



Universiteit
Leiden
The Netherlands

Giant barrel sponges in diverse habitats: a story about the metabolome

Bayona Maldonado, L.M.

Citation

Bayona Maldonado, L. M. (2021, April 22). *Giant barrel sponges in diverse habitats: a story about the metabolome*. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/3160757>

Version: Publisher's Version

License: [Licence agreement concerning inclusion of doctoral thesis in the Institutional Repository of the University of Leiden](#)

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/3160757>

Note: To cite this publication please use the final published version (if applicable).

Cover Page



Universiteit Leiden



The handle #<https://hdl.handle.net/1887/3160757> holds various files of this Leiden University dissertation.

Author: Bayona Maldonado, L.M.

Title: Giant barrel sponges in diverse habitats: a story about the metabolome

Issue Date: 2021-04-22

Resumen

Las esponjas marinas son miembros importantes de los ecosistemas marinos con distintos roles ecológicos que las hacen esenciales para la salud de los arrecifes. Desde un punto de vista químico, las esponjas han sido ampliamente estudiadas mostrando una gran diversidad química y actividad biológica que no siempre ha podido relacionarse con cambios ambientales experimentados por las mismas. La metabolómica con su visión global de todos los metabolitos presentes en una muestra ha proporcionado nuevas herramientas para entender la función que estos tienen en la relación entre las esponjas y sus hábitats. Entre las esponjas, las denominadas esponjas barril gigantes se han destacado por varias razones, incluyendo: su predominancia en muchos arrecifes, su longevidad y el hecho que están ampliamente distribuidas en los océanos alrededor del mundo. En algunos arrecifes, las esponjas barril gigantes pueden cubrir hasta el 13% de sustrato disponible superando incluso a los corales. Estas pueden vivir por más de 2000 años y se les encuentra desde Nueva Caledonia hasta el Caribe, incluyendo el Mar Rojo, la costa africana oriental y la región Indo-Pacífica. Mas aún, se ha demostrado que lo que originalmente fue clasificado como tres especies diferentes (*Xestospongia bergquistia* (confinada a la parte norte de la gran barrera de coral), *Xestospongia muta* y *Xestospongia testudinaria*) es realmente un complejo de especies que contiene al menos nueve especies crípticas. La presencia de especies crípticas ha sido recurrente en filo porífera y es una de las principales dificultades en la clasificación de estos animales. Todas las características mencionadas anteriormente hacen de las esponjas barril gigantes un excelente organismo modelo para poder entender la influencia que pueden llegar a tener factores ambientales, biológicos y genéticos en la producción de metabolitos por parte de las esponjas marinas.

El análisis metabolómico fue utilizado como una herramienta para el estudio exhaustivo del metabolismo de las esponjas marinas y de los organismos marinos en general. El capítulo 2 de esta tesis incluye una revisión bibliográfica de los métodos y aplicaciones de la metabolómica en este campo. El primer paso en un estudio metabolómico es la selección del método de extracción. Por esta razón, se utilizó un sistema extracción presurizado para estudiar la influencia de que tienen las condiciones de extracción (presión, temperatura, polaridad del solvente y número de ciclos de extracción) en la diversidad química de extractos de *Xestospongia* spp. Bajo las condiciones estudiadas se encontró que las extracciones usando etanol al 100% a bajas temperaturas dan como resultado el extracto que mejor representa la diversidad química de la esponja (Capítulo 3).

Continuando con la exploración metabolómica de las esponjas barril gigantes se investigaron las variaciones en el metaboloma de las esponjas en relación con las condiciones ambientales en las que se encontraban utilizando como metodología cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas (LC-MS por sus siglas en inglés) y resonancia magnética nuclear (RMN) (Capítulos 4, 5 y 6). Teniendo en cuenta la distribución global de estas esponjas, se realizó una comparación de la composición metabólica de esponjas recolectadas en cuatro locaciones alrededor del mundo (Martinica, Curazao, Taiwán y Tanzania). Los resultados mostraron que es posible distinguir las muestras de acuerdo con su lugar de origen, sin embargo, no se pudo observar una correlación entre la actividad antibacterial observada contra *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli* y el lugar de origen de la muestra lo cual indica que la producción de compuestos bioactivos puede afectarse por condiciones ambientales menor escala o incluso estar relacionado con otras causas como factores genéticos. Adicionalmente, se estudió el efecto que la profundidad (7-43 m) tiene en el metaboloma de las esponjas usando un conjunto de muestras recolectadas en Curazao. Este estudio demostró que el cambio en el ambiente a lo largo del gradiente de profundidad solo tiene efectos significativos en el metaboloma de uno de los grupos genéticos (posibles especies) de *Xestospongia* spp. estudiados. Finalmente, se evaluó el efecto de la temperatura de la superficie del mar (SST por sus siglas en inglés) y el pH del agua en un conjunto de esponjas recolectadas en el archipiélago de Spermode en Sulawesi (Indonesia). En este caso nuevamente solo uno de los grupos genéticos presentes en esta región mostro cambios en el metaboloma relacionados con la SST. Adicionalmente, el pH del agua no mostró tener efecto alguno en ninguno de los grupos genéticos analizados, sugiriendo que estas esponjas presentan cierto grado de resiliencia cuando se ven enfrentadas a escenarios de acidificación de los océanos. En todos los casos presentados anteriormente, cuando las condiciones ambientales causaron una alteración en el metaboloma de estas esponjas, los cambios estuvieron relacionados principalmente con compuestos de tipo lipídico que incluyeron ácidos grasos bromados, hidroxilados y/o con grupos alquino, los cuales pueden estar en forma libre o como cadenas unidas a glicerofosfolípidos.

Otro de los factores que podría causar cambios en el metaboloma de estas esponjas es su etapa de desarrollo en su ciclo de vida. Las esponjas carecen de marcadores que permitan determinar su edad y *X. muta* fue la primera especie para la cual fue posible determinar la edad de los individuos. Usando la edad calculada para las esponjas barril gigantes y utilizando la metodología de redes moleculares basadas en análisis de LC-MS se determinó que la edad de las esponjas puede causar cambios en su metaboloma (Capítulo 5). Más aún las señales características de esponjas más viejas corresponden a glicerofosfolípidos con dos ácidos

grasos unidos. Este tipo de compuestos es bien conocido por ser parte de la membrana celular, lo cual sugeriría una mayor tasa de división celular en las esponjas más viejas, aunque otros roles ecológicos no pueden ser descartarse.

La presencia de especies crípticas en las esponjas barril gigantes plantea la posibilidad de distinguir estas especies a través de sus metabolomas. Para determinar la veracidad de esta hipótesis las muestras recolectadas en Indonesia fueron clasificadas en uno de los tres grupos genéticos reportados en esta región. En el capítulo 6 se muestran las diferencias observadas en el metaboloma de estos tres grupos basados en análisis de LC-MS y RMN combinados con redes moleculares. Los compuestos responsables por la diferenciación entre los grupos genéticos fueron *lyso*-fosfolípidos, de los cuales se ha reportado que pueden cambiar dependiendo de las condiciones ambientales. Esto indicaría que dichos grupos genéticamente muy similares pueden tener diferentes respuestas metabólicas al encontrarse en ambientes similares.

En conclusión, esta tesis mostró como factores ambientales, genéticos y biológicos, independientemente o como resultado de la interacción entre ellos, pueden influenciar el metaboloma de las esponjas barril gigantes. Este es solo un primer paso hacia la comprensión del papel que los metabolitos juegan en la interacción de las esponjas con su entorno. Los avances en este campo dependerán, entre otros, del desarrollo de tecnologías que permitan mediciones del metaboloma en tiempo real y del estudio de las interacciones entre el metaboloma y otras ómicas como el microbioma.