



Select Page



# Desvelen els processos clau en l'evolució microbiana marina

ag. 5, 2022 | 2022, Notes de premsa

Un estudi internacional en què ha participat l'ICM-CSIC ha reconstruït la història de l'evolució de la diversitat microbiana en els darrers 2.000 milions d'anys. Segons els autors, és el gran nombre de transicions d'hàbitat –del mar a la terra i viceversa– el que permet explicar la gran diversitat microbiana actual.

Un estudi publicat recentment a la prestigiosa revista *Nature Ecology and Evolution* ha revelat alguns dels processos clau en l'evolució microbiana marina. Segons el treball, liderat per la Universitat d'Uppsala (Suècia) i que ha comptat amb la participació de l'Institut de Ciències del Mar (ICM-CSIC) de Barcelona, és el gran nombre de transicions d'hàbitat -del mar a la terra i viceversa- que s'han donat els darrers milions d'anys el que permet explicar la gran diversitat actual.

I és que, segons els autors, “creuar la barrera de la salinitat no és gens fàcil per als organismes i, quan això passa, les transicions resultants són esdeveniments evolutius clau que poden desencadenar explosions de diversitat”. Tanmateix, fins ara no se sabia com havien estat de freqüents aquestes transicions en

l'arbre de la vida eucariota, que comprèn els animals, les plantes i una gran varietat de microorganismes eucariotes.

Petits però molt versàtils

En concret, el treball publicat ara ha demostrat que els eucariotes microbians han fet centenars de grans salts del mar a la terra, i també als hàbitats d'aigua dolça, i a l'inrevés, durant la seva evolució. Això, alhora, ha permès deduir on es trobaven els ancestres de cadascun dels grups d'eucariotes microbians.

“Gràcies al fet de tenir bons arbres filogenètics i mostres de diferents ambients s’han pogut analitzar les transicions d’hàbitat en diferents grups d’eucariotes, que han arribat a ser centenars durant milions d’anys d’evolució eucariota, cosa que és més del que ens pensàvem”, apunta Ramon Massana, investigador de l’ICM-CSIC i un dels autors de l’estudi.

Per a la seva elaboració, l’equip científic es va servir de les últimes tecnologies amb l’objectiu de poder seqüenciar l’ADN dels microbis que viuen en mostres recollides en llacs boreals, sòls forestals, l’Oceà Índic i la Fossa de les Mariannes, entre molts altres entorns. En concret, l’ICM-CSIC va aportar mostres marines recollides durant l’expedició Malaspina en diferents oceans i profunditats de la columna d’aigua.

Gràcies a això, s’han pogut construir grans arbres evolutius dels organismes trobats en aquests entorns i, fins i tot, s’han pogut observar una sèrie de patrons en l’evolució de la preferència d’hàbitat.

“Hem descobert que els organismes de l’arbre de la vida dels eucariotes s’agrupen generalment segons visquin als oceans o en hàbitats no marins”, explica Mahwash Jamy, investigadora de la Universitat d’Uppsala i autora principal d’aquest estudi. En

referència a això, Jamy afegeix que “aquesta troballa confirma que adaptar-se a una salinitat diferent –o creuar la barrera de la sal– és difícil, fins i tot per als microbis”.

Tot i això, l'estudi prova que els eucariotes microbians han aconseguit establir-se amb èxit en nous hàbitats diversos centenars de vegades al llarg de la seva evolució. Per això, les autores i autors suggereixen que són precisament aquestes transicions difícils d'assolir les que haurien permès als organismes colonitzadors ocupar nínxols ecològics vacants i donar lloc a la gran diversitat d'eucariotes actual.

Més pistes sobre els primers eucariotes

D'altra banda, els arbres evolutius construïts a partir de les seqüències d'ADN també han permès als investigadors acostar-se al passat més llunyà i inferir com podien ser els hàbitats dels ancestres de cada grup microbià.

“És probable que dos dels grups més grans d'eucariotes, els SAR i els Obozoa, cadascun dels quals és més gran que, per exemple, els animals o les plantes, sorgissin en hàbitats completament diferents”, exposa Fabien Burki, també investigador de l'Universitat d'Uppsala i un altre dels autors principals de l'estudi.

Segons Burki, el llinatge SAR -que inclou grups com les diatomees, els ciliats, els dinoflagel·lats, els radiolaris, etc.- hauria sorgit per primera vegada en els oceans del Precambrià, mentre que l'ancestre del grup Obazoa -que s'ha diversificat en fongs, animals, coanoflagel·lats i amebes- podria haver viscut en hàbitats no marins”.

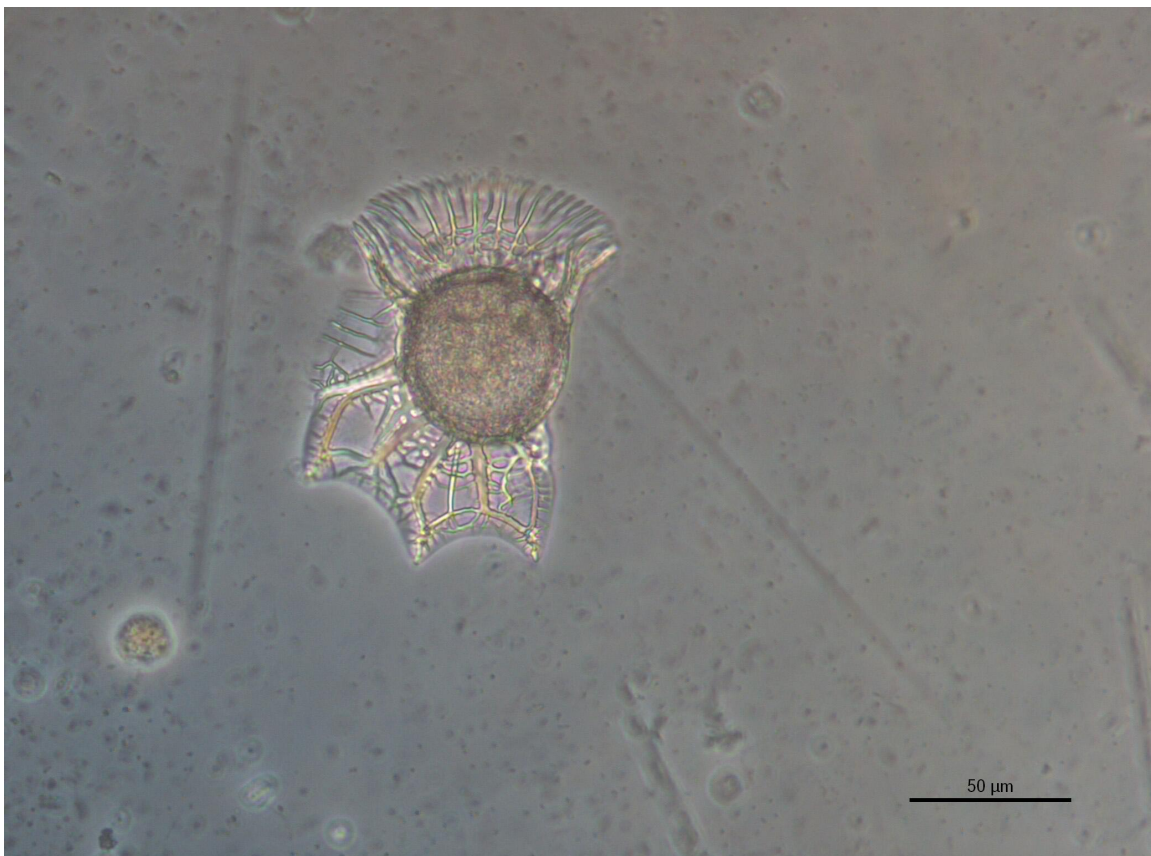
Això demostra, una vegada més, que el fet de creuar la barrera de la salinitat ha tingut un paper important en la configuració de l'evolució eucariota. Per aquest motiu, de cara a futures

investigacions, les expertes i experts recorreran a la genòmica per esbrinar quins mecanismes genètics s'amaguen d'arrere d'aquests esdeveniments evolutius clau.

Article de referència

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

*Elena Martínez Batalla / Comunicació ICM-CSIC*



*Imatge d'un dinoflagelat. Autor: Albert Reñé.*