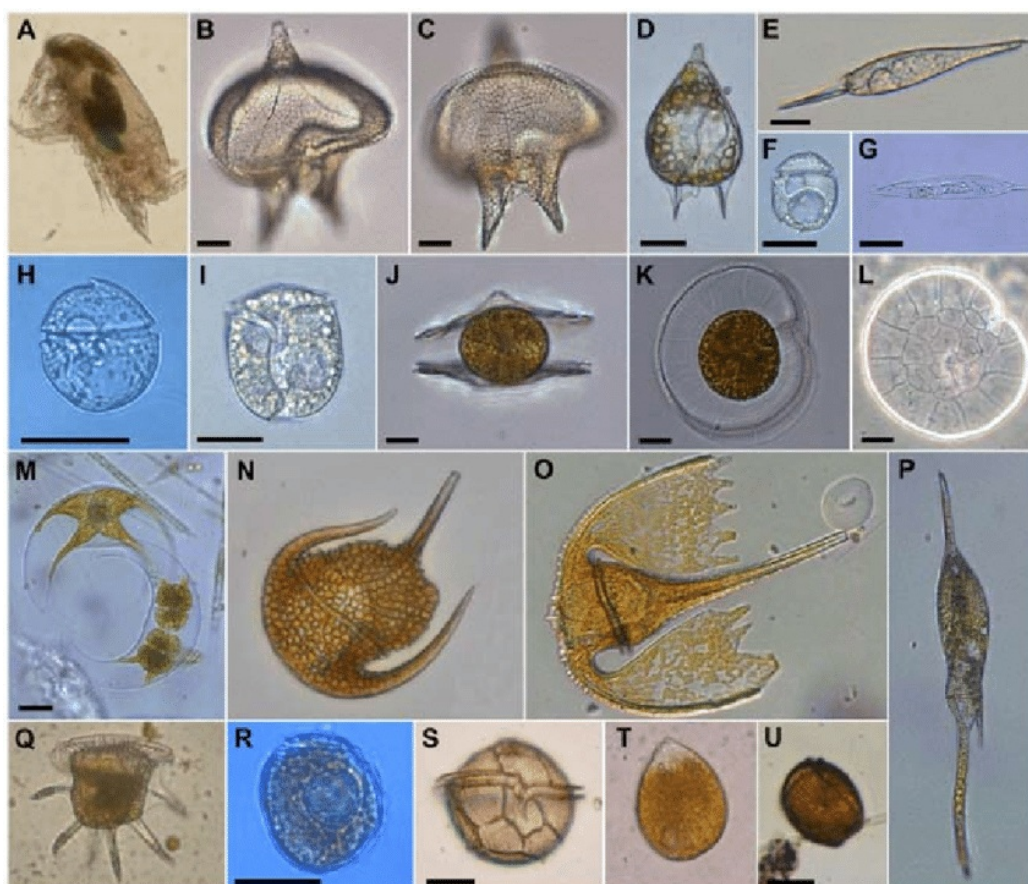


Reconstruida la historia evolutiva de la diversidad microbiana en los últimos 2.000 millones de años

El gran número de transiciones de hábitat –del mar a la tierra y viceversa– es lo que permite explicar la gran variedad actual de estos microorganismos, según un estudio liderado por la Universidad de Uppsala (Suecia) y que ha contado con la participación del Institut de Ciències del Mar de Barcelona.

SINC

17/8/2022 08:00 CEST



Ejemplos de dinoflagelados. / [Fernando Gómez](#)

Las últimas tecnologías han permitido a los científicos 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. Un estudio publicado recientemente en la revista *Nature Ecology and Evolution* ha desvelado algunos de los procesos clave en la evolución

microbiana marina gracias a estos datos.

“Al 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 millones de años de evolución eucariota, lo que es más de lo que nos pensábamos”, apunta **Ramon Massana**, investigador del Institut de Ciències del Mar de Barcelona (ICM-CSIC) y uno de los autores del estudio. Su centro aportó muestras marinas recogidas durante la expedición Malaspina en diferentes océanos y profundidades de la columna de agua.

Según el trabajo, liderado por la **Universidad de Uppsala** (Suecia), las transiciones de hábitat –del mar a la tierra y viceversa- que se han dado en los últimos millones de años es lo que permite explicar la gran diversidad actual.

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

“**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”, aseguran los investigadores.

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

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 a la secuenciación 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.

“ Hemos descubierto que los organismos del árbol de la vida de los eucariotas se agrupan generalmente según vivan en los océanos o en hábitats no marinos ”

Mahwash Jamy

"Hemos descubierto 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**, investigadora de la Universidad de Uppsala y autora 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 investigadores 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 contruidos a partir de las secuencias de ADN también han permitido a los investigadores acercarse al pasado más lejano 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.

Los árboles evolutivos contruidos a partir de las secuencias de ADN también han permitido a los investigadores acercarse al pasado más lejano e inferir cómo podían ser los hábitats de los ancestros de cada grupo microbiano

Según Burki, "el linaje SAR –que incluye grupos como las diatomeas, los ciliados, los dinoflagelados o los radiolarios– habría surgido por primera vez en los **océanos del Precámbrico**, mientras que el ancestro del grupo Obazoa –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, **recurrirán a la genómica** para averiguar qué mecanismos genéticos subyacen a estos acontecimientos evolutivos clave.

Referencia:

Jamy, M et al. "[Global patterns and rates of habitat transitions across the eukaryotic tree of life](#)". *Nat. Ecol. Evol.*

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)