

# ELS PROTAGONISTES DE LA BIOGEOQUÍMICA A L'OCEÀ

La biogeoquímica de l'oceà està regida per microorganismes que encara desconeixem. La impossibilitat d'identificar espècies de bacteris rellevants al mar fins fa pocs anys ha provocat un gran endarreriment en aquest camp. Actualment, el coneixement sobre la diversitat i el contingut genètic dels bacteris marins avança a gran velocitat, mentre que qüestions tan bàsiques com les repercussions biogeoquímiques que pot tenir la pèrdua de diversitat bacteriana continuen sense resposta.

La vida a la Terra és possible perquè milions i milions de microorganismes reciclen elements essencials per als éssers vius, com el carboni, el nitrogen o l'oxigen, i, en definitiva, registen la biogeoquímica del planeta. Una gran part d'aquests microorganismes habiten els oceans en quantitats que s'estimen més elevades que el nombre total d'estels visibles des de la Terra. Però tot i la importància que tenen, encara desconeixem quantes espècies diferents de bacteris conviuen a l'oceà i, per tant, tampoc no sabem quines espècies són les veritables protagonistes de la biogeoquímica marina.

Però quina és la importància de conèixer la diversitat genètica bacteriana? És realment rellevant identificar les espècies bacterianes en una mostra d'aigua de mar per predir, per exemple, el reciclatge de carboni que hi pot haver? Aquestes qüestions han dirigit els esforços de molts investigadors els últims anys. En principi, és intuïtiu pensar que la diversitat genètica està relacionada amb la diversitat de metabòlites i d'adaptacions, de la mateixa manera que les diferències són aparents entre un cactus i una fulguera tropical. Però la incapacitat de diferenciar bacteris de diferents espècies en mostres ambientals, que no va ser possible fins al desenvolupament de tècniques moleculares els anys noranta, ha provocat un gran endarreriment en aquest camp.

El nostre desconeixement es fa patent quan, per exemple, ens preguntem

si el canvi climàtic global pot afectar el paper biogeoquímic de l'oceà. Si el canvi climàtic comportarà una pèrdua de la diversitat bacteriana i quines implicacions biogeoquímiques tindrà, és, encara i en la major part de casos, una incògnita. Sabem que algunes funcions biogeoquímiques, com per exemple l'oxidació de metà, les porten a tantes grups molt determinats de bacteris i, per tant, la desaparició d'aquests comportaria la pèrdua d'aquestes funcions en l'ecosistema. Altres funcions, com l'oxidació de compostos de carboni orgànics, són responsabilitat de molts tipus de bacteris diferents i, en aquest sentit, la pèrdua d'algunes espècies no comportaria una pèrdua de funció. Tot i així, fins i tot en aquests casos, no totes les espècies processen el carboni orgànic de la mateixa manera ni a la mateixa velocitat. Per exemple, hem observat que un grup de bacteris del gènere *Akkermansia*, que generalment són molt poc abundants al mar, pot proliferar espectacularment a la badia de Biana. Aquest grup de bacteris són molt actius i creixen molt ràpidament, per això quan prolifera el reciclatge de carboni és també més intens i ràpid, i això té implicacions biogeoquímiques.

Però si la diversitat bacteriana és tan alta i existeixen milions d'espècies, és coherent o abordable intentar conèixer-ne les funcions? Alguns estudis suggereixen

que grups amples de bacteris (que inclouen moltes espècies diferents) es comporten de manera coherent en certes funcions biogeoquímiques. Aquests grans grups podrien constituir unitats funcionals i ecològiques o, en definitiva, altres bacterianes que es podrien incorporar en models biogeoquímics per millorar-ne les prediccions. Malgrat tot, per a les funcions biogeoquímiques molt específiques, el pas clau és la identificació concreta de les espècies que les estan portant a terme en l'ambient.

En aquest gran trencaclosques de la biogeoquímica marina, la tecnologia també és bàsica, i noves tècniques de seqüenciació massiva estan fent possible un avenç rapidísim. En aquests moments, la velocitat a la qual la informació genètica dels microorganismes marins s'incloïa a les bases de dades solament és comparable a les incògnites per resoldre. En iniciatives com la de l'equip dirigit per Craig Venter, que està portant a terme la seqüenciació de tots els gens dels microorganismes continguts en diverses mostres de tot l'oceà, ha donat ja grans sorpreses sobre la diversitat de metabòlites bacterians i encara en promet, en poc temps, moltes més. |

