

Adaptation Dynamic and Evolutionary rescue under sulphide selection in cyanobacteria

Elena Martín-Clemente. Departamento de Biología Vegetal. Universidad de Málaga

Los baños de La Hedionda (Cásares, Málaga, España) derivan de un manantial de aguas sulfurosas con una concentración media en torno a 0.2 mM de H₂S. Esta concentración es suficiente para inhibir el crecimiento de microorganismos fotosintéticos, ya que el H₂S inhibe la respiración y la fotosíntesis. Sin embargo, existen cianobacterias adaptadas a vivir en ambientes sulfurosos, bien porque han conseguido proteger el PSII, o bien porque son capaces de realizar fotosíntesis anoxigénica. De tapetes microbianos de La Hedionda, aislamos una cepa de la cianobacteria *Oscillatoria* sp., capaz de crecer a una concentración de 0.9 mM de sulfuro.

El objetivo de esta investigación fue analizar la capacidad de adaptación de *M. aeruginosa*, sensible a concentraciones de sulfuro por debajo de 0.1 mM, a la concentración de sulfuro del agua de la Hedionda. Así, para determinar qué mecanismo, genético o fisiológico, subyace tras esa adaptación, se realizó un experimento de análisis de fluctuación. Además, se comprobó cuál era el límite de la adaptación a sulfuro para ambas especies, basándonos en el protocolo de trinquete. Finalmente, se analizó cómo podría afectar la variabilidad genética y la velocidad de deterioro (concentraciones crecientes de sulfuro) sobre el proceso de rescate evolutivo, es decir, sobre la supervivencia en condiciones letales de sulfuro, en *M. aeruginosa*.

Comprobamos que, tras realizar un análisis de fluctuación con aguas de la Hedionda, *M. aeruginosa* es capaz de adaptarse a una concentración de 0.2 mM de sulfuro tras la selección al azar de mutantes que se generaron antes del contacto con el agente selectivo. Además, el límite de la adaptación al sulfuro fue de 0.4 y 2 mM para *M. aeruginosa* y *Oscillatoria* sp., respectivamente. Por último, la capacidad de supervivencia de *M. aeruginosa* a concentraciones de sulfuro a priori letales, fue mayor en poblaciones con mayor variabilidad genética, independientemente de la velocidad de deterioro ambiental.