

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

Gabriela Martínez de la Escalera¹, Angel Segura², Carla Kruk^{3,4}, Badih Ghattas⁵, Claudia Piccini^{1*}

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

²Modelización y Análisis de Recursos Naturales, CURE-Rocha, UdelaR.

³Sección Limnología, IECA, Facultad de Ciencias, UdelaR.

⁴Ecología Funcional de Sistemas Acuáticos, CURE-Rocha, UdelaR.

⁵Institut 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.