

DIVERSITAT I DISTRIBUCIÓ GLOBALS DEL BACTERIOPLÀNCTON MARÍ

L'oceà global cobreix més del 70% del nostre planeta i, per tant, constitueix l'ecosistema més gran de la Terra. En contrast amb el medi terrestre, els microbis generen els principals processos biogeoquímics de l'oceà, com a productors o com a consumidors de carboni fixat. Malgrat que els bacteris són els organismes autoreplicants més abundants de l'oceà, la comunitat dels bacteris marins de vida lliure (és a dir, el bacterioplàncton) està poc estudiada des d'un punt de vista global.

Un dels principals objectius de les meves investigacions és corregir aquest dèficit de coneixement i aportar noves perspectives sobre la diversitat i la distribució d'aquest component del biota marí. Aquestes dues característiques interrelacionades han estat examinades des de dos enfocaments diferents: una anàlisi bioinformàtica *in silico* i una anàlisi més convencional de llibreries de clons de gens de la subunitat petita del ribosoma (SSU rRNA) obtinguts mitjançant un mostratge *in situ* a gran escala. Des de principis dels anys 90, l'ús abundant de tècniques independents de cultiu per estudiar la comunitat del bacterioplàncton marí ha aportat un volum immens d'informació en forma de seqüències de gens de l'SSU rRNA que ha estat remesa a les bases de dades públi-

ques (per exemple, GenBank). Aquestes seqüències de gens han estat recuperades i agrupades en clústers de seqüències altament similars (és a dir, ribotips) per tal d'estimar la redundància intrínseca de GenBank i representar la distribució mundial d'aquestes seqüències.

Els nostres resultats indiquen que després de quinze anys de mostratge recurrent d'aigua marina de tot el món, el nombre de seqüències diferents de gens de l'SSU rRNA de bacterioplàncton marí que s'han pogut recuperar mitjançant aquestes tècniques ha estat bastant limitat, la qual cosa contradia les expectatives anteriors. Sovint es considera que els microorganismes planctònics marins, degut a la seva mida reduïda, a la seva enorme abundància i a la seva

fàcil dispersió, presenten una distribució cosmopolita que evita qualsevol agrupament estructurat en comunitats locals. Si tenim en compte que les seqüències similars de gens de l'SSU rRNA es poden agrupar en ribotips que es corresponguin amb espècies de bacterioplàncton, es podrien representar els possibles patrons de distribució (per exemple, verdadera-ment endèmica o cosmopolita) d'alguns membres de la comunitat de bacterioplàncton. Aquests patrons també s'han observat *in situ* mitjançant un mostratge a gran escala. Aquest estudi ha revelat que el bacterioplàncton d'aigua marina superficial segueix un gradient de diversitat latitudinal, amb pocs tipus cosmopolites (vegeu la **fig. 1**). Tot i que s'ha observat una proporció més gran d'espècies exclusives d'un lloc de mostratge, les comunitats de bacterioplàncton marí de localitzacions geogràficament allunyades mostren una agrupació i una distribució taxonòmica similars. La discrepància entre la diversitat de ribotips suposadament immensa i el nombre reduït de ribotips observats en localitzacions geogràficament allunyades podria ser deguda al fet que les tècniques independents de cultiu constitueixen una detecció deficient dels membres de la comunitat poc coneguts. Les tecnologies d'alt rendiment més recents, com ara la seqüenciació del genoma fragmentada a l'atzar (*shotgun*) o la piroseqüenciació, poden revelar la presència d'una 'biosfera no explorada' (*rare biosphere*) d'espècies indetectables mitjançant tècniques basades en la PCR. Tanmateix, la funció de cadascun dels membres de la comunitat de bacterioplàncton marí segueix essent en gran part una incògnita i cal que es duguin a terme més investigacions en el futur per poder conèixer el vincle entre la identitat i les funcions, així com per esbrinar la base de la convivència entre organismes propers. **I**

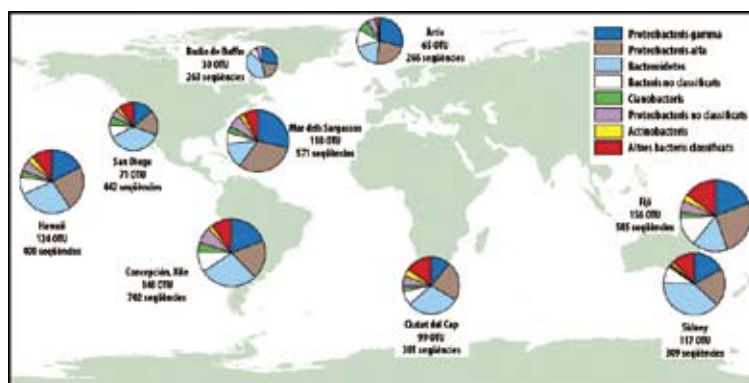


Figura 1. Mostrejos global de comunitats de bacterioplàncton marí. S'ha dut a terme un mostratge de comunitats de bacterioplàncton en nou localitzacions del planeta, a una profunditat de 5 m. S'indica tant el nombre local d'OTU (Unitats Taxonòmiques Operatives) diferents com el nombre de clons seqüenciats, així com també els diagrames circulars de distribució dels principals grups taxonòmics (indicats a la llegenda de dalt a la dreta) per a cada localització. La mida del diagrama és proporcional al nombre total d'OTU mostrejades en cada localització.