

Bacterias marinas abundantes del océano profundo son aisladas en cultivo

ISABEL SANZ-SÁEZ¹, OLGA SÁNCHEZ², SILVIA G. ACINAS¹

¹Departament de Biologia Marina i Oceanografia, Institut de Ciències del Mar, ICM-CSIC, 08003, Barcelona, Spain.

²Departament de Genètica i Microbiologia, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193, Bellaterra, Spain.

✉ isscgg@cid.csic.es

N.º 76 DICIEMBRE 2023

Tradicionalmente se ha dicho que solo una pequeña fracción de las comunidades bacterianas naturales puede ser cultivada, un fenómeno que se ha llamado “la gran anomalía del recuento en placa” [1]. Esta anomalía sugería que solo una pequeña fracción de las comunidades bacterianas podía ser cultivada, estimándose entre el 0,001% y el 1% de la comunidad [1,2,3,4]. Este fenómeno condujo al paradigma que explica que “menos del 1% de las células microbianas pueden ser cultivadas” [1,5,6,7]. Sin embargo, este paradigma no ha sido completamente probado a gran escala, y en especial en el océano profundo. En nuestro estudio examinamos la fracción de la comunidad bacteriana heterotrófica tanto de la zona superficial del océano como de las profundidades (hasta ~4000 m) que podría ser recuperada mediante técnicas dependientes de cultivo a gran escala. De este modo, comparando el número de colonias crecidas en placa (cfu/ml) con el número total de células contadas mediante citometría de flujo, observamos que muestras del océano profundo presentan un mayor porcentaje de recuperación, hasta un 3%, indicando que la teoría de la gran anomalía debería ser revisada. Por otro lado, con el objetivo de ver que porcentaje de la comunidad bacteriana a nivel de diversidad y abundancia puede ser cultivado hemos comparado secuencias del gen del 16S rRNA de

una colección de 2003 bacterias marinas heterotróficas aisladas con datos globales de secuenciación masiva del gen 16S rRNA (16S TAGs) que abarcaban muestras oceánicas superficiales, mesopelágicas y batipelágicas. Este conjunto de datos globales representa 60.322 variantes únicas de secuencias de amplicones 16S (ASVs). Nuestros resultados revelan una proporción significativamente mayor de aislados idénticos a ASVs en las capas oceánicas más profundas, llegando hasta el 28% de los 16S TAGs de las comunidades microbianas batipelágicas, unos porcentajes claramente superiores a lo que se había observado hasta el momento. Dentro de ese porcentaje se incluye el aislamiento de 3 de los 10 ASVs más abundantes en el océano batipelágico global, relacionados con los géneros *Sulfitobacter*, *Halomonas* y *Erythrobacter*. Estos aislados también contribuyen de manera diferente a las comunidades microbianas de vida libre o a las adheridas a partículas, representando una mayor fracción en las partículas grandes. Nuestros hallazgos respaldan la hipótesis de que las partículas que se hunden en el batipelágico actúan como hábitats ricos adecuados para el crecimiento de bacterias heterotróficas con un estilo de vida copiotrófico que se pueden cultivar, y que estas bacterias cultivables también pueden prosperar como bacterias de vida libre.

Referencias

- Staley JT, Konopka A. Measurement of in situ activities of nonphotosynthetic microorganisms in aquatic and terrestrial habitats. *Annu Rev Microbiol.* 1985;39:321–46.
- Razumov AS. The direct method of calculation of bacteria in water: comparison with the Koch method. *Mikrobiologija.* 1932;1:131–46.
- Kogure K, Simidu U, Taga N. A tentative direct microscopic method for counting living marine bacteria. *Can J Microbiol.* 1979;25:415–20.
- Amann RI, Ludwig W, Schleifer KH. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiol Rev.* 1995;59:143–69.
- Jannasch HW. Studies on planktonic bacteria by means of a direct membrane filter method. *J Gen Microbiol.* 1958;18:609–20.
- Kuznetsov SI. The microflora of lakes and its geochemical activity. Austin and London: University of Texas Press; 1976.
- Eguchi M, Ishida Y. Oligotrophic properties of heterotrophic bacteria and in situ heterotrophic activity in pelagic seawaters. *FEMS Microbiol Ecol.* 1990;73:23–30.