

Conference abstract

Prokaryoplankton community composition of Southern Ocean water masses

Swan L.S. Sow¹✉, swanlisan.sow@csiro.au, Levente Bodrossy¹,
lev.bodrossy@csiro.au, Thomas W. Trull¹, tom.trull@csiro.au and Philip W. Boyd²,
philip.boyd@utas.edu.au

¹ Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (CSIRO), Oceans and Atmosphere Flagship, Hobart, GPO Box 1538, Tasmania 7001, Australia

² Institute for Marine and Antarctic Studies (IMAS), University of Tasmania, Hobart, Private Bag 129, Tasmania 7001, Australia

✉ Corresponding author: swanlisan.sow@csiro.au

The Southern Ocean (SO) microbes are the engines driving biogeochemical and nutrient cycles sustaining global marine life and carbon sequestration, but we still know very little about them and the environmental factors driving their community composition. Using amplicon sequencing, we conducted a comprehensive analysis of the bacterial and archaeal communities from 66° to 47°S along the GO-SHIP P15S latitudinal transect and from 39° to 54°S along the Heard Earth-Ocean-Biosphere Interactions (HEOBI) transect. The surveys covered all main SO water masses from epi- to abyssopelagic depths and the microbial data was analysed in correlation to high-resolution hydrographic and environmental data. Epi- and mesopelagic water masses were dominated by *Alphaproteobacteria* but shifted towards *Gammaproteobacteria* within bathy- and abyssopelagic water masses. As hypothesised, we found that the biogeographical distributions of the microbes were explained in part by the distinct hydrography of the water masses. However, both bacteria and archaea from the deeper (Antarctic bottom and lower circumpolar) water masses, which were spread across a wide range of latitudes and distances, displayed niche communities with varying abundances of specific phylotypes that were not explained by hydrography or geographical distance. The abrupt changes in phylotype abundances corresponded with crossing frontal zones in surface waters, suggesting that the varying communities of surface water masses influences community compositions in deeper water masses. These findings contribute significantly to filling critical gaps of knowledge on the environmental factors driving microbial community composition which may help predict responses of important biogeochemical processes to future climate change.

Résumé de conférence

Composition des communautés procaryotes planctoniques des masses d'eau de l'océan Austral

Les microbes de l'océan Austral sont les moteurs des cycles biogéochimiques et des éléments nutritifs régulant, à l'échelle globale, la vie marine et la séquestration du carbone, mais il reste beaucoup à découvrir à leur sujet et sur les facteurs environnementaux contrôlant la composition de leur communauté. À partir d'un séquençage d'amplicons, nous avons effectué une analyse complète des communautés bactériennes et archéennes de 66° à 47°S le long du transect latitudinal du programme GO-SHIP P15S et de 39° à 54°S le long du transect de la campagne HEOBI (*Heard Earth-Ocean-Biosphere Interactions*). Les campagnes ont couvert toutes les principales masses d'eau de l'océan Austral, des zones épipelagiques aux profondeurs abyssales, et les données microbiennes ont été analysées en corrélation avec les données hydrographiques et environnementales à haute résolution.

Les masses d'eau épi- et mésopélagiques étaient dominées par *Alphaproteobacteria*, mais dans les zones bathyale et abyssale, *Gammaproteobacteria* s'imposait. Comme nous en avons fait l'hypothèse, les distributions biogéographiques des microbes s'expliquaient en partie par l'hydrographie spéciale des masses d'eau. Néanmoins, les bactéries et les archées des masses d'eau profondes (eau du fond antarctique et eau circumpolaire inférieure), qui étaient largement dispersées à diverses latitudes et sur de grandes distances, occupaient des niches écologiques avec une variation d'abondance de phylotypes spécifiques que l'hydrographie ou la distance géographique n'expliquait pas. Les changements brusques d'abondance de phylotypes correspondaient à la traversée des zones frontales dans les eaux de surface, ce qui semble indiquer que les communautés diverses des masses d'eau de surface influencent la composition des communautés des masses d'eau profondes. Ces résultats contribuent largement à combler les lacunes de nos connaissances sur les facteurs environnementaux déterminant la composition de la communauté microbienne, ce qui pourrait aider à prédire des réponses des processus biogéochimiques importants vis-à-vis du futur changement climatique.