

Genome diversification, ENvironmental adaptation and biological intERactiOns: Shedding light on the dltribution and ecological role of deep sea prokaryoTic ecotYpes (GENEROSITY)

Diversificación genómica, adaptación ambiental e interacciones biológicas: ilustrando la distribución y el papel ecológico de los ecotipos procariotas del océano profundo

Financiación del proyecto: Agencia Estatal de Investigación-Ministerio de Ciencia e Innovación. Programa estatal de generación de conocimiento y fortalecimiento científico y tecnológico del sistema de I+D+i

Identificador: PID2020-118877GB-I00/ AEI / 10.13039/501100011033

Financiación total del proyecto: 191.180,00 €

Investigadora principal del IEO: [Eva Sintés](#)

Duración del proyecto: Del 01/09/2021 al 31/08/2025

GENEROSITY, con referencia PID2020-118877GB-I00, es uno de los proyectos financiados en el marco del Programa Estatal de I+D+i de generación de conocimiento y fortalecimiento científico y tecnológico del sistema de I+D+i 2017-2020 del Ministerio de Ciencia e Innovación.

Resumen: Los microorganismos dominan la biomasa del ecosistema marino, y juegan un papel esencial en el funcionamiento del ecosistema mediante la asimilación de carbono inorgánico, remineralizando la materia orgánica, mediando los flujos de carbono de la atmósfera al océano profundo y, en general, catalizando las reacciones responsables de los principales flujos biológicos de los compuestos constituyentes de las macromoléculas biológicas (C, N, S, P, O, S, H).

La mayoría del volumen del océano se localiza por debajo de la zona fótica o iluminada (por debajo de 200 metros de profundidad) que se conoce como "océano profundo", y que corresponde a uno de los mayores y menos estudiados biomas del planeta. Estudios recientes han mostrado que este ambiente, caracterizado habitualmente por bajas temperaturas, altas presiones hidrostáticas, baja disponibilidad de carbono orgánico, y altas concentraciones de nutrientes inorgánicos, no es tan estable como se asumió originalmente.

Los procariotas están activos en el océano profundo, y responden a los cambios ambientales. Sin embargo, nuestro conocimiento sobre el potencial metabólico, y especialmente sobre la fisiología de los microorganismos en el océano profundo sigue siendo muy limitado. Estudios recientes sugieren que los procariotas en el océano profundo utilizan fuentes similares de energía y carbono a las que usan los procariotas en el océano iluminado, aunque con diferencias en las contribuciones relativas de distintos sustratos, posiblemente afinidades diferentes, o utilización preferencial de distintos componentes de las moléculas. Estas variaciones podrían asociarse a la adaptación de los distintos ecotipos a gradientes en los recursos o condiciones ambientales, o a una diferente composición de taxones.

El objetivo principal de **GENEROSITY** pretende identificar la variación genética dentro y entre taxones clave, lo que permitirá caracterizar las adaptaciones potenciales al océano profundo, identificar ecotipos y seleccionar las unidades de estudio ecológicamente significativas dentro de las comunidades procariotas.

Para avanzar en nuestro conocimiento sobre el papel de los procariotas en los ciclos biogeoquímicos y su respuesta a cambios naturales o antropogénicos, como los que predeciblemente se producirán asociados al cambio climático global (por ejemplo, incremento de la estratificación, disminución de los eventos de formación de aguas profundas, incremento de la oligotrofia en el océano abierto), este proyecto pretende identificar la variación genética dentro y entre taxones clave. Esto permitirá caracterizar las adaptaciones potenciales al océano profundo, identificar ecotipos y seleccionar las unidades de estudio ecológicamente significativas dentro de las comunidades procariotas. Los vínculos entre la fisiología y las tasas de actividad metabólica con los taxones y con el medio ambiente representan también una cuestión fundamental en ecología microbiana y en biogeoquímica marina aún no resuelta. La combinación de diferentes -ómicas propuesta con medidas de tasas biogeoquímicas y evaluación de las características ambientales, debería contribuir a entender mejor estos vínculos. Además el proyecto permitirá obtener una visión más precisa de los mecanismos de interacción entre diferentes taxones o ecotipos, mediante la aplicación de análisis de redes sobre aspectos genómicos y fisiológicos. En conjunto, emergerá una visión detallada de los procariotas en el océano profundo, definiendo ecotipos de acuerdo a sus adaptaciones a las condiciones ambientales, sus tasas de actividad específicas, y las interacciones biológicas. Entender la respuesta de ecotipos a perturbaciones de origen natural o antropogénico es

esencial para predecir el océano futuro e implementar estrategias de conservación y gestión.

Palabras clave: metagenómica, metaproteómica, ecotipos, genomas celulares amplificados, citometría de flujo, mar profundo, procariotas, tasas de actividad, condiciones ambientales

Abstract: Microbes dominate the biomass of the marine environment, and play an essential role in the ecosystem functioning by assimilating inorganic carbon, remineralizing organic matter, mediating the flux of carbon from the atmosphere to the deep ocean, and catalysing the reactions responsible for the main biological fluxes of the major constituents of biological macromolecules (C, N, S, P, O, S, H).

The majority of the oceans' volume is below the photic or illuminated zone (i.e., below 200m depth), corresponding to one of the largest and least studied biomes on the planet. Recent studies have shown that this environment, characterized by (usually) low temperatures, high hydrostatic pressures, low organic carbon availability and high inorganic nutrients concentrations, is not as stable as originally assumed.

Prokaryotes are active in the deep sea and they respond to environmental changes. However, our knowledge on the metabolic potential, and specially on the physiology of the deep ocean microorganisms remains very scarce. Recent findings suggest the utilization by deep sea prokaryotes of similar sources of energy and carbon as those utilized by prokaryotes in the sunlit ocean, however, with different relative contributions, possible differential affinities, or preferential utilization of different moieties of the molecules. This variations might be associated to the adaptation of different ecotypes of the same phylotype to the gradients in resources or environmental conditions, or to a different taxa composition of the community.

The main objective of **GENEROSITY** project is identify the genetic variation within and between key taxa. The approach will allow to characterize potential adaptations to the deep sea environment, identify ecotypes and select ecologically meaningful units within the prokaryotic communities.

To advance our knowledge on the role of prokaryotes in the deep sea biogeochemical cycles and their response to natural or anthropogenic environmental changes, such as those that predictably will cause the global climate change (e.g., increased stratification, reduction of deep water formation events, increased oligotrophy of open ocean waters), this project aims at identifying the genetic variation within and between key taxa. The approach will allow to

characterize potential adaptations to the deep sea environment, identify ecotypes and select ecologically meaningful units within the prokaryotic communities. The links between the physiology and metabolic activity rates with the taxa and with the environment are also a fundamental, albeit still unsolved question in microbial ecology and marine biogeochemistry. The combination of the different -omics techniques proposed here with biogeochemical rate measurements and environmental assessment should contribute to better understand these links. Moreover, the project will allow to obtain a more accurate view of the mechanisms of interaction between different taxa or ecotypes, by applying network analysis on genomic and physiologic features. Taken together, a detailed view on deep sea prokaryotes will emerge, defining ecotypes according to their adaptations to environmental conditions, specific activity rates and biological interactions. Understanding the response of these ecotypes to perturbations of natural or anthropogenic origin is essential to forecast the future ocean, and to implement appropriate conservation and management strategies.

Keywords: metagenomics, metaproteomics, ecotypes, amplified cell genomes, flow cytometry, deep sea, prokaryotes, rates of activity, environmental conditions

Participantes del Instituto Español de Oceanografía (IEO)

- Eva Sintes (Investigadora principal - C.O. Baleares-IEO,CSIC)
- Ana Bodí
- Prof. Dr. Gerhard J. Herndl (Universidad de Viena)
- Dr. Daniele De Corte (Universidad de Oldenburgo)
- Dra. Kristin Bergauer (Geomar)

Proyecto financiado por la Agencia Estatal de Investigación PID2020-118877GB-I00/ AEI / 10.13039/501100011033:

