es generar un trabajo colectivo entre grupos latinoamericanos para fortalecer los estudios regionales y colaborativos. De esta manera pretendemos fomentar un intercambio que nos enriquezcan en preguntas colectivas y locales, en la adquisición de técnicas, en la obtención de financiamiento, en la difusión de la información que se obtenga a escala latinoamericana.

En este encuentro se trabajó sobre tres temas puntuales:

- 1) Evaluar cómo tratar los datos colectados previo a la pandemia (abril-2019 / febrero 2020)
- 2) Definir si se pueden publicar los protocolos estandarizados
- 3) Definir fecha de reinicio simultánea para los sitios observatorios (evaluar nuevos sitios).

En primer lugar, se realizó una presentación de todos los resultados de la encuesta enviada a mediados del 2021 con el objetivo de censar el estado, debido a la pandemia, de los sitios observatorios que habían iniciado los muestreos en abril 2019. De los 10 sitios activos, solo 2 de ellos pudieron continuar los muestreos durante la pandemia.

En la primera sección, discutimos qué hacer con los datos tomados entre abril 2019-febrero 2020 (tomados simultáneamente en 10 sitios). Se decidió armar una planilla que será enviada esta semana a los miembros activos, para que todos los sitios completen qué muestras/datos fueron efectivamente tomados durante los muestreos de estas fechas y el estado de las muestras (tomadas/procesadas). Pedimos que esta planilla la completen lo antes posible, ya que es una manera de saber dónde estamos parados. Se definió poner como fecha límite marzo 2022 para que todos los observatorios tengan procesadas, al menos, las muestras de nutrientes y de citometría, de manera de armar la base de datos para analizar estos datos en conjunto a partir de esa fecha y elaborar un artículo científico. Marina y Sofía quedaron a cargo de hacer el seguimiento de la respuesta de las planillas.

En la segunda sección, Erik mostró cómo es el sitio "protocols.io" en el cual podríamos subir nuestros protocolos. Deberíamos traducirlos al inglés. Hay algunas otras revistas que permiten publicar protocolos. En la reunión final Hugo propuso la posibilidad de publicar un libro en Español/Portugués con los protocolos estandarizados de manera de hacerlo más accesible y que el PDF se descargue gratis de internet. Así mismo comentó que hay Universidades que financian este tipo de publicaciones. Debemos avanzar sobre este tema, no se estipulo tiempo límite.

En esta misma sección, hablamos de la posibilidad de pedir financiamiento externo de manera de poder financiar la secuenciación masiva de las muestras de ADN ambiental. Durante estos dos años se trabajó sobre un proyecto base liderado por Paulina, quien quedó encargada de aplicar a un subsidio NatGeo en la siguiente convocatoria.

En la tercera sección, escuchamos la propuesta de nuevos sitios observatorios interesados en unirse a la Red de Observatorios (México, San Antonio-Las grutas, Uruguay). *Pediremos confirmación de los nuevos grupos hasta el 28/2/2022.* Se definió dar RE-INICIO a la toma de muestras simultánea de la Red en <u>abril-2022.</u>

Sitio	Región	País	Comienzo de muestreo
Laguna Chascomús	Buenos Aires	Argentina	continua

Humedal CU	Ciudad Autónoma de Buenos Aires	Argentina	Continua*1
Río SF	Buenos Aires	Argentina	Continua*1
Rocha	Rocha	Uruguay	continua
BroaMo	San Carlos	Brasil	continua
Laguna El Trébol	Bariloche	Argentina	continua
Laguna Gómez	Buenos Aires	Argentina	continua
Golfo Nuevo	Chubut	Argentina	continua
Nicoya		Costa Rica	continua
Beagle	Tierra del Fuego	Argentina	Continua*2
Laguna Otero	Antártida	Argentina	Verano
Río Lujan	Buenos Aires	Argentina	Nuevo
Bahía San Antonio	Río Negro	Argentina	Nuevo
Golfo San Matías	Río Negro	Argentina	Nuevo
Lago Pátzcuaro	Michoacán	México	Nuevo
Río de la Plata		Uruguay	Nuevo
Villa Serrana	Montevideo	Uruguay	Nuevo

^{*1} Continuara CU y/o SF

Dirección de contacto para nuevos sitios interesados: uobservatorio@googlegroups.com

Rasgos funcionales en comunidades microbianas de agua dulce (basados en rasgos suaves y fáciles de medir)

[ES] Los rasgos son características medibles o cuantificables de los organismos que se relacionan directa o indirectamente con algún componente de su aptitud biológica, y varían a lo largo de los gradientes ambientales. La idea que subyace a la utilización de rasgos es que las comunidades se estructuran en base a características de sus organismos, y no por la identidad de las especies. Éstos pueden ser del tipo morfológico, fisiológico, comportamental o relacionado al ciclo de vida, y organizarse alrededor de funciones ecológicas como la reproducción, la adquisición de recursos y la evasión a la predación. En este sentido, los rasgos son funcionales cuando permiten predecir o explicar procesos, estrategias o respuestas a diferentes condiciones. Nuestro objetivo es estudiar el uso de rasgos funcionales a lo largo del espectro de las comunidades microbianas (picoplancton, fitoplancton > 2 um, nanoflagelados heterótrofos, microzooplancton) que resultan relevantes en ecología.

^{*2} Continuara si sigue el proyecto ROMA.

Durante el Encuentro de Octubre 2021, nos propusimos avanzar en una publicación de revisión sobre el empleo de los rasgos para estudiar comunidades microbianas acuáticas. Presentamos y discutimos los antecedentes sobre el tema, consensuamos una agenda y definimos grupos de trabajo con tareas específicas para llevarla adelante. En la publicación: (I) analizaremos el uso de esta aproximación en la literatura; (II) identificaremos rasgos transversales a todos los grupos y rasgos específicos de cada uno de ellos; (III) e indagaremos sobre los tipos de preguntas que se pueden responder mediante la aproximación de rasgos. Esto lo combinaremos con una contextualización histórica y las nuevas metodologías existentes (metagenómica, aprendizaje automatizado, sensoramiento remoto) y las teorías que explican el ensamblado y la coexistencia de especies más allá de la competencia, incluyendo interacciones como la facilitación, simbiosis y cooperación.

[PO] Traços são características mensuráveis ou quantificáveis em nível individual que se relacionam direta ou indiretamente com algum componente de seu desempenho biológico, e variam com gradientes ambientais. A ideia por trás do uso de traços funcionais é que as comunidades se estruturam com base nas características de seus organismos e não pela identidade de espécies. Estes traços podem ser do tipo morfológico, fisiológico, comportamental ou relacionados ao histórico de vida, e organizam-se ao redor de funções ecológicas como a reprodução, aquisição de recursos e prevenção da predação. Neste sentido, os traços são funcionais quando permitem predizer ou explicar processos, estratégias e respostas a condições variadas. Nosso objetivo é estudar o uso de traços funcionais em todo o espectro de comunidades microbianas (picoplâncton, fitoplâncton > 2 um, nanoflagelados heterotróficos, microzooplâncton) que sejam ecologicamente relevantes.

Durante o Encontro de outubro de 2021, nos propusemos a avançar em uma publicação de revisão sobre o uso dos traços para estudar comunidades microbianas aquáticas. Apresentamos e discutimos os antecedentes sobre o tema, concordamos com uma agenda e definimos grupos de trabalho com tarefas específicas. Para tanto (I) analisaremos o uso desta aproximação na literatura; (II) identificaremos traços transversais a todos os grupos e traços específicos de cada um dos microrganismos; (III) e indagaremos sobre os tipos de perguntas que podem ser respondidas através da aproximação por traços. Também combinaremos esta abordagem com o contexto histórico do uso de traços e de novos métodos (metagenômica, machine learning, sensoriamento remoto) e teorias que explicam agrupamentos e coexistência de espécies, para além da competição, incluindo facilitação, cooperação e simbiose.

Patrones de la diversidad microbiana

En esta reunión definimos como objetivos inmediatos:

- 1) cerrar el manuscrito de la uSud[db],
- 2) ver como podemos seguir alimentando la base de datos (se armará un documento de cómo es el protocolo para incluir más secuencias),
- 3) avanzar con los análisis exploratorios de bases de datos conjuntas de microsudaqua y de Canadá.

Esta base de datos conjunta ya está armada. Los datos de la uSud[db] y de Canadá, son comparables en cantidad de secuencias. Se agruparon las preguntas que nos gustarían explorar con esta base de datos en 4 grupos:

1- *Grado de novedad microbiana* (Hugo, Haigh They, Sebastián, Emiliano, Paula)

Hay endemismos en Sudamérica con respecto a las bases globales? Hay dominancias que son particulares en zonas de Sudamérica? Explorar el grado de novedad respecto de las bases globales, en cuanto a asignación taxonómica. Hacer curva de n muestras vs. n ASVs, para ver si estamos submuestreando y es por eso que no tenemos tanta diversidad en la base actual (analizar por ejemplo la pendiente de las curvas). Probar *Distance Decay*, partición de diversidad beta, especies área, etc.

2- Relaciones con el ambiente (Irina, Mariana, Beatriz, Romina, Michaela)

Averiguar cómo están los metadatos.

Armar variables categóricas, por ejemplo por tipo de sistema (lénticos/lóticos, someros/profundos,claros/turbios).

Agregar datos geológicos y de uso del suelo: https://soilgrids.org/;

3- Prevalencia y abundancia (Cecilia, Erick, Juan Pablo, Vicky Q, Vicky A)

Con las ASVs que se destaquen (por ejemplo especies indicadores de los distintos sistemas), realizar comparaciones a nivel global.

Analizar el *core* de especies. Especies dominantes, y ver qué ocurre también con las raras.

Aplicar modelos de abundancias (Juan-Pablo)

4- Redes de co-ocurrencia (Paula, Michaela, Inessa, Pedro, Sebastián, Emiliano)

Análisis de redes de co-ocurrencia de ASVs, por bioma y mirar complejidad y fuerza de las interacciones en relación a cambios de diferentes variables.

Además todos tenemos que revisar nueva página web (https://microsudaqua.netlify.app), que sale con el datapaper y comunicar correcciones a Eric (erickmbarros@gmail.com).

Muy importante: todas las secuencias de la base de datos tienen que haber sido enviadas a bases públicas, para poder enviar el datapaper. Se recomienda subirlas al ENA.

Próximo encuentro

Si las condiciones sanitarias lo permiten el año próximo nos reuniremos de manera presencial en Brasil, a orillas del mar!

La fecha establecida es del 11 al 15 octubre 2022.

El lugar es en Casa de Retiros Vila Fátima (http://www.vilafatima.org.br) en Florianópolis, Santa Catarina, Brasil.









Los esperamos!