

# Quin patró segueix la diversitat microbiana oceànica?

• • • • • Escrit per

**Itziar Lekunberri García**

Departament de Biologia Marina,  
Universitat de Viena

**L'oceà ocupa el 70 % de la superfície de la Terra, i en aquest ambient la major part de la biomassa correspon a microorganismes. Aquestes petites fàbriques són responsables del 98 % de la producció primària del planeta i actuen de mitjancers en tots els cicles biogeoquímics de l'oceà. Hi ha controvèrsia sobre la distribució d'aquests microorganismes. D'una banda, es creu que segueixen patrons biogeogràfics; però, d'altra, es considera que la majoria dels microorganismes són cosmopolites. En aquest estudi mostrem els canvis de les comunitats microbianes al llarg de la zona de fractura Romanche (oceà Atlàntic) en les diferents masses d'aigua.**

**L'**oceà és probablement l'ecosistema més gran i antic del planeta. Els microorganismes que hi viuen són els descendents vius més propers de les formes originals de la vida a la Terra. Mitjançant la concentració d'oxigen a l'atmosfera, formen un nou ambient aeròbic on evolucionen plantes, animals i totes les altres formes de vida. Els procarïotes representen un component important del plàncton marí. Comprenen fins al 70 % de la biomassa total del plàncton en superfície i fins al 75 % en aigües profundes. Els bacteris són el grup més abundant i ric en espècies de microorganismes. Imprescindibles per a la vida a la Terra, els bacteris s'encarreguen de molts processos crítics dels ecosistemes, així com d'una gran varietat de cicles biogeoquímics. Alguns exemples d'activitats que duen a terme exclusivament són els processos clau que marquen el ritme del cicle del nitrogen: la nitrificació, la desnitrificació i la meitat de la fixació de nitrogen mundial tenen lloc als oceans gràcies als microbis. També tenen un paper en el cicle del sofre i en els fluxos

de metà, dues característiques fisiològiques conegudes fins avui; però l'enorme diversitat microbiana indica que hi pot haver moltes més capacitats metabòliques encara per descobrir.

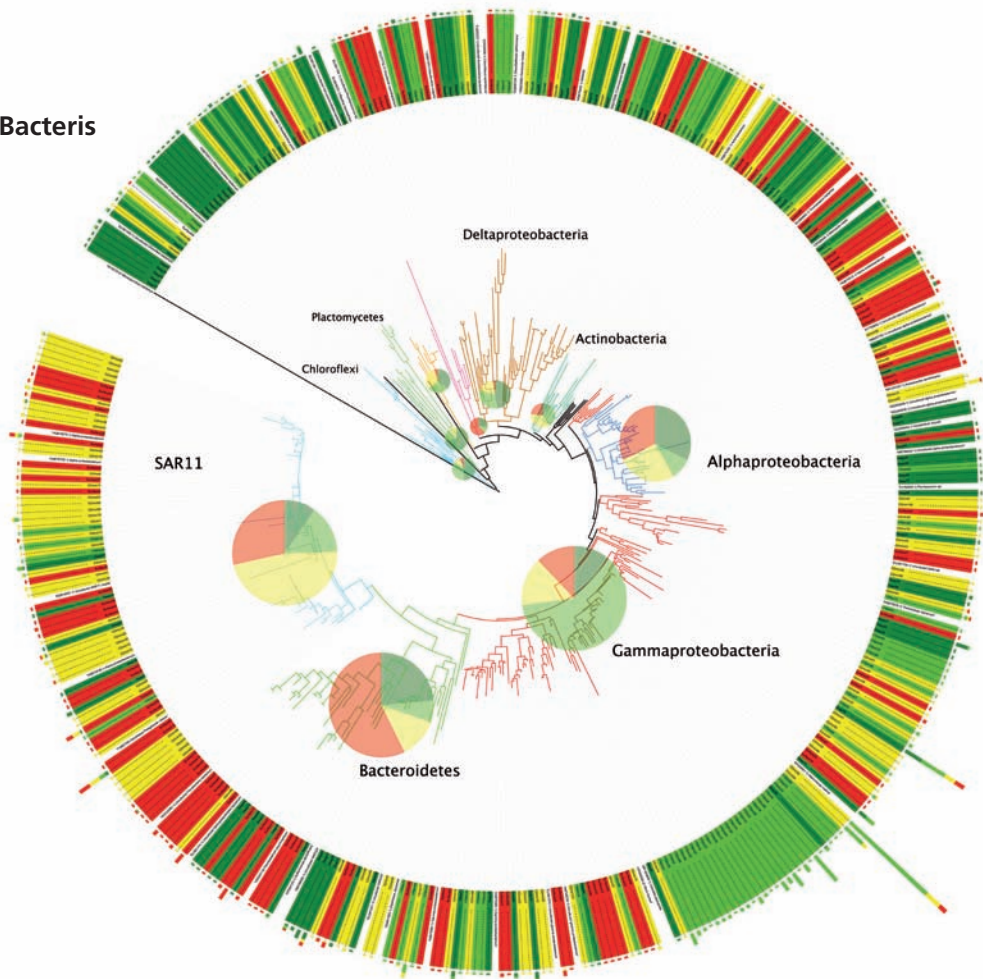
Hi ha un debat extens sobre el fet que els microorganismes presentin patrons

biogeogràfics com ara el gradient latitudinal de riquesa d'espècies cada vegada més gran des de zones polars fins a les regions equatorials, quelcom característic de molts animals i plantes macroscòpiques. En aquest sentit hi ha la teoria del «tot és a tot arreu, però l'ambient selecciona». En canvi, els models estocàstics de la biodiversitat i la biogeografia postulen que la immigració, les taxes de dispersió, la mida de l'hàbitat —la relació àrea-tàxon, per exemple— i la invariància ecològica entre filotipus microbianos determinen l'estructura de la comunitat microbiana. No obstant això, aquesta famosa declaració significa que, a causa del gran nombre d'organismes i el creixement accelerat de la població, és poc probable que els tàxons microbianos s'extingeixin. D'altra banda, els microbis es dispersen fàcilment i exclouen la possibilitat de la biogeografia històrica, de manera que la composició de la comunitat no ha de ser determinada per esdeveniments de dispersió o dificultat, una visió que ha estat cada vegada més qüestionada els últims anys.

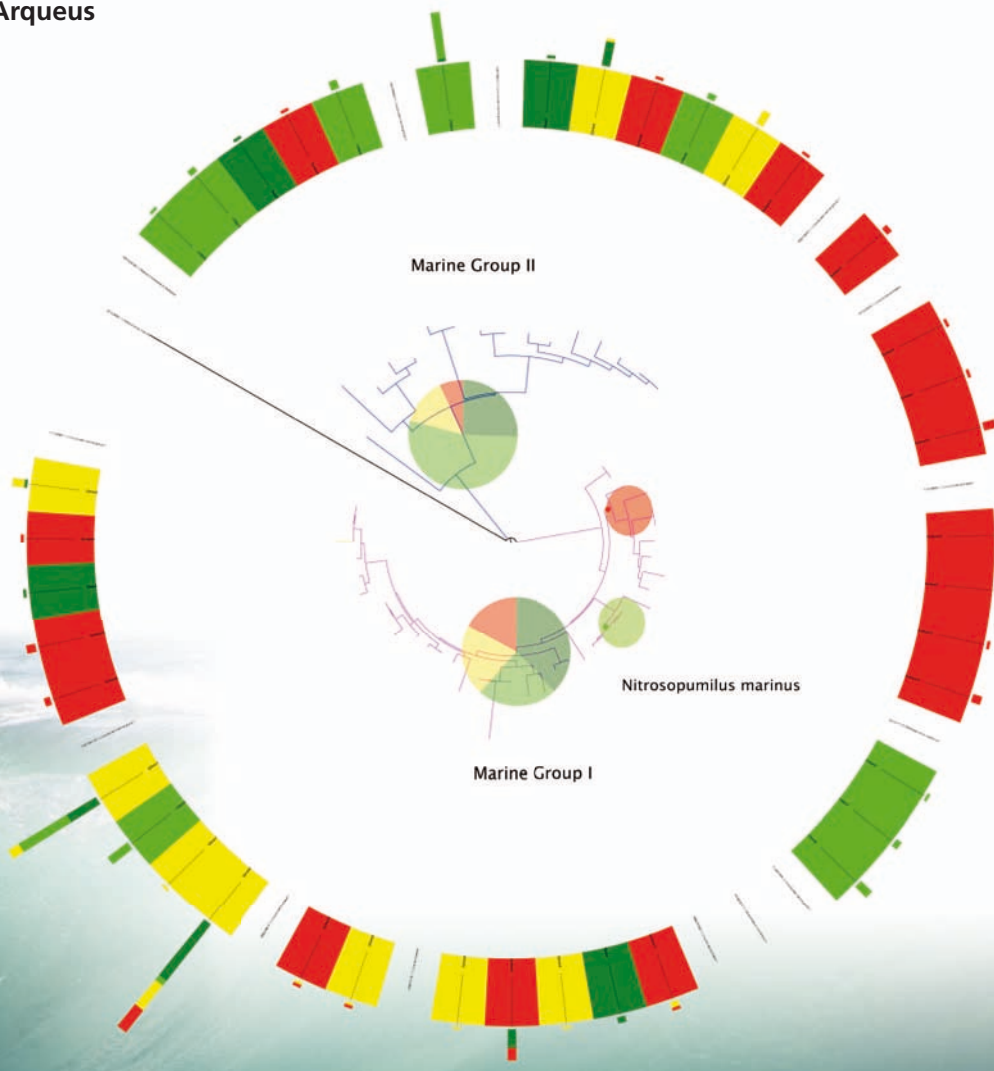
Bacteris

► **Figura 1.** Arbre filogenètic del DNA 16S de bacteris i arqueus.

- Superfície
- O<sub>2</sub> min.
- 1750 m
- Profunditat



Arqueus



El 2007, Pommier i col·laboradors van posar a prova la distribució omnipresent del bacterioplàncton marí. Per desafiar aquesta visió integral, es van emprar biblioteques de clons en nou indrets costaners distribuïts per tot el món. Es va trobar una distribució similar dels principals grups taxonòmics representats a les comunitats. Totes les comunitats locals es van estructurar de manera similar, amb dominància d'unes quantes unitats taxonòmiques operacionals (OTU), fet que mostra afiliacions taxonòmiques variables. Però això ha estat desmentit per la composició diferent dels tàxons microbians marins de vida lliure a diferents llocs segons els factors ambientals. La composició del bacterioplàncton varia al llarg de gradients de salinitat amb la profunditat i l'especificitat de la massa d'aigua.

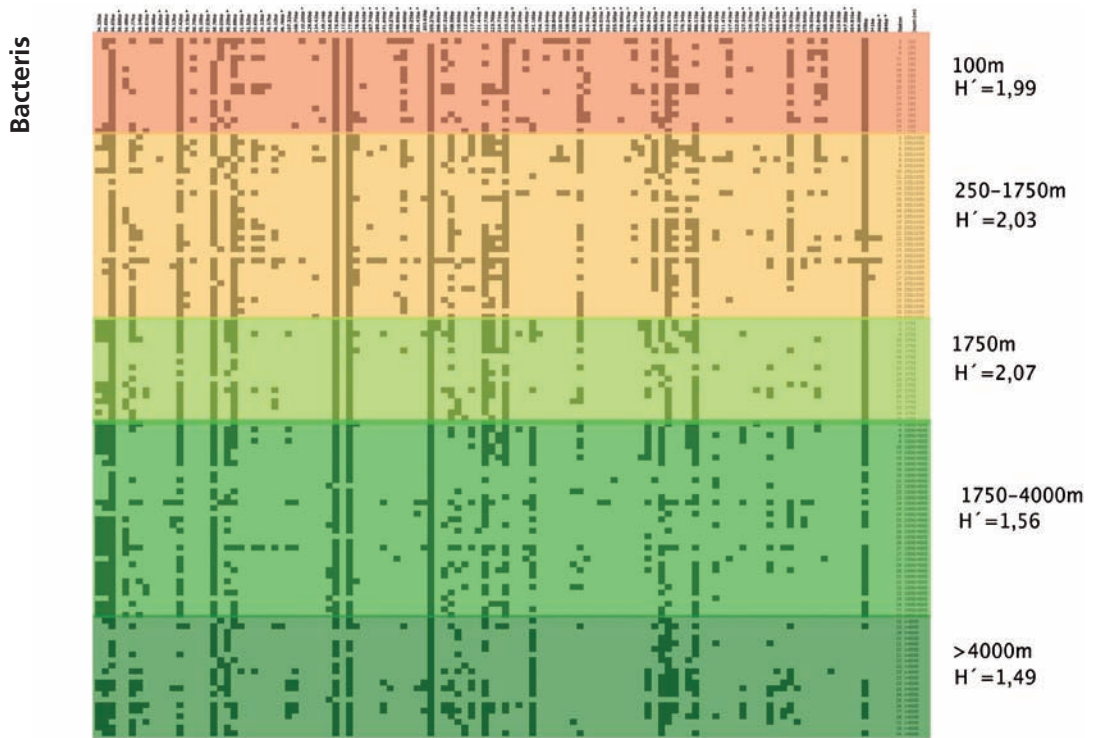
Es pot trobar una sortida a la distinció entre diversitat i biodiversitat proposta per Margalef el 1994. La biodiversitat seria el total de la informació genètica a la Terra o a qualsevol part del globus. La diversitat es refereix als components que estan actius i són abundants en un moment i lloc determinats. En el treball esmentat, algunes espècies de microorganismes van ser presents cada any amb una gran abundància. La resta d'espècies tenia poca abundància i no es van trobar cada any: eren espècies ocasionals. Les taxes més abundants es mantenen mitjançant un creixement actiu, ja que s'adapten bé a aquest ecosistema en particular. Aquests tàxons constitueixen la diversitat de l'ecosistema. La llarga cua de tàxons rars (o *banc de llavors*) completa la biodiversitat. És important tenir en compte que el nombre de representants d'un grup determinat no està lligat necessàriament a la importància d'aquest grup per al funcionament de la comunitat. El 2006, Sogin i col·laboradors van detectar una alta diversitat bacteriana a les masses d'aigües profundes de l'Atlàntic nord i als respiradors hidrotermals de flux difús.

Els primers microbiòlegs marins estaven convençuts que un alt percentatge d'espècies pelàgiques abundants es podrien cultivar en plaques d'agar. Darrerament, la microscòpia epifluorescent ha revelat que els bacteris fàcilment cultivables representen només el 0,1 % dels bacteris observables. Prèviament detectat per altres investigadors, aquest problema es va anomenar *anomia del gran plat*. A mitjan dècada dels vuitanta, els mètodes moleculars

es van introduir a l'ecologia microbiana, fet que ha permès d'obtenir les dades de seqüència genètica dels organismes dominants, encara que no puguem cultivar-los. D'alguna manera és sorprenent que els resultats generats per aquestes noves tècniques no coincideixin amb els resultats obtinguts mitjançant el cultiu. Es va posar de manifest que alguns bacteris dominants no són cultivables utilitzant metodologies estàndards, mentre que d'altres que sí que ho són tenen una abundància tan baixa en el medi natural que les tècniques moleculars no poden detectar-los. Així, les eines moleculars han fet créixer el nostre coneixement sobre l'estructura de la comunitat microbiana marina i han demostrat que una gran part dels microbis del medi representen tàxons nous que encara no s'han cultivat.

Els organismes fàcilment cultivables poden formar part de la biosfera rara: la gran col·lecció de microorganismes presents als ecosistemes d'abundància molt baixa. Aquesta baixa abundància els protegeix de la lisi viral i, en part, de la depredació; a més, poden persistir durant llargs períodes de temps amb poca o cap activitat. S'ha suggerit que, si canvien les condicions, els membres de la biosfera rara poden multiplicar-se ràpidament, convertir-se en part dels tàxons abundants i participar activament en els fluxos de carboni i energia. Per tant, constitueixen un *banc de llavors* que pot arribar a ser d'una gran utilitat per a la comunitat per donar resposta a les condicions canviants del medi, incloent-hi l'aparició de contaminants o altres perturbacions antropogèniques. La biodiversitat d'un ecosistema no és totalment coneguda fins que es caracteritza la biosfera rara. La seqüenciació massiva permet capturar la informació sobre aquestes poblacions d'abundància baixa. Alguns exemples són l'estudi de Venter i col·laboradors del 2004 al mar dels Sargassos, on van utilitzar un enfocament de seqüenciació massiva i van estimar que la mostra analitzada contenia aproximadament mil vuit-cents tàxons bacterians. El 2006, Sogin i col·laboradors van emprar una tècnica més eficaç i barata de seqüenciació per analitzar mostres d'aigües profundes de l'Atlàntic nord i van estimar que la riquesa era de milers de diferents tàxons. Estudis moleculars recents demostren que la composició taxonòmica de les comunitats bacterianes naturals comprenen una gran diversitat, tot i que relativament poques espècies sembla que formen la major part de la biomassa.



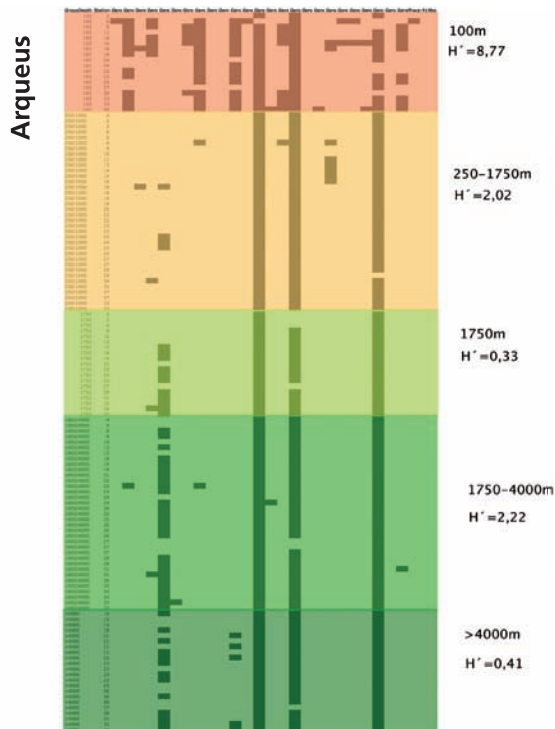


► **Figura 2.** Presència i absència dels OTU de bacteris i arqueus.

- Superfície (100 m)
- O<sub>2</sub> min (250 m - 1750 m)
- 1750 m
- 1750 m - 4000 m
- > 4000m

En aquest estudi es mostra la distribució dels grups principals de bacteris i arqueus determinat a les aigües epiabissopelàgiques al llarg del transsecte de la zona de fractura Romanche (RFZ, de 2° 7' S 31° 79' W a 0° 56' N 14° 36' W) a l'Atlàntic tropical. Mitjançant la RFZ, l'aigua antàrtica de fons (AABW) entra a la conca oriental de l'Atlàntic i part de l'aigua profunda de l'Atlàntic nord (NADW) de la conca occidental torna a entrar a la conca oriental de l'Atlàntic una altra vegada. Per tant, les principals masses d'aigua es canalitzen mitjançant la RFZ. L'objectiu d'aquest estudi és determinar les comunitats de bacteris i arqueus en termes d'estructura de la diversitat i la comunitat. Al llarg del transsecte, es van seleccionar vuit estacions entre 8-10 m de profunditat per quantificar la diversitat amb tècniques *single-cell*. Per fer el marcatge fluorescent, es van utilitzar sondes d'oligonucleòtids per bacteris i crenarqueots marins del grup I, i per a grups específics de bacteris: SAR11, SAR406, SAR202, *Alteromonas* i *Planctomycetes*. Es van trobar patrons diferents per a grups específics dins la columna d'aigua. SAR202 i *Alteromonas* van augmentar amb la profunditat, SAR11 va disminuir, i *Planctomycetes* i SAR406 es van mantenir força estables al llarg de la columna d'aigua. La contribució relativa de crenarqueots al picoplàncton total va ser significativament més gran a les zones més profundes. No es van detectar diferències a l'eix horitzontal (i no hi va haver canvis significatius entre les estacions). Per aprofundir en la diversitat de les bibliote-

ques de DNA 16S es van analitzar clons en quatre capes de profunditat a l'estació central per determinar la diversitat de bacteris i arqueus. Aquesta tècnica també mostra les estratificacions d'aquests microbis amb la profunditat. SAR11 i *Alphaproteobacteria* disminueixen en abundància amb la profunditat; *Bacteroidetes* presenta un nombre més alt a la superfície; el domini màxim de *Gammaproteobacteria* se situa a 1750 m; *Firmicutes* (SAR406) i *Chloroflexi* (SAR202) semblen dominants a la capa més profunda. De la diversitat d'arqueus es va trobar que el Marine Group II domina la capa de 1750 m, mentre que el Marine Group I domina les capes més profundes. *Nitrosopumilus* (l'única soca cultivable d'arqueobacteri) es va trobar només a 1750 m. La composició de les comunitats de bacteris i arqueus es va revelar per TRFLP (*Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism*). En gràfics d'anàlisi de proximitats (*multidimensional scaling*) es va estudiar la correlació de la composició de les comunitats de bacteris i arqueus amb factors ambientals, que va resultar ser significativa en ambdós casos. Les matrius de similitud de les anàlisis TRFLP mostren l'estratificació amb la profunditat i també es van trobar alguns OTU que es limiten a profunditats específiques. Es van analitzar els canvis en la composició de la comunitat bacteriana de tres masses d'aigua (NADW, AAIW [aigua antàrtica intermèdia] i AABW) al llarg de la fractura. Només la NADW mostrava diferències a l'eix horitzontal, que entenem com els canvis en el temps. Com que la



zona de fractura és una àrea on les masses d'aigua estan aïllades d'altres corrents, resulta ideal per estudiar canvis en el temps d'una comunitat determinada dins d'una massa d'aigua. Sugerim que no es van detectar canvis en altres masses d'aigua a causa de la profunditat. Com que el corrent d'AABW és molt profund, hi pot haver una resuspensió dels sediments a la fractura que podria afectar la comunitat bacteriana. Tampoc es van detectar canvis a l'AAIW perquè aquesta àrea és molt poc profunda pel fet d'estar dins de la zona de fractura.



En resum, sembla que la composició de les comunitats bacterianes avaluades mitjançant el protocol CARD-FISH i la clonació indiquen una estratificació segons la profunditat. La composició de la comunitat d'arqueus determinada per clonació també indica una estratificació segons la profunditat. Es van trobar correlacions significatives entre la composició de les comunitats de bacteris i arqueus i les característiques fisicoquímiques i biològiques de les masses d'aigua. La composició de la comunitat bacteriana canvia gradualment a mesura que els fluxos de NADW travessen la zona de fractura Romanche. Com que els grans grups detectats en aquest estudi s'han trobat a totes les profunditats, però en diferents proporcions, estem d'acord amb la teoria que «tot està a tot arreu, però l'ambient selecciona».

## Referències bibliogràfiques

- AZAM, F. [et al.] (1983). «The Ecological Role of Water-Column Microbes in the Sea». *Marine Ecology Progress Series*, vol. 10, p. 257-263.
- BAAS-BECKING, L. G. M. (1934). *Geobiologie of Inleiding Tot de Milieukunde*. A: STOCKUM, W. P. van; ZOON, N. V. (ed.). *Diligentia Wetensch*, sèrie 18/19. La Haia: Van Stockum's Gravenhange.
- FERGUSON, R. L. [et al.] (1984). «Response of marine bacterioplankton to differential filtration and confinement». *Applied and Environmental Microbiology*, vol. 47, p. 49-55.
- FUHRMAN, J. A. [et al.]. «Dominance of bacterial biomass in the Sargasso Sea and its ecological implications». *Marine Ecology Progress Series*, vol. 57, p. 207-217.
- HORNER-DEVINE, M. C. [et al.] (2003). «An ecological perspective on bacterial biodiversity». *Proceedings of The Royal Society*, vol. 271, p. 113-122.
- HUBBEL, S. P. (2001). *The unified neutral theory of biodiversity and biogeography*. New Jersey: Princeton University Press.
- JANNASH, H. W.; JONES, G. E. (1959). «Bacterial populations in sea water as determined by different methods of enumeration». *Limnology and Oceanography*, vol. 4, p. 521-527.
- MARGALEF, R. (1994). «Diversity and biodiversity –their possible meaning in relation with the wish for sustainable development». *An Acad. Bras. Ciênc.*, vol. 66, p. 3-14.
- PEDRÓS-ALIÓ, C. (1993). «Diversity of bacterioplankton». *Trends in Microbiology*, vol. 8, núm. 3, p. 86-90.
- PEDRÓS-ALIÓ, C. (2006). «Marine microbial diversity: can it be determined?». *Trends in Microbiology*, vol. 14, p. 257-263.
- POMMIER, T. [et al.] (2007). «Global patterns of diversity and community structure in marine bacterioplankton». *Molecular Ecology*, vol. 16, núm. 4, p. 867-880.
- SOGIN, M. L. [et al.] (2006). «Microbial diversity in the deep sea and the underexplored rare biosphere». *PNAS*, vol. 103, p. 12115-12120.
- TEIRA, E. [et al.] (2004). «Combining catalyzed reporter deposition-fluorescence in situ hybridization and microautoradiography to detect substrate utilization by bacteria and archaea in the deep ocean». *Appl. Environ. Microbiol.*, vol. 70, p. 4411-4414.
- VENTER, J. C. [et al.] (2004). «Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea». *Science*, vol. 304, p. 66-74.
- ZOBELL, C. E. (1943). «The effect of solid surfaces upon bacterial activity». *J Bacteriol.*, vol. 46, p. 39-56.

## Itziar Lekunberri García

(Iruña, 1980)



Llicenciada en biologia per la Universitat de Navarra (2002). Va dur a terme el doctorat en el programa de Ciències del Mar de la UPC a l'Institut de Ciències del Mar (CSIC), sota la supervisió del doctor Josep M. Gasol (2008). Actualment, fa una estada postdoctoral a la Universitat de Viena gràcies a una beca Marie Curie. Concretament, treballa al Departament de Biologia Marina, dins el grup del doctor Gerhard Herndl.