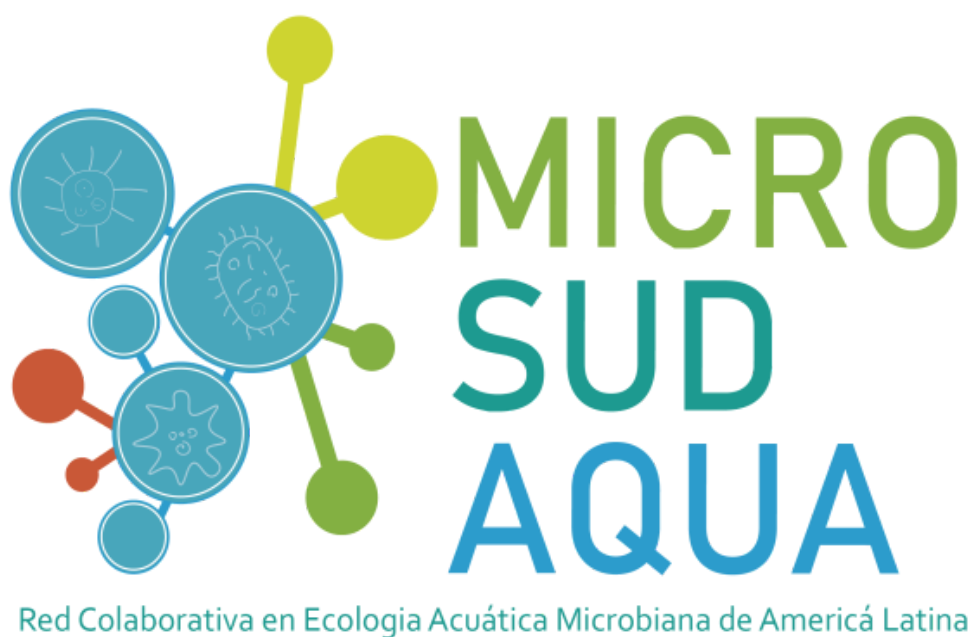


**3º Workshop da rede Colaborativa em Ecologia
Microbiana Aquática da América Latina**

***3º Taller de la Red colaborativa en Ecología
Microbiana Acuática en América Latina***



11 al 15 de octubre de 2022
Brasil

Livro de Resumos
Libro de Resúmenes

Bem-vindo ao 3º Workshop da Rede Colaborativa em Ecologia Microbiana Aquática na América Latina (μSudAqua)! É com grande prazer que recebemos a sua participação no segundo workshop da nossa rede. De 11 a 15 de outubro de 2022, 52 pesquisadores e alunos de graduação e de pós-graduação representando grupos de trabalho em ecologia microbiana aquática da Argentina, Brasil, Canadá, Chile, Colômbia, Costa Rica, Espanha, México e Uruguai se encontrarão para iniciar esta terceira 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 partilha e síntese.

Agradecemos especialmente aos palestrantes convidados, Carlos Pedrós-Alió e Enrique Lara, 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 apoio à organização do evento, possibilitando a participação dos estudantes neste workshop. E a todos vocês por confiarem e tornarem este encontro uma realidade, vamos ver o terceiro de muitos que virão.

Bienvenidos al 3º Taller de la Red colaborativa en Ecología Microbiana Acuática en América Latina (μSudAqua)! Con gran placer recibimos su participación en el segundo taller de nuestra red. Desde el 11 al 15 de octubre de 2022, 52 investigadores y estudiantes de grado y de posgrado representando grupos de trabajo en ecología microbiana acuática de Argentina, Brasil, Canadá, Chile, Colombia, Costa Rica, España, México y Uruguay nos damos cita para iniciar esta tercera 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, Carlos Pedrós-Alió y Enrique Lara, 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 la participación de dos estudiantes en este taller. Y a todos ustedes por confiar y hacer realidad este encuentro, que ojalá sea el tercero de muchos por venir.

Comité Organizador

Hugo Sarmento
Universidade Federal de São Carlos
Dept. Hidrobiologia - DHb
Rodovia Washington Luiz
13565-905. São Carlos, SP, Brasil
Tel: +55 (16) 3351 8451 (or 8310)
email: hsarmento@ufscar.br

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
(7130) Chascomús, Buenos Aires, Argentina
Tel: +54-2241-430323 ext 110
email: funrein@intech.gov.ar

Paul del Giorgio
Université du Québec à Montréal
Faculty of Science
Research Chair in Carbon Biogeochemistry in Boreal Aquatic systems
209 St Catherine St E,
Montreal, Quebec H2X 1L4, Canadá
Tel: 514-987-3000 ext. 2072
email: del_giorgio.paul@uqam.ca

Apoyan y financian

Université du Québec à Montréal (UQAM), Canadá: Research Chair in Carbon Biogeochemistry in Boreal Aquatic Systems (CarBBAS Chair)
Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Brasil
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina
Universidad Nacional de San Martín (UNSAM), Argentina
Universidad de la República, Uruguay



Participantes

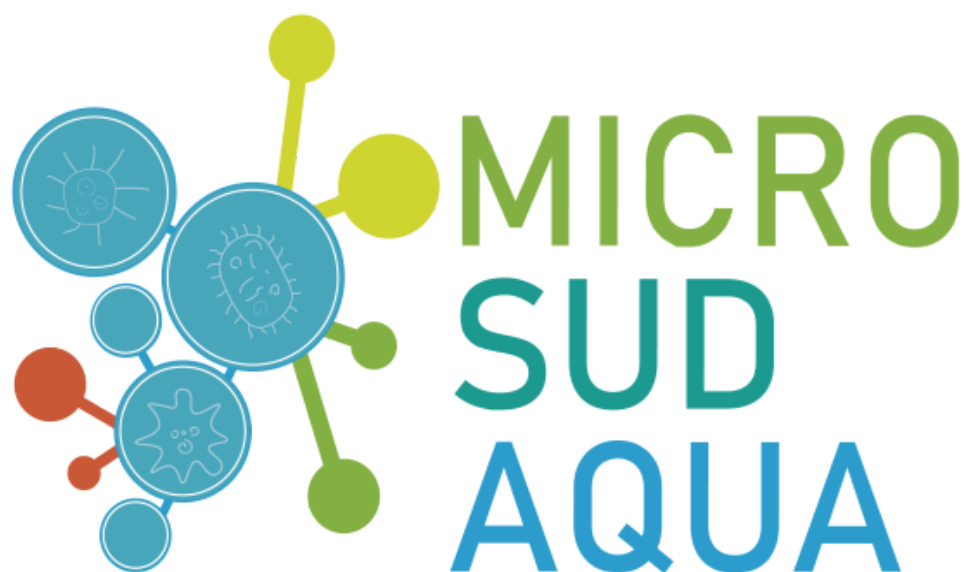
Nombre	Dirección de correo electrónico	Afiliación Institucional	Situación laboral
Argentina			
Ana Torremorell	anatorremorell@gmail.com	Programa de Ecología de Protistas y Hongos. Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas-Universidad Nacional de Luján-Comisión de Investigaciones Científicas.	Investigador
Beatriz Modenutti	bmodentti@comahue-conicet.gob.ar	Laboratorio de Limnología. INIBIOMA (CONICET-UNComahue). Bariloche.Argentina.	Investigador
Carolina Fernanda Mansilla Ferro	c.mansillaferro@gmail.com	Grupo de Ecología de Sistemas Acuáticos a Escala de Paisaje. CONICET PATAGONIA NORTE. Universidad Nacional del Comahue.	Estudiante de Doctorado
Fernando Unrein	funrein@intech.gov.ar	INTECH (UNSAM-CONICET), Chascomús	Investigador
Gladys Janet Santucho	janetsantucho@gmail.com	Laboratorio de Ecología microbiana acuática. UNSAM-INTECH	Estudiante de Doctorado
Irina Izaguirre	irinaizaguirre00@gmail.com	IEGEB (CONICET-UBA) - Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires	Investigador
Marcela Bastidas Navarro	mbastidas@comahue-conicet.gob.ar	INIBIOMA (CONICET-UNCOMA)	Investigador
Maria Carolina Bernal	carobernal90@gmail.com	Laboratorio de Limnología, Departamento de Ecología, Genética y Evolución (FCEN-UBA), Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (UBA-CONICET)	Estudiante de Doctorado
Maria Carolina Rodríguez	carolina.rodriguez.castro@gmail.com	Programa de Ecología de Protistas y Hongos (PEPHon), Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES, CONICET-Universidad Nacional de Luján)	Investigador
Maria Luz Padulles	luzpadulles@gmail.com	INEDES (UNLu-CONICET)	Estudiante de Doctorado

Nombre	Dirección de correo electrónico	Afiliación Institucional	Situación laboral
Mariana Lozada	marianalozada@protonmail.com	Laboratorio de Microbiología Ambiental, Instituto de Biología de Organismos Marinos, CCT CONICET-CENPAT	Investigador
Martín Saraceno	saracenomartin@gmail.com	Laboratorio de Limnología. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires.	Estudiante de doctorado
Matias Mariani	rivermariani@gmail.com	Laboratorio de Ecología Acuática, INTECH-Universidad Nacional de San Martín.	Estudiante de Doctorado
Melina Devercelli	meldevercelli@gmail.com	Ecología Acuática Microbiana. Laboratorio de Plancton. Instituto Nacional de Limnología. INALI, CONICET - UNL	Investigador
Nicolas Martyniuk	nmartyniuk@comahue-conicet.gob.ar	Laboratorio de Limnología, INIBIOMA	Investigador
Paulina Fermani	paulinafermani78@gmail.com	Laboratorio de Microbiología Ambiental-CENPAT_CONICET	Investigador
Rodrigo Fernandez	rodriz.fernandez@gmail.com	Laboratorio de Ecología Acuática, INTECH (CONICET-UNSAM), Chascomús, Argentina.	Estudiante de Doctorado
Victoria Accattatis	vickyaccattatis@gmail.com	Ecología acuática microbiana. Laboratorio de Plancton. Instituto Nacional de Limnología (CONICET-UNL)	Estudiante de Doctorado
Brasil			
Clara Arboleda-Baena	claraarboledab@gmail.com	Laboratório de Processos e Biodiversidade Microbiana, Universidade Federal de São Carlos	PosDoc
Erick Mateus Barros	erickmbarros@gmail.com	Laboratory of Microbial Processes and Biodiversity, Dept. Hydrobiology, Federal University of São Carlos (UFSCar), São Carlos, SP, Brasil	Estudiante de Doctorado
Fabio Castanheda	ffcastanheda@gmail.com	Laboratório de Ficologia do Museu Nacional UFRJ	Otro

Nombre	Dirección de correo electrónico	Afiliación Institucional	Situación laboral
Greyce Kelly Espolau da Silva Leite	greyce.espolau@gmail.com	Laboratório de Processos e Biodiversidade Microbiana, Universidade Federal de São Carlos	Estudiante de Maestría
Hugo Sarmento	hsarmento@ufscar.br	Laboratório de Processos e Biodiversidade Microbiana, Universidade Federal de São Carlos	Investigador
Inessa Lacativa Bagatini	inessalacativa@gmail.com	Laboratório de Ficologia, Universidade Federal de São Carlos	Investigador
Israel Cassiano de Oliveira	israelco@estudante.ufscar.br	Laboratório de Processos e Biodiversidade Microbiana, Universidade Federal de São Carlos	Otro
Lucas de Oliveira	lucastdeoliveira1@gmail.com	Laboratório de Ecologia Aquática Microbiana, Universidade Federal do Rio Grande do Sul	Otro
Nara Garcia	naragarcia23@gmail.com	Laboratório de Ficologia, Museu Nacional da Universidade Federal do Rio de Janeiro	Estudiante de Doctorado
Nátali Kegler Pivato Gonçalves	nkpivato@gmail.com	Laboratório de Ecologia Aquática Microbiana, Universidade Federal do Rio Grande do Sul	Otro
They Ng Haig	haig.they@gmail.com	Laboratório de Ecologia Aquática Microbiana, 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
Pedro Junger	pedro.junger@gmail.com	Laboratório de Processos e Biodiversidade Microbiana, Universidade Federal de São Carlos	Estudiante de Doctorado
Vera Huszar	vhuszar@gbf.com.br	Laboratório de Ficologia, Museu Nacional, UFRJ	Investigador
Canada			
Michaela Ladeira de Melo	michaelaldemelo@gmail.com	CarBBAS Group, Université du Québec à Montréal	PosDoc
Paul del Giorgio	del_giorgio.paul@uqam.ca	CarBBAS Group, Université du Québec à Montréal	Investigador

Nombre	Dirección de correo electrónico	Afiliación Institucional	Situación laboral
Chile			
María Francisca Luza Miric	fran_luza@hotmail.com	Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta	Estudiante de Maestría
Mónica Vásquez	mvasquez@bio.puc.cl	Laboratorio de Ecología Microbiana y Toxicología Ambiental, P. Universidad Católica de Chile	Investigador
Raquel Rodríguez-Martínez	raquelrmcs@gmail.com	Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta.	Investigador
Colombia			
Angie Natalie Díaz Ruiz	natalie.diaz@udea.edu.co	Grupo de investigación en modelación y ambiental	Estudiante de Maestría
Juan Pablo Niño García	juan.nino@udea.edu.co	Grupo de Gestión y modelación ambiental (GAIA)	Investigador
Maria Carolina García-Chavez	mcarolina.garcia@udea.edu.co	Grupo en Gestión y Modelación Ambiental (GAIA), Universidad de Antioquia	Investigador
Costa Rica			
Eddy H. Gómez Ramírez	eddy.gomez@ucr.ac.cr	Centro de Investigación en Ciencias del Mar (CIMAR) y Escuela de Química, Universidad de Costa.	Investigador
España			
Carlos Pedrós-Alió	cpedros@cnb.csic.es	Departamento de Biología de Sistemas, Centro Nacional de Biotecnología, CSIC	Investigador
Enrique Lara Pandi	enrique.lara@rjb.csic.es	Consejo Superior de Investigaciones Científicas, España	Investigador
México			
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

Nombre	Dirección de correo electrónico	Afiliación Institucional	Situación laboral
Uruguay			
Ana Martínez	anamart30@gmail.com	Ecología funcional de sistemas acuáticos, Centro Universitario Regional Este. Universidad de la República	Investigador
Carla Kruk	ckruk@yahoo.com	EsCALaS, MEDIA, CURE, Universidad de la República	Investigador
Carolina Croci	carocroha@gmail.com	Ecología Microbiana Acuática. Departamento de Microbiología. Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable	Estudiante de Maestría
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	Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable	Investigador
Facundo Lepillanca	facu.lepillanca@gmail.com	Laboratorio de Ecología Microbiana Acuática. Depto. Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Montevideo, Uruguay.	Estudiante de Maestría
Luciana Griffero Ramilo	lugrif@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Estudiante de Doctorado
Juan Zanetti	elgurudelmarm@gmail.com	Grupo Ecología Microbiana de Sistemas Acuáticos-Centro Universitario Regional Este, Universidad de la República.	Estudiante de Maestría



Red Colaborativa en Ecología Acuática Microbiana de América Latina

Resumos dos trabalhos apresentados

Resúmenes de trabajos presentados

1. Dinámica de la comunidad picoplanctónica (CP) y la materia orgánica disuelta (MOD) de la laguna el trébol, un sitio de la red de observatorios.

Mansilla Ferro Carolina¹, Gereá Marina¹, Diéguez María del Carmen¹, García Patricia Elizabeth¹

¹GESAP (Grupo de Ecología de Sistemas Acuáticos a escala de Paisaje), Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente (INIBIOMA), Universidad Nacional del Comahue, CONICET, Quintral 1250, Bariloche (8400), Argentina.

La MOD es la principal fuente de carbono de las bacterias heterotróficas en los sistemas acuáticos y su biodisponibilidad está asociada a su calidad y origen. En este estudio se analizó durante un año la dinámica natural de la MOD y la CP en un lago somero andino-patagónico. Se tomaron muestras de agua superficiales (0 m) y se midieron parámetros físicos in situ, la concentración de carbono orgánico disuelto (COD), de Clorofila a (Chla), de nutrientes y los parámetros ópticos de la MOD. En primavera ingresó un pulso de MOD alóctona (aromática y de alto peso molecular) y de nitrógeno y fósforo totales. Hacia el verano, aumentó la concentración de COD, la contribución de MOD autóctona y, disminuyó la Chla. La CP, integrada por bacterias heterotróficas (BH), picocianobacterias (Pcy) y picoeucariotas (Peuk), fue analizada con citometría de flujo. Observamos una marcada dominancia anual de las BH, con máximos de abundancia en otoño-invierno (correlación inversa con la temperatura; $r=-0.94$, $p<0.01$). Dentro de las BH, se diferenciaron dos subpoblaciones de bajo (LNA) y alto contenido de ADN (HNA). La relación (LNA:HNA) pasó de 9:1 en invierno a 1:1 en verano. Las BH estuvieron asociadas positivamente con el índice de humificación (HIX), evidenciando su actividad como humificadoras de la MOD. Las LNA correlacionaron positivamente con los nitratos y las HNA con la Chla. La abundancia máxima de Pcy ocurrió en primavera, coincidente con un máximo en la concentración de fósforo total. Las Peuk mostraron dos máximos de abundancia, uno en verano y otro en otoño, concomitante con una MOD más degradada y mayor disponibilidad de luz. La MOD (alóctona y autóctona) subsidió a las BH en invierno, que liberaron nutrientes esenciales para el desarrollo del picofitoplancton en el verano, cuando las BH disminuyeron marcadamente su abundancia, al tiempo que incrementaron su actividad metabólica..

2. Patrones espacio-temporales del picoplancton en el sistema río-llanura aluvial del Paraná

Unrein, F¹, S. Metz², P. Huber³ & M. Devercelli⁴

¹ Laboratorio de Ecología Acuática, INTECH (CONICET-UNSAM), Chascomús, Argentina

² CNRS, UMR 7144, Station Biologique de Roscoff, Place Georges Teissier, 29680 Roscoff, France.

³ Departamento de Hidrobiología, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Rodovia Washington Luiz, São Carlos, São Paulo, 13565-905, Brasil

⁴ INALI (CONICET-UNL), Santa Fe; INA-SCRL; IUSM-Prefectura Naval Argentina, Argentina "

El picoplancton (<2 μm) constituye la base de las tramas tróficas de los sistemas acuáticos. Ésta fracción ha sido muy poco estudiada en ríos. En particular, en aquellos grandes ríos con una extensa llanura aluvial, como el Paraná, se ignora completamente cuál es su dinámica y su contribución dentro del plancton. Éstos sistemas constituyen una red de ambientes con diferente grado de conexión y capacidad para intercambiar organismos y materia, mediada por fluctuaciones hidrológicas. El objetivo de este trabajo fue estudiar los patrones de abundancia y diversidad citométrica de las diferentes fracciones del picoplancton, en cuatro períodos hidrológicos en el tramo medio del Paraná, y su relación con las variables abióticas. Las bacterias heterotróficas promediaron $5 \cdot 10^6$ cels./ml. En los ambientes lóticos su abundancia fue relativamente constante, mientras que en las lagunas (especialmente lagunas aisladas) fue claramente mayor durante la fase de aguas bajas (LW), disminuyendo a medida que aumentó la conectividad de los ambientes en aguas altas (HW). El picofitoplancton promedió $9 \cdot 10^4$ cels./ml. Durante LW estuvo dominado por picocianobacterias (Pcy), mientras que en HW dominaron las picoeucariotas (Peuk), debido a una marcada disminución de la abundancia de Pcy durante períodos de mayor transparencia del agua. Si bien las Pcy estuvieron representadas mayormente por aquellas ricas en ficocianina (Pcy-PC), durante HW cobraron

relevancia las ricas en ficoeritrina (Pcy-PE), las cuales dominaron por sobre las Pcy-PC con valores de Secchi >80 cm. Las lagunas aisladas (IL) presentaron una variabilidad mucho mayor que los ambientes lóticos, tanto en abundancia como en diversidad citométrica. La importancia relativa del picofitoplancton respecto al fitoplancton total fue mayor en períodos de aguas bajas y menor conectividad, y disminuyó hacia períodos de HW. En cuatro ocasiones se detectaron bacterias anaeróbicas anoxigénicas fotosintéticas (AAPB) en ambientes vegetados anóxicos o sub-anóxicos.

3. La estructura de la trama trófica plantónica de una laguna eutrófica y su relación con las condiciones ambientales

Santucho, G.J., Quiroga, M.V., Diovisalvi, N., Fermani, P., Llames, M.E., Torremorell, A., Huber, P., Metz, S., Odriozola, M., Ospina-Serna, J., Castro-Berman, M., Lagomarsino, L., Pérez, G., Ferraro, M., Bustingorry, J., Escaray, R., Zagarese, H. & Unrein, F

Laboratorio de Ecología Acuática, INTECH (CONICET-UNSAM), Chascomús, Argentina

La laguna Chascomús se encuentra en la región húmeda pampeana y se caracteriza por ser somera, polimítica, turbia e hipertrófica. Esta región está influenciada por ciclos periódicos de sequía e inundación que generan la alternancia entre períodos de déficit y de exceso de agua. Esto produce cambios que afectan las condiciones abióticas de las lagunas e impactan directamente en la trama trófica planctónica, incluso teniendo efectos en niveles superiores, como, por ejemplo, la composición de peces. En este trabajo nos proponemos estudiar los cambios en estructura de la trama trófica planctónica de la laguna Chascomús en el tiempo y cómo estos cambios se relacionan con las condiciones ambientales. Para ello, se analizaron las principales variables abióticas y los organismos planctónicos, como el bacterioplancton, fitoplancton y zooplancton, durante 4 años con muestreos quincenales. Se observó que el nivel hidrométrico varió entre 1-3 m durante el periodo estudiado; los niveles mínimos ocurrieron durante un evento de sequía extraordinaria registrando una mortandad masiva de peces debido a las bajas temperaturas. Además, estos factores afectaron significativamente la composición del zooplancton, que impactó sobre la abundancia y composición de los organismos picoplanctónicos, especialmente, de las cianobacterias, que son las que dominan el fitoplancton. En particular, el path-analisis aplicado mostró una correlación altamente negativa entre la abundancia de pequeños cladóceros como Bosmina y la proporción de picocianobacterias unicelulares versus coloniales. De la misma manera, la abundancia de flagelados heterotróficos estuvo negativamente correlacionada con la proporción de bacterias heterotróficas unicelulares versus filamentosas. Estos resultados, sugieren que cambios en los estratos superiores de la trama trófica pueden inducir respuestas fenotípicas en las comunidades picoplanctónicas, potencialmente relacionadas con estrategias contra la depredación.

4. Resultados preliminares de un estudio exploratorio sobre la dinámica de CH₄ y CO₂ en el sistema de embalses en cascada sobre el río Limay (Patagonia, Argentina)

M. Carolina Bernal¹, M. Laura¹, Carmen Sabio y García¹, M. Solange Vera¹, Rodrigo Sinistro¹, Sol Porcel¹, Sofía Baliña¹, Zhe Li², Paul del Giorgio³, Irina Izaguirre¹.

¹ Laboratorio de Limnología, IEGEBA (CONICET-UBA), FCEN-Universidad de Buenos Aires

² Chongqing Institute of Green and Intelligent Technology, Chinese Academy of Sciences),

³ Laboratorio "Carbon Biogeochemistry of Boreal Aquatic Systems", Université du Québec à Montréal

La dinámica de gases de efecto invernadero en embalses ha cobrado importancia en los últimos años dado que se ha demostrado su relevancia en los balances de carbono globales. Realizamos un muestreo exploratorio estival de pCH₄ y pCO₂ disuelto subsuperficial, de fondo y de flujos de intercambio en la interfase agua-aire en el río Limay, tres de sus principales embalses en cascada (Alicura, Piedra del Águila y Ramos Mexía) y su principal afluente (Collon Cura). En los embalses muestreamos el fondo a profundidades entre 2 y 4m (zona litoral) y la subsuperficie en zona litoral y

en zona limnética (profundidad >25m). En tramos lóticos tomamos muestras subsuperficiales. El análisis de pCH₄ y pCO₂ reveló que todos los sitios presentan valores de pCH₄ mayores al aire, con lo cual emiten CH₄ hacia la atmósfera, mientras que la mayoría presenta valores de pCO₂ menores o similares al aire, con lo cual estarían en equilibrio con éste o captando CO₂. Por ejemplo, en el embalse Piedra del Águila se estimó un flujo de 7.01mg CH₄ m⁻²d⁻¹ hacia la atmósfera (R²=0.92), comparable a estimaciones estivales en un embalse joven en Canadá (Bastien et al.2011, Tabla3) y un flujo de 753.14mg CO₂ m⁻²d⁻¹ hacia el agua (R²=0.66). Los valores de pCH₄ y pCO₂ de profundidad y subsuperficie no difirieron significativamente en cada sitio litoral. Tampoco hubo diferencias entre sitios litorales y limnéticos de cada embalse. Los perfiles de oxígeno disuelto en sitios litorales revelaron que la columna de agua estaba bien oxigenada hasta el fondo. Estos resultados, junto con los valores de pCO₂ registrados menores al del aire sugieren una predominancia de producción primaria en estos sitios. Asimismo, los valores de pCO₂ en los embalses muestran un patrón decreciente río abajo, lo cual coincide con el aumento en el estado trófico en esa dirección.

5. Monitoreo del picoplancton en una laguna pampeana, Laguna de Lobos, Buenos Aires

María Luz Padulles¹, Adonis Giorgi¹, Eduardo Zunino¹, Ana Torremorell¹

¹ INEDES-UNLu-CONICET; Dto. Cs. Básicas-UNLu

Las lagunas pampeanas se caracterizan por ser someras, polimícticas, con tiempo de retención del agua elevado debido al terreno con baja pendiente. Son en su mayoría de aguas turbias, orgánicas o inorgánicas. La Laguna de Lobos es una típica laguna turbia orgánica, con un nivel elevado de eutrofia. Ubicada cerca de grandes urbes, con acceso rápido y fácil, tiene una gran importancia turística. Su área circundante presenta una gran fragmentación del paisaje con zonas urbanas, emprendimientos turísticos y de uso agropecuario. Entre septiembre del 2017 y mayo de 2019 realizamos un monitoreo mensual del picoplancton. Los recuentos los realizamos con un microscopio de epifluorescencia, utilizando tinción DAPI para las bacterias heterótrofas (HB). Diferenciamos morfotipos, para las HB: redondas, bacilos, coma y filamentosas. Para las picocianobacterias (Pcy): células individuales, agrupadas de a pares y coloniales, las cuales pueden ser filamentosas, tipo merismopédias o agrupadas. Y un único morfotipo para las picoeucariotas (Peuk). Las abundancias totales de las HB, las Pcy y las Peuk estuvieron entre 3,43.10⁶- 4,24.10⁷; 3,07.10⁴-3,67.10⁶; 0-1,93.10⁵ células/ml, respectivamente. No observamos un patrón estacional en las abundancias del picoplancton total ni en los morfotipos. Encontramos correlación positiva del número de HB totales con el Nitrógeno Total (p<0,01, r=0.67). Las bacterias redondas correlacionan negativamente con la profundidad del disco de Secchi (p<0,05, r=-0.55). Los bacilos correlacionaron con la relación NT/PT (p<0,05, r=0,54) positivamente. Con respecto al fitoplancton, los bacilos y las Pcy filamentosas correlacionan con las cianofitas (p<0,01, r=0,62; p<0,05, r=0,50, respectivamente). Y las Pcy filamentosas a su vez correlacionan con las clorofitas (p<0,05, r=0,51). Según estos resultados preliminares los componentes identificados del picoplancton estarían regulados por distintos factores, por un lado las HB por nutrientes, control bottom up, mientras que la pcy y peuk no estarían controladas por nutrientes, abriendo un interrogante a explorar en el futuro.

6. ¿Puede sobrevivir Escherichia coli en arroyos urbanos?

Martín Saraceno¹, Martín Graziano¹

¹ Laboratorio de Limnología, IEGEBA, FCEyN, UBA

La presencia de patógenos en aguas urbanas es un problema sanitario y ambiental de creciente relevancia. Se ha propuesto, en base a su frecuente detección en ambientes secundarios, que E. coli – particularmente el filogrupo intraespecífico B1 – persistiría en ellos bajo condiciones de temperatura y nutrientes permisivas. Nuestro objetivo fue explorar experimentalmente la supervivencia y la formación de biofilm de diferentes filogrupos de E. coli (A, B1, B2, D, E, F/G) en aguas provenientes de

una cuenca urbanizada. Los ensayos se realizaron en placas multiwell sobre 73 aislamientos recuperados de una red de arroyos urbanos del Área Metropolitana de Buenos Aires. Los ensayos de supervivencia se realizaron incubando en agua del mismo origen (9.88 mg/L DOC; 14.9 mg/L DIN; 1.6 mg/L SRP), en agua milli-Q y en caldo LB a 25°C durante 8hs, monitoreando la absorbancia (570nm). El biofilm se cuantificó por tinción con cristal violeta (48hs de incubación). Se evaluaron diferencias entre filogrupos para cada variable mediante modelos lineales generales mixtos. En los ensayos de supervivencia sólo A y B1 presentaron tasas de crecimiento positivas en agua de la cuenca (A: 0.23 ± 0.18 día⁻¹; B1: 0.19 ± 0.17 día⁻¹). La formación de biofilm fue significativamente mayor en B1 (post-hoc Tukey, $p < 0.05$). Con los resultados obtenidos se realizó un agrupamiento jerárquico de los aislamientos, identificándose 4 grupos: Grupos 1 y 2 con tasas de crecimiento positivas (elevadas y medias, respectivamente) y nula formación de biofilm (mayormente A); Grupo 3 con elevada formación de biofilm y tasas de crecimiento bajas (mayormente B1); y Grupo 4 con crecimiento negativo y formación de biofilm nula (enriquecido en D). En suma, lo analizado apoya a la hipótesis de persistencia de *E. coli* en ambientes acuáticos degradados, siendo en particular la habilidad de formar biofilm de B1 un rasgo clave en favorecer a este fenómeno.

7. Tamaño corporal de invertebrados planctónicos en lagunas de clima semiárido: efectos de la temperatura y la salinidad

Matias Mariani¹, Nadia Diovisalvi¹, Horacio Zagarese¹, Alicia Vignatti², Santiago Echaniz b y Gerardo Cueto³

¹ Laboratorio de Ecología Acuática, INTECH-Universidad Nacional de San Martín, Buenos Aires

² Grupo de Ecología y Fisiología del Zooplancton, Universidad Nacional de La Pampa

³ Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Universidad de Buenos Aires

El tamaño corporal es un rasgo clave en la fisiología y ecología del zooplancton (Brown et al. 2004), pudiendo tener efectos sobre los niveles tróficos inferiores (Gianuca et al. 2016) y resulta fuertemente afectado por las condiciones ambientales (Gutierrez et al. 2018). En este trabajo evaluamos los efectos de la temperatura y salinidad sobre la talla de especies del zooplancton en 17 lagunas de la región semiárida pampeana, Argentina. Las lagunas fueron muestreadas mensual o estacionalmente durante 1-2 años en el período 1995-2015. La temperatura media mensual se estimó a partir de datos satelitales, en tanto que la salinidad se midió in situ. El análisis se focalizó en el grupo de especies “comunes” (i.e., aquellas presentes en al menos 6 lagunas y más de 300 individuos medidos), constituido por 2 cladóceros (*Daphnia menucoensis* y *Moina eugeniae*), 3 copépodos (*Boeckella poopoensis*, *Cletocamptus deitersi* y *Metacyclops mendocinus*) y 4 rotíferos (*Brachionus angularis*, *Brachionus dimidiatus*, *Brachionus plicatilis* y *Hexarthra fennica*). Las 9 especies estuvieron presentes en el rango térmico estudiado (5-27 °C). El tamaño medio poblacional de *M. eugeniae*, *C. deitersi*, *H. fennica*, *B. poopoensis* y *B. plicatilis*, disminuyó con la temperatura, particularmente en las tres primeras especies. En general, la relación encontrada fue aproximadamente lineal. La distribución de la mayoría de las especies estuvo restringida a condiciones oligo-mesohalinas, excepto *B. plicatilis*, *M. eugeniae* y *B. poopoensis*, las cuales ocurrieron también en condiciones hipersalinas (hasta ~ 90 g/L). En cuatro especies se observaron cambios significativos del tamaño corporal con la salinidad: la tendencia fue creciente en *B. poopoensis* y *B. dimidiatus*, decreciente en *M. eugeniae*, en tanto que en *B. plicatilis* mostró una relación no-lineal con un máximo alrededor de 30 g/L. Las poblaciones resultaron sensibles frente a ambos factores, siendo evidente la reducción con el aumento de la temperatura.

8. Estructura y dinámica de las comunidades microbianas asociadas al alga invasora costera patagónica *Undaria pinnatifida*

Paulina Fermani¹, María Soledad Zabala², Marina Gereá³, María Eugenia Segade⁴, Patricia E. García³, Fernando Unrein⁵, Mariana Lozada¹

¹Laboratorio de Microbiología Ambiental (CENPAT-CONICET), Puerto Madryn, Argentina

²Laboratorio de Reproducción y Biología Integrativa de Invertebrados Marinos (IBIOMAR-CONICET), Puerto Madryn, Argentina

³Grupo de Ecología de Sistemas Acuáticos a Escala de Paisaje (GESAP, INIBIOMA-CONICET-UNComa), Bariloche, Argentina

⁴Instituto de Biología de Organismos Marinos (IBIOMAR-CENPAT-CONICET)

⁵Laboratorio de Ecología Acuática, Instituto Tecnológico de Chascomús (CONICET-UNSAM), Chascomús, Argentina

Los ambientes costeros son uno de los ecosistemas más valiosos del mundo ya que sus comunidades proveen diversos servicios ecosistémicos y son capaces de sustentar una importante diversidad biológica. El área del Golfo Nuevo (Patagonia Argentina), una de las regiones marinas de mayor productividad y biodiversidad, ha sido invadida por el alga *Undaria pinnatifida*, dando como resultado importantes cambios ecológicos y daños económicos. Los exudados de *Undaria* pueden ser asimilados por los microorganismos, los cuales juegan un papel fundamental en las redes tróficas costeras. Debido a la importancia del Golfo Nuevo en el contexto de áreas protegidas, el objetivo de este trabajo es evaluar la estructura y dinámica de las comunidades microbianas en dos profundidades: a nivel superficial y asociadas al banco de algas de *U. pinnatifida*. Se observó que las comunidades microbianas estuvieron representadas por bacterias heterótrofas con bajo y alto contenido de ácido nucleicos (LNA y HNA) durante todo el año. Su abundancia estuvo relacionada con factores físico-químicos, la estacionalidad y la zona de muestreo. En el banco de algas, el peso seco de *Undaria* fue elevado (media=116g/m²), y siguió un patrón estacional, decayendo hacia el final de la época estival; el cual se vio reflejado en la estacionalidad del carbono orgánico disuelto (DOC) y la elevada abundancia de HNA (8,49x10⁵ind/ml). Además, a final del verano se registró un pico de clorofila-a (5,09µg/l), probablemente asociado a organismos mixótrofos que se benefician de este DOC. Por el contrario, en superficie, se observó un patrón desacoplado del banco, con un máximo valor de clorofila-a en invierno (2,44µg/l), coincidentemente con el ingreso de nutrientes (NO₂+NO₃). Estos resultados sugieren que en este ambiente costero patagónico, la mayor productividad estaría relacionada con las comunidades microbianas asociadas al banco de *Undaria*, agregándole un efecto más a los múltiples ya conocidos de esta alga invasora.

9. Efecto de la fluctuación de ciclos luz-oscuridad sobre el crecimiento y la fotosíntesis del picoplancton fotosintético de una laguna eutrófica

Fernández, R., L. Lagomarsino & F. Unrein

Laboratorio de Ecología Acuática, INTECH (CONICET-UNSAM), Chascomús, Argentina.

La laguna Chascomús es un cuerpo de agua somero, hipertrófico y polimictico. Debido a su elevada turbidez (Secchi promedio 11 cm), la luz que penetra en la columna de agua se extingue en los primeros centímetros de profundidad, con lo cual el fitoplancton solo puede captar fotones cuando se encuentra cerca de la superficie. Dado que la laguna posee en promedio 2 m de profundidad, las algas pasan aprox. el 80% del tiempo en completa oscuridad. Estudios previos realizados por nuestro grupo de trabajo, muestran que, contrariamente a lo esperado, las picocianobacterias son más abundantes en los meses de invierno que en primavera-verano. En invierno es justamente cuando la transparencia del agua es mayor. Nuestra hipótesis es que el movimiento vertical que experimenta el picoplancton en la laguna está influenciado por ciclos de luz y oscuridad que serían un factor determinante para el crecimiento de estos organismos y en consecuencia para determinar la composición fitoplanctónica. Para esto planteamos simular el movimiento vertical que experimenta el

picoplancton fotosintético sometiendo las algas a diferentes tipos de luz y oscuridad. Las dosis relativas de luz y oscuridad, se estimaron utilizando ecuaciones para lagunas someras mezcladas por viento, y utilizando variables medidas previamente en la laguna. Se utilizaron cepas de picocianobacteria ricas en ficocianina y picoeucariotas previamente aisladas de la laguna. Los experimentos se llevaron a cabo a 20°C, con dosis de luz y oscuridad (1:4) a 3 frecuencias distintas y utilizando un tratamiento control de luz continua en la misma proporción que los tratamientos. Los cambios en las poblaciones se analizaron por citometría de flujo. Los resultados muestran un mayor crecimiento del picoplancton fotosintético en los ciclos de luz más largos, así como un aumento en la concentración relativa de clorofila.

10. Posicionamiento filogenético y asignación taxonómica de secuencias desconocidas a partir de la construcción de un árbol de referencia para Dinoflagelados

Victoria Accattatis¹, Sebastián Metz², Paula Huber³, Melina Devercelli¹

¹ Instituto Nacional de Limnología (INALI, CONICET-UNL), Santa Fe, Argentina

² CNRS, UMR 7144, Station Biologique de Roscoff, Place Georges Teissier, 29680 Roscoff, France

³ Departamento de Hidrobiología, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Rodovia Washington Luiz, Sao Carlos, Brasil

Los dinoflagelados (superfilo Alveolata, clase Dinophyceae) son un grupo diverso de organismos eucariotas principalmente unicelulares que ocupan nichos importantes en ambientes marinos y dulceacuícolas. Su adaptación a una gran variedad de ambientes se refleja en una inmensa diversidad de formas, tamaños y modos nutricionales. A pesar de que su monofilia y posición dentro del grupo Alveolata están bien establecidos, las relaciones filogenéticas entre los órdenes siguen sin resolverse. En ese sentido, nos propusimos construir un árbol de referencia con alto soporte estadístico para la clasificación filogenética de secuencias cortas del gen 18S ARNr pertenecientes a este grupo. Para la construcción del árbol de referencia, se descargaron todas las secuencias de dinoflagelados de la base de datos pr2, se realizó un posicionamiento filogenético con EPA-ng en un árbol de referencia con 241 secuencias (18S+ITS+28S) descargado de bibliografía, y una posterior asignación taxonómica con Gappa. A partir de esto, se trabajó independientemente con cada orden: se agregaron las secuencias clasificadas en cada uno con MAFFT –add al alineamiento de referencia y luego se construyó el árbol resultante con IQ-TREE. Una vez que todos los órdenes dentro de los dinoflagelados estuvieron adecuadamente representados en el árbol con valores de bootstrap significativos, se realizó la clasificación filogenética y la anotación taxonómica de 3844 secuencias ambientales con los softwares EPA-ng y Gappa. Estas secuencias forman parte del módulo EukBank (repositorio de metabarcodes de ecosistemas mundiales) dentro de la iniciativa internacional UniEuk que tiene como objetivo construir un marco taxonómico universal adaptable y flexible para eucariotas. La importancia de este trabajo radica en la posibilidad de clasificar filogenéticamente secuencias desconocidas obtenidas de amplicon sequencing, las cuales no han podido ser asignadas taxonómicamente por métodos tradicionales.

11. Unifying microorganisms and macrograzers ecological networks in intertidal rocky shores

Arboleda-Baena, C^{2,4*}, Pareja, B², Poblete, J², Berlow, E³, Sarmiento, H⁴, Logares, R⁵, De la Iglesia, R^{2,6}; Navarrate, S^{1,6}

¹ Estación Costera de Investigaciones Marinas and Center for Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Pontificia Universidad Católica de Chile, Las Cruces, Chile

² Laboratorio de Microbiología Marina, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile

³ Vibrant Data Labs, Berkeley, CA, USA

⁴ Laboratory of Microbial Processes & Biodiversity. Universidade Federal de São Carlos - Rod. Washington Luiz, s/n - Monjolinho, São Carlos - SP, 13565-905 São Paulo, Brazil

⁵ Instituto de Ciencias del Mar – CSIC, Paseo Marítimo de la Barceloneta, 37 – 49, 080003 Barcelona, Catalonia, Spain

⁶ Marine Energy Research & Innovation Center (MERIC), Avda. Apoquindo 2827, Santiago, Chile

In the last decades, we have expanded our knowledge about the critical role that microbes play in virtually all ecosystem processes. This rich knowledge contrasts with our poor understanding of how microbial communities interact with co-occurring macroscopic organisms. Most representations of microbial interaction networks are still based on co-occurrence patterns, that cannot be unequivocally mapped onto trophic (TI) or non-trophic interactions (NTI). On the other hand, even the most complete ecological networks of macroscopic organisms do not include co-occurring microorganisms. This study experimentally disentangles a critical submodule of the macroscopic and microscopic networks of trophic and non-trophic interactions of a marine rocky shore. We selected five abundant grazers, the chiton *Chiton granosus*, Littorinid *Echinolittorina peruviana*, keyhole limpet *Fissurella crassa*, scurrinid limpet *Scurria araucana*, and pulmonate limpet *Siphonaria lessonii*. Then, we quantified and separated the strength of consumptive (grazing) and non-consumptive (grazer pedal mucus) positive and negative effects on microbial components of epilithic biofilm (periphyton). While our experiments showed no significant effects on a commonly used integrated measure of biofilm grazing (Chlorophyll-a concentration), detailed image analyses indicated that all grazers had negative effects on biofilm cover percentage, with significantly larger effects by *C. granosus* and *F. crassa*. Amplicon sequencing analyses showed all grazers have positive total (trophic and non-trophic interaction) effects on several microbial groups, such as Phycisphaerales, Alteromonadales, Rickettsiales, and Vibrionales, and a negative total effect on Pirellulales and Verrucomicrobiales. The average interaction strength of TI between grazers and microbes was larger than NTI. Significant NTI were mostly positive, except for negative NTI on Chitinophagales, and TI led to more positive than negative effects on microbial abundance, suggesting rapid propagation of consumptive microbial effects through the microbial community. The magnitude of TI and NTI varied largely among grazers and from one microbial group to another, highlighting the complexity of interactions between grazers and epilithic biofilms in marine systems.

12. Scale matters? The effect of spatial scale on ecological processes that drive aquatic bacterial communities

Erick Mateus-Barros¹, Paula Huber¹², Pedro Junger¹, Sebastian Metz^{3 4}, Emiliano Pereira⁵, Victor Saito⁶, Inessa Lacativa⁷, Maria Llames³, Juan Pablo Niño-García⁸, Hugo Sarmento¹

¹ Laboratory of Microbial Processes & Biodiversity, Departamento de Hydrobiologia, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar)

² Laboratorio de Plancton Instituto Nacional de Limnología (INALI), CONICET-UNL, Argentina

³ Laboratorio de Ecología Acuática, Instituto Tecnológico de Chascomús (INTECH), UNSAM-CONICET, Argentina

⁴ University of Brest, France

⁵ Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República, Uruguay

⁶ Departamento de Ciências Ambientais, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Brazil

⁷ Laboratório de Ficologia, Departamento de Botânica, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Brazil

⁸ Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Colombia

Although bacteria play a key role in all environments, the true extent of its diversity was only discovered with the advance of molecular tools. These advances allowed understanding and quantifying the ecological processes that drive bacterial communities' composition. However, information on how ecological processes change across spatial scales is still lacking. We assembled 16S rRNA amplicon sequencing data from 135 shallow lakes from Argentina, Brazil and Canada, and compared the deterministic and stochastic features to null-models to determine which processes

drive the bacterioplankton metacommunity in three spatial scales (regional, subcontinental and intercontinental). We observed that the ecological processes determining bacterial communities were different in each region, depending on local contexts: homogenous selection (mostly in Brazil), and dispersal limitation combined with drift (mostly in Argentina) were the most prominent processes, while in Canada there was an equal contribution of both processes. A general pattern emerged from our analysis that the dominant ecological process changed from selection to drift, and finally to dispersal limitation with increasing distances, no matter the scale considered. We found that ecological processes that shape a bacterial metacommunity change with geographical distances, in a pattern that repeats at continental and intercontinental scales. Therefore, at least at the scale of the North and South American continents, ecological processes that shape a bacterial metacommunity were not scale-dependent.

13. The effect of floc and lock thecnique on the auto and heterotrophic picoplankton in a hypertrophic coastal lagoon

Fabio Castanheda¹, Marcelo M. Marinho ², Gleicy Moser², Natália P. Noyma², Vivian Leite², Ana Prestes², Indhira Freire¹, Renan Arruda², Jônatas Mercedes², Miquel Lüring ³, Lucia Helena S. da Silva ¹, Vera Lucia Huszar¹

¹ Museu Nacional, UFRJ

² Universidade do Estado do Rio de Janeiro, UERJ

³ Wageningen University, WUR

Eutrophication is considered the main problem affecting water quality of aquatic systems by excessive inputs of phosphorus (P) and nitrogen, increasing primary producers' biomass, especially cyanobacteria - potentially forming toxic blooms. The Floc and Lock (F&L) geoengineering technique mitigates high nutrient and cyanobacteria concentrations through two main mechanisms: striping both dissolved-P and particulate-P (cyanobacteria) from the water column, and also tackles the internal loading by permanently fixing P released from the sediment. The effects on plankton communities, including auto (PPA) and heterotrophic (PPH) picoplankton, are little known. We hypothesized that: F&L technique promotes (H1): a decrease in PPA and PPH absolute abundances; (H2) an increase in the relative contribution of PPA to total phytoplankton biomass (TotalPhy); (H3) change in PPA dominance from picoeukaryotes (Peuk) to picoprokaryotes (Ppro). Mesocosm experiments were performed in a shallow coastal lagoon (Brazilian Southeast). Controls (without addition) were compared with PAC (polyaluminum chloride) + LMB (bentonite modified with lanthanum) and PAC+LMB+Zeolite. The differences between control and treatments were analyzed through Linear Mixed Effects Models (LMM, R-lmerTest) and Estimated Marginal Means (EMM, R-emmeans). We observed a decrease in TP and SRP concentrations in the first day, remaining low until the end of the experiment. However, no reductions of PPH and PPA abundances (H1). The expected increase in the relative contribution of PPA to the TotalPhy biomass with P decreasing (H2) and increase in proportion between Ppro and Peuk (H3) were also not observed. Summing up, all our hypotheses were not verified. The fast growth rate of the picoplankton can have masked a potential decrease by coagulation, leading again to a biomass increase. Also, small cell size can make contact among cells difficult, preventing coagulation. We cannot discard a negative effect on the mutual attraction and charge neutralization between algae and the flocs.

14. Diversidade e distribuição de ciliados da Família Strombidiidae (Ciliophora) no oceano global

Espolau, Greyce Kelly¹; Huber, Paula¹; de Vargas, Colomban ^{2,3}; Chaffron, Samuel^{2,4}; Henry, Nicolas ^{2,3}; Tara Oceans coordinators, Sarmento, Hugo¹

¹Laboratório de Biodiversidade e Processos Microbianos, Departamento de Hidrobiologia, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, Brasil.

²Research Federation for the study of Global Ocean systems ecology and evolution,

Fr2022/tara G0see, Paris, France.

³Sorbonne Universités, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) Paris 06, UMR 7144, Station Biologique de Roscoff, Place Georges Teissier, 29680 Roscoff, France.

⁴Nantes Université, CNRS UMR 6004, LS2N, F-44000 Nantes, France

As comunidades de ciliados dominam o microzooplâncton do oceano global. A família Strombidiidae é uma das mais abundantes, porém, o nosso conhecimento sobre a diversidade e distribuição desse grupo ainda é muito limitado. Este estudo tem como objetivos: 1) avaliar a diversidade filogenética de Strombidiidae, 2) entender a sua distribuição no oceano global, 3) determinar o nicho ecológico dos clados mais abundantes. Para isso utilizamos um conjunto de dados de metabarcoding (amplicons da região V4 do gene 18S rRNA) de 1008 amostras de diferentes profundidades das expedições oceanográficas TARA Oceans e TARA Polar. Para o estudo de diversidade filogenética, construímos uma árvore de referência de Strombidiidae com sequências do gene 18S rRNA (>700 pb) e inserimos as sequências ambientais. Para a definição de nichos ecológicos relacionamos os dados de abundância e distribuição dos clados com dados ambientais. Os clados mais abundantes, pertencentes ao gênero *Strombidium*, na maioria são cosmopolitas, e presentes na superfície marinha. Além disso, obtivemos 12 clados ambientais cujas sequências (região V4 18S rRNA) não estão descritas na árvore de referência, e, portanto, podem representar novos clados. Este trabalho representa o primeiro estudo da diversidade taxonômica e filogenética da família Strombidiidae no oceano global, contribuindo assim, para o conhecimento da ecologia dos ciliados marinhos. Nossos resultados permitiram relacionar a distribuição dos clados filogenéticos com parâmetros ambientais e delimitar nichos ecológicos e faixas ótimas de distribuição, e assim prever como as mudanças climáticas irão afetar este grupo que é um nodo essencial da teia trófica marinha.

15. Caracterização da matéria orgânica dissolvida excretada por microalgas de água doce em culturas axênicas

Israel Cassiano de Oliveira¹, Ícaro Coloian Zapparoli¹, Michaela de Melo², Rodrigo Mello³, Inessa Bagatini³, Hugo Sarmiento¹

¹Laboratório de Biodiversidade e Processos Microbianos, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos/SP, Brasil

²Departament of Biological Sciences, Université du Québec à Montréal, Montréal, Canadá

³Laboratório de Ficologia, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos/SP, Brasil

Mais de 200 cultivos axênicos da Coleção de Culturas de Microalgas Água Doce (CCMA) do Laboratório de Ficologia da UFSCar, cultivadas em meio WC com e sem adicional de peptona+glicose (P+G), foram utilizadas para caracterizar a matéria orgânica dissolvida fluorescente (MODF) produzida por diferentes espécies de fitoplâncton de água doce. Cada cultivo foi filtrado através de uma membrana de fibra de vidro GF-5 e analisado em um espectrofluorímetro. Obtiveram-se matrizes de excitação-emissão e dados de absorbância, que foram submetidos à análise estatística de fatores paralelos (PARAFAC) no software MATLAB e a outras análises estatísticas no software R. Foram encontrados 4 componentes: C1, excretado principalmente por Microcystaceae e Ophiocystiaceae, formado por substâncias pouco aromáticas em alta concentração; C2, associado a triptofano e similares, e C4, a tirosina e similares, sendo o C2 observado sobretudo na MODF liberada por Hydrodictyceae e Oocystaceae, e o C4, em Desmidiaceae e Botryococcaceae; o C3 é muito provavelmente fruto da fluorescência da peptona no meio com P+G, e foi desconsiderado. A composição da MODF exhibe ampla variação entre espécies de fitoplâncton, mas nenhuma relação com a filogenia foi identificada. Foram identificados 2 componentes derivados de aminoácidos e 1 componente provavelmente formado por substâncias húmicas e fúlvicas, frequentemente interpretado como de origem edáfica – o que reforça a cautela necessária ao assumir que tais compostos têm origem exclusivamente terrestre.

16. Diversidade morfológica e taxonômica de bactérias estuarinas formadoras de biofilmes em diferentes salinidades

Teixeira, L.; Pereira², M. L.M.²; Parada, B. O.²; Agostini, V. O.²; Pinho, Grasiela L. L.²; They, N. H.¹

¹Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos - CECLIMAR, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

²Universidade Federal do Rio Grande – FURG

O objetivo deste trabalho foi isolar bactérias estuarinas formadoras de biofilme em diferentes tipos de superfícies e salinidades e comparar do ponto de vista taxonômico e morfológico. Superfícies artificiais (aço, concreto, acrílico e compensado naval) foram submersos em água salina (24) e doce (0) e mantidas por 24 horas para formação de biofilme, que foi raspado e plaqueado em meio ágar nutriente sólido com ajuste de salinidade. As placas foram incubadas por sete dias e as colônias foram isoladas e identificadas morfológicamente considerados os seguintes parâmetros: cor, borda, textura, forma, brilho, opacidade, muco, viscosidade e elevação. Doze isolados de cada salinidade com morfologia distinta foram identificados através de sequenciamento Sanger do gene 16S (primers 11F/1492R). Foi realizada uma análise de PERMANOVA (distância Gower) para testar a diferença morfológica entre colônias marinhas e límnicas. Para os gêneros foi calculada a diversidade de Shannon e a dissimilaridade de Bray-Curtis entre ambos ambientes. A PERMANOVA mostrou uma diferença significativa da morfologia colonial dos dois ambientes (p-valor <0.001). Houve também uma variação significativa dos gêneros, apresentando 91.6% de dissimilaridade Bray-Curtis. A diversidade dos isolados marinhos foi maior com H=2.1 e dos isolados límnicos menor com H=1.2. O gênero *Pseudoalteromonas* apresentou variações na morfologia, sendo o mais abundante em água doce. Os gêneros *Exiguobacterium*, *Microbacterium*, *Kocuria*, *Albirhodobacter*, *Psychrobacter*, *Pseudoalteromonas* e *Dietzia* foram exclusivamente marinhos, enquanto os gêneros *Acinetobacter*, *Bacillus* e *Citricoccus* foram exclusivamente límnicos. As colônias marinhas tiveram mais variações de cores e o formato circular e borda lisa foi predominante. Nas amostras límnicas teve o predomínio de colônias brancas, que apresentaram mais formas irregulares e bordas rugosas. Os isolados límnicos e marinhos distinguiram-se na composição de gêneros bacterianos. Além disso, as bactérias apresentaram mesmo padrão colonial dentro de cada salinidade, mesmo pertencendo a grupos taxonômicos diferentes.

17. The effect of the “Floc & Lock” application on different planktonic components in a deep tropical reservoir with recurrent cyanobacterial bloom

Nara de Azevedo Garcia¹, Hugo Sarmiento², Davi Barreto¹, Ana Carolina C. Prestes³, Vera Huszar¹, Lúcia Helena Sampaio da Silva¹

¹Laboratório de Ficologia, Departamento de Botânica, Museu Nacional/UFRJ, Rio de Janeiro, Brasil

²Laboratory of Microbial Processes & Biodiversity, Departamento de Hydrobiologia, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), São Carlos, Brasil

³Laboratório de Ecologia e Fisiologia do Fitoplâncton, IBRAG/UERJ, Rio de Janeiro, Brasil

The restoration of eutrophic aquatic environments, where cyanobacterial blooms are frequent, is linked to a reduction in both the external input and the internal nutrients stocks. There are several techniques for restoring these environments, including the "Floc & Lock" which combines the application of a low dosage of coagulant with a phosphorous adsorbent. However, the effect of the "Floc & Lock" on the structure and dynamics of planktonic communities must be considered, due to the complex interactions among its components. This study aims to evaluate the influence of this technique on planktonic communities in the Funil Reservoir (RJ - Brasil) in the warm/rainy period for a month using mesocosms (control and two treatments). Treatments were: PAC (polyaluminum chloride) + LMB (bentonite modified with lanthanum) and PAC + LMB + RS (red soil). We hypothesized that: 1) at the beginning of the experiment, there would be a reduction in the abundance of all

planktonic components, including cyanobacteria, and 2) at the end of the experiment, an increase on the contribution from different phytoplanktonic groups, with a restructured community with no cyanobacterial bloom. Our hypotheses were confirmed. A notable reduction in the abundance of all planktonic groups at the beginning of the experiment was observed. The density remained low until the end of the experiment, with an increase in the contribution of picocyanobacteria and small eukaryotic phytoplankton cells (eg. coccoid chlorophytes and flagellates), ciliates and heterotrophic nanoflagellates. Zooplankton abundance also decreased, with copepods being more representative. The use of the "Floc & Lock" technique is efficient in the removal of cyanobacteria, but it also reduces the other planktonic components that recombine with a higher proportion of microbial food web components.

18. Comparação taxonômica e funcional de bactérias marinhas e dulcícolas através de metagenômica

Kegler, N¹; They, N.H^{1 2}

¹ Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos (CECLIMAR), Campus Litoral Norte, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

² Departamento Interdisciplinar

A composição taxonômica e o metabolismo de comunidades bacterianas são altamente influenciados pela salinidade, sendo as bactérias de água doce frequentemente reportadas como mais ativas do que marinhas. Isso pode ocorrer devido a características intrínsecas das bactérias (número e tipo de genes funcionais) ou à frequente maior disponibilidade de nutrientes em ambientes aquáticos continentais. O objetivo da pesquisa é explorar a primeira hipótese, verificando se existem diferenças taxonômicas e funcionais entre comunidades bacterianas, dulcícolas e salinas a partir de banco de dados de metagenômica. Para isso foram selecionadas do banco de dados MGnify (<https://www.ebi.ac.uk/metagenomics/>) 20 amostras com sequenciamento amplicon+shotgun para análise taxonômica e 8 amostras com sequenciamento shotgun para análise funcional. Os critérios de seleção foram: salinidade, presença de coordenadas geográficas e profundidade de 0-5m. As composições taxonômica e funcional dessas amostras foram analisadas no RStudio considerando os filos/agrupamentos gênicos mais abundantes. A Análise de Variância Multivariada Permutacional (PERMANOVA) foi utilizada para verificar diferenças entre as amostras de diferentes salinidades e a investigação dos padrões foi realizada através da Análise de Componentes Principais (ACP). A PERMANOVA indicou diferença taxonômica em nível de filo (Pseudo-F = 3,94; P = 0,002) e funcional a partir dos agrupamentos gênicos "Interpro Gene Ontology" (Pseudo-F = 6,68; P = 0,028). A ACP (CP1 = 36,6% e CP2 = 23,3%) com filos bacterianos mostrou maior variabilidade entre as amostras de água doce. As amostras dulcícolas apresentaram, conforme o esperado, maior ocorrência dos filos Cyanobacteria, Actinobacteria e Firmicutes. Já as salinas tiveram maior representatividade dos filos Balneolaeota e Proteobacteria. A ACP (CP1 = 55,6% e CP2 = 29,4%) com os agrupamentos gênicos também apresentou maior variação em amostras dulcícolas. Os genes de processos metabólicos e ligação ao DNA estão mais representados em amostras de água doce enquanto os genes de membrana estão mais presentes nas amostras marinhas.

19. Niche-partitioning of *Rhodospirillaceae*, an ubiquitous, abundant and previously overlooked group of marine bacteria

Pedro C. Junger^{1 2}, Silvia G. Acinas³, Pablo Sánchez³, Josep M. Gasol³, Ramiro Logares³, Hugo Sarmiento¹

¹ Laboratory of Microbial Processes & Biodiversity, Departamento de Hidrobiologia, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), 13565-905, São Carlos, SP, Brazil.

² Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais, Centro de Ciências Biológicas e da

Saúde, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), 13565-905 São Carlos, SP, Brazil.

³ Institut de Ciències del Mar (ICM), CSIC, 08003 Barcelona, Catalunya, Spain.

Marine microbes stand for a great part of the global biodiversity and play key roles in the oceans. However, investigating their diversity and ecology has been extremely challenging due to sampling and methodological constraints. However, modern molecular and bioinformatic tools together with recent large-scale oceanographic cruises (e.g. Tara Oceans or Malaspina) have helped the scientific community to assess the global ocean's planktonic diversity at an unprecedented scale. Temperature has been found as the strongest selective driver on microbial communities in the global ocean. This is a very relevant finding since the ocean is warming rapidly and climate change reports project further warming for this century. Niche-partitioning refers to the mechanism through which differential natural selection separates competing species into different niches and it has been previously described in marine microbes. Here we investigated temperature-driven niche-partitioning patterns in Rhodospirillaceae, an ubiquitous, abundant, but previously overlooked marine bacteria. We brought together classic ecological theory, state-of-the-art molecular techniques and culture-independent methods to explore the ecology of a potentially important marine bacterial group (Rhodospirillaceae) in the global ocean. Using data from Malaspina, we found that Rhodospirillaceae is a free-living bacterial group more abundant in epipelagic than in deep waters. We were able to identify at least four clear temperature niches among the most abundant Rhodospirillaceae: very warm (20-30°C), warm (15-20°), cold (5-15°C) and very cold (0-5°C) waters. We also assembled 5 single amplified genomes (SAGs) from Tara Oceans and retrieved from the literature 44 SAGs and 14 metagenome assembled genomes (MAGs) with high quality (>70% completeness, <10% contamination) to conduct comparative genomic analysis. The average amino acid identity (AAI) varied from 46% to 96.8% for the SAGs and from 49.2 to 99.6% for the MAGs, while the orthologous fraction (OF) varied from 20% to 87.5% for the SAGs and 18.2% to 80% for the MAGs. We found a significant inverse relationship ($R^2=0.28$, $p<0.001$) between mean AAI and differences in temperature, which indicates that Rhodospirillaceae genomes tended to be more similar in environments featuring similar temperature ranges, suggesting that temperature is indeed an important selective force driving bacterial niche-partitioning.

20. Divergent succession of bacteria and archaea, and differential links to dissolved organic matter chemodiversity during stratification in two temperate lakes

Michaela de Melo^{1*}, Maximilian Lau^{1,2}, Paula Reis³ & Paul del Giorgio¹

¹Groupe de Recherche Interuniversitaire en Limnologie (GRIL), Département des sciences biologiques, Université du Québec à Montréal (UQÀM), Montréal, Canada

²Technische Universität Bergakademie Freiberg, Freiberg, Germany

³Groupe de Recherche Interuniversitaire en Limnologie (GRIL), Institut national de la recherche scientifique (INRS), Québec, Canada.

Seasonal stratification commonly induces hypoxia/anoxia in the hypolimnion of temperate lakes with subsequent shifts in the composition of the dissolved organic matter (DOM) and microbial communities, which are the main players in DOM transformation and degradation. In this study, we followed the compositional succession of DOM, bacterial and archaeal communities over the course of a summer stratification (starting with the spring turnover in May) in the epilimnion and hypolimnion of two neighboring temperate lakes (400 m apart), Croche and Cromwell (Québec, Canada) and investigated the strength of concordance between DOM-microbial composition. The onset of stratification triggered a dramatic divergence in DOM and microbial composition in the epilimnion and hypolimnion of both lakes relative to the mixed water column, with archaea and bacterial communities responding differently to stratification. Hypolimnetic bacterial communities were more diverse and differed greatly in composition compared to surface waters, whereas archaea had higher diversity and compositional turnover in the surface, suggesting differential roles of mass

effects (flux of non-resident microbes) and environmental filtering in community assembly. Archaeal hypolimnetic communities followed a more directional succession during stratification, whereas bacterial communities as well as the DOM pool shifted abruptly towards the late stages of stratification. The DOM pool became increasingly heterogeneous in the hypolimnion over time, but in contrast, increasingly similar and homogenous in the epilimnion, and there was an overall stronger agreement between microbial and DOM composition in the epilimnion of both lakes relative to hypolimnion. This weaker agreement between DOM-microbial composition in the hypolimnion suggests differentiation in the mechanisms of DOM production and degradation in these anoxic compartments.

21. Taxonomic diversity of the V4 and V9 region (18S rRNA gene) of the protists at the Salar de Huasco (Atacama Desert) using high-throughput sequencing (Illumina)

María Francisca Luza-Miric¹, Cristina Dorador¹, Raquel Rodríguez-Martínez¹

¹Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, 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 analyzing the protist diversity from different environmental conditions at the Salar de Huasco, a high-altitude saline aquatic system (Chile). Pre-filtered samples from 7 sites were filtered for sequence analysis by two different pore size filters (0.8 and 5 µm). For a wider sampling and better understanding of their microbial diversity samples were processed using two DNA extraction kits (Power soil and Fast DNA). Moreover, the selection of primers is crucial to be able to cover the diversity. V4 region is mostly preferred because it is longer, more variable, and better covered in reference databases. However, V9 offers complementary information. Thereby, we have tested 2 sets of primers for the V4 region and another set for the V9 region of the 18S rRNA gene. The amplicons were sequenced with Illumina MiSeq and analysed through DADA2 (R software) using the PR2 database for the taxonomic assignment. As general results, relative abundance composition was highest for Alveolata, Achaеplastida, Opisthokonta and Stramenopiles. In Alveolata, dinoflagellates classified as Suessiales were only represented in the highest salinity range site, H3B (64 PSU), being the most abundant group for this site; additionally, in a small reddish pond, HLR site, a dominant Perkinsea group appear with less than 97% of identity for known sequences. The classification also shows a great number of reads for Chlorophyta, Fungi and Ochrophyta (with diatoms as main group). This work is contributing to a better understanding of eukaryotes communities in undersampled polyextreme environments.

22. µSudAqua Colombia – Brazil project: expanding the geographic extent and environmental heterogeneity of µSudAqua database.

Angie Natalie Diaz-Ruiz¹, Clara María Arboleda-Baena^{1 2}, María Carolina García-Chaves¹, Juan Pablo Niño-García¹, Hugo Sarmento²

¹Universidad de Antioquia – Colombia

²Universidade Federal de São Carlos – Brasil

Here we present a joint initiative generated between Universidade Federal de São Carlos and Universidad de Antioquia as an opportunity to consolidate some of the ideas generated within previous µSudAqua-network workshops. Considering the geographic gaps evidenced in the microbial diversity exploration across the Sudamerican continent, our main goal with this initiative is to expand the geographic extent and environmental heterogeneity of the microbial inventories included within

the current version of μ SudAqua database. In order to fulfill this goal, we have been sampling freshwater ecosystems located within different biomes distributed across Colombia and Brazil landscape. So far, we have collected samples from 25 freshwater ecosystems across a gradient of precipitation (500 – 1300 mm of annual precipitation) within the basins of Seridó and Pianco in Brazil. Simultaneously, in Colombia we have visited 113 freshwater ecosystems included within the basins of Cauca, Magdalena and Guaviare, which are distributed across an altitudinal gradient (300 – 3.700 m.a.s.l.) within Andean and Amazon region in Colombia. We hope our results will further promote the use of μ SudAqua database to address different hypotheses or questions in the context of metacommunity theory and microbial biogeography.

23. Comunidades de microorganismos en el Golfo de Nicoya, una aproximación por citometría de flujo

Eddy H. Gómez-Ramírez¹, María de Jesus Arias² ¹.

¹Escuela de Química y CIMAR, UCR.

² IRET, UNA.

Las comunidades microbianas juegan un papel importante en la degradación de materia orgánica en los ambientes acuáticos y en la recirculación de los nutrientes. En ambientes estuarinos estas comunidades presentan características que les permiten vivir en condiciones cambiantes (salinidad, turbidez, oxígeno disuelto), que afectan la composición de dicha comunidad, así como el rol que los distintos microorganismos pueden tener. A pesar de ello se pueden observar algunas características que se mantienen constantes a lo largo de las estaciones climáticas o de los ciclos mareales. Con este trabajo se pretende hacer un acercamiento a la composición de la comunidad microbiana del estuario Golfo de Nicoya, ubicado en el pacífico de Costa Rica.

24. Dinámica de la comunidad procarionte en un sistema de surgencia deficiente en oxígeno del Pacífico mexicano durante las condiciones de La Niña y El Niño

Silvia Pajares Moreno¹

¹Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, UNAM

El oxígeno regula la distribución microbiana y los procesos biogeoquímicos, que son relevantes para la productividad de los océanos y el clima de la Tierra. Sin embargo, aún no se comprende bien cómo se ensamblan las comunidades microbianas en relación con las condiciones ambientales en las zonas de mínimo oxígeno (ZMO). El sistema de surgencia del Pacífico mexicano sustenta una alta productividad y una ZMO permanente. Esta región está sujeta a la variabilidad climática de El Niño Oscilación del Sur (ENOS), que modula la fuerza de la surgencia y la profundidad de la ZMO. Este trabajo explora la distribución espacio-temporal de la comunidad procarionte (por secuenciación masiva del 16S rRNA) en un transecto (cuatro estaciones de costa a océano abierto y varias profundidades en la columna de agua) frente al Puerto de Mazatlán durante dos condiciones ENOS diferentes, en abril 2018 (La Niña) y 2019 (El Niño). Taxones particulares asociados con *Synechococcus*, *Roseibacillus*, *Bacteroidetes* VC2.1_Bac22, SAR86 y OM60(NOR5) fueron abundantes en la zona eufótica, mientras que SAR406, SAR324, SUP05, UBA10353, Grupo Marino II y Nitrospinales dominaron en la ZMO afótica. Las fluctuaciones oceanográficas asociadas a los dos eventos ENOS modularon el ensamble de la comunidad procarionte en el área de estudio. La mayor proporción de la masa de agua del Golfo de California durante El Niño proporcionó aguas más cálidas, más oxigenadas y pobres en nutrientes hacia la costa, lo que provocó un aumento significativo de *Synechococcus* en la capa eufótica en comparación con las condiciones opuestas durante La Niña. Además, la comunidad fue más diversa durante La Niña y en la capa afótica, dominada por la masa de agua Subsuperficial Subtropical. Estos resultados muestran la necesidad de estudios más detallados

sobre la dinámica de estas comunidades en las ZMO en respuesta a cambios climáticos y oceanográficos presentes y futuros.

25. Estructura de la comunidad fitoplanctónica dentro de un área marina protegida

Martínez-Goicoechea Ana¹, Emiliano Pereira¹, Carolina Lescano¹, Cecilia Alonso¹

¹Ecología Funcional de Sistemas Acuáticos, Centro Universitario Regional Este (CURE) Rocha, Uruguay

El fitoplancton es un componente fundamental de los sistemas marinos. Está involucrado en la regulación y funcionamiento de procesos biogeoquímicos y tramas tróficas, y está estrictamente conectado con la salud y el bienestar humano proveyendo servicios ecosistémicos esenciales. Cambios en la estructura de la comunidad de fitoplancton repercutirán en el funcionamiento de todo el ecosistema. La estructura de la comunidad determinará los procesos que se desarrollen y la trama trófica que sustenta, no todos los componentes de la comunidad son iguales desde el punto de vista nutricional, ni todos fijan carbono a la misma tasa, ni producen la misma cantidad de materia orgánica al mismo tiempo. Por esto es fundamental entender qué factores estructuran la comunidad de fitoplancton en determinado sitio y así poder prever qué cambios ocurrirán en esa comunidad de acuerdo a cambios en los forzantes que pueden estar asociados al cambio climático (por ejemplo un aumento de temperatura). Utilizando una base de datos de moderada frecuencia y de varios años consecutivos se exploró la diversidad beta (temporal) de la comunidad de fitoplancton y su convergencia y divergencia a lo largo del tiempo. También se utilizaron diferentes aproximaciones (PCoA, GLM, GAM) para determinar las posibles variables estructuradoras de la comunidad. La comunidad mostró cierta convergencia a los 365 días y una tendencia a aumentar la disimilitud a medida que aumenta la ventana temporal, con comunidades bastante diferentes a las del comienzo. Tanto el PCoA como el GLM y el GAM muestran como variables forzantes a la concentración de fósforo y la temperatura principalmente para el caso de los dinoflagelados. Tanto la temperatura como la concentración de nutrientes se espera aumenten asociado al cambio global por lo que es de esperar que la comunidad de fitoplancton presente cambios en su estructura a lo largo del tiempo.

26. Vínculos entre el desarrollo de las colonias del Complejo *Microcystis Aeruginosa* y su microbiota

Croci, Carolina ¹; Martínez de la Escalera, Gabriela ¹; Deus Álvarez, Susana ¹;

Lepillanca, Facundo ¹; Kruk, Carla ^{2 3}; Segura, Angel ³; Piccini, Claudia ¹

¹ Laboratorio de Ecología Microbiana Acuática, Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Montevideo, Uruguay

² Instituto de Ecología y Ciencias Ambientales, Facultad de Ciencias, UdelaR, Montevideo, Uruguay

³ Departamento MEDIA (Modelización Estadística de Datos e Inteligencia Artificial), CURE, UdelaR, Rocha, Uruguay

Las cianobacterias del Complejo *Microcystis aeruginosa* (CMA) forman colonias de cientos de células inmersas en un mucílago compuesto por exopolisacáridos y proteínas. En él habita una diversidad de bacterias cuya interacción con las cianobacterias se supone fundamental para el éxito del organismo. Se ha descrito que el mucílago varía en espesor, densidad y composición durante el ciclo de crecimiento colonial y en distintas condiciones ambientales, lo que determinaría distintas interacciones CMA-microbiota. En este trabajo se empleó una aproximación basada en secuenciación masiva del gen ribosomal 16S (región-V4), analizando tanto ADN (estructura comunitaria) como ARN (fracción activa) proveniente de distintas fracciones de tamaño de CMA obtenidas del embalse de Salto Grande. Los resultados mostraron una mayor riqueza de la microbiota en las colonias más pequeñas (<20µm), siendo Alphaproteobacteria (orden Rhizobiales) y Bacteroidetes los grupos más activos. Por otro lado, Betaproteobacteria presenta su mayor actividad en las colonias medianas (20-60µm), debido a la abundancia de Sutterellaceae. Al aumentar el tamaño colonial las

Proteobacteria se vuelven menos activas y los Bacteroidetes disminuyen su abundancia y actividad. La fracción mayor (>60µm), dominada por Proteobacteria, es donde la microbiota presenta menor actividad. Estos resultados indican que la estructura y los grupos activos de la microbiota del CMA son tamaño-específicos. La disminución de actividad al aumentar el tamaño colonial sugiere un vínculo estrecho entre la microbiota y la formación de las colonias, probablemente asociado a un mecanismo tipo biofilm multiespecífico en el que las colonias grandes constituyen la etapa final de maduración previa a la dispersión.

27. Aportes Alóctonos y autóctonos del complejo microcystis aeruginosa em el estuário del río de la plata

Facundo Lepillanca¹, Gabriela Martinez de la Escalera¹, Carla Kruk^{1 2}, Inés O`Farrell³, Claudia Piccini¹

¹Lab. Ecología Microbiana Acuática. Depto. Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Montevideo, Uruguay.

²Facultad de Ciencias y CURE, Universidad de la República (UDEAR), Montevideo, Uruguay.

³Depto. de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina.

Las floraciones tóxicas de cianobacterias del complejo *Microcystis aeruginosa* (CMA) se asocian a las condiciones eutróficas de los ecosistemas acuáticos, agravadas por el crecimiento agroindustrial en Uruguay. En estudios previos propusimos que la clave del éxito del CMA es la presencia de ecotipos especializados en distintas condiciones ambientales de salinidad, temperatura y turbidez. En este trabajo nuestro objetivo fue evaluar los mecanismos que determinan la distribución de estos ecotipos en condiciones de eventos climáticos extremos, analizando la floración del verano de 2019 debida a lluvias y caudales extremos. Para ello, buscamos identificar los principales aportes alóctonos y autóctonos del CMA comparando situaciones de lluvias y caudales habituales con condiciones hidrológicas extremas. Se extrajo el ADN de muestras de agua provenientes del cauce y de embalses de los ríos Negro y Uruguay, así como del Río de la Plata, las que se genotiparon mediante análisis de curvas de desnaturalización (HRM) del gen *mcyJ* y técnicas de aprendizaje automático. Se encontró que bajo condiciones habituales de precipitación los ecotipos que predominan en el río y en sus embalses son los adaptados a agua dulce y cálida, encontrándose hasta la zona media del estuario. En condiciones de precipitaciones extremas, los ecotipos de agua dulce provenientes de embalses y ríos son arrastrados hacia el tramo medio del estuario. Pasado dicho evento, el tramo medio del estuario es nuevamente dominado por ecotipos de aguas salobres y marinas, indicando que son las condiciones locales y estacionales las que determinan qué ecotipos proliferaron en el estuario.

28. Relación entre la composición funcional de comunidades microbianas y la producción primaria y respiración en el observatorio marino SAMO

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

En la zona costera ocurren procesos biogeoquímicos fundamentales para el funcionamiento de los sistemas marinos destacándose la producción primaria (PP) y la respiración (R). Los sistemas marinos presentan alternancia espacial y temporal entre comportamiento autotrófico y heterotrófico (i.e., $PP:R > 1$ y $PP:R < 1$, respectivamente), atribuible a variaciones en las condiciones ambientales y variaciones en las comunidades planctónicas. Nuestro grupo de investigación mantiene un observatorio marino en el Departamento de Rocha, Uruguay. El objetivo central de este trabajo es estudiar la variación temporal de la producción y la respiración en el observatorio marino SAMO y su relación con la composición funcional de los microorganismos. Para este trabajo se obtuvieron 48 muestras del observatorio marino SAMO, cubriendo un periodo de 2 años, desde el 2018 al 2020,

para las cuales se realizaron estimaciones de producción y respiración a partir de la medida de oxígeno en condiciones de luz y oscuridad. Asimismo, a partir de estas muestras se generaron los metagenomas respectivos los cuales fueron procesados y anotados funcionalmente, incluyendo entre otras, la base de datos especializada para la identificación de genes vinculados al metabolismo de carbohidratos (i.e., CAZymes (www.cazy.org)). Posteriormente, los datos de abundancia funcional fueron analizados utilizando métodos de ordenación y modelado estadístico para estudiar su relación con la PP, la R y la tasa PP:R. Los resultados preliminares obtenidos indican que el sistema se comporta como autotrófico, aunque con períodos de equilibrio entre PP y R, y con algunas pocas ocasiones en las cuales tiene comportamiento heterotrófico. Por otro lado, también observamos que existe una asociación significativa entre la composición funcional y las variables PP y R, permitiéndonos identificar las capacidades metabólicas con una mayor influencia en estos procesos. Estos resultados son promisorios para elaborar indicadores y modelos predictivos del estado del sistema.

29. Explorando el uso de nuevos indicadores de calidad de agua basados en las comunidades microbianas

Luciana Griffero¹, Emiliano Pereira¹, Belén González², Carolina Lescano², Lorena Rodríguez², Juan Francisco García-Reyes³, Andrés Pérez⁴, Cecilia Alonso¹

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

² Grupo Ecología Funcional de Sistemas Acuáticos-Centro Universitario Regional Este, Rocha Uruguay

³ Grupo Química Analítica, Departamento de Química Física y Analítica, Universidad de Jaén, España

⁴ Departamento de Desarrollo Tecnológico- DDT-Centro Universitario Regional Este, Rocha Uruguay

La capacidad de monitorear los ecosistemas acuáticos es crucial para la implementación de medidas adecuadas de gestión que permitan preservar su calidad ambiental. Los microorganismos son capaces de reflejar rápidamente los cambios en su hábitat, incluyendo respuestas a impactos de origen antropogénico. En este trabajo se analizó la presencia de contaminantes clásicamente monitoreados (i.e. Nitrógeno y Fósforo) y de contaminantes emergentes (CEs), (i.e. compuestos de uso doméstico, fármacos, hormonas, drogas de abuso y pesticidas) en las cuencas de dos lagunas de la costa Atlántica uruguaya. Se estudió la composición taxonómica de las comunidades microbianas, a través la secuenciación masiva de amplicones del gen 16S, y posterior definición de variantes de secuencias (ASV). Se analizó la estructura funcional de estas comunidades a través del seguimiento de genes de resistencia a antibióticos (ARG) utilizando metagenómica. Finalmente, se exploró el uso tanto de las ASV como los ARG como indicadores para predecir categorías de sitios con diferente grado de impacto antropogénico a través del análisis de valor indicador (IndVal). Fue posible obtener indicadores taxonómicos y funcionales bacterianos que respondieron a las condiciones ambientales dadas tanto por el impacto de los contaminantes clásicos como emergentes. Los grupos bacterianos encontrados mostraron una amplia diversidad en su ecofisiología, acorde a la dinámica del sistema analizado. Además, se destaca la elevada diversidad de ARGs encontrados en arroyos y lagunas de ambas cuencas. La mayoría corresponden a combinaciones de bombas de eflujo múltiples, que pueden causar resistencia a múltiples antibióticos (MDR). Los resultados obtenidos son un exponente de las amenazas que presentan los sistemas acuáticos de Uruguay frente a la presencia de "nuevos" contaminantes, a la vez que evidencian la utilidad de las herramientas de caracterización molecular para emplear a las comunidades microbianas como indicadoras de diferentes grados de impacto por dichos contaminantes.

30. Patrones de distribución global del picoplancton continental

Juliana Ospina-Serna¹, María Victoria Quiroga¹, Hugo Sarmento², Irina Izaguirre³, Sebastián Metz⁴, Josep Maria Gasol⁵, Paula Huber², Melina Devercelli⁶, Pedro Junger², Micaela de Melo⁷, Marina Gereá⁸, María Romina Schiaffino⁹, Gonzalo Pérez⁸, Ana Torremorell¹⁰, Horacio Zagarese¹, Manuel Castro Berman¹, Maiara Menezes¹¹, Adriano Caliman¹¹, Luciana Silva Carneiro¹¹, Camila Rodrigues Cabral¹¹, André Megali Amado¹² & Fernando Unrein¹

¹ Instituto Tecnológico de Chascomús (Universidad Nacional de San Martín-CONICET), Chascomús, Argentina

² Universidade Federal do São Carlos, São Carlos, Brasil

³ IEGEBA (Universidad de Buenos Aires-CONICET), CABA, Argentina

⁴ Universidad de Brest, CNRS, IRD, Ifremer, LEMAR, Plouzané, Francia

⁵ Institut de Ciències del Mar (CSIC), Barcelona, España

⁶ Instituto Nacional de Limnología, Santa Fe, Argentina

⁷ Université du Québec à Montréal, Québec, Canadá

⁸ INIBIOMA (Universidad Nacional del Comahue-CONICET), Bariloche, Argentina

⁹ CITNOBA (Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires-CONICET), Junin, Argentina

¹⁰ INEDES (Universidad Nacional de Luján-CONICET), Luján, Argentina

¹¹ Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal, Brasil

¹² Universidade Federal do Rio Grande do Norte; Universidade Federal de Juiz de Fora, Brasil

El picoplancton (<2 μm) está compuesto por bacterias heterótrofas (BH) y por organismos fotótrofos (PPP). Dentro del PPP se pueden diferenciar algas picoeucariotas (Peuk) y picocianobacterias (Pcy), las que pueden agruparse en ricas en ficoeritrina (PE-Pcy) o en ficocianina (PC-Pcy). La abundancia e importancia relativa de cada uno de estos componentes varía dependiendo de las características del ambiente. Algunos estudios sugieren la existencia de diferentes patrones a nivel global, sin embargo, muchos de estos patrones se establecieron originalmente en base a un número limitado de ambientes, y además hay sitios donde no se cumplen. El objetivo de este trabajo es revisar la generalidad de dichos patrones, y explorar la existencia de otros hasta el momento ignorados. Para esto se trabajó sobre una extensa base de datos de donde se extrajeron las variables ambientales y la abundancia de las distintas fracciones. Se compilaron un total de 1126 muestras correspondientes a 666 sitios, abarcando un amplio gradiente latitudinal (61°N-64°S) y trófico (0,1-1550 μg Clorofila-a/L). La abundancia de BH y PPP se incrementan con el grado trófico, aunque la pendiente de PPP es mayor. Dentro de las PPP, las PE-Pcy dominan en ambientes más transparentes y las PC-Pcy en ambientes turbios, mientras que las Peuk tienden a ser más relevantes en valores intermedios, aunque sin mostrar un patrón definido. La importancia relativa del PPP respecto a las HB tiende a aumentar hacia el Ecuador (i.e. PPP/HB), llegando a representar en muchos sitios >50% de la biomasa total del picoplancton. La relación Pcy/PPP sigue la misma tendencia. Estos resultados confirman la hipótesis de que la importancia de las Pcy en la fracción picoplanctónica aumenta hacia las zonas Ecuatoriales.