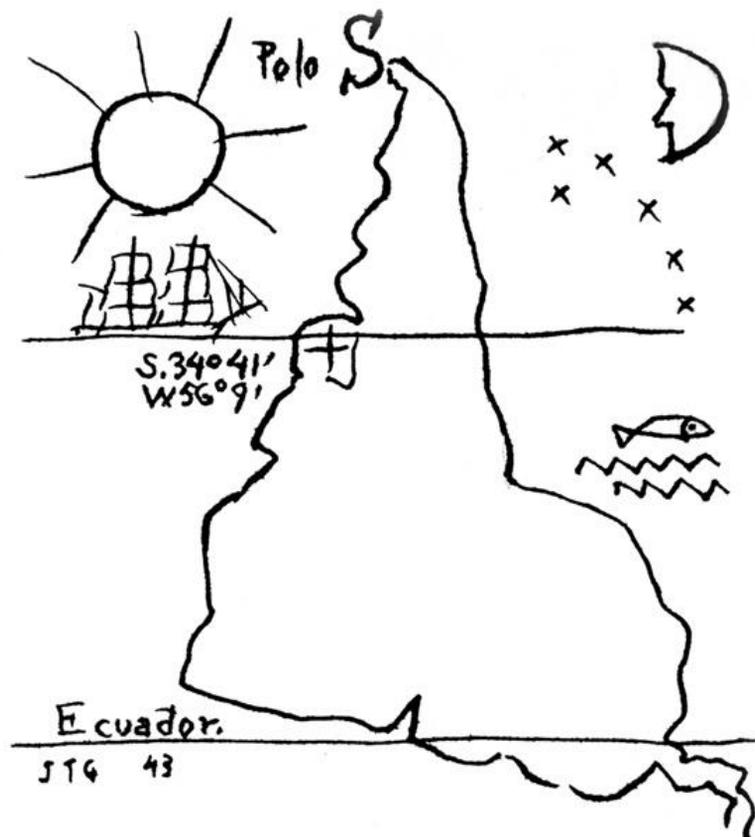


1er Taller de la Red colaborativa en Ecología Microbiana Acuática en América Latina (μ SudAqua)

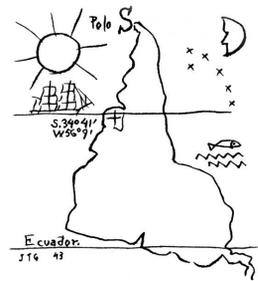
04 al 08 de diciembre de 2017
Rocha, Uruguay



Joaquín Torres García. 1943 América Invertida, tinta sobre papel.

"He dicho Escuela del Sur; porque en realidad, nuestro norte es el Sur"

Libro de Resúmenes



Bienvenidos al 1er Taller de la Red colaborativa en Ecología Microbiana Acuática en América Latina (μ SudAqua)!

Con gran placer recibimos su participación en el taller de lanzamiento de nuestra red. Desde el 4 al 8 de diciembre, 46 investigadores y estudiantes de posgrado representando a 21 grupos de trabajo en ecología microbiana acuática de Argentina, Brasil, Canadá, Chile, Colombia, Costa Rica, España, México, Suecia y Uruguay nos damos cita para iniciar esta 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 de la conformación de la red, v) Sesiones de trabajo en grupos definidos en torno a temáticas específicas y vi) Sesiones de puesta en común y síntesis.

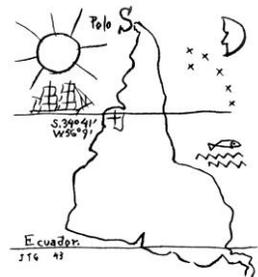
Agradecemos especialmente a los conferencistas invitados, a los colegas que propusieron grupos de trabajo, a las autoridades del CURE por ceder generosamente los espacios, a ISME por el financiamiento semilla que permitió empezar a concretar esta propuesta y a CSIC por el financiamiento que permitió mejorar ampliamente las condiciones de su desarrollo. También agradecemos a la División de Turismo de la Intendencia Municipal de Rocha por el apoyo logístico para el alojamiento y la visita al parque Nacional Cabo Polonio y a la Fundación Torres García por autorizar el uso de la obra del pintor uruguayo Joaquín Torres García en los materiales de difusión de este taller.

Y a todos ustedes por confiar y hacer realidad este encuentro, que ojalá sea el primero de muchos por venir.

Cecilia Steiro

[Handwritten signature]

[Handwritten signature]



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

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

Fernando Unrein
Instituto de Investigaciones Biotecnológicas-
Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET
Av. Intendente Marino Km 8,200
7130. Chascomús, Buenos Aires, Argentina
Tel: +54-2241-430323 ext 110
e-mail: funrein@intech.gov.ar

Financian



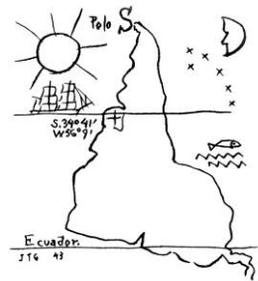
Apoyan



UNIVERSIDAD
DE LA REPÚBLICA
URUGUAY



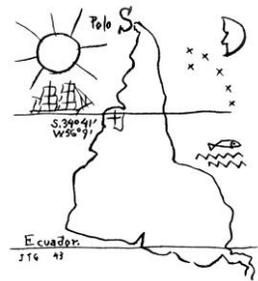
Museo Torres García



Participantes

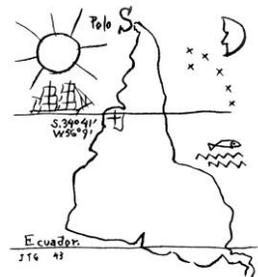
Argentina

Nombre	Dirección de correo electrónico	Afiliación Institucional	Situación laboral
Melina Devercelli	meldevercelli@gmail.com	Instituto Nacional de Limnología (INALI), CONICET-UNL Laboratorio de Ecología y Fotobiología Acuática, Instituto de Investigaciones Biotecnológicas-Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET.	Investigador
Paulina Fermani	pfermani@intech.gov.ar	Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA.	Investigador
Martin Graziano	martinymartin@gmail.com	Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA.	Investigador
Irina Izaguirre	iri@ege.fcen.uba.ar	Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA.	Investigador
Magdalena Licursi	magdalenalicursi@yahoo.com	Instituto Nacional de Limnología (INALI), CONICET-UNL Laboratorio de Ecología y Fotobiología Acuática, Instituto de Investigaciones Biotecnológicas-Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET.	Investigador
Maria Eugenia del R. Llamas	mariaellames@intech.gov.ar	Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA.	Investigador
Inés O'Farrell	ines@ege.fcen.uba.ar	Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA.	Investigador
Maria Laura Sanchez	laurasanchez@ege.fcen.uba.ar	Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA.	Investigador
María Romina Schiaffino	rschiaffino@conicet.gov.ar	Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CONICET-UNNOBA). Grupo de trabajo original: Limnología, FCEN-UBA. En la actualidad: "grupo en formación".	Investigador
Ana Torremorell	anatorremorell@gmail.com	Programa de Ecología de Protistas y Hongos, Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable, Universidad Nacional de Lujan-CONICET	Investigador
Fernando Unrein	funrein@intech.gov.ar	Laboratorio de Ecología y Fotobiología Acuática, Instituto de Investigaciones Biotecnológicas-Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET.	Investigador
María Victoria Quiroga	mavictoriaq.vq@gmail.com	Laboratorio de Ecología y Fotobiología Acuática, Instituto de Investigaciones Biotecnológicas-Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET.	Técnico Profesional
Marina Gereá	marinagerea@gmail.com	Laboratorio de Ecología y Fotobiología Acuática, Instituto de Investigaciones Biotecnológicas-Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET.	PostDoc
Paula Huber	mariapaulahuber@gmail.com	Instituto Nacional de Limnología (INALI), CONICET-UNL	PostDoc
Carmen Alejandra Sabio y García	carmeniica@gmail.com	Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA.	PostDoc
María Belén Sathicq	mbelen@ilpla.edu.ar	Laboratorio de Plancton y Biofilms. Instituto de Limnología Dr. Raúl A. Ringuelet (ILPLA)	PostDoc



Participantes

Nombre	Dirección de correo electrónico	Afiliación Institucional	Situación laboral
Sofía Baliña	sofiabalina@gmail.com	Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA. IEGEBA-UBA.	Estudiante de Doctorado
Sebastian Metz	metz.seba91@gmail.com	Laboratorio de Ecología y Fotobiología Acuática, Instituto de Investigaciones Biotecnológicas-Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET.	Estudiante de Doctorado
Maria Luz Padulles	luzpadulles@gmail.com	Programa de Ecología de Protistas y Hongos, Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable, Universidad Nacional de Lujan-CONICET	Estudiante de Doctorado
Lilen Yema	lilen.y@ege.fcen.uba.ar	Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA. IEGEBA-UBA.	Estudiante de Doctorado
Brasil			
André Megali Amado	andre.amado@gmail.com	Ecología Acuática/Universidade Federal de Juiz de Fora	Investigador
Inessa Lacativa Bagatini	inessalacativa@gmail.com	Universidade Federal de São Carlos	Investigador
Hugo Sarmento	hugo.sarmento@gmail.com	Laboratório de Biodiversidade e Processos Microbianos (LMPB), Universidade Federal de São Carlos (UFSCar)	Investigador
Pedro Ciarlini Junger Soares	pedro.junger@gmail.com	Laboratório de Biodiversidade e Processos Microbianos. Departamento de Hidrobiologia. Universidade Federal de São Carlos	Estudiante de Doctorado
Michaela Ladeira de Melo	mika_ladeira@hotmail.com	Laboratório de Biodiversidade e Processos Microbianos, Departamento de Hidrobiologia, Universidade Federal de São Carlos	Estudiante de Doctorado
Bruno Mattos Silva Wanderley	brunobiomed.ufrn@gmail.com	Universidade Federal do Rio Grande do Norte	Estudiante de Doctorado
Canadá			
Paul A. del Giorgio	del_giorgio.paul@uqam.ca	Université du Québec à Montréal	Investigador
Chile			
Martha Brigitte Hengst López	mhengst@ucn.cl	Universidad Católica del Norte	Investigador
Veronica Molina Trincado	veronica.molina@upla.cl	Observatorio de Ecología Microbiana, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha	Investigador
Paris Leonardo Lavin Sepulveda	palavin@gmail.com	Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta, Chile	PostDoc
Johanna Alejandra Cortes Guzman	J.cortes.guzman021@gmail.com	Laboratorio de Ecología Molecular y Microbiología Aplicada. Universidad Católica del Norte	Estudiante de Maestría
Daniela Andrea Meneses Escudero	daniela.meneses@uantof.cl	Laboratorio de Complejidad Microbiana, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta	Estudiante de Maestría



Participantes

Nombre	Dirección de correo electrónico	Afiliación Institucional	Situación laboral
Colombia			
Maria Carolina Garcia Chaves	mcarolina.garcia@udea.edu.co	Grupo de Investigación en Gestión y Modelación Ambiental . Universidad de Antioquia.	Investigador
Juan Pablo Niño García	juan.nino@udea.edu.co	Grupo de Investigación en Gestión y Modelación Ambiental . Universidad de Antioquia.	Investigador
Costa Rica			
Eddy H. Gómez-Ramírez	eddy.gomez@ucr.ac.cr	Oceanografía Química, Ecología Microbiana, CIMAR-Universidad de Costa Rica	Investigador
España			
Ramón Roselló-Mora	rossello-mora@uib.es	Grupo de Microbiología Marina IMEDEA (CSIC-UIB)	Investigador
México			
Luciana Raggi Hoyos	luciana.raggih@gmail.com	Laboratorio Nacional de Nutrigenómica y Microbiómica Digestiva Animal, Instituto de Investigaciones Agropecuarias y Forestales, Universidad Michoacana San Nicolás de Hidalgo	Investigador
Suecia			
Daniela Figueroa	dani.ale.figueroa@gmail.com	Ecología marina, Universidad de Umeå	PostDoc
Uruguay			
Cecilia Alonso	calonso@cure.edu.uy	Ecología microbiana en sistemas acuáticos de transición. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Investigador
Carla Kruk	ckruk@yahoo.com	Facultad de Ciencias y CURE, Universidad de la República	Investigador
Claudia Piccini	claudia.piccini@gmail.com	Departamento de Microbiología. Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable	Investigador
Angel Manuel Segura	angel_nauti@yahoo.com	Modelación y Análisis de Recursos Naturales	Investigador
Luciana Griffiero Ramilo	lugrif@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos de transición. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Estudiante de Doctorado
Belén González	mabel2406@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos de transición. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Estudiante de Maestría
Alvaro González Revello	alvarogvet@gmail.com	Departamento de Microbiología. Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable	Estudiante de Maestría
Ana Martínez	anamart30@gmail.com	Dirección Nacional de Recursos Acuáticos	Estudiante de Maestría



Programa

lunes 4/12	
8.30-9.00	Registro de participantes y Bienvenida
9.00-10.30	Presentación de grupos participantes
10.30-11.00	pausa café
11.00-12.50	Presentación de grupos participantes
13.00-14.00	Almuerzo
14.00-17.00	Pósters y pausa café
20.00-22.00	Asado de bienvenida

martes 5/12	
8.30-9.30	charla plenaria Paul del Giorgio
9.30-10.30	Discusión conformación de la red
10.30-11.00	pausa café
11.00-12.30	Discusión conformación de la red, conformación de grupos de trabajo
12.30-13.30	Almuerzo
13.30-15.00	Trabajo en grupos
15.00-16.15	pausa café
16.15-17.00	Síntesis del día de trabajo en grupos

miércoles 6/12	
8.30-17.00	visita al área protegida Cabo Polonio

jueves 7/12	
8.30-9.30	charla plenaria Ramón Roselló
9.30-10.30	Trabajo en grupos
10.30-11.00	pausa café
11.00-12.30	Trabajo en grupos
12.30-13.30	Almuerzo
13.30-15.00	Trabajo en grupos
15.00-16.15	pausa café
16.15-17.00	Síntesis del día
20.00-24.00	Brindis

viernes 8/12	
9.30-10.30	Trabajo en grupos
10.30-11.00	pausa café
11.00-12.30	Redondeo del trabajo en grupos
12.30-13.30	Almuerzo
13.30-16.00	Síntesis grupos de trabajo y cierre



Grupos de trabajo

Grupo de trabajo	Propuesto por	Objetivo
Hacia un μ -Observatorio Ambiental Sudamericano	Martín Graziano, Carmen A. Sabio y García & M. Romina Schiaffino + Cristina Dorador, Yoanna Eissler, Martha Hengst & Verónica Molina	Identificar sitios de interés y áreas prioritarias, establecer objetivos y metodologías comunes y estandarizadas. Plantear protocolos de trabajo colaborativo, incluyendo una discusión sobre aspectos científico – éticos de la colaboración internacional. Contribuir a su puesta en práctica a través de la creación de un Observatorio Microbiano Ambiental Regional.
Patrones en el microbioma acuático Sudamericano	Cecilia Alonso, Hugo Sarmiento, Fernando Unrein	Determinar patrones de biodiversidad microbiana de diferentes sistemas acuáticos en América Latina, a través del meta-análisis de secuencias de NGS y variables ambientales asociadas.
Rasgos morfo-funcionales en ecología microbiana: generalizando criterios	Inés O'Farrell, Carla Kruk, Angel Segura, Magdalena Licursi, Claudia Piccini, Melina Devercelli	Explorar el uso de distintos tipos de rasgos y grupos funcionales y compararlos con las respuestas funcionales y con análisis realizados a nivel de especies, la relación entre rasgos fenotípicos, fisiológicos y filogenéticos, entre otros aspectos.
The need for revisiting bacterial biomass nutrient (C, N and P) contents and conversion factors	André Amado, Vinicius Farjalla	Llevar a cabo un muestreo estandarizado de sistemas de diferentes latitudes y estado trófico para desarrollar mejores modelos para predecir el contenido de nutrientes en la biomasa bacteriana.
Interacciones microbianas acuáticas	Luciana Raggi	Se abordarán las asociaciones microbianas con organismos superiores y su relevancia ecológica en relación a 3 posibles líneas de trabajo: 1) Microbiomas en hospederos eucarióticos acuáticos 2) Sistemas simbióticos para la biorremediación, 3) Sistemas simbióticos aceleradores de la producción alimenticia: agricultura y acuicultura



Conferencistas invitados

Paul A. del Giorgio. Dépt. des sciences biologiques, Université du Québec à Montréal, Canadá.

La biogeografía y el ensamblado de las comunidades microbianas: Las oportunidades que ofrece la red μ SudAqua. En esta charla daré algunos ejemplos del trabajo reciente que estamos realizando en nuestro grupo en la Universidad du Québec à Montréal, donde nos hemos concentrado en explorar la biogeografía taxonómica y funcional de comunidades microbianas acuáticas a través del vasto bioma boreal de Canadá. Uno de nuestros objetivos es identificar los factores ambientales y climáticos que determinan esta biogeografía a gran escala, y de distinguir los procesos, como la inmigración y la selección local de especies, que la subyacen. El objetivo a largo plazo es determinar las reglas de ensamblado de estas comunidades microbianas acuáticas, y en particular, el origen, la estructura y el rol que juega la vasta cola de rareza ("the rare biosphere") que existe en todas estas comunidades. Nos interesa identificar distintas categorías de rareza, por ejemplo, taxones cuya presencia es accidental versus otros para los cuales la rareza es una estrategia de vida. Nos interesa en particular identificar aquellas bacterias que forman parte del "rare biosphere" pero que en algún punto pasan a ser dominantes dentro de la comunidad, y que por tanto forman parte del "seedbank". Estas preguntas se plantean dentro de una perspectiva de meta-comunidad que necesariamente debe integrar todos los elementos de las complejas redes acuática, incluyendo ríos, lagos y humedales, y requieren una aproximación comparativa a gran escala, ya así como una consideración de la historia de las comunidades en su tránsito a través del paisaje. En este sentido, la creación de la red μ SudAqua representaría una plataforma única para el desarrollo de proyectos y colaboraciones que requieran este tipo de análisis comparativo y coordinado a gran escala. Presentaré algunos ejemplos de colaboraciones potenciales que podrían desarrollarse dentro de la red, que permitirían explorar cuestiones relacionadas con patrones biogeográficos a escala continental; migración, endemismo y barreras geográficas; convergencia y redundancia funcional, plasticidad metabólica, y adaptación.

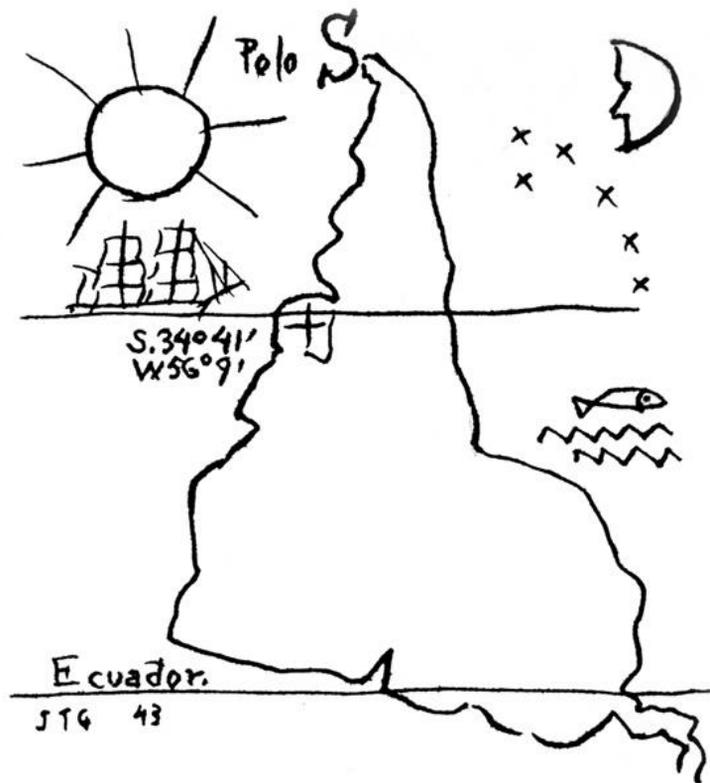
Ramón Roselló-Mora. Grupo de Microbiología Marina IMEDEA (CSIC-UIB), Islas Baleares, España.

Clasificación de especies microbianas cultivadas y no cultivadas. El concepto de especie en procariontas está basado en la idea de que los miembros del mismo taxón tienen un origen monofilético y que son homogéneos desde el punto de vista genómico y fenotípico. En general la genealogía está inferida mediante el análisis de las secuencias del gen codificante para el ARN ribosómico 16S. Sin embargo, la nueva tendencia de secuenciación de genomas hace posible que se utilicen también o bien concatenados de genes esenciales, o bien todos los genes que comparten los genomas (genoma core). La homogeneidad genómica se ha demostrado desde mediados del siglo pasado mediante las técnicas de hibridación ADN-ADN, que hoy en día se han sustituido por la comparación in silico de genomas secuenciados. Se considera que una especie está circunscrita por una identidad media de sus genes (ANI) de un mínimo del 94% que sería la frontera de especies. Finalmente, desde el punto de vista fenotípico, hay una necesidad de encontrar metodologías más ajustadas a las actividades modernas de sistemas de alto rendimiento, como la espectrometría de masas, ya que las prácticas actuales están basadas en metodologías obsoletas. El problema en la clasificación de especies es el cuello de botella que supone la obtención de cultivos puros en el laboratorio, cuando la gran mayoría de microorganismos son recalcitrantes a su aislamiento. Las técnicas de secuenciación masiva actuales, especialmente las basadas en secuenciación directa (metagenómica) o por células únicas (single-cell genomics) permiten la obtención de información de la misma calidad o incluso superior a las descripciones taxonómicas que normalmente se publican. Es por ello, que desde hace sólo unos años, la clasificación de microorganismos no cultivados es factible ya que los datos que se pueden obtener son muy fiables. Por tanto, por primera vez se puede vislumbrar una clasificación bacteriana que ubique tanto cultivables como no cultivables.



Presentaciones de los grupos

Horario	Presenta	Grupo-Institución	País
9.00	Cecilia Alonso	Ecología microbiana en sistemas acuáticos de transición. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Uruguay
9.10	Claudia Piccini	Departamento de Microbiología. Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable	Uruguay
9.20	Hugo Sarmento	Laboratório de Biodiversidade e Processos Microbianos (LMPB), Universidade Federal de São Carlos (UFSCar)	Brasil
9.30	Inessa Lacativa	Universidade Federal de São Carlos	Brasil
9.40	André Amado	Ecología Acuática/Universidade Federal de Juiz de Fora	Brasil
9.50	Veronica Molina	Observatorio de Ecología Microbiana, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad de Playa Ancha	Chile
10.00	Carolina García	Grupo de Investigación en Gestión y Modelación Ambiental . Universidad de Antioquia.	Colombia
10.10	Eddy Gómez-Ramírez	Oceanografía Química, Ecología Microbiana, CIMAR-Universidad de Costa Rica	Costa Rica
10.20	Luciana Raggi	Laboratorio Nacional de Nutrigenómica y Microbiómica Digestiva Animal, Instituto de Investigaciones Agropecuarias y Forestales, Universidad Michoacana San Nicolás de Hidalgo	México
11.00	Daniela Figueroa	Ecología marina, Universidad de Umeå	Suecia
11.10	Fernando Unrein	Laboratorio de Ecología y Fotobiología Acuática, Instituto de Investigaciones Biotecnológicas-Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET.	Argentina
11.20	Irina Izaguirre	Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA. IEGEBA-UBA.	Argentina
11.30	Inés O'Farrell	Ecología del fitoplancton.Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA. IEGEBA-UBA.	Argentina
11.40	Martin Graziano	Ecología urbana en sistemas acuáticos pampeanos. Laboratorio de Limnología. Departamento de Ecología Genética y Evolución, FCEyN, UBA. IEGEBA-UBA.	Argentina
11.50	Melina Devercelli	Metacomunidades microbianas en sistemas fluviales aluviales. Instituto Nacional de Limnología (INALI), CONICET-UNL	Argentina
12.00	Romina Schiaffino	Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CONICET-UNNOBA)	Argentina
12.10	Ana Torremorell	Programa de Ecología de Protistas y Hongos, Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable, Universidad Nacional de Lujan-CONICET	Argentina
12.20	Marina Gereá	Laboratorio de Fotobiología, Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medioambiente, Universidad Nacional del Comahue-CONICET.	Argentina
12.30	María Belén Sathicq	Laboratorio de Plancton y Biofilms. Instituto de Limnología Dr. Raúl A. Ringuelet (ILPLA)	Argentina



Resúmenes de trabajos presentados

1. La diversidad citométrica como herramienta para identificar patrones ecológicos.

Fernando Unrein Instituto de Investigaciones Biotecnológicas, Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET, Argentina

La citometría de flujo es una técnica ampliamente utilizada para cuantificar microorganismos acuáticos, en particular bacterioplancton y microalgas. La ventaja que tiene esta técnica es la gran cantidad de células que pueden ser analizadas en muy corto tiempo. Básicamente, cada célula es interceptada por un laser de una determinada longitud de onda, y la señal de dispersión de luz y fluorescencia emitida por la célula a diferentes longitudes de onda es colectada por el citómetro. La fluorescencia emitida por la célula puede provenir ya sea de la autofluorescencia de los pigmentos fotosintéticos como así también de tinciones con fluorocromos (e.g. SybrGreen). Los citómetros más comunes colectan usualmente seis parámetros diferentes: dos mediciones de dispersión y cuatro de fluorescencia. Esta información multiparamétrica es usualmente visualizada en gráficos de dispersión denominados citogramas, donde se identifican los diferentes microorganismos. La topología de los citogramas varía ente las muestras dependiendo de la composición taxonómica de los microorganismos, y de la morfología y estado fisiológico de las células. El grado de complejidad de los citogramas puede estimarse y se denomina diversidad citométrica (alfa). Asimismo, también puede estimarse el grado de similitud entre dos citogramas (diversidad citométrica beta). En el presente trabajo se revisan diferentes ejemplos en donde las estimaciones de diversidad citométrica alfa y beta permitieron identificar patrones ecológicos relevantes. Se discuten además las diferentes aproximaciones existentes hasta el presente.

2. FlowDiv: uma nova ferramenta computacional para a análise da diversidade citométrica.

Bruno Mattos Silva Wanderley¹ Daniel Sabino Amorim de Araújo¹ María Victoria Quiroga² André Megali Amado¹ , Adrião Duarte Doria Neto¹ , Hugo Preto Sarmiento³ ,Fernando Unrein²

1-Universidade Federal do Rio Grande do Norte

2-Instituto de Investigaciones Biotecnológicas - Instituto Tecnológico de Chascomús

3-Universidade Federal de São Carlos

Equilibrar a racionalidade matemática com a epistemologia biológica são condições sine quibus non para qualquer estratégia de análise válida e potencialmente bem sucedida em citometria de fluxo (CFM). Métodos dedicados à análise da diversidade citométrica (i.e. à descrição quali-quantitativa das propriedades intra e inter citogramas) são exemplos singulares dessa premente exigência: conquanto venham divisando notáveis resultados quanto à implementação e avaliação crítica de protocolos, suas disseminações são ainda obstaculizadas por acaloradas discussões de cunho logístico - em especial, questões sobre o modelo matemático mais adequado ao tratamento de dados ambientais, o significado biológico pos hoc das análises e a melhor estratégia de normalização dos dados disponíveis, ainda constituem pontos insuficientemente esclarecidos nos debates. Neste trabalho, propomos soluções formais para essas questões através da implementação de uma pipeline simples, intuitiva e gratuita dedicada à análise de dados de citometria de fluxo ambiental – o flowDiv. Essa é uma pipeline implementada em linguagem R e estruturada em dezenove fases de processamento e onze etapas de decisão orientada que visam, de forma sequencial e sistemática, tanto à redução da subjetividade analítica quanto à ênfase nos aspectos mais práticos de CFM ambiental. O flowDiv está organizado sob a forma de pacote e encontra-se gratuitamente disponível em <https://cran.r-project.org/package=flowDiv>.

3. Assinatura Citométrica Pico e Nanofitoplancônica em Lagoas Costeiras Tropicais.

Pedro Junger¹, Bruno Wanderley², Fernando Unrein³, Hugo Sarmento¹

1- Laboratório de Biodiversidade e Processos Microbianos, Departamento de Hidrobiologia, UFSCar, Brasil

2- Laboratório de Limnologia, Departamento de Limnologia e Oceanografia, UFRN, Brasil

3- Instituto de Investigaciones Biotecnológicas, Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET, Argentina

A diversidade microbiana em ecossistemas aquáticos responde fortemente às características ambientais. Tanto os mecanismos quanto as respectivas magnitudes dessas influências na composição das comunidades microbianas podem ser capturados, avaliados e sumarizados através da técnica de assinatura citométrica - uma estratégia que permite quantificar a dinâmica dessas comunidades por meio das informações contidas em seus dados de citometria de fluxo. A influência de filtros ambientais, como salinidade, nutrientes e condutividade, na assinatura citométrica de comunidades microbianas ainda é campo de recente e crescente exploração. Neste estudo, exploramos, de forma preliminar, o conceito de assinatura citométrica através da mensuração de índices de diversidade alfa (Shannon e riqueza) e beta (Bray-Curtis) de comunidades do pico e nanofitoplâncton de 19 lagoas costeiras tropicais localizadas no litoral norte do estado do Rio de Janeiro, Brasil. Estas lagoas apresentam uma combinação de amplos gradientes naturais de parâmetros ambientais como clorofila-a ($0.28-134.5 \mu\text{g.L}^{-1}$), salinidade ($0.13-332.1\text{‰}$), turbidez ($2.32-571 \text{ NTU}$), cor da água ($1.82-92.49 \text{ m}^{-1}$) e concentração de carbono orgânico dissolvido ($0.71-16.7 \text{ mM}$), e, por isso, constituem modelos promissores para a análise do efeito de variáveis ambientais sobre a diversidade citométrica em ecossistemas aquáticos. Os índices de diversidade foram determinados a partir dos canais SSC-H, FL3-H e FL4-H (BD Accuri C6 Flow Cytometer) com o uso do pacote *flowDiv* (<https://cran.r-project.org/package=flowDiv>) e correlacionados com variáveis limnológicas e bacterianas. O resultado do escalonamento multidimensional não-métrico (nMDS) aponta que a cor da água e a razão N/P são importantes direcionadores da diversidade *beta* de microorganismos autotróficos. Correlações de Spearman indicaram que a diversidade *alfa* está significativamente ($p < 0.05$) relacionada a clorofila-a ($\sigma = +0.46$), carbono orgânico dissolvido ($\sigma = -0.32$), fósforo total ($\sigma = +0.41$), razão N/P ($\sigma = -0.45$), pH ($\sigma = -0.2$) e turbidez ($\sigma = +0.11$). A riqueza citométrica de autotróficos apresentou correlação significativa com clorofila-a ($\sigma = +0.50$), carbono orgânico dissolvido ($\sigma = +0.34$), razão N/P ($\sigma = -0.44$) e turbidez ($\sigma = -0.18$). Concluimos que os índices de diversidade calculados a partir da assinatura citométrica respondem fortemente às características ambientais, corroborando com os padrões observados para diversidade microbiana em nível taxonômico.

4. Caso de estudio de la diversidad citométrica: serie temporal de 10 años de una laguna pampeana.

Quiroga María Victoria, Huber Paula, Bruno Mattos Silva Wanderley, Unrein Fernando.

Las lagunas son elementos distintivos del humedal pampeano y presentan un alto grado de trofismo natural agravado por el impacto antrópico. En estos sistemas se han observado abundancias de microorganismos planctónicos superiores a las registradas para cuerpos de agua someros eutróficos a nivel mundial. El presente trabajo se centra en la laguna Chascomús, un sistema eutrófico altamente turbio donde la luz limita severamente la producción primaria. La serie temporal (10 años muestreados con una frecuencia quincenal) mostró que las picocianobacterias (Pcy) ricas en ficocianina dominan de manera permanente el picofitoplancton de esta laguna. Contrapuesto a lo que ocurre en otros lagos de ambientes templados, las abundancias máximas de Pcy ocurren en invierno tardío, disminuyendo marcadamente en verano. Sin embargo, las picoalgas eucariotas (Peuk) muestran un patrón estacional típico con picos en primavera. Utilizando la citometría de flujo pudimos estimar los anteriormente descritos patrones de abundancia y contenido de pigmentos del picofitoplancton mediante protocolos de análisis estándar. Ahora proponemos profundizar este estudio utilizando el paquete de R "flowDiv", con el fin de calcular los índices de diversidad citométrica. De esta manera cuantificamos la diversidad alfa y la equitatividad de cada población citométrica de interés, y comparamos las huellas citométricas entre muestras (diversidad beta), con el objetivo de definir patrones temporales y su relación con variables ambientales relevantes. Por último, se evaluó la concordancia entre el fingerprinting citométrico y un fingerprinting molecular (i.e. Denaturing Gradient Gel Electrophoresis -DGGE) para un subperíodo de dos años.

5. Influencia de la naturaleza del carbono orgánico disuelto en las poblaciones microbianas al norte del mar Báltico.

Daniela Figueroa¹, Agneta Andersson¹

1-Departamento de Ecología, Medio Ambiente y Geología, Universidad de Umeå. Suecia.

En el norte del mar Báltico, las descargas de materia orgánica terrestre tienen gran influencia en la producción basal marina, promoviendo la producción bacteriana, ya que las bacterias consumen parte de la materia orgánica disuelta alóctona (A-MOD), y disminuye la cantidad de luz en que penetra en el agua, afectando negativamente al fitoplancton y disminuyendo la producción primaria. Entonces la producción basal en la zona tiene un amplio componente heterotrófico. Así mismo, debido al cambio climático, las precipitaciones en la zona boreal y subártica aumentarán, incrementando consecuentemente las descargas de A-MOD al mar, afectando así a las bacterias y al fitoplancton. Sin embargo, no hay una descripción de las poblaciones bacterianas asociadas al A-MOD y a la materia orgánica disuelta autóctona (at-MOD) al norte del Báltico. En un proyecto piloto, hemos caracterizado la comunidad bacteriana, usando secuenciación de amplicones de 16S rARN, en dos áreas de muestreo con diferentes fuentes de MOD: en la costa influenciada por MOD alóctono y mar adentro con mayor MOD autóctono. Esperamos encontrar diferencias en la composición entre las dos zonas e identificar poblaciones microbianas asociadas a estos dos tipos de MOD. Datos preliminares de las estaciones costeras muestran dominancia de Betaproteobacterias en periodos de alta concentración de A-MOD (~60% de la comunidad). Planctomicetes y Verrucomicrobia aumentaron en abundancia relativa cuando la concentración de A-MOD disminuyó (llegando a ~10% y 20% de la comunidad, respectivamente). Bacteroidetes y las Gamaproteobacterias incrementaron ligeramente al disminuir la concentración de A-MOD. Todos los cambios de la comunidad costera estuvieron asociados a los cambios de la A-MOD. Esperamos observar una mayor abundancia de Alfabroteobacterias, Planctomicetes y Verrucomicrobia en estaciones mar adentro por la mayor concentración de at-MOD. Este es parte de un estudio corto que busca incluir el ADN ambiental como parte del programa sueco de monitoreo del Mar Báltico.

6. La temperatura y la concentración de clorofila condicionan la producción de biomasa bacteriana en un gradiente marino del Atlántico Sur.

Belén González¹, John Garzón², Ruben. J Lara² & Cecilia Alonso¹.

1-Ecología microbiana en sistemas acuáticos de transición, Centro Universitario Regional del Este, Rocha, Uruguay

2-Instituto Argentino de Oceanografía, Bahía Blanca, Argentina.

El bacterioplancton es un componente de gran importancia en las redes tróficas de los ecosistemas marinos. Entre sus roles más importantes se encuentra el control sobre los flujos de nutrientes a través de la mineralización de la materia orgánica, así como la producción secundaria de biomasa. Por otro lado, es el principal agente capaz de utilizar la materia orgánica disuelta (MOD) que deriva de los organismos autótrofos y de la actividad metabólica de otros organismos heterótrofos. Esto tiene fuertes implicancias para el funcionamiento de los ecosistemas acuáticos, ya que la MOD constituye un importante reservorio de carbono, significativo a la hora de analizar los flujos de C entre el océano y la atmósfera. El objetivo de este trabajo fue evaluar cómo las variables ambientales impactan sobre la producción bacteriana (PB) e identificar cuáles de ellas permiten predecir el comportamiento de la producción bacteriana en un gradiente marino desde zona costera hasta talud en el Atlántico Sur. Para ello se tomaron 58 muestras donde se midieron temperatura, conductividad, salinidad, clorofila, oxígeno disuelto y densidad, se llevó a cabo una modelación PARAFAC basada en la caracterización espectral de la MOD y se determinó la PB por incorporación de leucina. Se emplearon regresión lineal múltiple, CART y Random Forest para analizar la dependencia de la PB en relación a las diferentes variables. Tal como esperado, la temperatura y la concentración de clorofila fueron claves para predecir la PB. Sin embargo, contrariamente a lo esperado, no se encontró una dependencia significativa con la calidad de la MOD. En la siguiente fase, se duplicará la base de datos, incluyendo los referidos a composición de la comunidad bacteriana para identificar grupos bacterianos relacionados a diferentes patrones, con el fin de evaluar el efecto de su inclusión en los modelos para predecir balance metabólico.

7. Trophic State controls Bacterial Biomass Stoichiometry (C:P) in tropical freshwaters.

André Megali Amado^{1,2}, Haig They Ng¹, Lenice Ventura Diniz^{1,2}, Caroline Gabriela Bezerra de Moura¹, Otávio Augusto Lacerda¹, Bruno Mattos Wanderley¹, James Cotner³

1-Laboratório de Limnologia, Departamento de Oceanografia e Limnologia, Centro de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Norte; * Via Costeira S/N, Praia de Mãe Luiza, Natal, RN. E-mail: amado@ufrnet.br/andre.amado@ufjf.edu.br

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

3-Department of Ecology Evolution and Behavior, University of Minnesota (U.S.A.)

Bacteria are key components to nutrients recycling and energy flow increase in the food web. These organisms are the most flexible in terms of phosphorous (P) content in the biomass, which is relevant to their own nutrients requirements and their availability to higher trophic levels. In nutrients rich ecosystems bacteria present high growth rates and relatively P-rich biomass, mechanism known as the growth rate hypothesis. Under these conditions bacteria are usually homeostatic (low C:P biomass variation) because of great investment in growth (high P demand to ribosomes). We hypothesized that C:P bacterial stoichiometry is more homeostatic in eutrophic ecosystems than oligo-mesotrophic ecosystems. We sampled 11 low-latitude freshwater systems comprising a trophic gradient (chlorophyll a: 1,13-43 $\mu\text{g L}^{-1}$). We isolated bacteria from seston by filtration and inoculated in chemostats for 9 days under 5 C:P ratios (100:1, 316:1, 1000:1, 3162:1 and 10000:1) and cells were then retained in 0,7 μm filters to estimate C, N e P contents. C, N and P concentrations varied from 700 to 3774, 100 to 760 e 0,1 to 43 μM , respectively. C:P ratios varied from 33:1 to 8197:1, C:N from 2:1 to 11:1 and N:P from 14:1 to 2344:1. The bacterial communities from the 3 ecosystems with highest chlorophyll a concentrations were the most homeostatics with maximum C:P ratios of 400:1. Other 5 ecosystems from different trophic states (from oligo to eutrophic) presented moderated homeostasis presenting C:P ratios from 450:1 to 700:1. The last 3 ecosystems presented the highest C:P ratios flexibility in the literature (maximum C:P up to 8,000:1) being all oligotrophic ecosystems. We concluded that the most homeostatic communities came from eutrophic ecosystem, but the different homeostasis degrees in oligotrophic ecosystems suggest that other factors affect bacterial community biomass stoichiometry.

8. Metabolismo abierto en la laguna Lobos.

Torremorell, A.¹; Padulles, M. L.¹; Pozzobon, V.²; Díaz Appella, B.²; Barraza, A. M.¹; Giorgi, A.¹

1- Universidad Nacional de Luján - Departamento de Ciencias Básicas INEDES-CONICET

2- CIALL - Centro de Interpretación Ambiental Laguna de Lobos.

La estimación de la dinámica temporal de la concentración de oxígeno disuelto obtenida a través del monitoreo continuo tiene el potencial de fortalecer la predicción de, cómo cambios en las condiciones ambientales afectan a las lagunas. La suposición básica de la técnica es que los cambios diarios de oxígeno disuelto en la columna de agua es una respuesta integrada al metabolismo del ecosistema entero (todos los autótrofos y heterótrofos). El objetivo fue estudiar el metabolismo abierto de la laguna Lobos, un cuerpo de agua léntico, polimíctico y eutrófico de la provincia Buenos Aires. Se registraron durante 10 días consecutivos las variaciones de oxígeno en la columna de agua en dos épocas del año (abril y diciembre). El metabolismo neto durante los diez días en abril fue -0.47 mgO_2/L mientras que en diciembre fue -106.84 mgO_2/L . Los máximos valores calculados en abril y diciembre fueron 1.30 y 2.66 mgO_2/L respectivamente; y los mínimos fueron -0.78 y -5.46 mgO_2/L respectivamente. Si bien la laguna Lobos posee concentraciones de clorofila altas, alrededor de 1 mg/L , haciendo suponer que su comportamiento es autotrófico, en ambos períodos el metabolismo neto fue negativo, evidenciando una laguna netamente heterotrófica. Además se pudo ver que en épocas de altas temperaturas (diciembre) el metabolismo neto fue altamente negativo, periodo en el cual se registró además, mortandad de peces y floración de cianobacterias.

9. Estudio de la dinámica de gases de efecto invernadero en lagunas de la Llanura Pampeana con distinto régimen de equilibrio.

Sofía Baliña¹, María Laura Sánchez¹, Irina Izaguirre¹, Paul del Giorgio²

1- Departamento de Ecología, Genética y Evolución, IEGEBA (UBA-CONICET), Argentina

2- Dépt. des sciences biologiques, Université du Québec à Montréal, Canadá.

El flujo de dióxido de carbono (CO₂) y metano (CH₄) proveniente de aguas continentales contribuyen sustancialmente a las emisiones de gases de efecto invernadero (GEI) hacia la atmósfera. Sin embargo, comenzaron a ser considerados dentro de los balances globales de GEI hace relativamente poco tiempo. En este contexto, el objetivo general del presente plan de tesis doctoral es evaluar si las lagunas de la llanura pampeana actúan como fuente o sumidero de GEI y su rol en el balance global del Carbono. Para esto, se analizará la dinámica de los GEI de un conjunto de lagunas pampeanas tanto a nivel local como regional. Complementariamente, se caracterizarán limnológicamente todos los cuerpos de agua estudiados. Con la información colectada se explorarán relaciones entre las variables tróficas analizadas de estos cuerpos de agua y los flujos de GEI. Posteriormente, utilizando sistemas de información geográficos (QGIS) e información proveniente de sensores remotos (Landsat 8, Sentinel 2 y 3) se estimarán las potenciales emisiones de GEI a nivel regional de las lagunas ubicadas dentro de la llanura pampeana. Además, utilizando una serie temporal de imágenes provenientes de los sistemas Landsat 5 TM (1984-2013) y Landsat 7 ETM+ (1999-presente), se buscará reconstruir los cambios que se han dado en los cuerpos de agua de la región y estimar las variaciones en la dinámica de los GEI en las últimas décadas. Un análisis exhaustivo sobre la dinámica de las lagunas de la llanura pampeana es esencial para comprender cómo varían las emisiones de GEI en función de las variables ambientales y para conocer la implicancia que presenta esta importante región en las emisiones regionales y globales de GEI; un objetivo sumamente relevante en un contexto de cambio climático global.

10. Diversidad molecular y filogenética de metacomunidades bacterianas de un sistema fluvial aluvial.

Huber Paula¹, Sebastián Metz², Fernando Unrein², Melina Devercelli¹.

1.- Instituto Nacional de Limnología (INALI), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas y Universidad Nacional del Litoral, Ciudad Universitaria, Paraje El Pozo, C.P. 3000 Santa Fe, Argentina.

2.- Instituto de Investigaciones Biotecnológicas-Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET, Intendente Marino Km 8.2, CP 7130, Chascomús, Buenos Aires, Argentina.

Las bacterias son un elemento clave de sistemas acuáticos y el estudio de los patrones de variación de estas comunidades es necesario para interpretar la organización funcional de un ecosistema. En sistemas fluviales con llanura de inundación, el grado de conectividad entre los cuerpos de agua y las variaciones hidrológicas influyen en la estructura de las comunidades bacterianas ya que regulan el equilibrio entre la migración y la selección de especies por condiciones locales. Sin embargo un tema muy relevante que ha sido muy poco abordado es ¿cuál es el efecto de las distintas condiciones hidrológicas y el grado de conectividad entre los ambientes, sobre la estructura de las comunidades bacterianas? La llanura aluvial del río Paraná es un sistema complejo compuesto por ambientes lénticos y lóticos con gran heterogeneidad espacial y temporal asociadas a las variaciones recurrentes en el nivel hidrométrico. Esta complejidad hace del sistema un escenario ideal para evaluar los factores abióticos y bióticos que actúan a distintas escalas sobre la composición de especies de los ensamblajes del bacterioplancton. Trabajos sobre la diversidad bacteriana del Paraná son escasos y no existen antecedentes sobre su diversidad genética. Bajo éste contexto, desarrollamos el presente trabajo con el objetivo de estudiar la diversidad taxonómica y filogenética de la metacomunidad bacteriana de la llanura aluvial del Paraná en su tramo medio, buscando conocer cuáles son los mecanismos que conducen a la estructuración de sus comunidades. Para ello, realizamos un estudio espacio-temporal en ambientes con diferentes grados de conectividad durante distintas fases hidrológicas donde se analizó la diversidad bacteriana mediante secuenciación masiva (Illumina MiSeq) combinando técnicas filogenéticas, estadística multivariante y bioinformática.

11. Free-living and particle-attached bacterial communities respond differently to seasonal variations and spatial heterogeneity in an Amazonian floodplain lake.

Michaela Melo¹, João Henrique Amaral², Stefan Bertilsson³ & Hugo Sarmiento¹

1-Laboratory of Microbial Processes and Biodiversity, Department of Hydrobiology, Federal University of São Carlos, São Carlos, São Paulo, Brazil

2-Laboratory of Aquatic Ecosystems, National Institute of Amazon Researches, Manaus, Amazonas, Brazil

3-Evolutionary Biology Centre, Department of Limnology, Uppsala Universitet, Uppsala, Sweden.

One of the greatest challenges in aquatic microbial ecology is to understand how the microbial communities are structured and its dynamics in space and time. There is a consensus that environmental factors and dispersal processes act together to modulate these communities. The Amazonian basin is a complex hydrological network strongly controlled by the annual flood pulse that, associated with spatial heterogeneity makes it a unique system to test hypothesis on bacterioplankton dynamics. We studied bacterial communities in an Amazonian floodplain lake (lake Janaucá) during one annual cycle (covering all phases of the flood pulse) in different sites (drainage basin, open lake, channel, Solimões river and macrophyte banks), applying 16S rRNA gene amplicon sequencing. We found that the particle-attached (PA) and free-living (FL) bacterial communities are structure differently. PERMANOVA and NMDS tests showed that both, site and season, are important in structuring communities ($p \leq 0.01$), but season has a greater impact in FL (27% against 18% of site), while site has a greater impact in PA (34% against 18% of season). FL communities drift on the water and are passively transported through the flow, therefore they are more influenced by seasonal variations on the water level. On the other hand, PA communities are more influenced by the substrates that they live on (macrophytes, plankton, litter, wood, soil) that provide a multitude of microhabitats with different environmental conditions from the surrounding waters. The results indicate that bacterial communities assemblage in an Amazonian floodplain system is regulated by a combination of factors in macro (seasonal and spatial variations) and also in micro scales (microhabitats).

12. Maravillas Geotermales, una fuente de diversidad y riqueza microbiana.

Daniela Meneses E.^{1,2}, Diego Cornejo L.^{1,2}, Cristina Dorador O.^{1,2}

1-Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional. Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta.

2-Centro de Biotecnología y Bioingeniería (CeBib).

Los estudios realizados en humedales y lagunas del Altiplano Chileno han permitido determinar que estos sitios presentan una alta variabilidad temporal y espacial, con una gran diversidad microbiana, las cuales se ven expuestas diariamente a condiciones de vida extrema, desde el punto de vista antropogénico. Uno de los sitios de gran interés por sus características geoquímicas es el campo geotermal El Tatio, particularmente la zona de afluentes y quebradas ubicadas al sureste del Campo a una altitud de 3700 msnm. Este estudio pretende determinar la diversidad bacteriana presente y a su vez mediante cultivos bacterianos, examinar la transformación bioinorgánica in situ de Arsénico desde muestras de aguas (50 mgL⁻¹ As), sedimentos (80 mg L⁻¹ As) y tapetes microbianos desde diferentes sitios llamados QZ1, QZ2, QZ3 y QZ4. Los resultados basados en el análisis de secuenciación masiva del gen 16S ARNr, han permitido caracterizar la comunidad microbiana, obteniendo representantes por grupos abundantes (filos core) y representantes de baja abundancia (filos raros). Proteobacteria, Bacteroidetes, Cyanobacteria y Firmicutes fueron las filas con mayor abundancia entre las muestras estudiadas. Además, análisis multivariados demostraron una distribución y estructuración espacial de comunidades microbianas modulada por las características fisicoquímicas propias del sitio de estudio (variación de temperatura y concentración metales). Los resultados de este trabajo presentan a este sitio poco estudiado como un hotspot de diversidad microbiana, debido a sus condiciones únicas ambientales, entre las que destacan las altas concentraciones de metales y presencia de fuentes geotermales. Los aislados obtenidos presentan cuatro respuestas distintas al enriquecimiento natural de As: (i) Incorporación de arseniato dentro de la célula; (ii) Incorporación y reducción de arsénico en la membrana celular y el citoplasma; (iii) Incorporación y reducción de arsénico exclusivamente en la membrana celular; y (iv) no asimilación de arseniato dentro de la célula. Los aislados bacterianos no mostraron la capacidad de formar compuestos metilados. Esta aproximación analítica permite entender los mecanismos de adaptación y resistencia a altas concentraciones de arsénico y otros elementos en los humedales altiplánicos.

13. Microbioma ambiental del Altiplano Chileno: necesidad de regulación y expansión de las áreas prioritarias de conservación biológica.

Cristina Dorador¹, Yoanna Eissler², Martha Hengst³, Marcela Cornejo-D'Ottone⁴, Verónica Molina⁵,

1-Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional and Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias del Mar y Recursos Biológicos, Universidad de Antofagasta, Chile.

2-Centro de Investigación y Gestión de Recursos Naturales, Instituto de Química y Bioquímica, Facultad de Ciencias, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

3-Departamento de Ciencias Farmacéuticas, Facultad de Ciencias, Universidad Católica del Norte, Antofagasta, Chile.

4-Escuela de Ciencias del Mar, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

5-Programa de Biodiversidad and Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Observatorio de Ecología Microbiana, Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile.

El norte de Chile posee distintos ambientes acuáticos, los cuales han sido considerados “hotspots” de biodiversidad donde los microorganismos son los principales sostenedores de las tramas ecológicas. Estos ambientes incluyen salares, humedales altioplánicos, fuentes hidrotermales, lagos y ríos. Estos sistemas son reservorio de biodiversidad microbiana y la base de las interacciones tróficas y funcionales del Altiplano. Esta particular área geográfica tiene características únicas, como la radiación solar más alta del planeta, aridez, fluctuaciones significativas de temperatura diarias, estacionales y anuales, altos niveles de metales, etc. A pesar de la importancia de los sistemas acuáticos del Altiplano, el microbioma de estos ambientes y su función en el ecosistema está pobremente caracterizado como para enfrentar el desafío de avanzar hacia una conservación microbiana. Este trabajo muestra la caracterización microbiana de dos ambientes altioplánicos contrastantes: Salar de Huasco (humedal altoandino “activo y poco intervenido”, 3.800 m.s.n.m) y Salar de Lllamará (humedal “vulnerable por el uso indiscriminado de agua” en el Desierto de Atacama 1.200 m.s.n.m.). Estos ecosistemas presentan una alta diversidad microbiana caracterizada por una predominancia de Bacteria frente a Archaea y una alta abundancia relativa de los phyla: Proteobacteria y Bacteroidetes. Además, gracias a técnicas de secuenciación masiva, se ha identificado una alta predominancia de miembros de la biósfera rara, que para el caso de Salar de Huasco incluye grupos activos que participan en el reciclaje del amonio alcanzando tasas de oxidación (nitrificación) que alcanzan valores reportados en zonas oceánicas. Además, estos ecosistemas presentan una gran variación diaria, espacial y estacional en la producción y reciclaje de gases invernadero incluyendo altos flujos de carbono, metano y óxido nitroso hacia la atmósfera. En total, encontramos que estos ecosistemas reúnen una gran biodiversidad incluyendo grupos únicos que contribuyen al reciclaje de nutrientes en estos ecosistemas extremos.

14. Ecología Microbiana y Biogeoquímica Marina en el Golfo de Nicoya, Pacífico de Costa Rica: Desarrollo de una línea de Investigación.

Álvaro Morales-Ramírez¹, Alfonso Corzo-Rodríguez², Socratis Pappaspyrou², Emilio García-Robledo², Eddy H. Gómez-Ramírez¹

1-Universidad de Costa Rica,

2-Universidad de Cádiz

En 2012 se dio inicio un proyecto de colaboración entre la Universidad de Costa Rica y la Universidad de Cádiz. El objetivo principal fue estudiar un ecosistema costero de Costa Rica, usando un enfoque en anteriormente era desconocido en el país: la ecología microbiana. El estudio fue liderado por investigadores con amplia trayectoria en ese campo, en instituciones europeas. En específico se estudió un estuario tropical, el trabajo se enfocó en cuantificar el acoplamiento béntico-pelágico en términos de producción primaria, la mineralización de la materia orgánica en el compartimento bentónico y la remineralización de nutrientes. Otro de los aspectos estudiados fue caracterizar la comunidad bacteriana, tanto del sedimento como de la columna de agua y el aporte de estos organismos en los procesos tanto de producción primaria como mineralización de la materia orgánica. También se cuantificaron los nutrientes inorgánicos presentes en varias fracciones del sedimento, tanto submareal como intermareal, con el fin de conocer el posible ligamen se estas sustancias con los procesos productivos y le degradación de la materia orgánica. Haciendo uso de algunas de estas estimaciones se logró cuantificar el metabolismo neto de la columna de agua, de los sedimentos submareales e intermareales.

15. Importancia de los rasgos en la comprensión de las floraciones de cianobacterias.

Inés O'Farrell. CONICET- Universidad de Buenos Aires.

Las eco-estrategias de las cianobacterias formadoras de floraciones reflejan los distintos requerimientos y capacidades para la adquisición de recursos, así como las condiciones físicas del medio acuático en que se desarrollan. En un análisis extenso a lo largo del territorio argentino se observó que estas eco-estrategias, caracterizadas en base a sus rasgos morfo-funcionales, están asociadas al tipo de cuerpo de agua (río, embalse, laguna, lago, reservorio de agua, etc.) y a su origen (natural o artificial) en las distintas eco-regiones. Se discute el valor de esta aproximación para el manejo de esta problemática y para mejorar la capacidad predictiva de la ocurrencia de floraciones.

16. Caracterización de rasgos morfológicos y fisiológicos de importancia para el éxito ecológico de Cianobacterias.

Nostocales. Lilen Yema¹, Colin Kremer², Elena Litchman², Inés O'Farrell¹ & Paula de Tezanos Pinto.

1-Laboratorio de Limnología, Dpto. de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA).

2-W. K. Kellogg Biological Station, Michigan State University, Hickory Corners, Michigan.

3-Instituto de Botánica Darwinion (IBODA), San Isidro, Buenos Aires.

Las Cianobacterias fijadoras de nitrógeno (Nostocales) se caracterizan por la capacidad de producir células especializadas, pero las especies difieren entre ellas en sus rasgos morfológicos y fisiológicos. La caracterización de la distribución de los rasgos de Nostocales podría explicar la distribución de las especies en los gradientes ambientales y ayudar a entender las condiciones particulares en que florecen las distintas especies. En este trabajo se recolectaron, sintetizaron y analizaron distintos rasgos morfológicos (volumen y forma de las células vegetativas, heterocitos y acinetas; posición relativa del heterocito respecto a la acineta; morfología del filamento) y fisiológicos (tasa máxima de crecimiento, en condiciones de abundancia y deficiencia de nitrógeno). El tamaño promedio de la célula vegetativa fue similar al del heterocito, mientras que la acineta fue significativamente mayor que la célula vegetativa. Respecto a la forma, cada tipo celular presentó una forma característica asociada. Por otro lado, creemos que la posición de la acineta respecto al heterocito puede afectar el contenido de nitrógeno de la acineta y afectar su éxito al momento de germinar según la condición de nutrientes del ambiente, pero más estudios son necesarios para comprobar esta hipótesis. En relación a las tasas de crecimiento, el grupo en promedio presentó un valor relativamente bajo, 0,48 día⁻¹, y se destacó *Cylindrospermopsis* con la tasa más alta, característica que podría jugar un rol importante en la capacidad invasiva del género. La información recolectada y analizada en este trabajo representa un análisis exhaustivo del grupo, contribuyendo al entendimiento de la ecología diferencial de las especies. Además la base de datos posee el potencial de ser usada para identificación taxonómica, para realizar modelos y estudios funcionales de la diversidad.

17. Diversidad filogenética de algas Trebouxiophyceae picoeucariotas de agua dulce.

Sebastián Metz¹, Fabrice Not², Enrique Lara³, y Fernando Unrein¹

1-IIB-INTECH

2- Sorbonne Universités, UPMC Université Paris 06, CNRS

3- Real Jardín Botánico de Madrid, CSIC

Trebouxiophyceae es una clase de algas verdes altamente diversa representada principalmente por organismos simbioses, parásitos y de vida libre. Recientemente, datos de secuenciación masiva de la fracción de algas picoplanctónicas (<3 µm) de lagunas someras Pampeanas, mostraron una elevada diversidad de Trebouxiophyceae, i.e. >200 OTUs en solo seis lagunas. Con el objetivo de estudiar la afiliación filogenética de las secuencias y distribución espacial de estos clados, se realizó una búsqueda exhaustiva en diferentes bases de datos de todas las secuencias del gen 18s rADN relacionadas a Trebouxiophyceae. Se colectó además información bibliográfica de distribución espacial y forma de vida para cada uno de los clados. Con las secuencias recolectadas se generó un árbol filogenético de referencia que luego se utilizó para la clasificación de OTUs obtenido por secuenciación masiva relacionado a esta clase. De los resultados obtenidos se puede concluir que la diversidad filogenética de las algas picoplanctónicas correspondientes a Trebouxiophyceae es mucho mayor que lo que se conoce hasta el momento, y que al menos 26 de los 59 clados identificados están compuestos por algas picoeucariotas. Además se presenta un árbol de referencia el cual se puede utilizar para futuras investigaciones de clasificación taxonómica de algas relacionadas a a esta clase.

18. Ensamblaje comunitario y especies invasoras: patrones y procesos en el fitoplancton como modelo.

Carla Kruk¹, Angel M. Segura², Claudia Piccini³, Melina Devercelli⁴

1-Facultad de Ciencias, CURE, UdelaR

2-CURE UdelaR

3- Microbiología, IIBCE

4-Instituto Nacional de Limnología, UNL, CONICET).

Para comprender los procesos asociados a las invasiones biológicas es fundamental identificar los mecanismos que determinan el ensamblaje comunitario. Aquí combinamos teorías que explican la coexistencia de especies con aproximaciones funcionales para comprender los mecanismos asociados, utilizando al fitoplancton como modelo de estudio. En este marco se plantea evaluar la hipótesis de que grupos funcionales basados en morfología clasifican a los organismos en grupos con preferencias ambientales comunes (e.g. nicho). Dentro de cada GFBM las especies son equivalentes y se evaluará si algunas de ellas presentan diferentes combinaciones de rasgos morfológicos u otros rasgos no asociados a la morfología (e.g. toxicidad, microdiversidad) que les proveen ventajas competitivas incrementando su potencial invasor. Se integrarán tres estrategias: 1) análisis de datos sobre riqueza y distribución de fitoplancton en gradientes ambientales, 2) desarrollo de un modelo matemático para evaluar la capacidad de invasión de especies particulares y 3) experimentos de laboratorio con comunidades naturales de fitoplancton que serán invadidas, evaluando el éxito e impacto de la invasión en la riqueza taxonómica, la estructura de tamaños y la microdiversidad genética utilizando herramientas moleculares. Los resultados de este proyecto permitirán avanzar en la evaluación de los mecanismos que subyacen a las invasiones y sus efecto en el ensamblaje comunitario, con potenciales aportes a otros grupos filogenéticos. En esta oportunidad se presentan avances en los tres aspectos señalados, incluyendo 1) análisis a lo largo de gradientes latitudinales, 2) el caso de *Ceratium furcoides* como potencial especie invasora y 3) experimentos con *Cylindropermopsis raciborskii*.

19. Indicadores microbianos en la evaluación de acciones de manejo y rehabilitación ecológica y sanitaria de un arroyo urbano del AMBA: resultados obtenidos y perspectivas a futuro.

Graziano, Martin; de Groot, Grecia S.; Sánchez, María Laura; Pilato, Laura D.; Pizarro, Haydée N., Izaguirre, Irina.

Laboratorio de Limnología, . Dpto. Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. IEGEBA-CONICET. Los proyectos de rehabilitación ecológica en ambientes urbanos vienen incrementándose año a año, siendo uno de los principales desafíos a nivel de la gestión ambiental la implementación de una evaluación sistemática de los mismos. La utilización de indicadores microbianos para el monitoreo de acciones de manejo y rehabilitación no es frecuente, aunque poseen un importante potencial para la detección de cambios estructurales y funcionales tempranos en el ecosistema. En este contexto, presentaremos una experiencia realizada durante el período 2015-2017, basada en el manejo de la vegetación riparia y la re-introducción de macrófitas arraigadas de lámina flotante en un tramo de 200m del arroyo San Francisco (Claypole, Buenos Aires), evaluando la efectividad de la intervención a través de diferentes indicadores microbianos: la estructura del perifiton, y la ocurrencia de bacterias indicadoras de contaminación fecal. Las intervenciones se realizaron durante la primavera-verano de los años 2015 y 2016, monitoreándose mensualmente la vegetación acuática e incluyendo muestreos periódicos del ecosistema en el tramo intervenido y en 2 tramos control a partir de un diseño BACIPS. En la primera intervención se evidenció un efecto BACI significativo sobre la biomasa algal perifítica y un cambio en la estructura de los grupos funcionales presentes, incrementándose diferencialmente la preponderancia de organismos de mayor tamaño y adherencia. Sin embargo, no se observó un efecto significativo sobre los principales nutrientes disueltos en la columna de agua (NID, FRS, DOC), aunque se encontraron asociaciones y patrones estacionales en la dinámica de los mismos. Resultados preliminares de la segunda intervención evidenciaron un efecto transiente respecto a la disminución de E. coli en la columna de agua. Se discutirán los resultados en base a la efectividad de los trasplantes, la asociación entre variables bióticas y abióticas, y la pertinencia y selección de indicadores microbianos en futuras acciones de rehabilitación.

20. Comunidades microbianas como indicadores de calidad ambiental, con énfasis en contaminantes emergentes.

Luciana Griffero¹, Andrés Pérez², Cecilia Alonso¹

1-Ecología microbiana en sistemas acuáticos de transición, Centro Universitario Regional del Este, Rocha, Uruguay,

2-Departamento de Desarrollo Tecnológico, Centro Universitario Regional del Este, Rocha, Uruguay.

El alto grado de impacto antropogénico que están experimentando los sistemas acuáticos hace imprescindible el desarrollo de indicadores sensibles de calidad de agua. Los microorganismos poseen características tales como elevados tamaños poblacionales y tasas de crecimiento y particular capacidad de censar y responder rápidamente a variables ambientales, incluyendo presencia de contaminantes específicos. La atención sobre contaminación acuática se ha expandido recientemente a los llamados "contaminantes emergentes" (CEs), cuya presencia en el ambiente no es nueva, pero el conocimiento sobre sus efectos en la salud pública y el medio ambiente es aún muy escaso. Los CEs comprenden una amplia gama de compuestos como productos farmacéuticos, de cuidado personal, drogas de abuso, agentes tensoactivos, plastificantes y aditivos; muchos de los cuales son biológicamente activos, persistentes y suelen no eliminarse eficientemente por las plantas de tratamiento de aguas residuales convencionales (tratamientos secundarios). Estos compuestos no están incluidos en el monitoreo actual de tratamiento de aguas y la evaluación de sus efectos es escasa debido principalmente al desafío analítico que impone el gran número de sustancias a monitorear. El objetivo del presente trabajo es evaluar si la estructura taxonómica y funcional de las comunidades microbianas acuáticas puede utilizarse como indicador informativo de la calidad ambiental de ecosistemas acuáticos, con énfasis en contaminantes emergentes. Se analizará la estructura taxonómica de la comunidad y su relación con la presencia de diferentes CEs. Además, se realizará una caracterización funcional, basada en la detección de genes microbianos involucrados en vías de degradación de CEs, como indicador de su presencia en el ambiente. Se analizará la variación estacional y espacial de los datos, a nivel de cuenca (Laguna de Rocha y Laguna de Castillos), abarcando ambientes acuáticos con distinto grado de impacto antropogénico.

21. Potencial patogénico del agua: diversidad filogenética vs. diversidad de ecotipos.

Álvaro González Revello^{1,3}, Claudia Piccini¹, Eliana Nervi¹, Andrés Iriarte², Pablo Zunino¹, y José Sotelo-Silveira³.

1-Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE).

2-Departamento de Desarrollo Biotecnológico, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, UdeLaR.

3-Departamento de Genómica, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE).

Los estudios de diversidad bacteriana basados en análisis de secuencias del gen para el ARNr16S definen a las especies como clusters cuya identidad de secuencia es mayor/igual al 97%. Sin embargo, existen casos en los que especies así definidas difieren intraespecíficamente a nivel ecológico, lo que ha llevado a definir unidades ecológicas o ecotipos bacterianos. Este es el caso de algunos patógenos como *Escherichia coli*, que habitan e infectan una amplia gama de hospederos y exhiben una alta divergencia a nivel genómico que no necesariamente se refleja en la diversidad basada en el 16S. Dada la existencia de varios factores de virulencia y hospederos o ambientes posibles, se podrían definir ecotipos de virulencia en base a los genes de virulencia presentes y al tipo de patogenia. Por tanto, la presencia de varios ecotipos de virulencia en una especie bacteriana filogenéticamente definida daría cuenta del potencial real de patogenicidad que posee. Con esta premisa y en el marco del diseño de un panel Ampliseq para detectar bacterias nocivas en muestras de agua, exploramos la diversidad genética de 15 géneros de bacterias patógenas y cianobacterias tóxicas (73 genes de virulencia vinculados a 46 regiones de patogenicidad y/o toxicidad). Para ello, se evaluará la diversidad intraespecífica a partir de marcadores filogenéticos tales como el gen 16S, *rpoB*, *recA* y genes para proteínas ribosomales. Además, se analizarán las distancias genéticas para cada factor de virulencia bajo el supuesto de que las mutaciones que ocasionan cambios en su ecología (cambios en la virulencia/ rango de hospederos) dan lugar a nuevos ecotipos. Se definirá el número de ecotipos de virulencia para cada especie de la base de datos y se comparará con su diversidad filogenética. Esta información contribuirá al diseño de una herramienta más sensible, que asegure la identificación de los diferentes ecotipos de cada patógeno.

22. El glifosato afecta diferencialmente la estructura de comunidades picoplanctónicas provenientes de un sistema de agua dulce claro y otro turbio.

Sabio y García, Carmen¹; Lozano, Verónica¹; Ferraro, Marcela²; Schiaffino, Romina³; Izaguirre, Irina¹; Pizarro, Haydee¹

1-Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. IEGEBA-CONICET.

2-Instituto de Investigaciones Biotecnológicas – Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-InTECh – CONICET)

3-Centro de Investigaciones y transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, CONICET, UNNOBA, 6000, Junín, Argentina.

El glifosato es el herbicida más utilizado globalmente. Su impacto sobre los organismos acuáticos está siendo estudiado a distintos niveles. Si bien se sabe que afecta a la fracción de las picocyanobacterias (pcy) y a las bacterias heterotróficas dentro del picoplancton, hay poca información respecto a qué grupos dentro de estas fracciones afecta. En este marco, nos propusimos evaluar el impacto del glifosato sobre la estructura del picoplancton mediante el análisis de cambios en poblaciones citométricas y OTUs bacterianos dominantes. Se partió de comunidades con distinta composición, obtenidas de un mesocosmos de aguas “claras” ($chl-a = 3.48 \pm 1.15 \mu g L^{-1}$, NTU= 1) y otro de aguas “turbias” ($chl-a = 105.96 \pm 15.29 \mu g L^{-1}$, NTU= 48). Se realizó un único ensayo en condiciones controladas de laboratorios, mediante erlenmeyers de 500 ml a los que se le asignaron distintos tratamientos por triplicado: 1) claro control; 2) claro glifosato; 3) turbio control y 4) turbio glifosato. Se aplicó 4 mg/L de glifosato a la mitad de los erlenmeyers y se dejó evolucionar por 8 días. Se analizaron las comunidades por citometría de flujo y DGGE (16s ARNr) al inicio y final del ensayo. El glifosato afectó de manera distinta a cada sistema: en el claro, aumentaron las bacterias de alto contenido de ácidos nucleicos (HNA) ($p < 0.05$) equiparando las proporción de altas y bajas (HNA/LNA); en el turbio, disminuyeron las Pcy ricas en ficocianina (PC) a un 15 % ($p < 0.05$) bajando la abundancia de la fracción autotrófica. Además, alteró el patrón de OTUs bacterianos dominantes ($p < 0.05$) y se evidenció un aumento de Alfabroteobacterias en presencia del herbicida. Estos resultados corroboran que el glifosato afecta al picoplancton y sugieren que su efecto depende de las características del sistema. El enfoque presentado podría ser una forma sencilla de monitorear el impacto de herbicidas en comunidades picoplanctónicas.

23. Estructura del bacterioplancton en lagunas de la cuenca del Río Salado con distinto estado alternativo y uso del suelo.

Seoane Rocha C.¹, Llamas M.E.², Huber P.³, Fermani P.², Lagomarsino L.², Schiaffino M.R.¹

1-Centro de Investigaciones y transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, CONICET, UNNOBA, 6000, Junín, Argentina.

2-Instituto de Investigaciones Biotecnológicas-Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), Universidad Nacional de San Martín (UNSAM) – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CC 164 (B7130IWA) Chascomús, Provincia de Buenos Aires. Argentina.

3-Instituto Nacional de Limnología – (INALI - CCT - CONICET - SANTA FE).

La cuenca del Río Salado se halla en la Región Pampeana y es una de las cuencas más importantes de la Argentina debido a que es la principal zona productora de alimentos. La cuenca superior de este río se caracteriza por presentar un mayor desarrollo de actividades agrícolas y la cuenca inferior por presentar principalmente actividades ganaderas. Se estudió la composición del bacterioplancton en dos lagunas localizadas en la cuenca superior (Gómez, Carpincho) y en dos de la cuenca inferior (Chascomús, El Triunfo), mediante Illumina MiSeq. Todas estas lagunas se encontraron en estado de aguas turbias, excepto El Triunfo que presentó aguas claras. Se observaron diferencias significativas entre las variables fisicoquímicas, principalmente en la concentración de fósforo total ($P=0,009$), que fue mayor en las lagunas ubicadas en la cuenca superior, asociadas a mayores actividades agrícolas. El análisis de la composición del bacterioplancton, mediante escalamiento multidimensional no-métrico, mostró que aquellas lagunas pertenecientes a la cuenca superior se ordenaron separadamente de las lagunas de la cuenca inferior. Estos grupos resultaron significativamente diferentes (ANOSIM $R=0,57$; $P=0,0001$). En las lagunas de la cuenca superior dominaron las Actinobacterias seguidas de Verrucomicrobia, mientras que en las lagunas de la cuenca inferior dominaron las Actinobacterias, Alfaproteobacterias, Planctomycetes y Verrucomicrobia en distintas proporciones según el estado alternativo de las lagunas estudiadas. El análisis de redundancia mostró que las variables ambientales (conductividad, fósforo reactivo soluble, Secchi y oxígeno disuelto) explicaron un 79% de la variación total. Las lagunas de la cuenca superior se ordenaron de manera conjunta hacia elevadas concentraciones de fósforo y El Triunfo se ordenó hacia elevados valores de Secchi, en coincidencia con su estado claro. Estos resultados sugieren que el ambiente es el principal selector sobre la estructura del bacterioplancton de estas lagunas, asociado al uso del suelo y al estado de equilibrio de los sistemas.

24. Cold Biosphere: From microbial diversity to biotechnological applications in the Grey Glacier (Chile).

Lavín P., Arán Sekul P., Muñoz P., Icaza G., Severino E., García J., Molina V., Dorador C.

1-Laboratorio de Complejidad Microbiana y Ecología Funcional, Instituto Antofagasta, Universidad de Antofagasta, Chile.

Ice embedded microcosm represent a vast reservoir of novel species and a proxy for past climate reconstitution. The Sub-polar zones of Chile like Patagonia are influenced directly by climate change and anthropogenic pollution affecting the microbial structure at spatial and temporal scale. Grey Glacier is located in the Torres del Paine National Park in southern Chile, at Southern Patagonian Ice Field. Due to the increase of regional temperature and precipitation variability, the Glacier detaches ice fragments, which are floating on the lake. To unravel the bacterial composition in the Grey Glacier ecosystem and biotechnological potentialities, we survey the spatial prokaryotic distribution in the underground ice block and waters. The PICRUST pipeline was used to predict the functional diversity and biotechnological potential. Additionally, culture dependent approach was used to assess antimicrobial producers. A total of 4.603.992 sequences and 33.805 observed OTUs were described by next-generation sequencing technology (Illumina MiSeq). Sequences were affiliated to 25 different bacteria phyla. Dominant group were: Actinobacteria, Proteobacteria, Bacteroidetes and Firmicutes. Microbial secondary metabolism (PKS and NPRS) were predicted by PICRUST and some of the isolated bacteria were able to inhibit multi-resistant hospital strains and produce gold nanoparticles.

25. Manantiales hidrotermales de altura del Altiplano Chileno: fuente de diversidad microbiana y oportunidad de nuevas rutas de biosíntesis de compuestos antimicrobianos.

Johana Cortes^{1,2}, Vilma Pérez^{1,2}, Cristina Dorador², Verónica Molina³, Francisca Marchant⁴, Wade Jeffrey⁵, Lisa Nigro's⁵, Martha Hengst¹

1-Universidad Católica del Norte & CEBIB, Antofagasta, Chile.

2-Universidad de Antofagasta & CEBIB, Antofagasta, Chile.

3-Universidad de Playa Ancha, Valparaíso, Chile.

4-Universidad de Chile & CEBIB, Santiago, Chile. 5) University of West Florida, Pensacola, FL USA

La biodiversidad microbiana de los manantiales hidrotermales de altura del altiplano chileno, resultan de la convergencia entre la historia geológica de la cordillera de los Andes y los factores ambientales. Las termas de Lirima, corresponden a una formación de sulfataras hidrotermales de origen volcánico emplazada en el altiplano chileno, a 4.200 msnm en la Región de Tarapacá. Las termas de Lirima comprenden un conjunto de pozas de agua dulce (66,99 mg L⁻¹ de cloruros), caracterizadas por escasa materia orgánica y de oeste a este por el aumento en la temperatura (42 a 72 °C) y la disminución del pH (7,9 a 5,2), características poco frecuentes en el Altiplano Chileno. Los estudios realizados en diferentes pozas de las termas de Lirima usando técnicas de secuenciación masiva (MiSeq, Illumina), muestran que existe una alta y novedosa comunidad de microorganismos poliextremófilos, los que presentan adaptaciones para vivir a alta temperatura, baja disponibilidad de oxígeno, pH moderado, extrema aridez, altitud y una alta radiación solar (> 1.000 W m⁻²), representados por bacterias y arqueas, algunos sin representantes cultivados hasta ahora. Análisis de metagenómica muestran que los microorganismos presentan estrategias adaptativas para vivir bajo la influencia de diversos estresores ambientales simultáneos y poseen genes involucrados en la biosíntesis de compuestos antimicrobianos y otros relacionados con la degradación de compuestos xenobióticos. La microbiología de los ambientes termales de altura muestra un alto porcentaje de taxa "no clasificados", o "no asignables" (3 – 21 %). Análisis metagenómicos, muestran cerca de un 39% de proteínas nuevas, o no asignables a alguna función conocida. Estos resultados en conjunto demuestran que este sitio termal de altura es de gran interés científico y biotecnológico, y que es posible encontrar nuevos metabolismos para la biosíntesis de compuestos bioactivos que los microorganismos podrían estar usando como estrategias de adaptación.

26. Microbiota intestinal y probióticos.

Luciana Raggi¹, Eduardo Martínez-Ángeles¹, Pamela Navarrete¹, Mayra Toledo¹, Cristian Martínez-Chavez¹, Carlos A. Martínez-Palacios¹.

1-LANMDA

Una alternativa sumamente prometedora para mitigar las enfermedades presentes en los peces cultivados, es el uso de probióticos. Los probióticos son microorganismos cuyos productos ejercen un efecto benéfico sobre la salud del huésped gracias a su habilidad para promover el crecimiento y la resistencia contra ciertas enfermedades, por esto en la actualidad los probióticos son una herramienta potencial para la acuicultura. Adicionalmente, se ha observado que los probióticos tienen la capacidad de competir y controlar bacterias patógenas de los peces, a través de una gran variedad de mecanismos. Poco se sabe del efecto de estos probióticos sobre la microbiota de los peces, y en realidad poco se sabe de la microbiota de los peces en sí. Algunos de los estudios actuales de nuestro grupo de trabajo se centran en caracterizar la microbiota intestinal de peces cultivables en México como el robalo (especie marina) y el pez blanco (especie lacustre local), así como evaluar el efecto de las dietas y de la inclusión de probióticos en éstas, sobre el crecimiento y supervivencia de los peces.