

# MICROSUDAQUA

Red Colaborativa en Ecología Acuática Microbiana de América Latina

**11 al 14 de noviembre de 2019**  
**Chascomús, Argentina**

Libro de Resúmenes

Bienvenidos al 2do Taller de la Red colaborativa en Ecología Microbiana Acuática en América Latina ( $\mu$ SudAqua)!

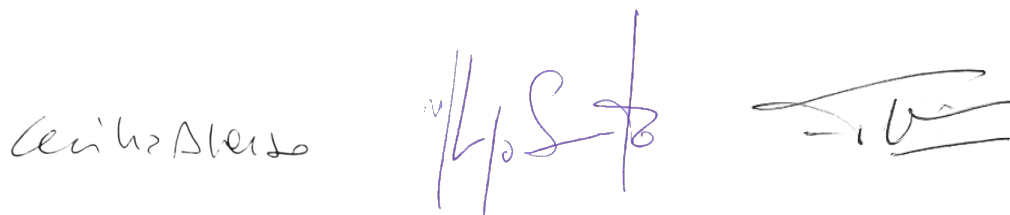
Con gran placer recibimos su participación en el segundo taller de nuestra red. Desde el 11 al 14 de noviembre, 49 investigadores y estudiantes de posgrado representando grupos de trabajo en ecología microbiana acuática de Argentina, Brasil, Canadá, Colombia, Costa Rica, España y Uruguay nos damos cita para iniciar esta segunda 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, a los colegas que propusieron grupos de trabajo, a la Municipalidad de Chascomús por el apoyo brindado, a la Dirección de Gestión Cultural y Patrimonial Casa de Casco, la Escuela Municipal N°1 "Juan Galo de Lavalle" y la Catedral Nuestra Señora de la Merced por ceder generosamente los espacios, a la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (ANPCyT) y al Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET) de Argentina por el financiamiento. También agradecemos a las autoridades del Instituto Tecnológico de Chascomús (INTECH) por el apoyo para la organización del evento.

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



## Comité Organizador

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

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

### ORGANIZAN



UNIVERSIDAD  
DE LA REPÚBLICA  
URUGUAY



### FINANCIAN



### APOYAN



MUNICIPALIDAD  
de CHASCOMÚS

## Participantes

Nombre	Dirección de correo electrónico	Afiliación Institucional	Situación laboral
<b>Argentina</b>			
Marcela Bastidas Navarro	mbastidas@comahue-conicet.gob.ar	Laboratorio de Limnología-INIBIOMA (UNCo-CONICET)	Investigador
Melina Devercelli	meldevercelli@gmail.com	Laboratorio de Plancton. Instituto Nacional de Limnología. CONICET, UNL	Investigador
Paulina Fermani	pfermani@intech.gov.ar	Laboratorio de Ecología Acuática - INTECH (UNSAM-CONICET)	Investigador
Marina Gereá	marinagerea@gmail.com	GESAP (Grupo de Ecología de Sistemas Acuáticos a escala de Paisaje), INIBIOMA (UNCo-CONICET)	Investigador
Martin Graziano	martinymartin@gmail.com	Laboratorio de Limnología, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, IEGEBA-CONICET.	Investigador
Irina Izaguirre	iri@ege.fcen.uba.ar	IEGEBA (CONICET-UBA)- Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires	Investigador
Leonardo Lagomarsino	lagomarsino@intech.gov.ar	Laboratorio de Ecología Acuática - INTECH (UNSAM-CONICET)	Investigador
Maria E. del R. Llames	mariaellames@intech.gov.ar	Laboratorio de Ecología Acuática - INTECH (UNSAM-CONICET)	Investigador
Mariana Lozada	lozada.mari@gmail.com	Laboratorio de Microbiología Ambiental, CESIMAR-CONICET/IBIOMAR-CONICET, Puerto Madryn, Chubut	Investigador
Andrea Malits	malits.andrea@yahoo.com	Laboratorio de Oceanografía Biológica, Centro Austral de Investigaciones Científicas, CONICET	Investigador
Beatriz Modenutti	bmodenutti@comahue-conicet.gob.ar	Laboratorio de Limnología, INIBIOMA (UNCo-CONICET)	Investigador
María Romina Schiaffino	rominaschiaff@yahoo.com.ar	Centro de Investigación y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CITNOBA, CONICET-UNNOBA-UNSADA)	Investigador
Fernando Unrein	funrein@intech.gov.ar	Laboratorio de Ecología Acuática - INTECH (UNSAM-CONICET)	Investigador
María Victoria Quiroga	mavictoriaq.vq@gmail.com	Laboratorio de Ecología Acuática - INTECH (UNSAM-CONICET)	Profesional Adjunto
Carmen A Sabio y García	carmeniica@gmail.com	Laboratorio de Limnología, Departamento de Ecología Genética y Evolución. Universidad de Buenos Aires	Docente Universitario
Maria Paula Huber	mariapaulahuber@gmail.com	Laboratorio de Plancton. Instituto Nacional de Limnología.	PostDoc
Victoria Accattatis	vicky.accattatis@hotmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Instituto Nacional de Limnología. CONICET - Universidad Nacional del Litoral	Estudiante de Doctorado
María Carolina Bernal	carobernal90@gmail.com	IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires	Estudiante de Doctorado
Sebastián Metz	metz.seba91@gmail.com	Laboratorio de Ecología Acuática - INTECH (UNSAM-CONICET)	Estudiante de Doctorado
Mariana Paola Odriozola	odriozolamp@intech.gov.ar	Laboratorio de Ecología Acuática - INTECH (UNSAM-CONICET)	Estudiante de Doctorado

## Participantes

Nombre	Dirección de correo electrónico	Afiliación Institucional	Situación laboral
Juliana Andrea Ospina Serna	jaospinas@intech.gov.ar	Laboratorio de Ecología Acuática - INTECH (UNSAM-CONICET)	Estudiante de Doctorado
Elisa María Sol Porcel	mariasolporcel@gmail.com	Limnología. Departamento de ecología, genética y evolución. Universidad de Buenos Aires	Estudiante de Doctorado
Martín Saraceno	saracenomartin@gmail.com	Laboratorio de Limnología, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA	Estudiante de Doctorado
Macarena Roel	macaroel@hotmail.com	UADE	Estudiante de Maestría
<b>Brasil</b>			
Inessa Lacativa Bagatini	inessalacativa@gmail.com	Universidade Federal de São Carlos	Investigador
Hugo Sarmento	hugo.sarmento@gmail.com	UFSCar	Investigador
Helena Henriques Vieira	helenavieira84@gmail.com	Universidade Federal de São Carlos - UFSCar	PostDoc
Michaela Ladeira de Melo	michaelaldemelo@gmail.com	Laboratory of Microbial Processes and Biodiversity, Universidade Federal de São Carlos	PostDoc
Mariana Rodrigues Amaral da Costa	costamra@gmail.com	Universidade Federal do Rio Grande do Norte - UFRN	PostDoc
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
Nara de Azevedo Garcia	naragarcia23@gmail.com	Ecologia microbiana em reservatório. Museu Nacional-Universidade Federal do Rio de Janeiro	Estudiante de Doctorado
Pedro Junger	pedro.junger@gmail.com	Universidade Federal de São Carlos	Estudiante de Doctorado
Maiara Menezes	menezesmaiara@hotmail.com	Laboratório de Ecologia de Águas Continentais-LEAC. Departamento de Oceanografia e Limnologia. Universidade Federal do Rio Grande do Norte.	Estudiante de Doctorado
Nathan Eugeni Andolfato	nathaneugeni@hotmail.com	Universidade Federal de São Carlos (UFSCar São Carlos)	Estudiante de Maestría
Marcelo Malisano Barreto Filho	mmalisanobar@gmail.com	Universidade Federal de São Carlos	Estudiante de Maestría
Nathália da Silva Resende	nathalia.s.resende@gmail.com	Ecologia Funcional do Plâncton. Laboratório de Ecologia Aquática. Universidade Federal de Juiz de Fora	Estudiante de Maestría
Ana Beatriz Janduzzo Amaro de Lima	anabjand@gmail.com	Universidade Federal de São Carlos - UFSCar São Carlos	Estudiante de grado

## Participantes

Nombre	Dirección de correo electrónico	Afiliación Institucional	Situación laboral
<b>Canada</b>			
Paul del Giorgio	del_giorgio.paul@uqam.ca	Université du Québec à Montréal	Investigador
<b>Colombia</b>			
Juan Pablo Niño García	juan.nino@udea.edu.co	Grupo GAIA - Universidad de Antioquia	Investigador
<b>Costa Rica</b>			
Eddy H. Gómez Ramírez	eddy.gomez@ucr.ac.cr	Laboratorio de Oceanografía Química, CIMAR, Universidad de Costa Rica.	Investigador
<b>España</b>			
Laura Alonso	laura.alonsosaez@gmail.com	AZTI, Marine Research Division, Derio	Investigador
Pep Gasol	pepgasol@icm.csic.es	Institut de Ciències del Mar-CMIMA (CSIC), Barcelona	Investigador
<b>Uruguay</b>			
Cecilia Alonso	ceci.babilonia@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Investigador
Ana Martínez	anamart30@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional Este. Universidad de la República	Investigador
Emiliano Pereira Flores	pereiramemo@gmail.com	Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	PostDoc
Luciana Griffero Ramilo	lugrif@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Estudiante de Doctorado
Gabriela Martínez de la Escalera	gmesiri@gmail.com	Departamento de Microbiología. Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable.	Estudiante de Doctorado
María Belén González Pino	mabel2406@gmail.com	Ecología microbiana en sistemas acuáticos. Centro Universitario Regional del Este. Universidad de la República	Estudiante de Maestría
Juan Zanetti	juanzanetti04@hotmail.com	Ecología microbiana de sistemas acuáticos	Estudiante de Maestría



## Resúmenes de trabajos presentados

## 1. Biolabilidad diferencial de la materia orgánica disuelta en lagos andino-norpatagónicos en diferentes condiciones naturales.

Gerea Marina<sup>1</sup>, Soto Cárdenas Carolina<sup>1</sup>, García Patricia Elizabeth<sup>1</sup>, Queimaliños Claudia<sup>1</sup>

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

La materia orgánica disuelta (MOD) es el principal sustrato de carbono de las bacterias heterotróficas en los sistemas acuáticos, y su calidad y origen (e.g., autóctona-alóctona) definen su biodisponibilidad. En este estudio se propuso analizar la biodegradación de la MOD en lagos oligotróficos andino-patagónicos en dos momentos del año que presentan diferente ingreso de MOD alóctona, debido a la estacionalidad en las precipitaciones (temporada seca-mayo, Exp.1, y temporada húmeda-noviembre, Exp.2). Los experimentos se efectuaron durante 43 días utilizando agua y bacterioplancton de dos lagos someros (Escondido, Morenito) y de diferentes estratos de un lago profundo (Moreno). Se determinó la concentración de la MOD como carbono orgánico disuelto, y su calidad fue evaluada por espectrofotometría y espectrofluorometría (incluyendo PARAFAC). La comunidad bacteriana fue analizada a través de citometría de flujo, subdividiendo poblaciones de alto y bajo contenido de ADN ("HNA" y "LNA" respectivamente). Durante el Exp.1, la MOD presentó menor concentración respecto al Exp.2, tuvo menor tamaño molecular y fue menos húmica en todos los sistemas, resultado esperable considerando que la MOD está fotodegradada al finalizar la temporada seca. Esto favoreció a que la MOD fuera biodegradada en los tres ambientes durante el Exp.1, mientras que en el Exp.2 observamos biodegradación en los lagos someros y bioproducción en el lago profundo. En ambos experimentos se registró dominancia de las LNA en todo el período, coincidiendo con la capacidad de este grupo de sobrevivir en oligotrofia. Sin embargo, las HNA aumentaron en todos los casos hacia el final del experimento. La proporción HNA/LNA en el tiempo inicial fue menor en el Exp.1. aunque aumentó fuertemente hacia el final del mismo, mientras que fue poco variable en el Exp.2. Las HNA igualaron o superaron las LNA en los estratos inferiores del Moreno al final del Exp.1 debido a la acumulación de nutrientes al final del período de estratificación.

## 2. Patrones de biodegradación de la materia orgánica disuelta en un $\mu$ observatorio marino-costero.

Cecilia Alonso<sup>1,2</sup>, Belén González<sup>1,2</sup>, Luciana Griffero<sup>1</sup>, Danilo Calliari<sup>2</sup>, Carolina Lescano<sup>2</sup>, Lorena Rodríguez<sup>2</sup>, Carolina Crisci<sup>3</sup> & Rudolf Amann<sup>4</sup>

1- Ecología Microbiana de Sistemas Acuáticos. CURE-UdelaR. Rocha, Uruguay

2- Ecología Funcional de Sistemas Acuáticos. CURE-UdelaR. Rocha, Uruguay

3- Modelización y Análisis de Recursos Naturales. CURE-UdelaR. Rocha, Uruguay

4- Molecular Ecology. MPI für marine Mikrobiologie. Bremen, Alemania

Un proceso fundamental del ciclo marino del C en sistemas costeros es la degradación de masivas cantidades de materia orgánica disuelta (MOD), derivada de diversas fuentes. Los factores ambientales y los atributos de las comunidades que controlan este proceso permanecen relativamente incomprendidos. En este trabajo, se llevaron a cabo experimentos de biodegradación de la MOD a lo largo de un año de muestreo en el observatorio microbiano SAMO, situado en la costa Atlántica uruguaya. Las incubaciones se realizaron por triplicado durante una semana, en una cámara oscura, a temperatura in situ. El consumo de oxígeno durante las incubaciones fue monitoreado constantemente, empleando sensores ópticos no invasivos. Al principio y final de cada experimento se tomaron muestras para determinar la calidad de la MOD, en base a sus propiedades espectrales. Se identificaron 7 patrones de biodegradación usando métodos de clustering y partición. Las alteraciones de la MOD luego de las incubaciones se relacionaron principalmente al peso molecular, composición y color, seguidas de cambios en la humificación, aromaticidad y oxígeno consumido. El patrón abarcando más experimentos fue el que representó las menores variaciones en la calidad de la MOD, acompañadas por un consumo bajo a medio de oxígeno. Un patrón muy distintivo (P2) resultó en un pronunciado descenso en el peso molecular de la MOD y en el máximo consumo de oxígeno. La ocurrencia de dichos patrones estuvo ligada a diferentes variables ambientales, por ejemplo, P2 ocurrió asociado al pH más alto, la salinidad más baja, la mayor concentración de NO<sub>2</sub> y la MOD con mayor peso molecular. Además, fue coincidente con la máxima tasa de producción primaria, y con una de las más altas tasas de respiración. Nuestros resultados aportan información relevante para la comprensión de los factores que controlan la degradación microbiana de la MOD en los mares costeros."



### 3. Importancia de la materia orgánica disuelta para la estructuración de la comunidad bacteriana en un gradiente espacial en el Atlántico Sur.

González María Belén<sup>1</sup>, Garzón John<sup>2</sup>, Lara Rubén<sup>2</sup>, Greif Gonzalo<sup>3</sup>, Pereira Emiliano<sup>4</sup>, Alonso Cecilia<sup>1</sup>

1- Ecología Funcional de sistemas acuáticos, Centro Universitario de la Región Este, Universidad de la República

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

3- Unidad de Biología Molecular, Istitut Pasteur de Montevideo

4- Instituto Max Planck para Microbiología Marina. Bremen, Alemania

El advenimiento de secuenciación masiva ha permitido la caracterización exhaustiva de la diversidad bacteriana en diferentes ambientes. Sin embargo, ha tenido también como consecuencia, que muchas veces sea difícil evidenciar patrones ecológicos a nivel de unidades taxonómicas operativas (OTUs). En este trabajo, se definieron grupos basados en asociaciones significativas de OTUs y se analizaron las variables determinantes de su distribución en un gradiente marino desde zona costera hasta talud en el Atlántico Sur. Para ello se trabajó con 51 muestras de agua superficial colectada en dos muestreos de primavera (2016- 2017). Allí se midieron una serie de variables fisicoquímicas y las comunidades bacterianas fueron analizadas por secuenciación masiva de la región V2-V3 del gen codificante para ARNr de 16S. Posteriormente, se definieron OTUs por similitud en las secuencias obtenidas y se delinearon grupos de OTUs utilizando partición por k-means y evaluando la concordancia de los grupos a través del coeficiente de Kendall. Finalmente, la distribución de los grupos en el gradiente espacial fue modelada en base a las variables fisicoquímicas, utilizando modelos lineales generalizados. Los resultados obtenidos fueron que las variables que expresan la calidad de la materia orgánica disuelta (tales como por ejemplo peso molecular, grado de humificación, grado de frescura) ocuparon posiciones relevantes para el modelado de la distribución de dichos grupos, a la par o a veces inclusive con mayor relevancia que variables ampliamente estudiadas como temperatura, salinidad, oxígeno y clorofila. Los resultados obtenidos, aportan información acerca de factores claves para la estructuración de las comunidades marinas, a la vez que validan la aproximación de definición de grupos de OTUs, que puedan ser luego utilizados para la comprensión y predicción de procesos ecológicos, con base en el conocimiento de la estructura de las comunidades bacterianas.

### 4. Patrones físico-químicos y microbiológicos asociados a la presencia del alga invasora *Undaria pinnatifida* en ambientes costeros de la Patagonia.

Mariana Lozada<sup>1</sup>, Gregorio Bigatti<sup>2</sup>, Juan Pablo Livore<sup>2</sup>, María C. Diéguez<sup>3</sup>, Patricia E. García, Erica Giarratano<sup>4</sup>, Mónica N. Gil<sup>4</sup>, Hebe M. Dionisi<sup>1</sup>

1- Laboratorio de Microbiología Ambiental (CESIMAR-CONICET/IBIOMAR-CONICET)

2- Laboratorio de Reproducción y Biología Integrativa de Invertebrados Marinos (IBIOMAR-CONICET)

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

4- Laboratorio de Química Ambiental y Ecotoxicología (CESIMAR-CONICET)

El alga *Undaria pinnatifida* es considerada entre las 100 especies invasoras más dañinas. Invadió las costas patagónicas a partir de esporas transportadas en el agua de balasto de buques y actualmente se distribuye desde Puerto Deseado hasta Mar del Plata. En este trabajo se analizó empíricamente la contribución de los exudados de *U. pinnatifida* al pool de materia orgánica disuelta (MOD) y sus efectos sobre la estructura de la comunidad bacteriana pelágica en las costas de Puerto Madryn. Los sistemas experimentales conteniendo algas en agua de mar se incubaron a 14°C y fotoperíodo de 12/12 hs luz/osc. Los exudados obtenidos se caracterizaron en base a sus propiedades químicas y ópticas, y luego se utilizaron como fuente de carbono en experimentos de biodegradación utilizando agua de mar como inóculo. Las algas liberaron MOD en el agua de mar (9.1 ±1.1 mgC g<sup>-1</sup> día<sup>-1</sup>, n=3, 72 hs de incubación), compuesta en ~50% por carbohidratos (CH). Las fracciones cromofórica y fluorescente (MODC y MODF) de la MOD exudada se caracterizó por su aromaticidad y alto peso molecular. En los exudados inoculados con agua de mar fresca se observó una rápida disminución del O<sub>2</sub> (1.5 ± 0.3 mg/l, 7 días, n=3) y un consumo de ~10% de los CH. La secuenciación en gran escala del gen para el ARNr 16S con primers universales para la región V4 indicó un cambio en la estructura de la comunidad bacteriana luego de la exposición a los exudados de *U. pinnatifida*. Mientras que las Gammaproteobacteria (Alteromonadales y Oceanospirillales) dominaban en el agua de mar inicial, en los experimentos con exudado surgieron grupos de Epsilonproteobacterias (Orden Campylobacterales, principalmente Arcobacter), Fusobacterias (Ilyobacter), y miembros no clasificados de Bacteroidetes (sólo con agregado de nutrientes). Los exudados incrementaron la abundancia y la diversidad de bacterias, promoviendo mayor equitatividad en la comunidad.

## 5. Análisis de la diversidad filogenética de *Escherichia coli* en una cuenca urbana (Buenos Aires, Argentina) y su asociación con factores ecológicos y de infraestructura.

M. Saraceno<sup>1</sup>, S. Gómez Lugo<sup>1</sup>, N. Frankel<sup>2</sup> y M. Graziano<sup>1</sup>

1- Laboratorio de Limnología, IEGEBA, FCEyN, UBA. 2- IFIBYNE, FCEyN, UBA

La ocurrencia de *Escherichiacoli* (EC) en cuerpos de agua se asocia tradicionalmente a su ingreso por fuentes de contaminación fecal, aunque en las últimas décadas existe evidencia de su persistencia en ambientes secundarios, incluyendo procesos de adaptación (naturalización). Complementariamente, EC abarca una sub-estructura genética caracterizada en grupos filogenéticos discretos (filogrupos), para los que estudios recientes respecto a su ocurrencia en ambientes impactados sugieren la hipótesis de una supervivencia diferencial, incrementada en cepas pertenecientes a los clados B1 y a los llamados crípticos. En ese sentido, nuestro objetivo fue analizar en una cuenca metropolitana el efecto de factores urbanos y ecológicos sobre la diversidad filogenética de EC que puedan propiciar fenómenos de naturalización. Se realizó un muestreo en la cuenca de los arroyos San Francisco, Las Piedras y Santo Domingo (Febrero, 2018) en 14 sitios con diferencias a nivel de infraestructura sanitaria, hidráulica e integridad del hábitat ripario y acuático. Del total de aislamientos de EC recuperados, 326 fueron identificados filogenéticamente (PCR multiplex), obteniéndose un 64% de aislamientos correspondientes al filogrupo A, 16% al B1, 2% al B2, 10% al D, 3% al E y 5% al F. Se detectó, además, un aislamiento perteneciente al clado críptico IV. El arroyo San Francisco presentó la mayor diversidad filogenética de EC, dado que en la mayoría de sus sitios se detectaron taxones de baja frecuencia (B2, F y E) y el clado críptico. Un análisis de partición de la varianza asoció un 20% de la variabilidad en la composición filogenética de la cuenca a características urbanas (infraestructura de cloacas y agua potable como principales factores) y un 7% a las características ecológicas (nitratos y DOC). Estos resultados evidencian la presencia de una amplia diversidad filogenética de EC en ambientes secundarios, asociada tanto a factores relacionados con el ingreso de contaminantes como a la supervivencia de EC, identificándose por primera vez un clado críptico en Sudamérica.

## 6. Comunidades bacterianas a lo largo de un gradiente de impacto antropogénico

Luciana Griffero<sup>1</sup>, Belén González<sup>1,2</sup>, Emiliano Pereira<sup>1,3</sup> Jaime Alcántara-Durán<sup>4</sup>, Juan Francisco García-Reyes<sup>4</sup>, Lorena Rodríguez<sup>2</sup>, Greif, Gonzalo<sup>5</sup>, Andrés Pérez<sup>6</sup>, Cecilia Alonso<sup>1,2</sup>

1- Grupo Ecología Microbiana de Sistemas Acuáticos. Universidad de la República, Rocha, Uruguay

2- Grupo Ecología Microbiana de Sistemas Acuáticos. Universidad de la República, Rocha, Uruguay

3- Instituto Max Planck para Microbiología Marina. Bremen, Alemania

4- Grupo Química Analítica, Departamento de Química Física y Analítica, Universidad de Jaén, España

5- Institut Pasteur de Montevideo. 6- Departamento de Desarrollo Tecnológico- DDT, Universidad de la República, Rocha, Uruguay

Los microorganismos son capaces de reflejar rápidamente los cambios en su hábitat, incluyendo respuestas a impactos de origen antropogénico. Existe amplia evidencia de alteraciones en la estructura de las comunidades bacterianas frente a la presencia de contaminantes tales como metales, antibióticos, hidrocarburos policíclicos aromáticos, entre otros. Sin embargo, poco se sabe de cómo responden estas comunidades a la presencia de contaminantes emergentes (CEs), es decir aquellos contaminantes no regulados cuyo conocimiento sobre sus efectos en la salud pública y medio ambiente es muy escaso. En este trabajo se analizaron variables fisicoquímicas clásicas, CEs y se realizó un análisis de cobertura y uso de suelo utilizando SIG (Sistema de Información Geográfica) para 22 puntos muestreados a lo largo de un gradiente de impacto antropogénico en las cuencas de dos lagunas de la costa Atlántica uruguaya. Las comunidades bacterianas de cada sitio fueron caracterizadas a través de la secuenciación masiva de la región hiper-variable V2-V3 del gen codificante para ARNr 16S. Se llevaron a cabo diferentes análisis de  $\alpha$  y  $\beta$  diversidad para comparar la estructura de las comunidades en los distintos sitios. Los resultados preliminares indican que: i) Los sitios más impactados, asociados a zonas urbanas, son los que presentan comunidades con menor equitatividad, ii) Si bien las variables ambientales (ej. salinidad) son las que explican la mayor parte de la variación de las comunidades entre sitios, el tipo y concentración de CEs también tienen un efecto distinguible y significativo, iii) Finalmente, fue posible identificar grupos de secuencias significativamente asociadas a sitios con diferente grado de impacto, pasibles de ser utilizadas como indicadoras de contaminación por CEs. Estos resultados constituyen un aporte tanto a la comprensión de los factores que determinan la estructura de las comunidades bacterianas, como a su potencial utilización en programas de monitoreo y gestión de ecosistemas acuáticos.

## **7. Caracterización del patrón estructural de las comunidades bacterianas del humedal pampeano en el contexto productivo actual de la pampa deprimida del salado.**

Macarena Roel<sup>1</sup>, María E. del R. Llames<sup>2</sup>.

1- UADE.

2- INTECH (UNSAM-CONICET).

El problema más común con respecto a la calidad del agua es la eutrofización, resultado de grandes cantidades de nutrientes que deteriora los usos benéficos del agua. Las lagunas son elementos distintivos del paisaje de la región Pampeana y están íntimamente asociadas con la economía regional, a través de su explotación como recursos turísticos, recreativos y pesqueros. Actualmente, la región está experimentando cambios en el clima y en el uso de la tierra que afectan directamente a las lagunas y a las comunidades que se desarrollan en ellas. Las bacterias representan el grupo más diverso de organismos y cumplen un rol esencial en los procesos ecológicos fundamentales para el sostenimiento de la vida. La capacidad de utilizar sustratos orgánicos como fuente de carbono y energía constituye la base del funcionamiento de la comunidad microbiana y el resto de los procesos y funciones ecológicas del ecosistema necesariamente depende de esta capacidad. Debido a la estrecha relación entre esta comunidad y los procesos ecológicos que ocurren en el ambiente, resulta evidente que aquellos factores que regulen la diversidad de estos organismos son, en gran medida, los mismos factores que regulan muchos de los procesos claves de los ecosistemas. En este contexto, el objetivo general de este trabajo es analizar la relación entre la estructura comunitaria bacteriana y su ambiente en lagos someros pampeanos y avanzar en la comprensión de los cambios ambientales generados por la actividad humana sobre estos aspectos de la biodiversidad microbiana de sistemas acuáticos. En este trabajo se presentan resultados preliminares de un relevamiento regional realizado en 52 lagunas en donde se midieron/determinaron diversos parámetros ambientales y se relevó la composición de la comunidad bacteriana por secuenciación masiva del gen 16srARN. La aplicación de diversos modelos estadísticos basados en la información taxonómica y ambiental permitieron identificar patrones de respuesta y asociaciones entre las características de las lagunas, su entorno y la diversidad bacteriana que se desarrolla en estos sistemas.

## **8. Análisis del picoplancton de tres embalses patagónicos en cascada sobre el río Limay.**

Carolina Bernal<sup>1</sup>, Lunhui Lu<sup>2</sup>, Sol Porcel<sup>1</sup>, M. Solange Vera<sup>1</sup>, Carmen Sabio y García<sup>1</sup>, M. Laura Sánchez<sup>1</sup>, Rodrigo Sinistro<sup>1</sup>, Zhe Li<sup>2</sup>, Irina Izaguirre<sup>1</sup>

1- IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina

2- Chongqing Institute of Green and Intelligent Technology, Chinese Academy of Sciences, China.

En el marco de un proyecto de cooperación entre el CONICET (Argentina) y la NSFC (China) se analizaron muestras de tres embalses patagónicos en cascada sobre el río Limay (Alicurá, Piedra del Águila y Ramos Mexia), y en varios puntos sobre el río Limay y el afluente CollonCurá. Los muestreos se realizaron en enero de 2019, obteniéndose muestras para cuantificar el picoplancton autotrófico y heterotrófico por citometría de flujo, y para analizar la biodiversidad molecular por secuenciación masiva (IlluminaHiSeq). Los valores de clorofila y nutrientes indican que los tres embalses presentan características oligotróficas (clorofila: 0.2-2.14 µg/L; P total: 0.05-0.17 mg/L; N total 0.02-0.06 mg/L). Los análisis de biodiversidad bacteriana por Illumina arrojaron un total de 1403 OTUs. Actinobacteria fue el grupo mejor representado en casi todas las muestras, seguido por Bacteroidetes y Protobacteria. Los análisis multivariados basados en la biodiversidad molecular bacteriana evidenciaron una segregación espacial, donde las muestras de cada embalse mostraron mayor similitud entre sí que con las de los otros reservorios. La abundancia de bacterias heterotróficas varió entre 2.2x10<sup>5</sup> y 5.77x10<sup>5</sup> cél/ml, observándose una tendencia al aumento río abajo hacia el tercer embalse (Ramos Mexia). El sitio sobre el río CollonCurá fue el más diferente en composición y mostró mayor abundancia bacteriana. La densidad del picoplancton autotrófico varió entre 3.26x10<sup>4</sup> y 1.17x10<sup>6</sup> cél/ml; se identificaron 2 poblaciones citométricas de Pcy ricas en ficoeritrina, 2 de Pcy ricas en ficocianina y 3 de Peuk. En todos los sitios las Pcy ricas en ficoeritrina fueron más abundantes; las ricas en ficocianina estuvieron muy pobremente representadas en el primer embalse. Se observó una tendencia al aumento de las Peuk río abajo, hacia el embalse Ramos Mexia, y este cuerpo de agua fue el único que presentó una población adicional de Peuk.

### **9. Testing the occupancy-frequency distribution in freshwater bacterial communities**

Erick Mateus-Barros<sup>1</sup>; Michaela L. de Melo<sup>1</sup>; Inessa Lacativa Bagatini<sup>2</sup>; Hugo Sarmento<sup>1</sup>

1- Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Department of Hydrobiology, Laboratory of Microbial Processes and Biodiversity, São Carlos, Brazil.

2- Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Department of Botany, Laboratory of Phycology, São Carlos, Brazil

The occupancy-frequency hypothesis states that the species distribution is related to its abundance, as a result of deterministic and stochastic processes selecting organisms capable to recolonize sites where they are extinct, a process called rescue effect. Despite been extensively used to understand organism's distribution, the occupancy-frequency hypothesis was hardly observed in natural communities and poorly tested for microorganisms. In order to test the occupancy-frequency hypothesis in freshwater heterotrophic prokaryotes, we collected data from 60 shallow lakes distributed across an wide area, and applied a Mitchell-Olds and Shaw test for quadratic extremes to determine the core (present in almost all sites) and satellite (present in few sites) organisms. Then, we applied the SPaDs test to understand the influence of local abundances over occupancy patterns, and finally, we tested the environmental influences over the occupancy and abundance patterns using Mantel tests. We found 24 core operational taxonomic units (OTUs), and 2166 satellite OTUs. The SPaDs showed core OTUs have two types of abundance distribution: some are abundant in few sites and rare in others (bimodal category), while others are rarest in most sites and abundant in one or few locations (gamma category). The satellite showed only one distribution pattern, being extinct on almost every site except few (gamma category). We also found that pH is the main driver of the core community, but nutrients become more important drivers of bacterial communities when core are excluded. These results demonstrated that freshwater heterotrophic prokaryotes have a bimodal distribution and more prevalent taxa are in general the most abundant as well. This analysis facilitates the recognition of key taxa to local processes and global functions.

### **10. Microbial community turnover in tropical cascading reservoirs.**

Helena Henriques Vieira<sup>1</sup>; Inessa Lacativa Bagatini<sup>1</sup>; Guilherme Pavan de Moraes<sup>1</sup>; Roberta Mafra Freitas<sup>1</sup>; Stefan Bartilsson<sup>2</sup>; Hugo Sarmento<sup>1</sup>; Armando Augusto Henriques Vieira<sup>1</sup>

1- Universidade Federal de São Carlos, SP, Brasil

2- Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden

Microbial community turnover across space is dictated by local and regional factors. Locally, biological interactions between organisms and environmental variables are shaping community assembly through selection, while regional factors influence microbial dispersion patterns. Typically, methods used to disentangle the effects of local and regional factors do not aim to identify ecological processes underlying the turnover. In this paper, we identify and quantify these processes in three microbial subcommunities (particle-attached, free-living and cyanobacteria). We sampled multiple local communities from a tropical cascade of freshwater reservoirs with decreasing productivity over two markedly different periods of dry conditions and rainfall. We hypothesized that during the dry season, communities would mainly be controlled by selection shaped by to the higher environmental heterogeneity that result from low hydrological flow between reservoirs. During the rainy season, we expected a more homogenized environment and highly similar communities shaped by dispersal, enhanced by increased flow rates. Even if metacommunities were largely controlled by regional events in both periods, free-living communities were under greater influence from selection during the dry period, and this was related to dissolved organic carbon concentration along the cascade. Each sub-community had distinct patterns of community turnover along the cascade related to richness (Cyanobacteria), life-style and size (Free-living) and spatial dynamics (particle-attached).

### 11. Developing a network metrics-based coefficient to identify microbial keystones

Michaela L. de Melo<sup>1\*</sup>, Célio Dias Santos-Júnior<sup>2</sup>, Mariana Câmara dos Reis<sup>3</sup> & Hugo Sarmiento<sup>1</sup>

1- Universidade Federal de São Carlos, Departamento de Hidrobiologia, São Carlos, Brazil

2- Universidade Federal de São Carlos, Departamento de Genética e Evolução, São Carlos, Brazil

3- Sorbonne Université/Centre National de la Recherche Scientifique, UMR 7144, Adaptation et Diversité en Milieu Marin, Station Biologique de Roscoff, Place Georges Teissier, CS90074, 29688 Roscoff, France

Microbial keystone taxa have been recently proposed to describe highly connected taxa (regardless their abundance across time and space), which play a crucial role in microbiome structure and functioning. Because we are often limited in our ability to directly observe interactions between microbial taxa in complex and natural microbiomes there is a strong trend to use bioinformatic tools to infer microbial interactions and to identify putative keystone microbes. However, there is no consensus about which correlation-based approach (e.g. Pearson, Shannon, SparCC), algorithm, metrics, and threshold should be used to achieve good estimations, and to be comparable. Here, we present a coefficient by combining node-based scores of high mean degree, high closeness centrality and low betweenness extracted from interaction networks based on strong correlations, the K-value. Using this coefficient we were able to identify several keystones in two Amazonian floodplain lakes, some of them were shared between both systems, indicating that they are probably also ubiquitous keystones in other Amazon aquatic systems. The K-value showed to be a replicable method to identify putative keystones, which is easily extendable to comparisons across different ecosystems. Understanding how microbes interact is crucial to elucidate their community assembly patterns and to help to target the link between microbial community structure and ecosystem functioning.

### 12. Ecological Processes Structuring Microbial Planktonic Communities in Contrasting Latitudinal Regions of the Global Ocean

Pedro C. Junger<sup>1,2</sup>, Josep M. Gasol<sup>3</sup>, Silvia G. Acinas<sup>3</sup>, Colomán de Vargas<sup>4,5</sup>, Samuel Chaffron<sup>6,7</sup>, Ramiro Logares<sup>3</sup>, Hugo Sarmiento<sup>1</sup>

1- Department of Hydrobiology, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), São Carlos, SP, Brazil

2- Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais, Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), São Carlos, SP, Brazil.

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

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

5- Sorbonne Universités, Université Pierre et Marie Curie (UPMC) Paris 06, France

6- Research Federation for the Study of Global Ocean Systems Ecology and Evolution, Paris, France

7- Laboratoire des Sciences du Numérique de Nantes (LS2N)–CNRS, Université de Nantes, École Centrale de Nantes, IMT Atlantique, Nantes, France

Microbes have fundamental trophic and biogeochemical roles in the global ocean. Investigating the underlying processes and mechanisms determining their distribution is therefore essential to predict how they will respond to environmental change. Recent studies have shown that the marine microbiome display latitudinal patterns of distribution, with the highest species richness found in intermediate latitudes as well as different species composition between the North and South poles. Nevertheless, simply investigating the microbial species richness distribution provides a limited understanding of the mechanisms underlying the biogeographical patterns observed in the oceans. A recent synthesis in community ecology indicates that four high-level processes determine the structure of communities: selection, dispersal, drift and speciation. Recent studies have determined that the relative importance of these mechanisms in structuring prokaryotic and picoeukaryotic communities in surface waters of the global ocean is different: while prokaryotes are driven by a balanced combination of dispersal, selection and drift, picoeukaryotes are mainly shaped by dispersal limitation. However, it is still unknown whether the relative importance of these ecological processes change with latitude at the global scale. Here, we aim to quantify the effects of these processes on marine microbial assemblages at the different latitudinal regions of the global ocean: Polar, Westerlies and Trades. To do so, we used 16-18S rRNA gene amplicon sequence variants from both prokaryotes and picoeukaryotes collected during TARA-Oceans global expedition. We hypothesize that the relative role of deterministic processes (selection) will be higher in the Westerlies and Polar regions than in the Trades region due to their higher temperature and daylight variability. On the other hand we expect the effect of stochastic processes (dispersal and drift) to be higher in the Trades region. We also hypothesize that the selective pressure will be driven by different environmental factors in these latitudinal regions of the global ocean.

### 13. Metacomunidades microbianas en el sistema aluvial del río Paraná: ¿qué procesos construyen su diversidad?

Melina Devercelli<sup>1</sup>, Paula Huber<sup>1</sup>, Sebastian Metz<sup>2</sup>, Federico Giri<sup>1</sup>, Fernando Unrein<sup>2</sup>, Gisela Mayora<sup>1</sup>, Pablo Scarabotti<sup>1,3</sup>, Dalmiro Borzone<sup>1</sup>, Magdalena Licursi<sup>1</sup>, Florencia Zilli<sup>1</sup>, Maximiliano Fernández<sup>4</sup>, Florencia Rojas Molina<sup>1</sup>, Victoria Accattatis<sup>1</sup>, Diana Alberto<sup>1</sup>, Carla Kruk<sup>5</sup>, Angel Segura<sup>5</sup>, Mercedes Marchese<sup>1</sup>

1- Instituto Nacional de Limnología (CONICET – UNL)

2-Instituto Tecnológico de Chascomús (CONICET – UNSAM)

3- Facultad de Humanidades y Ciencias (UNL)

4- Centro de Investigación en Señales, Sistemas e Inteligencia (CONICET - UNL)

5- Centro Universitario Regional Este (UdelaR, Uruguay)

En los sistemas fluviales con llanura aluvial, la biocomplejidad resulta de la interacción de procesos que operan a distintas escalas espaciales y temporales. Estos pueden ser estudiados conjuntamente por la teoría de metacomunidades que considera los procesos de interacción locales y la dispersión. En el devenir de la Ecología de Comunidades, la comprensión del funcionamiento de los ecosistemas se construyó mayoritariamente sobre la base de una perspectiva determinística de nicho ecológico, que difícilmente se ajustan a los sistemas no lineales o complejos o que limitan el entendimiento de su funcionamiento. En este sentido, entendemos que dos tipos de procesos modifican las predicciones generadas por los mecanismos de interacciones locales: los procesos de dispersión en la metacomunidad y las dinámicas alejadas del equilibrio. Ambos generan la emergencia de dinámicas complejas, en parte caóticas que facilitan la coexistencia de especies en una comunidad local. En base a esto nos avocamos a evaluar el funcionamiento del ecosistema aluvial del río Paraná utilizando herramientas que permitan el análisis de la diversidad genética, taxonómica y funcional de los ensamblajes de microorganismos, para analizar los mecanismos que las estructuran y rigen su dinámica. Entre las preguntas que pretendemos responder se encuentran: ¿cuál es el rol de los procesos caóticos y determinísticos en la construcción de la diversidad microbiana?; ¿funcionan los sistemas fluviales aluviales como sistemas adaptativo complejos?

### 14. Fast and accurate Average Genome Size and 16S rRNA gene Average Copy Number computation in metagenomic data.

Emiliano Pereira-Flores<sup>1,2</sup>, Frank Oliver Glöckner<sup>1,3</sup> and Antonio Fernandez-Guerra<sup>1,2,4</sup>

1- Microbial Genomics and Bioinformatics Research Group, Max Planck Institute for Marine Microbiology, Celsiusstraße 1, 28359 Bremen, Germany

2- Department of Life Sciences and Chemistry, Jacobs University Bremen gGmbH, Campus Ring 1, 28759 Bremen, Germany

3- Alfred Wegener Institute - Helmholtz Center for Polar- and Marine Research, Am Handelshafen 12, 27570 Bremerhaven, Germany

4- Oxford e-Research Centre, University of Oxford, Oxford OX1 3QG, UK

Background: Metagenomics caused a quantum leap in microbial ecology. However, the inherent size and complexity of metagenomic data limit its interpretation. The quantification of metagenomic traits in metagenomic analysis workflows has the potential to improve the exploitation of metagenomic data. Metagenomic traits are organisms' characteristics linked to their performance. They are measured at the genomic level taking a random sample of individuals in a community. As such, these traits provide valuable information to uncover microorganisms' ecological patterns. The Average Genome Size (AGS) and the 16S rRNA gene Average Copy Number (ACN) are two highly informative metagenomic traits that reflect microorganisms' ecological strategies as well as the environmental conditions they inhabit. Results: Here, we present the ags.sh and acn.sh tools, which analytically derive the AGS and ACN metagenomic traits. These tools represent an advance on previous approaches to compute the AGS and ACN traits. Benchmarking shows that ags.sh is up to 11 times faster than state-of-the-art tools dedicated to the estimation AGS. Both ags.sh and acn.sh show comparable or higher accuracy than existing tools used to estimate these traits. To exemplify the applicability of both tools, we analyzed the 139 prokaryotic metagenomes of TARA Oceans and revealed the ecological strategies associated with different water layers. Conclusion: We took advantage of recent advances in gene annotation to develop the ags.sh and acn.sh tools to combine easy tool usage with fast and accurate performance. Our tools compute the AGS and ACN metagenomic traits on unassembled metagenomes and allow researchers to improve their metagenomic data analysis to gain deeper insights into microorganisms' ecology. The ags.sh and acn.sh tools are publicly available using Docker container technology at <https://github.com/pereiramemo/AGS-and-ACN-tools>.

### 15. *Ceratium furcoides*: filogeografía y ecología de una especie invasora en Sudamérica

Victoria Accattatis<sup>1</sup>, Claudia Piccini<sup>2</sup>, Paula Huber<sup>1</sup>, Sebastián Metz<sup>3</sup>, Melina Devercelli<sup>1</sup>

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

2- Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, MEC, Uruguay

3- Instituto Tecnológico de Chascomús INTECH, UNSAM-CONICET)

*Ceratium* Schrank 1793 es un dinoflagelado invasor que actualmente se encuentra en expansión en los ecosistemas de Sudamérica. En 2009, registramos a *C. furcoides* en una laguna aluvial del tramo medio del río Paraná, lo cual no coincidía con las características de los ambientes en donde generalmente se venía registrando a este microorganismo tales como embalses y ambientes eutrofizados o modificados antrópicamente. En este sentido, nos propusimos abordar un estudio filogeográfico de *Ceratium furcoides* y analizar las rutas de dispersión y los mecanismos involucrados en su expansión geográfica en Sudamérica. Para estudiar la distribución de *C. furcoides* y trazar el origen de la población invasora analizaremos distintos ambientes del hemisferio sur (Brasil, Argentina, Uruguay, Colombia), para lo cual requeriremos de la colaboración de otros grupos de investigación que quieran colaborar con muestras en las que se hayan encontrado ejemplares de *Ceratium*. Además, realizaremos muestreos en al menos 40 ambientes del sistema fluvial del Paraná. Aislaremos individuos de *C. furcoides* de las muestras ambientales bajo microscopio y amplificaremos marcadores ribosomales y mitocondriales para realizar la caracterización filogenética incluyendo las secuencias disponibles en las bases de datos públicas. Hasta el momento, logramos secuenciar la región hipervariable V4 del gen ribosomal 18S de *Ceratium furcoides* (GenBank MK567886) y construir el árbol filogenético de referencia del género, lo cual constituye la primera caracterización molecular para Sudamérica. También nos proponemos secuenciar su genoma completo para así obtener información de su potencial funcional, y realizar estudios metapoblacionales a fin de analizar las preferencias ecológicas de este microorganismo.

### 16. Composición, distribución y factores que estructuran la composición de Trebouxiophyceae en ambientes acuáticos continentales

Metz Sebastian<sup>1</sup>, Melina Devercelli<sup>2</sup>, Vieira Helena<sup>3</sup>, Castro Berman Manuel<sup>1</sup>, Lacativa Bagatini Inessa<sup>3</sup>, Not Fabrice<sup>4</sup>, Unrein Fernando<sup>1</sup>

1- Instituto Tecnológico de Chascomús (INTECH), UNSAM-CONICET. Buenos Aires, Argentina.

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

3- Universidad Federal de San Carlos, San Carlos, SP - Brasil.

4- Sorbonne Université, CNRS, Station Biologique de Roscoff, Roscoff, France.

Las Trebouxiophyceae corresponden a una clase muy diversa, altamente distribuida, conocida por su capacidad de formar líquenes y sus propiedades biotecnológicas. Trabajos recientes mostraron que contribuyen significativamente en las comunidades de picoeucariotas en agua dulce. Aquí exploramos la composición, distribución y los factores que estructuran esta comunidad en ambientes de agua dulce de tres biomas distintos: Cerrado (Brasil), Pampa (Argentina) y Llanura aluvial del Paraná (tramo medio, Argentina). Se analizó la diversidad del gen 18S ARNr utilizando IlluminaMiSeq en 62 muestras. Se obtuvieron 237 OTUs (OperationalTaxonomicUnits) que se agruparon en 57 OPU (OperationalPhylogeneticUnits). Se observó un claro patrón de distribución entre los biomas. Los clados más representativos de cada bioma fueron: en el Cerrado *Chlorella*-clade (64,3% de las secuencias), seguida por *Botryococcus* (13,1%) y *Parachlorella*-clade (10,5%), en el Paraná *Chlorella*-clade (66,0%) y *Nannochloris*-clade (10,8%), y en el Pampa *Oocystis*-clade (67,3%) y *Chlorella*-clade (12,6%). Solo 9 OTUs y 5 OPU se compartieron entre los diferentes biomas. Los análisis de redundancia (RDA) muestran una clara separación entre biomas. El pH resultó ser la principal variable estructurante, y en segundo lugar la turbidez y la clorofila (como indicadores del estado trófico). La comunidad de la llanura aluvial del Paraná está representada principalmente por una OPU afiliada a *Chlorellavariabilis*, las muestras del Pampa se separaron en dos grupos con mayor turbidez (representada por OPU afiliadas a *Tetrastrum* y *Planctonema*), y menor turbidez (OPU afiliados a *Oocystis*), mientras que el Cerrado presentó una composición de OPU afiliados principalmente a los clados *Chlorella* y *Botryococcus*. Los resultados muestran un patrón de distribución de Trebouxiophyceae, además de una alta diversidad y riqueza. La prospección de estos ambientes permiten guiar futuras investigaciones basadas en el cultivo de Trebouxiophyceae con potenciales propiedades biotecnológicas.

### **17. Floraciones de fitoplancton marino a lo largo de un año en un punto de la costa oceánica Uruguaya**

Ana Martínez<sup>1</sup>, Cecilia Alonso<sup>1</sup>, Carolina Lescano<sup>1</sup>

1- Centro Universitario Regional Este

El fitoplancton es el responsable de la vasta mayoría de la producción primaria en el océano y constituye la mitad de la producción total global. Las floraciones son una parte natural del ciclo estacional de los organismos del fitoplancton, estas floraciones son fenómenos dinámicos de gran importancia en el funcionamiento de los ecosistemas. El objetivo de este trabajo fue evaluar la ocurrencia temporal de floraciones de fitoplancton en la zona costera Atlántica Uruguaya durante el periodo de un año, y evidenciar patrones en la sincronización y composición de especies de esas floraciones. Para eso se tomaron muestras de agua mensuales en un punto fijo de la costa, y en los momentos de floración (otoño y primavera) se intensificó el muestreo a una frecuencia semanal. El fitoplancton presente en el agua fue identificado y cuantificado por el método clásico de microscopía por técnica de sedimentación. De los resultados obtenidos la concentración de clorofila a presentó su máximo (25.8  $\mu\text{g.L}^{-1}$ ) a fines de invierno (29/8) coincidiendo con un pico en los nutrientes, tanto de nitrógeno como de fósforo. Este máximo de clorofila se corresponde con una floración de *Heterocapsa triquetra* principalmente y *Prorocentrum cordatum* y *Scripsiella acuminata* en menor proporción, todos ellos dinoflagelados autótrofos. El otro máximo de clorofila (8.2  $\mu\text{g.L}^{-1}$ ) ocurrió en diciembre pero en este caso asociado a una floración de diatomeas, principalmente *Skeletonema* spp y *Thalassionema nitzschoides*, pero de menor magnitud que la floración anterior. En otoño también ocurrió una floración de dinoflagelados pero de una especie heterótrofa *Ceratoperidinium falcatum*, especie de agua cálida que fue registrada por primera vez para aguas uruguayas"

### **18. Temporal and spatial dynamics of the phytoplankton community in three cascade reservoirs in the Paraibuna River sub-basin (Brazil): a functional approach**

Nathália da Silva Resende<sup>1</sup>; Nathan Oliveira Barros<sup>1</sup>; Simone Jaqueline Cardoso<sup>2</sup>

1- Instituto de Ciências Biológicas - Departamento de Biologia. Laboratório de Ecologia Aquática, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora - MG, Brasil.

2- Instituto de Ciências Biológicas - Departamento de Zoologia, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora - MG, Brasil.

Aquatic ecosystems are constantly changing due to their multiple uses. In this scenario, phytoplankton communities can be considered as small models of this range of ecological interactions. Functional assessments of organisms emerge as a proposal to quantify, for example, the effect of species loss and functional responses to environmental changes from natural and / or anthropogenic origins based on the characteristics of individuals (functional attributes). Thus, the aim of this study was to explore characteristics that can be used as functional attributes of the phytoplankton community in three Small Hydroelectric Power Plants (SHPs) in a stretch of Paraibuna River, in the states of MG and RJ, Brazil, over 5 years (2013-2017). The environmental variables that most explained the variation of the systems studied were highlighted through Principal Component Analysis (PCA). In total, PCA explained 36% of the data, having a positive correlation with turbidity, dissolved oxygen, total and dissolved solids in both axes. These values varied little among the SHPs. The species with the greatest contribution to the success of the groups in the studied systems were classified by their small size as picoplankton (0.2-2  $\mu\text{m}$ ) and nanoplankton (2-20  $\mu\text{m}$ ). Small cells have a higher surface area / volume ratio, in other words, a larger membrane area per cell. Therefore, photosynthesis is enhanced by higher diffusion rates of CO<sub>2</sub> and nutrients. Similarly, light absorption by cell volume may also be higher, representing a major advantage in oligotrophic systems where limiting nutrients such as phosphorus (P) and nitrogen (N) are scarce. Therefore, we concluded that within the main groups, species with larger surface / volume, belonging to picoplankton and nanoplankton, were more abundant, representing a survival strategy. Such adaptation reflects not only density, but also its ecosystem roles, adaptive strategies and determining factors.



### 19. Distribución, diversidad y toxicidad del Complejo *Microcystis aeruginosa* en el río Uruguay

Gabriela Martínez de la Escalera<sup>1\*</sup>; Carla Kruk<sup>2,3</sup>, Angel Segura<sup>2</sup>, Claudia Piccini<sup>1</sup>

1- Departamento de Microbiología, IIBCE, MEC. 2- PDU Ecología Funcional de Sistemas Acuáticos, CURE-Rocha, Udelar. 3- Sección Limnología, IECA, Facultad de Ciencias, Udelar. 4- PDU Modelización y Análisis de Recursos Naturales, CURE-Rocha, Udelar.

Las floraciones de cianobacterias del complejo *Microcystis aeruginosa* (CMA) son las más frecuentes en el mundo, especialmente en ecosistemas con alto tiempo de residencia y estratificación térmica. Se ha descrito una gran variabilidad en la toxicidad (producción de microcistinas) de los distintos grupos que conforman el CMA, desconociéndose aún cuáles son los factores a nivel ambiental y poblacional que determinan el éxito y proliferación de las poblaciones tóxicas. En estudios previos en el gradiente río Uruguay-Río de la Plata encontramos que la temperatura (11 a 34 °C), conductividad (0 a 51 mS/cm) y turbidez (0 a 187 NTU) del agua son las variables ambientales que explican la abundancia de poblaciones tóxicas del CMA. Estas variables fueron clave en determinar la ocurrencia de distintos ecotipos tóxicos del CMA, cuya alta diversidad proponemos que es el mecanismo que explica el éxito de estas cianobacterias en un rango ambiental tan amplio. Por tanto, altas temperaturas y bajas conductividad y turbidez (características que se encuentran en el embalse de Salto Grande) favorecen la proliferación de poblaciones tóxicas del CMA. Sin embargo, aunque condiciones ambientales diferentes a estas disminuyen su éxito, no limitan su ocurrencia debido a la existencia de ecotipos que sobreviven en estas condiciones. En base a estos hallazgos, nos enfocamos en estudiar el efecto de esas variables en la abundancia, diversidad y transcripción de genes involucrados en la síntesis de microcistinas en Salto Grande. El objetivo principal es explorar el impacto ambiental del embalse sobre la dinámica del CMA que podría actuar como inóculo aguas abajo. Para ello, evaluamos la diversidad total del CMA (secuenciación de amplicones del operón ficocianina), la diversidad de la fracción tóxica (HRMA y CART funcional) y la producción de microcistinas (abundancia de transcritos de genes *mcy*), tanto en el embalse como aguas arriba y abajo del mismo. En todos los sitios la riqueza total del CMA (fracción tóxica + no tóxica) mostró diferencias relacionadas a la estacionalidad (mayor riqueza en invierno), detectándose diferentes ecotipos tóxicos en invierno y verano. Sin embargo, dentro del embalse tanto la abundancia de la fracción tóxica como la abundancia de transcritos *mcy* siempre fue mayor que en los demás sitios, independientemente de la estación del año. Estos hallazgos indican que las condiciones ambientales del embalse promueven la proliferación de ecotipos del CMA con un alto potencial tóxico, cuya presencia a lo largo de todo el año tiene implicancias para la vigilancia ambiental.

### 20. Plasticidade fenotípica e identificação morfológica em duas espécies do gênero *Ankistrodesmus* (Selenastraceae)

Ana Beatriz Janduzzo A. Lima<sup>1</sup>, Naiara C. P. Archanjo<sup>1,2</sup>, Helena Henriques Vieira<sup>1</sup>, Inessa Lacativa Bagatini<sup>1</sup>

1- Laboratório de Ficologia, Departamento de Botânica, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, Brasil  
2- Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais - Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, Brasil.

As microalgas verdes cocoides possuem morfologia simples, convergência morfológica e plasticidade fenotípica, características que dificultam sua correta identificação. Dados moleculares têm sido insuficientes para delimitação específica e, uma vez que as Selenastraceae são assexuadas, o conceito biológico de espécies não é aplicável. Assim, estudos recentes propõem uma abordagem taxonômica integrativa, unindo diversos conceitos de espécies (ex. morfológico, filogenético, fisiológico) para uma classificação mais natural. A análise morfológica, embora muito útil e bastante utilizada, deve considerar a plasticidade fenotípica frente às variações ambientais. Neste estudo, avaliamos a plasticidade morfológica de 5 cepas de duas espécies morfológicas de *Ankistrodesmus*, *A. densus* e *A. fusiformis*, submetidas a diferentes condições de temperatura (23±2°C e 30±2°C), pH (7,0 e 8,5) e concentração de nitrogênio (1000 e 200 µM de nitrato). Utilizamos comprimento, largura e biovolume celulares como parâmetros morfométricos. A condição controle foi cultivo a 23±2°C, pH 7,0 e 1000 µM de nitrato. As cepas responderam de forma variada aos diferentes tratamentos, sendo o comprimento o parâmetro com menor variação. O aumento de pH aumentou significativamente (em até 27%) a largura celular de todas as cepas de *A. fusiformis*, refletindo um aumento de até 53% no biovolume, enquanto reduziu a largura da cepa de *A. densus* em 6%. O aumento de temperatura reduziu a largura celular em 3 cepas de *A. fusiformis*, mas uma delas comportou-se semelhantemente a *A. densus*, aumentando sua largura e biovolume. Por outro lado, a comparação entre espécies demonstrou que comprimento celular foi significativamente maior em *A. densus*, mesmo considerando toda a variação abiótica. Desta forma, as variações ambientais alteraram a faixa de valores morfométricos utilizados para a identificação das espécies, mas para as cepas utilizadas, apesar da plasticidade, o comprimento celular diferenciou as espécies. Além disso, o aumento de pH resultou em respostas diferentes para as diferentes espécies.

## 21. Autocatalytic cell death in the asexual coccoid green microalgae *Ankistrodesmus densus* Korshikov (Sphaeropleales, Selenastraceae)

Marcelo Malisano Barreto Filho<sup>1</sup>, Inessa Lacativa Bagatini<sup>1</sup>, Hugo Sarmiento<sup>1</sup>, Nathan Eugeni<sup>1</sup>, Pierre M Durand<sup>2</sup>, Karen van Niekerk<sup>2</sup>, Anine Jordaan<sup>3</sup>

1- Universidade Federal de Sao Carlos

2- Universidade de Witwatersrand

3- North-West University

Programmed cell death (PCD) is known due to its fundamental importance during regular development and cell turnover in metazoan. However, reports of PCD in unicellular green microalgae, pose intriguing questions on the nature and evolution of this phenomenon. The goal of this study was to expose the unicellular chlorophyte *Ankistrodesmus densus* (Chlorophyceae, Sphaeropleales, Selenastraceae) to four environmental stresses - darkness, nitrogen starvation, heat and cold - to investigate PCD in Selenastraceae. For this, we have searched for ultrastructural changes, loss of membrane asymmetry and DNA degradation as markers of PCD. Flow cytometric Annexin-V analysis of PS externalization revealed that the darkness and nitrogen starvation treatments were significantly different than the control cultures ( $p < 0.05$ ) while heat and cold culture did not affect significantly the PS externalization ( $p = 0.44$  and  $p = 0.99$ , respectively). Transmission electron microscopy (TEM) revealed that light deprived *A. densus* cells presented a highly vacuolated cytoplasm, elongated mitochondria and slight chromatin condensation in the centre of the nucleus. Nitrogen starved cells showed less vacuolization but presented typical PCD morphological alteration like nuclear condensation and marginalization. In contrast, heat and cold treatments resulted in necrotic-like features. DNA laddering was not detected. We suggested that vacuolar cell death, a special type of plant autophagic-like PCD, might mediate cell death in Selenastraceae. Yet, autophagy might provide a mechanism whereby nitrogen may be recycled and exported to kin during nitrogen limitation conditions. These findings provide new evidence on how and why PCD might have evolved in unicellular microalgae.

## 22. Plasticidade morfológica em microalgas verdes do gênero *Kirchneriella* Schmidle (Selenastraceae) em diferentes condições de cultivo

Naiara C. P. Archanjo<sup>1,2</sup>, Ana Beatriz Janduzzo A. Lima<sup>1</sup>, Inessa Lacativa Bagatini<sup>1\*</sup>

1- Laboratório de Ficologia, Departamento de Botânica, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, Brasil

2- Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais - Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, Brasil

A identificação das microalgas verdes cocoides é uma tarefa difícil, pois esses microrganismos possuem plasticidade fenotípica e uma morfologia simples que facilita a convergência morfológica. Os dados moleculares têm mostrado a necessidade de revisão taxonômica aprofundada dessas microalgas, mas sozinhos não tem sido suficientes para delimitação clara de espécies. Estudos mais recentes têm proposto uma abordagem integrativa, utilizando morfologia, marcadores moleculares, fisiologia e ecologia, para a taxonomia desses microrganismos. Um equívoco da taxonomia clássica foi a descrição de novas espécies desses morfotipos simples, baseando-se na observação das cepas com pouca variação ambiental. Assim, uma abordagem integrativa para taxonomia robusta requer o estudo das microalgas em diferentes condições ambientais. Neste estudo, avaliamos a plasticidade morfológica de 5 cepas de duas espécies de *Kirchneriella* (*K. obesa* e *K. lunaris*) submetidas a cultivos em diferentes condições de temperatura (23°C e 30°C), pH (7,0 e 8,5) e concentração de nitrogênio (1000 e 200 µM de nitrato). Foram avaliados comprimento, largura e biovolume celular. A resposta às variações abióticas variou dependendo da cepa e do tratamento utilizado. De maneira geral, as variações nas condições de cultivo foram acompanhadas de variação máxima de 48% no comprimento e 40% na largura das células, refletindo, para algumas cepas, de aumento de mais de 70% no biovolume celular. As faixas de tamanho celular (comprimento e largura) encontradas ultrapassam os limites utilizados para a descrição das espécies analisadas. No entanto, apesar da variação entre cepas, em nenhum dos tratamentos houve diferença significativa nas medidas celulares entre as espécies *K. lunaris* e *K. obesa*. Desta forma, os resultados sugerem que variações ambientais podem alterar as faixas de tamanho celular comumente utilizadas para a identificação dessas espécies. Além disso, indicam que mesmo condições de cultivo variadas, comprimento, largura e biovolume não são úteis como ferramenta diacrítica entre as duas espécies estudadas.

### 23. Experimental evidence for the cyanobacteria - mixotrophs succession in eutrophic lakes under extreme drought

Mariana R. A. Costa<sup>1</sup>, Henrique Miceli Gonçalves<sup>2</sup>, Inessa Lacativa Bagatini<sup>3</sup>, Fernando Unrein<sup>4</sup>, Vanessa Becker<sup>1,5</sup> & Hugo Sarmiento<sup>2</sup>.

1- Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN), Programa de Pós-Graduação em Ecologia, Natal, RN, Brazil.

2- Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Departamento de Hidrobiologia, São Carlos – SP, Brazil.

3- Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Departamento de Botânica, São Carlos – SP, Brazil.

4- Instituto Tecnológico de Chascomús (INTECH), UNSAM-CONICET. Chascomús, Argentina.

5- Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN), Departamento de Engenharia Civil, Natal, RN, Brazil

Climate change is altering hydrological regimes, increasing water scarcity in lakes and reservoirs, especially in semi-arid regions. The drastic reduction of water volume sometimes enables sediment resuspension, which increases inorganic turbidity and reduces light availability in the water column. In this context, the ecosystem dynamics is altered, affecting biological communities, mainly primary producers that depend on light availability. Recent studies indicate that eutrophic environments usually dominated by cyanobacteria, may shift towards a domination of mixotrophic algae after drastic reduction of water volume, possibly as a response to the decrease in light availability. The aim of this study was to evaluate the effect of inorganic turbidity in the growth rates of a mixotrophic phytoflagellate and bloom forming cyanobacteria in laboratory experiments. To do so, cultures of cyanobacteria *Microcystis aeruginosa* Kützinger and mixotrophic *Cryptomonas obovata* Czosnowski were grown axenically and non-axenically, in monocultures under different conditions of turbidity and light. We found that in treatments with sediment (high turbidity), mixotrophic species had higher growth rates than cyanobacteria only in treatments containing bacteria. This may be because *Cryptomonas* can change its nutritive strategy from autotrophy to heterotrophy or mixotrophy due light limiting conditions. Given the increasing water scarcity already observed in most semi-arid regions, this work seeks to elucidate the mechanisms of the cyanobacteria - mixotrophs succession in eutrophic lakes under extreme drought.

Keywords: Growth rate, light availability, sediment, heterotrophic bacteria, laboratory experiments.

### 24. Competencia entre picocianobacterias y picoeucariotas: interacción del efecto de la luz y la temperatura

Ospina-Serna J<sup>1</sup>, Barreto Filho MM<sup>2</sup>, Lacativa Bagatini I<sup>2</sup>, Sarmiento H<sup>3</sup>, Unrein F.<sup>1</sup>

1- Laboratorio Ecología acuática. Instituto Tecnológico de Chascomús. UNSAM

2- Laboratorio de Fisiología. Dpto de Botánica. Universidad Federal de São Carlos

3- Laboratorio de Procesos microbiológicos y biodiversidad. Dpto Hidrobiología. Universidad Federal de São Carlos.

El picoplancton autotrófico (PPP), es un grupo de algas de 0,2-2  $\mu\text{m}$  compuesto por picocianobacterias (Pcy) y algas picoeucariotas (Peuk). El PPP juega un papel fundamental en la trama trófica microbiana de numerosos sistemas acuáticos, y puede llegar a representar una parte muy significativa de la biomasa y la producción primaria total. Algunos estudios señalan que las abundancias relativas de las Pcy y Peuk varían dependiendo del grado trófico, siendo las Peuk las que dominarían en sitios eutróficos. La hipótesis que explicaría esto es que las Peuk serían mejores competidoras por la luz que las Pcy en ambientes turbios. Sin embargo, en las lagunas pampeanas, que son eutróficas y turbias, las Pcy constituyen >90% del PPP. Las Pcy presentan los máximos de abundancia en invierno y las Peuk en primavera-verano. Con el objetivo de aportar a la comprensión de esta dinámica, se diseñó un experimento factorial a tres intensidades lumínicas diferentes (Alta, Media, Baja) y tres temperaturas (25°, 20° y 15°C) con cepas aisladas de la laguna de Chascomús. Se evaluó la respuesta de ambas cepas individualmente y en conjunto. Las tasas de crecimiento de las Peuk siempre fueron mayores que las Pcy. Las tasas de Peuk aumentaron con el incremento de las intensidades lumínicas a 25°C mientras que no presentaron diferencias a otras temperaturas. Contrariamente, las tasas de crecimiento de las Pcy a 25°C disminuyeron con el aumento de luz. Cuando fueron crecidas en competencia, las Pcy desplazaron a las Peuk en condiciones de intensidad de luz alta y media, mientras que en baja intensidad dominaron las Peuk.

## 25. Pastoreo de rotíferos sobre picocianobacterias en las lagunas pampeanas

Odrizola, M.<sup>1</sup>; Ospina-Serna, J.<sup>1</sup>; Diovisalvi, N.<sup>1</sup>; Zagarese, H.<sup>1</sup> & Unrein, F.<sup>1</sup>

1- Laboratorio ecología acuática. Instituto tecnológico de Chascomús (INTECH), UNSAM-CONICET.

Las lagunas pampeanas se caracterizan por ser naturalmente eutróficas, poco profundas y en su mayoría turbias. En estos ambientes la concentración de picopláncton autotrófico suele ser muy elevada (106-107 cel. ml<sup>-1</sup>) y está dominado generalmente por picocianobacterias (Pcy). Los rotíferos son el grupo más representativo del zooplancton y, potencialmente, uno de los principales depredadores de Pcy. El objetivo de este trabajo fue evaluar las tasas de depredación de tres rotíferos dominantes (*Brachionushavanaensis*, *B. caudatus*, y *Keratellatropica*) sobre las Pcy. Se estimaron las tasas de filtración de las Pcy y se las comparó con las *Chlamydomonas* (*Chlamy*) para evaluar si existe preferencia por presas de distinto tamaño. Para ello se realizaron experimentos de 48hs de contacto directo, con ambas algas (*Chlamy* y Pcy) para las 3 especies dominantes de rotíferos. Se estimó la abundancia algal por citometría de flujo y se calculó la tasa de filtración de cada alga por rotífero (cel.ind.<sup>-1</sup>h<sup>-1</sup>). Los resultados obtenidos hasta el momento mostraron que las tasas de filtración de las dos especies de *Brachionus* fueron significativamente mayores respecto a *K. tropica*. Creemos que esta diferencia puede deberse al menor tamaño de *K. Tropica* y que, al tratarse de una especie generalista, podría estar alimentándose de bacterias presentes en el medio, disminuyendo así la ingestión de algas. En términos de biovolumen el consumo de Pcy fue significativamente mayor respecto a las *Chlamy*, para las 3 especies de rotíferos. Estos resultados sugieren que las Pcy serían una importante fuente de alimento para los rotíferos en las lagunas pampeanas.

## 26. Effect of compounds released by *Ceriodaphnia silvestrii* (Cladocera) on the phenotype of seven phytoplankton strains

Nathan Eugeni Andolfato<sup>1</sup>, Marcelo Malisano Barreto Filho<sup>1</sup>, Pedro Ciarlini Junger<sup>1</sup>, Hugo Sarmiento<sup>1</sup>, Odete Rocha<sup>1</sup>, Inessa Lacativa Bagatini<sup>1</sup>.

1- Universidade Federal de São Carlos (UFSCar)

Planktonic organisms have developed different induced defense mechanisms against their potential predators. The microalgae have become useful models for studying these grazer-induced changes mediated by predatory-released bioactive compounds, since they present asexual and fast life cycles and are easy to maintain in the laboratory, besides their great ecological role as primary producers. However, most of the evidences come from studies with microalgae of the genera *Desmodesmus* and *Scenedesmus* under predation by microcrustaceans, mainly *Daphnia magna*. Despite the many microalgae genera still to be studied, there is also lack of information about the phenotypic plasticity induced by *Daphniidae* predator's native from South America. Therefore, the aim of this study was to evaluate if chemical compounds released by *Ceriodaphnia silvestrii*, native from Brazil and Argentina, could induce morphological changes in seven strains of 6 genera of green microalgae (Chlorophyta and Streptophyta), with different sizes and morphologies. For this, all microalgae tested were grown in WC medium for 10 days and mixed (9:1) with zooplankton cultured medium (MZ) where the native cladoceran has been cultivated for 2 days only. Controls were performed with MZ kept in the same condition, but without zooplankton. Flow cytometry revealed significant ( $p < 0.05$ ) changes in side scatter (SSC) and forward scatter (FSC) in *Desmodesmus spinosus* strain, although these changes were not identified by light microscopy. The other *Scenedesmaceae* strain ("picoplankton") showed a marginally significant reduction ( $p = 0.067$ ) and *Cosmarium contractum* (*Zygnematophyceae*) a significant increase in cell abundance suggesting change in the growth rate as strategy against predators. Significant differences in FSC and microscopic measurements (cell length) for *Staurastrum iversenii* showed the occurrence of morphological changes influenced by the compounds released by *C. silvestrii*. Thus, this study showed that active compounds from *C. silvestrii* also induced phenotypic plasticity indifferent green microalgae species, including *Desmodesmus*.

### 27. Influência da técnica “Flock & Lock” na comunidade planctônica de um reservatório profundo

Nara de AzevedoGarcia<sup>1</sup>, Lúcia Helena Sampaio da Silva<sup>1</sup>, Carolina DavilaDomingues<sup>1</sup>, Davi Almeida Barreto<sup>1</sup>, Gleyci Aparecida de Oliveira Moser<sup>2</sup>, Ana Carolina Coelho Prestes<sup>3</sup>, Vivian BalthazarGonçalvesLeite<sup>3</sup>, Vera Lúcia de MoraesHuszar<sup>1</sup>, Marcelo ManziMarinho<sup>3</sup>

1- Laboratório de Ficologia – Museu Nacional – Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ)

2- Laboratório de Cultivo e Ecologia do FitoplânctonMarinho – Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ)

3- Laboratório de Ecologia e Fisiologia do Fitoplâncton – Universidade do Estado do Rio de Janeiro

A dinâmica e a estrutura das comunidades biológicas aquáticas podem ser controladas por fatores ascendentes (bottom-up) e descendentes (top-down). A teia trófica clássica planctônica, composta pelo fitoplâncton e zooplâncton, juntamente com os componentes da “alça microbiana” (picoplâncton autotrófico e heterotrófico e, protozoários, como nanoflagelados heterotróficos e ciliados) desempenham um importante papel na ciclagem da matéria orgânica do ambiente e na transferência dessa matéria para os diferentes níveis tróficos. Essas comunidades são importantes componentes nos ambientes aquáticos, incluindo lagos e reservatórios, onde ocorrem diversos eventos de florações nocivas, com destaque para as cianobactérias. O controle da eutrofização nesses ambientes tem se concentrado fortemente na diminuição de insumos de P e muitas técnicas surgiram como ferramentas de restauração dos ecossistemas aquáticos e mitigação de florações de cianobactérias, dentre elas, “Flock & Lock”. Esta técnica combina uma baixa dose de coagulante com adsorvente de P em fase sólida e remove tanto a fração dissolvida quanto a particulada de P da coluna d’água, além de impedir que o aporte interno de P seja liberado do sedimento. O Reservatório do Funil (Resende, RJ) é um ambiente profundo que recebe grande aporte de nutrientes e que durante décadas é estudado devido aos recorrentes eventos de florações de cianobactérias, sendo um ótimo cenário para o teste desta ferramenta. Devido ao seu forte efeito coagulador, espera-se que a técnica “Flock & Lock” reduza a biomassa das diferentes comunidades planctônicas, principalmente de cianobactérias, mas com posterior reestruturação, sendo esperada uma maior contribuição de algas verdes e diatomáceas. Diante disso, este trabalho tem como objetivo principal, avaliar a influência da técnica “Flock & Lock” sobre as comunidades planctônicas (picoplâncton, fitoplâncton, nanoflagelados heterotróficos, ciliados e metazooplâncton) através da montagem de mesocosmos com diferentes tratamentos por um período aproximado de 30 dias no Reservatório do Funil, em período de floração de cianobactérias.

### 28. Temporal dynamic of picoplankton in the western coast of equatorial Atlantic Ocean

Maiara Menezes<sup>1</sup>, Bruno Wanderley<sup>1</sup>, Vinícius Kavagutti<sup>2</sup>, Fernando Unrein<sup>3</sup>, André M. Amado<sup>4</sup>, Hugo Sarmiento<sup>5</sup>

1- Departamento de Oceanografia e Limnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN), Natal - RN, Brazil

2- Biology Center of theAcademy of Sciences, Institute of Hydrobiology, ČeskéBudějovice, CzechRepublic.

3- Instituto de Investigaciones Biotecnológicas-Instituto Tecnológico de Chascomús (IIB-INTECH), UNSAM-CONICET, Camino de Circunvalación Laguna Km 8.200, (7130) Chascomús, Buenos Aires, Argentina.

4- Departamento de Biologia, Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora-MG, Brazil.

5- Departamento de Hidrobiologia, Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), São Carlos - SP, Brazil.

Picoplankton are small central players of global C cycling and often dominate plankton community in low-latitude oceans. Evaluate picoplankton temporal dynamics is critical to understand microbial stocks and C fluxes in the tropical ocean. Thus, we performed monthly samplings between 2013-2016 at the Equatorial Atlantic Microbial Observatory (EAMO) located on the coast of RN state – Brazil to evaluate time variations in abundance, biomass and metabolism (bacterial production and respiration) of picoplankton assemblage, and also environmental factors that may regulate picoplankton in this coastal region. Our results revealed great stability in seasonal dynamic of picoplankton, despite considerable interannual variation most related to El Niño (ENSO) event in 2015. Heterotrophic bacteria dominated picoplankton during the entire study period, whereas autotrophic picoplankton (*Synechococcus* spp. and picoeukaryotes) contributed in average for 30% of total picoplankton biomass. Greater abundances of total picoplankton community were registered during periods of low salinity. However, weak environmental relationships founded may suggest a greater importance of biological interactions leading to picoplankton fluctuations. This evidence provides a perspective that picoplankton may exhibit more pronounced fluctuations in interannual intervals in the tropical region, but it is of permanent relevance for C cycling, especially in a climate change scenario.

### **29. Golfo de Nicoya: ecología microbiana en un estuario tropical**

Eddy H. Gómez Ramírez<sup>1</sup>

1- Escuela de Química y CIMAR, Universidad de Costa Rica

El Golfo de Nicoya, en el Pacífico de Costa Rica, es uno de los estuarios más productivos del mundo. Proporciona más del 60% del recurso pesquero del país, esto incide en su sobre explotación, es uno de los más estudiados de la región centroamericana, la mayoría de la investigación científica se ha centrado en el tema de pesquerías. Sus aguas contienen, de manera natural, altas concentraciones de nutrientes durante todo el año, cercanas a la eutrofización. Se conoce poco sobre los ciclos de los nutrientes y la mineralización de la materia orgánica en este ambiente. Estos dos procesos son regulados por microorganismos, la conexión entre ellos ha sido poco estudiada en este ambiente y menos se ha comparado con lo que se sabe de estos temas en ambientes de otras latitudes. Con esta idea en mente, nos hemos propuesto ser parte de la Red de Observatorios Microbianos Acuáticos Latinoamericanos y poder comparar lo que ocurre en el Golfo de Nicoya con otros sitios en el continente. Se han recolectado muestras de la columna de agua, en un sitio a la mitad del Golfo, cada dos meses desde abril de 2019. En el sitio se ha medido la profundidad del disco de Secchi, la salinidad (S), la temperatura (T), el oxígeno disuelto (OD), cuyos valores han estado en los siguientes ámbitos: S: 23-30 ppmil, T: 28-30 °C, OD: 4.0- 5.0 mg/L. En las muestras de agua se han cuantificado los nutrientes disueltos, la clorofila, el material en suspensión, además se han colectado muestras para medir fósforo y nitrógeno total, identificación de fitoplancton, cuantificación de bacterias por citometría de flujo e identificación de procariotas por medio de técnicas moleculares.

### **30. El virioplancton de la laguna Chascomús**

Quiroga M.V.<sup>1</sup>, Malits A.<sup>2</sup>, Unrein F.<sup>1</sup>

1- IIB-INTECH (UNSAM-CONICET), Chascomús, Argentina.

2- CADIC (CONICET), Tierra del Fuego, Argentina.

Los virus son la entidad biológica más pequeña y más abundante del planeta. La mayoría de los virus acuáticos son bacteriófagos que pueden matar, reprogramar y alterar genéticamente a las bacterias, con importantes implicancias en los ciclos biogeoquímicos. En particular, la lisis vírica genera una transferencia de nutrientes desde los organismos heterótrofos y autótrofos del bucle microbiano al pool de materia orgánica disuelta, proceso conocido como viral shunt. Por lo tanto, los virus impactan significativamente en las tramas tróficas y el funcionamiento ecosistémico de los ambientes acuáticos. El objetivo del presente trabajo es estudiar la dinámica estacional del virioplancton en la laguna Chascomús durante dos años (agosto 2017 – agosto 2019, muestreos quincenales), y su relación con los factores ambientales y los hospedadores unicelulares más abundantes del plancton (bacterias heterótrofas, picocianobacterias y picoeucariotas). Las abundancias de las distintas comunidades se cuantificaron utilizando citometría de flujo. Además, se realizaron experimentos de producción vírica siguiendo la metodología de reducción viral durante el invierno de 2019, y se contrastaron con los resultados obtenidos en primavera de 2016. Durante el período estudiado se registraron abundancias en el orden de  $10^8$  Virus Like Particles per ml,  $10^7$  bacterias heterótrofas per ml,  $10^6$ - $10^7$  picocianobacterias per ml y  $10^4$ - $10^5$  picoeucariotas per ml. La producción viral in situ estimada en Chascomús en invierno 2019 fue  $1.0 \cdot 10^8 \pm 8.4 \cdot 10^7$  VLP/ml/24h, un orden de magnitud menor que lo estimado en la primavera de 2016 ( $1.8 \cdot 10^9 \pm 8.6 \cdot 10^8$  VLP/ml/24h). No se detectó producción viral lisogénica en ninguna estación. Las abundancias del virioplancton así como la producción viral en esta laguna pampeana se encuentran dentro de los máximos valores registrados para aguas continentales, lo que supone un alto impacto de los virus en su funcionamiento ecosistémico.