

Patrones biogeográficos globales de bacterias fotoheterótrofas marinas en la superficie del océano tropical y subtropical

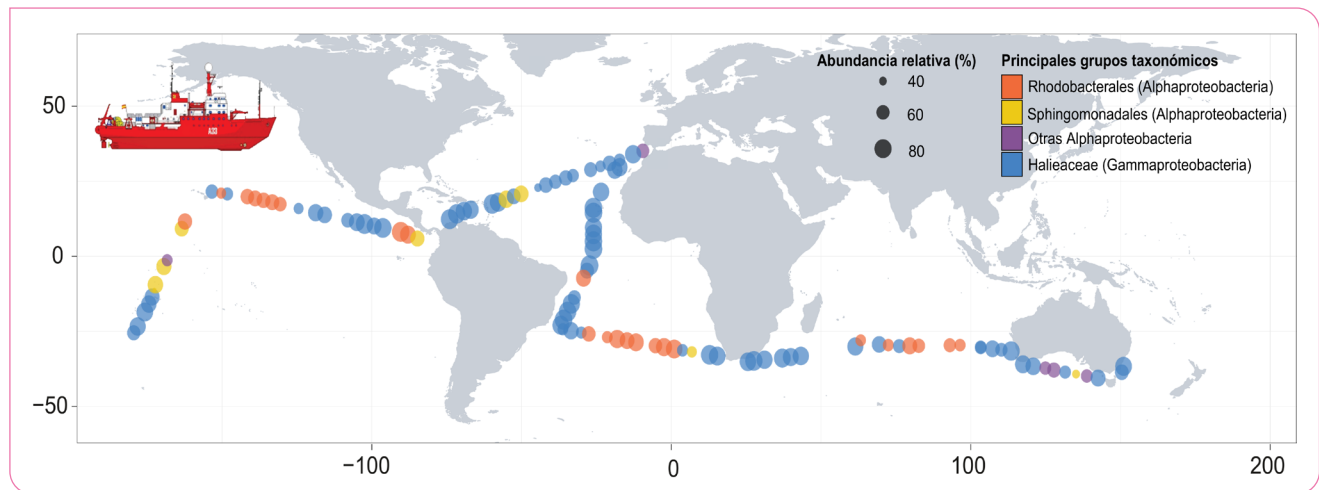
CARLOTA R. GAZULLA^{1,2}, JOSEP M. GASOL², OLGA SÁNCHEZ¹ & ISABEL FERRERA³

¹Departament de Genètica i de Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra, Catalunya, 08193, España.

²Departament de Biologia Marina i Oceanografia, Institut de Ciències del Mar, ICM-CSIC, Barcelona, Catalunya, 08003, España.

³Centro Oceanográfico de Málaga, Instituto Español de Oceanografía, IEO-CSIC, 29640 Fuengirola, Málaga, España.

✉ carlota.ruiz@uab.cat



Transectos de la campaña de circunnavegación oceanográfica Malaspina y los grupos taxonómicos de AAPs dominantes en la superficie del océano global. Cada punto se corresponde con una estación del transecto, a 3 metros de profundidad. El color varía según el grupo taxonómico de AAPs más abundante y el tamaño indica la abundancia relativa de dicho grupo en cada estación.

Las bacterias aeróbicas fototróficas anoxigénicas, también llamadas AAPs (del inglés, *aerobic anoxygenic phototrophic bacteria*), tienen un papel relevante en el funcionamiento de los ecosistemas marinos. Aunque estas bacterias son heterótrofas y necesitan materia orgánica para su crecimiento, pueden obtener energía adicional a partir de la luz. Su descubrimiento en la superficie del océano en el año 2000 supuso un cambio de paradigma en la visión que se tenía del ciclo del carbono y de las redes tróficas marinas. Desde entonces, existe un gran interés por entender su papel ecológico a nivel global.

En este artículo se presenta el primer estudio biogeográfico global de las comunidades de AAPs, que hasta ahora habían sido descritas en áreas geográficas concretas. Las muestras se recogieron durante la campaña de circunnavegación oceanográfica Malaspina, que recorrió las regiones tropicales y subtropicales de los océanos

Pacífico, Atlántico e Índico. Mediante el uso de amplicones del gen *pufM*, el marcador genético de este grupo funcional, hemos descrito la diversidad y biogeografía global de las AAPs y estudiado los factores que explican los patrones ecológicos que observamos.

Las comunidades de AAPs resultaron principalmente formadas por bacterias que pertenecen a las clases Alphaproteobacteria y Gammaproteobacteria. La predominancia de una clase u otra varía a lo largo del océano: las Gammaproteobacterias dominan en todos los océanos excepto en los giros oligotróficos donde las Alphaproteobacterias son más abundantes. Al comparar la composición de las comunidades con la distancia geográfica, se aprecia un claro patrón biogeográfico, en el cual las comunidades más próximas entre sí comparten un mayor número de especies en común que con aquellas comunidades localizadas a mayor distancia. En general,

la distribución en cada región oceánica responde principalmente a cambios de temperatura, salinidad y clorofila.

Clasificando las diferentes secuencias de *pufM* según su comportamiento ecológico, constatamos que las comunidades de AAPs varían mucho en composición, en respuesta a pequeños cambios ambientales, lo que resulta en comunidades con especies raras y poco abundantes en comparación con otros grupos bacterianos, que perciben la superficie del océano como un ambiente más homogéneo. Por último, analizando la distancia genética entre las diferentes secuencias de AAPs y los cambios en su hábitat, concluimos que los patrones biogeográficos observados responden principalmente a un proceso ecológico de selección, y en menor medida a procesos de dispersión.