

# Diversidad de genotipos tóxicos del complejo *Microcystis aeruginosa* en el gradiente ambiental Río Uruguay-Río de la Plata

Gabriela Martínez de la Escalera<sup>1</sup>, Angel Segura<sup>2</sup>, Carla Kruk<sup>3,4</sup>, Badih Ghattas<sup>5</sup>, Claudia Piccini<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), MEC.

<sup>2</sup>Modelización y Análisis de Recursos Naturales, CURE-Rocha, UdelaR.

<sup>3</sup>Sección Limnología, IECA, Facultad de Ciencias, UdelaR.

<sup>4</sup>Ecología Funcional de Sistemas Acuáticos, CURE-Rocha, UdelaR.

<sup>5</sup>Institut de Mathématiques de Marseille, Aix-Marseille University, Marseille, France.

Las especies de cianobacterias del complejo *Microcystis aeruginosa* (CMA) son capaces de producir toxinas y generar floraciones en diversos ecosistemas acuáticos (ej: Río Uruguay y Río de la Plata). La diversidad intraespecífica (por ej. a nivel de genotipos) del CMA podría ser un factor importante para la adaptación a las condiciones ambientales locales. Sin embargo, la relación entre el ambiente y la diversidad de genotipos es aún desconocida. En este trabajo se estudiaron las relaciones entre la diversidad de genotipos tóxicos y el ambiente mediante la combinación de la técnica molecular *High Resolution Melting Analysis* (HRMA) de un gen involucrado en la síntesis de microcistinas (*mcyJ*) con análisis de datos funcionales y árboles de clasificación y regresión (CART). Se obtuvieron las curvas de desnaturalización mediante HRMA (distribución de fluorescencia) para 6 sitios a lo largo del sistema Río Uruguay-Río de la Plata. A partir de ellas se extrajeron los coeficientes utilizando una base B-spline de orden 4 que luego fueron analizadas mediante un CART funcional para evaluar que variables ambientales segregan a las diferentes poblaciones. El árbol fue evaluado mediante la comparación del error del árbol observado con el error del árbol generado mediante cambios aleatorios entre las variables explicativas (variables ambientales) y las de respuesta (coeficientes de las curvas). Según el CART, la temperatura, la conductividad y la turbidez fueron las variables más relevantes que explicaron la distribución de los diferentes genotipos en el gradiente. Estos resultados novedosos sugieren que el enfoque desarrollado utilizando HRMA y CART funcional son útiles para identificar las variables ambientales que seleccionan diferentes poblaciones tóxicas de CMA. Esta combinación de herramientas moleculares y estadísticas abren una nueva vía de trabajo para comprender el ensamblaje comunitario y su relación con el ambiente a nivel molecular.