

Nota de prensa

CSIC comunicación Tel.: +34 91 568 14 77 g.prensa@csic.es

www.csic.es

Madrid, martes 31 de mayo de 2016

Un nuevo mapa global de cianobacterias revela diferencias en la distribución de su biodiversidad

- Los científicos determinan la presencia de Prochlorococcus y Synechococcus en los océanos a través del gen petB
- Los resultados del estudio se basan en muestras tomadas durante la expedición Tara Oceans

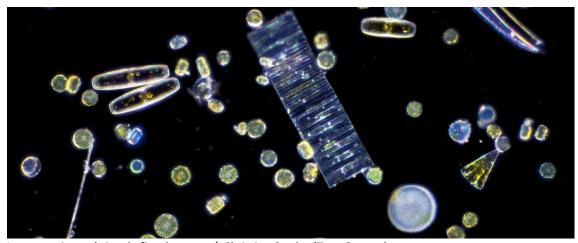


Imagen microscópica de fitoplancton. / Christian Sardet (Tara Oceans)

Un estudio internacional en el que participa el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha definido los patrones de distribución de *Prochlorococcus* y *Synechococcus*. Los dos géneros más abundantes de fitoplancton marino desempeñan un papel fundamental en el ciclo del carbono, absorbiendo el CO₂ atmosférico, y son responsables de cerca del 25% de la producción primaria de materia orgánica en los océanos. El trabajo se publica en la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences* (PNAS).

Los resultados obtenidos a partir de las muestras recogidas durante la expedición Tara Oceans se basan en el uso del marcador genético de alta resolución *pet*B, que comparten las especies que conforman el fitoplancton, en lugar del gen 16S rRNA ribosómico, marcador universal empleado para describir la diversidad bacteriana. Para



Nota de prensa

CSIC comunicación Tel.: 91 568 14 77 g.prensa@csic.es www.csic.es/prensa

su análisis se ha usado una técnica innovadora basada en la captura de fragmentos de ADN ambiental que ha permitido obtener una nueva visión de la biodiversidad y la distribución de las cianobacterias en el océano global.

"La reconstrucción de genes a partir de metagenomas ambientales nos abre una puerta hacia la biodiversidad que, hasta hace muy poco, era casi imposible descubrir", explica el investigador del CSIC Francisco M. Cornejo, del Instituto de Ciencias del Mar. Esta nueva forma de abordar la biodiversidad ha permitido definir nuevas poblaciones de fitoplancton que habitan en regiones oceánicas concretas y descubrir una microdiversidad de cianobacterias antes oculta. "Antes -añade Francisco Cornejoconsiderábamos como una población lo que ahora sabemos son poblaciones diferentes de cianobacterias".

Bases de datos de referencia

Según señala Silvia G. Acinas, también investigadora del CSIC del Instituto de Ciencias del Mar y coordinadora del consorcio de procariotas de Tara Oceans, "la metagenómica se ha convertido en una herramienta indispensable para cualquier estudio de biodiversidad, sobre todo de comunidades complejas como las poblaciones de cianobacterias marinas". Los estudios de ecología molecular se enfrentan a menudo a la ausencia de bases de datos de referencia para la correcta biodiversidad y por ello, como puntualiza Acinas, "son fundamentales campañas oceanográficas globales como Tara Oceans o la expedición Malaspina para descubrir y, sobre todo, dar un sentido ecológico a la biodiversidad de procariotas marinos".

El trabajo intenta vislumbrar también las causas o factores ambientales que hacen que las poblaciones de estas cianobacterias no estén distribuidas de una manera homogénea en los océanos del planeta. Los científicos apuntan a que su presencia puede estar condicionada por la combinación de factores como la disponibilidad de nutrientes, elementos como el hierro, la cantidad de luz que penetra en la columna de agua o la temperatura oceánica.

En esta investigación han colaborado el Centre National de la Recherche Scientifique (Francia), la Macquarie University (Australia), la University of Warwick (Reino Unido), el Commissariat à l'Energie Atomique et aux Energies Alternatives (Francia) y la Stazione Zoologica Anton Dohrn (Italia).

G. K. Farrant, H. Doré, F. M. Cornejo-Castillo, F. Partensky, M. Ratin, M. Ostrowski, F. D. Pitt, P. Wincker, D. J. Scanlan, D. Iudicone, Silvia G. Acinas y L. Garczarek. Delineating ecologically significant taxonomic units from global patterns of marine picocyanobacteria. Proceedings of the National Academy of Sciences. DOI: 10.1073/pnas.1524865113