



Seleccionar página



Desvelan los procesos clave en la evolución microbiana marina

Ago 5, 2022 | 2022, Notas de prensa

Un estudio internacional en el que ha participado el ICM-CSIC ha reconstruido la historia de la evolución de diversidad microbiana marina en los últimos 2.000 millones de años. Según los autores, es el gran número de transiciones de hábitat –del mar a la tierra y viceversa- lo que permite explicar la gran diversidad microbiana actual.

Un estudio publicado hoy en la prestigiosa revista *Nature Ecology and Evolution* ha desvelado algunos de los procesos clave en la evolución microbiana marina. Según el trabajo, liderado por la Universidad de Uppsala (Suecia) y que ha contado con la participación del Institut de Ciències del Mar (ICM-CSIC) de Barcelona, es el gran número de transiciones de hábitat –del mar a la tierra y viceversa- que se han dado en los últimos millones de años lo que permite explicar la gran diversidad actual.

Y es que, a juicio de los autores, “cruzar la barrera de la salinidad no es nada fácil para los organismos y, cuando esto ocurre, las transiciones resultantes son acontecimientos evolutivos clave que pueden desencadenar explosiones de diversidad”. Sin

embargo, hasta ahora no se sabía cuán frecuentes habían sido estas transiciones en el árbol de la vida eucariota, que comprende animales, plantas y una gran variedad de microorganismos marinos.

Pequeños pero muy versátiles

En concreto, el trabajo publicado ahora ha demostrado que los eucariotas microbianos han dado cientos de grandes saltos del mar a la tierra, y también a los hábitats de agua dulce, y viceversa, durante su evolución. Esto, a su vez, ha permitido deducir dónde se encontraban los ancestros de cada uno de los grupos de eucariotas microbianos.

“Gracias al hecho de tener buenos árboles filogenéticos y muestras de diferentes ambientes se han podido analizar las transiciones de hábitat en distintos grupos de eucariotas, que han llegado a ser cientos durante los últimos 2.000 millones de años de evolución eucariota, lo cual es más de lo que nos pensábamos”, apunta Ramon Massana, investigador del ICM-CSIC y uno de los autores del estudio.

Para su elaboración, el equipo científico se sirvió de las últimas tecnologías con el objetivo de poder secuenciar el ADN de los microbios que viven en muestras recogidas en lagos boreales, suelos forestales, el Océano Índico y la Fosa de las Marianas, entre muchos otros entornos. En concreto, el ICM-CSIC aportó muestras marinas obtenidas en la expedición Malaspina en diferentes océanos y profundidades de la columna de agua.

Gracias a ello, se han podido construir grandes árboles evolutivos de los organismos encontrados en estos entornos e incluso se han podido observar una serie de patrones en la evolución de la preferencia de hábitat.

«Descubrimos que los organismos del árbol de la vida de los eucariotas se agrupan generalmente según vivan en los océanos o en hábitats no marinos», explica Mahwash Jamy, investigador de la Universidad de Uppsala y autor principal de este estudio. A este respecto, Jamy añade que «este hallazgo confirma que adaptarse a una salinidad diferente -o cruzar la barrera de la sal- es difícil, incluso para los microbios».

No obstante, el estudio prueba que los eucariotas microbianos han logrado establecerse con éxito en nuevos hábitats varios cientos de veces a lo largo de su evolución. Por ello, los autores sugieren que son precisamente estas transiciones difíciles de lograr las que habrían permitido a los organismos colonizadores ocupar nichos ecológicos vacantes, dando lugar a la gran diversidad de eucariotas actual.

Más pistas sobre los primeros eucariotas

Por otro lado, los árboles evolutivos construidos a partir de las secuencias de ADN también han permitido a los investigadores acercarse al pasado profundo e inferir cómo podían ser los hábitats de los ancestros de cada grupo microbiano.

«Es probable que dos de los mayores grupos de eucariotas, los SAR y los Obozoa, cada uno de los cuales es más grande que, por ejemplo, los animales o las plantas, surgieran en hábitats completamente diferentes», expone Fabien Burki, también investigador de la Universidad de Uppsala y otro de los autores principales del estudio.

Según Burki, el linaje SAR -que incluye grupos como las diatomeas, los ciliados, los dinoflagelados, los radiolarios, etc.- habría surgido por primera vez en los océanos del Precámbrico, mientras que el ancestro del grupo Obozoa -que se ha diversificado en hongos, animales, coanoflagelados y amebas-

podría haber vivido en hábitats no marinos».

Esto demuestra, una vez más, que el hecho de cruzar la barrera de la salinidad ha desempeñado un papel importante en la configuración de la evolución eucariota. Por este motivo, de cara a futuras investigaciones, las expertas y expertos recurrirán a la genómica para averiguar qué mecanismos genéticos subyacen a estos acontecimientos evolutivos clave.

Artículo de referencia

Jamy, M., C. Biwer, D. Vaultot, A. Obiol, H. Jing, S. Peura, R. Massana, and F. Burki. Global patterns and rates of habitat transitions across the eukaryotic tree of life. *Nat. Ecol. Evol.* DOI 10.1038/s41559-022-01838-4, <https://www.nature.com/articles/s41559-022-01838-4>

Elena Martínez Batalla / Comunicación ICM-CSIC

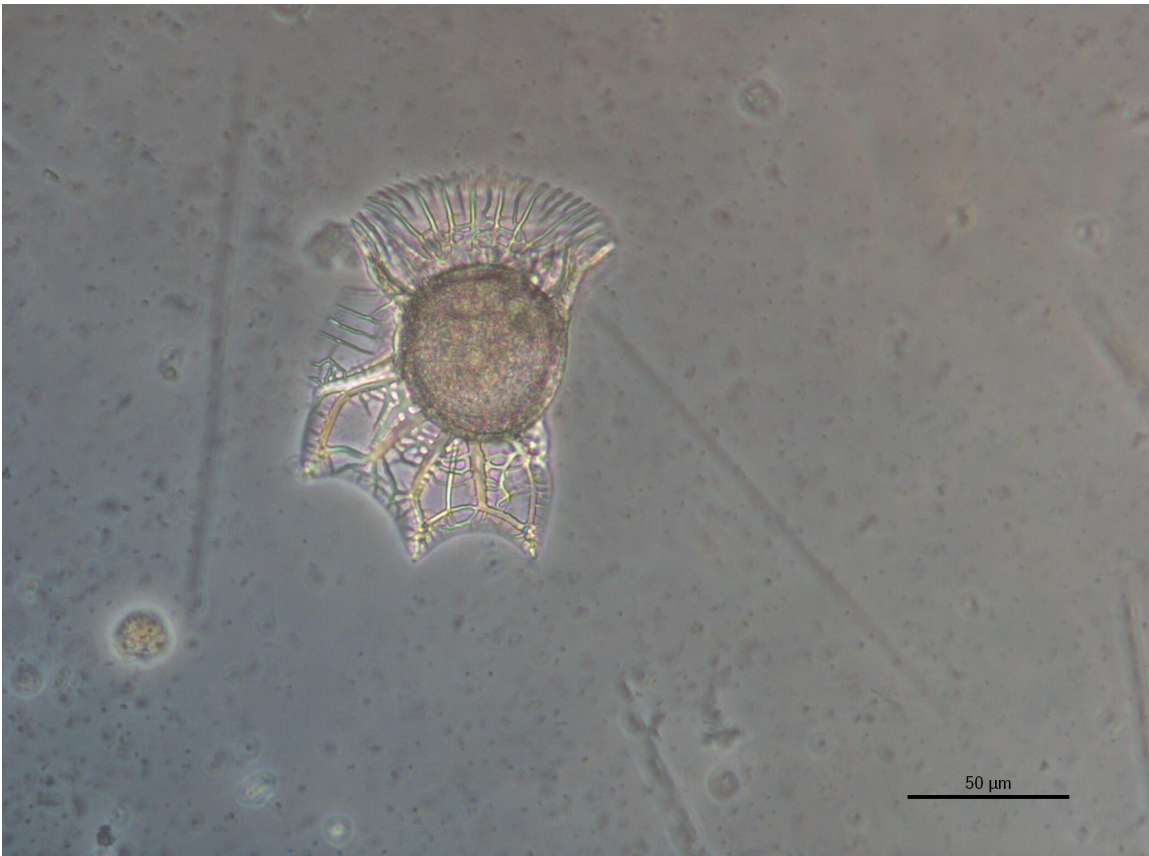


Imagen de un dinoflagelado. Autor: Albert Reñé.

Delegación Institucional del CSIC en Cataluña
Egipcíaques, 15
08001 Barcelona
Tel. 93 442 65 76

Unió Europea
Fons social europeu
L'FSE inverteix en el teu futur

