

# DISTRIBUCIÓN GLOBAL Y NUEVA DIVERSIDAD GENÉTICA DE UN GRUPO DE FITOPLANCTON MARINO, LAS PELAGOFÍCEAS

*Ana M. Cabello<sup>1</sup>, Ramiro Logares<sup>2</sup>, Raquel Rodríguez-Martínez<sup>3</sup>, Ramon Massana<sup>2</sup>, Daniel Vaultot<sup>4</sup>*

*Instituto Español de Oceanografía, España, anamaria.cabello@ieo.es<sup>1</sup>, Instituto de Ciencias del Mar, España, ramiro.logares@icm.csic.es; ramonm@icm.csic.es<sup>2</sup>, Universidad de Antofagasta, Chile, raquelrmcs@gmail.com<sup>3</sup>, NTU Singapore, Singapur, vaultot@gmail.com<sup>4</sup>*

**Línea temática (y, en su caso, sub-área):** El Conocimiento del Mar

**Modalidad de participación:** Póster

## Abstract

Pelagophytes are important components of marine photosynthetic picoeukaryote assemblages and are widely distributed across the oceans. Molecular surveys based on ribosomal genes suggest that pelagophytes present a low evolutionary diversification, with most environmental sequences being nearly identical to cultured strains, in particular to *Pelagomonas calceolata*, but the extent of their diversity has not been investigated in detail. Here, we evaluated pelagophyte diversity, biogeography and contribution to eukaryotic microbial assemblages in the global ocean. We took advantage of recent global metabarcoding datasets (Tara-Oceans, Malaspina expedition, Ocean Sampling Day) to analyze partial 18S rDNA gene pelagophyte sequences in more than 1800 samples comprising several size fractions and depths (surface to bathypelagic) from major ocean basins including polar waters. Pelagophytes were detected at all depths and size fractions, accounting on average for 7% of total eukaryotic reads in the euphotic layer and 4% of total picoeukaryotic reads globally. All known planktonic pelagophyte species were detected as well as newly identified uncultured clades (clades A and B) which represented ~10% of the pelagophyte reads. *P.calceolata* was the dominant species in oceanic regions (64% of pelagophyte reads) while Aureococcus and uncultured clades co-dominate with *P.calceolata* or even dominate pelagophyte assemblages in coastal waters. A different latitudinal pattern was observed in the distribution of certain clades: F. Pelagomonadaceae (including Pelagomonas) was dominant in tropical and subtropical areas; clade A dominated in the Arctic and Clade B in Antarctic waters. Overall, our analysis uncovered novel pelagophyte diversity and suggested pelagophyte clades to be adapted to different ecological niches.

**Palabras clave:** distribución global, diversidad, metabarcoding, picoeucariotas fotosintéticos.

## Introducción

Las pelagofíceas son algas eucariotas unicelulares que constituyen una fracción importante del picoplancton eucariota y tienen una amplia distribución en el océano (de Vargas et al., 2015). Estudios previos de diversidad basados en el gen ribosomal 18S sugieren baja diversificación evolutiva para este grupo, ya que la mayoría de secuencias ambientales detectadas se corresponden con las de especies ya en cultivo y particularmente con *Pelagomonas calceolata* (Worden et al., 2012; Massana et al., 2015;). Sin embargo, tanto la variabilidad genética de este grupo como la distribución de sus principales especies/clados en el océano no ha sido estudiada en detalle. El objetivo de este trabajo es evaluar la diversidad y distribución de pelagofíceas en el océano global, así como su contribución al plancton microbiano.

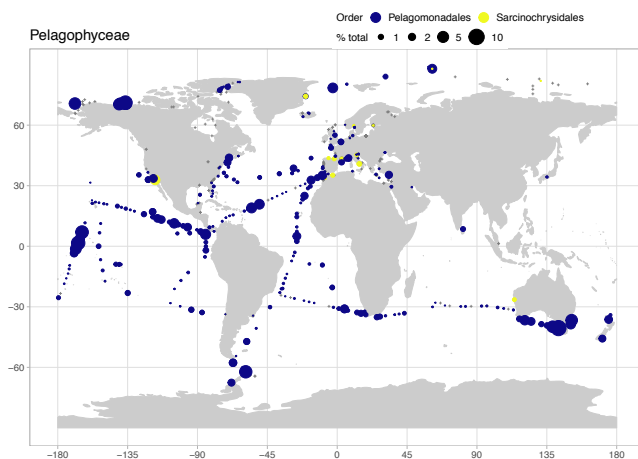
## Material y métodos

Se han analizado amplicones de la región hipervariable V4 del gen ribosomal 18S procedentes de varios sets de datos globales entre los que se incluyen las expediciones de circunnavegación Tara-Oceans y Malaspina, así como del proyecto *Ocean Sampling Day*. Estos sets de datos constituyen un total de 1800 muestras (varias fracciones de tamaño y profundidades desde superficie hasta la zona batipelágica) procedentes de todos los océanos del mundo incluyendo zonas polares. Los amplicones se analizaron con

DADA2 y se asignaron taxonómicamente mediante BLAST local usando la base de datos PR2 v.4.13.0. Los análisis filogenéticos se llevaron a cabo con RAxML v8.2.12.

## Resultados

Las pelagofíceas presentan una distribución global, de polo a polo, tanto en aguas oceánicas como costeras, contribuyendo un 4% al total de secuencias de picoeucariotas a nivel global (Figura 1). Se obtuvieron un total de 112 secuencias únicas de pelagofíceas de todo el océano global, que se asignaron a 16 clados a nivel de género, 6 de ellos nuevos. *P. calceolata* es la especie dominante en regiones oceánicas (64% de las secuencias de pelagofíceas) mientras que *Aureococcus* y otros clados nuevos adquieren más relevancia en aguas costeras donde pueden llegar a dominar la comunidad. Además, se ha observado un patrón latitudinal en la distribución de algunos clados: la F. Pelagomonadaceae (que incluye a *P. calceolata*) es dominante en áreas tropicales y subtropicales; el nuevo clado A domina en el Ártico y el nuevo clado B en aguas Antárticas.



**Figura 1:** Mapa global de la contribución de pelagofíceas al total de secuencias de eucariotas (se han considerado las fracciones de tamaño pico, pico-nano, y total). El color se corresponde con el Orden de pelagofíceas dominante en cada estación de muestreo.

## Conclusiones

En este trabajo se han determinado nuevos clados de diversidad genética en pelagofíceas, así como, los primeros mapas de distribución global de sus principales géneros. La distribución geográfica distintiva de algunos clados sugiere que éstos están adaptados a nichos ecológicos diferentes.

## Bibliografía

de Vargas, C., Audic, S., Henry, N., Decelle, J., Mahé, F., Logares, R., *et al.* (2015) Eukaryotic plankton diversity in the sunlit ocean. *Science* **348**: 126105.

Massana, R., Gobet, A., Audic, S., Bass, D., Bittner, L., Boutte, C., *et al.* (2015) Marine protist diversity in European coastal waters and sediments as revealed by high-throughput sequencing. *Environ Microbiol* **17**: 4035-4049.

Worden, A.Z., Janouskovec, J., McRose, D., Engman, A., Welsh, R.M., Malfatti, S., *et al.* (2012) Global distribution of a wild alga revealed by targeted metagenomics. *Curr Biol* **22**: R675–677.