

De los genes al paisaje: desarrollo de herramientas para evaluación del impacto ambiental y monitoreo de la biodiversidad marina basadas en ADN ambiental y teledetección



DNASense

Owen S. Wangensteen
Universitat de Barcelona

 @DNAsense_BioDiv



Resumen del proyecto DNASense

- **DNASense** analizará datasets de ADN ambiental bentónico (metabarcoding y metagenómica) procedentes de 3 regiones marinas (**Mar Báltico, Mar del Norte, Mar Mediterráneo**)
- Se estudiarán los patrones de respuesta de la biodiversidad bentónica a las presiones antropogénicas, tales como la eutrofización o el calentamiento.
- Analizaremos algunos componentes del ecosistema que no se usan tradicionalmente para el biomonitorio (e.g. meiofauna, microorganismos eucariotas y procariotas).
- Integraremos, además, el uso de tecnologías avanzadas de teledetección (por satélite) para monitorizar el macrofitobentos.
- Desarrollaremos nuevos bioindicadores moleculares (secuencias indicadoras) para monitorizar los patrones de biodiversidad y su respuesta a los estresores ambientales.
- Todos los métodos desarrollados serán compartidos públicamente en acceso abierto, lo que contribuirá a mejores métodos de evaluación del impacto ambiental y de la biodiversidad marina.

Coste total: **1,175,993 €** | Coste subvencionado por BioDivMon: **877,819 €**



Objetivo principal



Avanzar, integrar y armonizar el uso del ADN ambiental, el ADN comunitario y las técnicas de teledetección para monitorizar múltiples dimensiones de la biodiversidad bentónica, a través del desarrollo de nuevos bioindicadores para la evaluación de la biodiversidad.



Objetivos específicos



1. Usar datasets de ADN ambiental para estudiar la respuesta de las **comunidades microbianas bentónicas** a estresores antropogénicos, en el Báltico, Mar del Norte y Mediterráneo.
2. Producir estimaciones de distribución y cobertura a gran escala para las comunidades de **macrofitobentos**, que correlacionen con los métodos de muestreo actuales.
3. Desarrollar una pipeline de análisis **mito-metagenómico** a partir de datos de secuenciación de tercera generación, para monitorizar las comunidades **meiobentónicas**.
4. Desarrollar **nuevos indicadores moleculares** para complementar y mejorar los métodos actuales para monitorizar el estado ambiental de las comunidades marinas
5. Armonizar los resultados de los bioindicadores para su implementación en la evaluación integral de biodiversidad, facilitando su uso en **diferentes áreas geográficas**.
6. Colaborar con los **actores interesados** para producir conocimiento y divulgar la importancia de la evaluación de la **biodiversidad marina** y el uso de **nuevas tecnologías** para su monitoreo.



Actuaciones

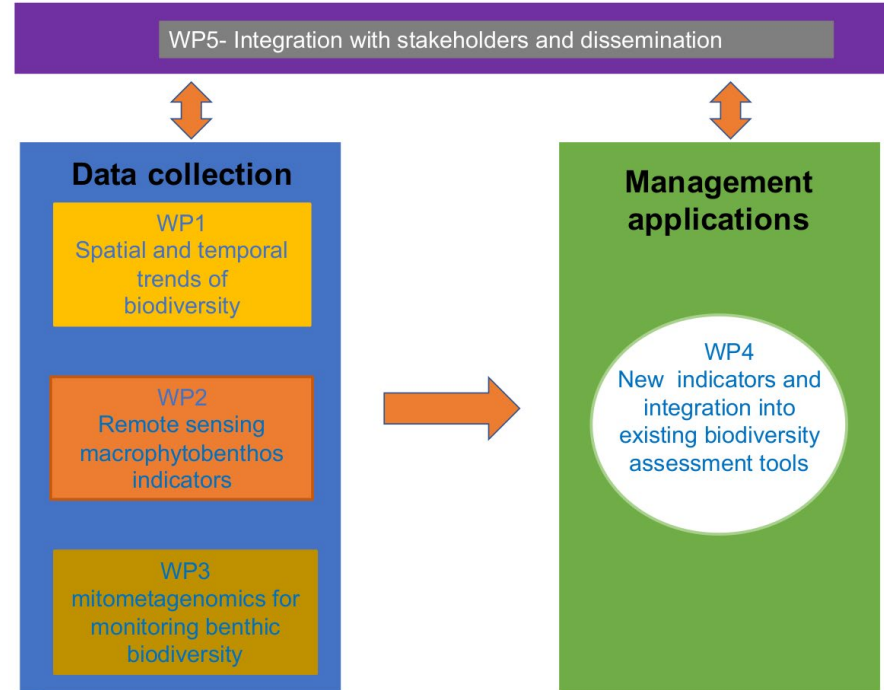
WP1: Estudio de patrones espaciotemporales de biodiversidad (metabarcoding y metagenómica)

WP2: Teledetección para monitorizar las comunidades de macrofitobentos

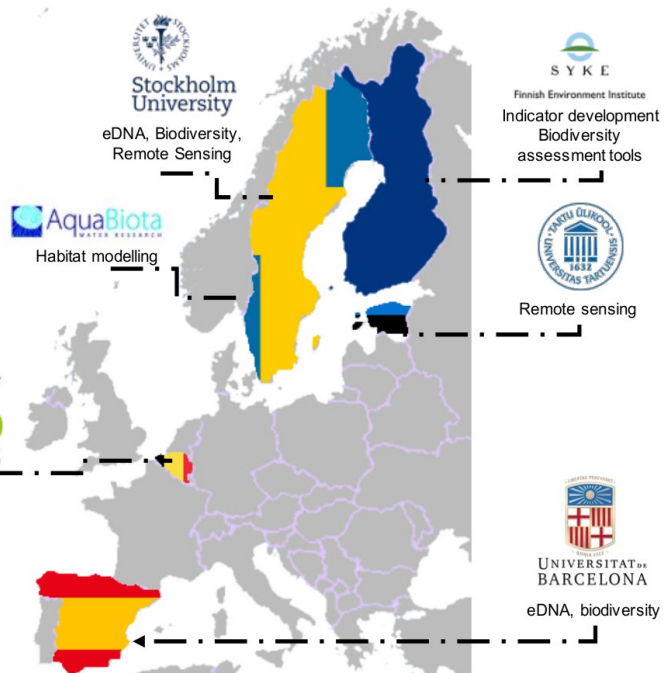
WP3: Herramientas mito-metagenómicas para monitorizar la biodiversidad meiobentónica

WP4: Nuevos bioindicadores moleculares basados en DNA ambiental e integración de la teledetección en el biomonitoreo

WP5: Comunicación con los actores interesados y disseminación de resultados



Socios de DNASense



7 Entidades de 5 países: España, Bélgica, Suecia, Finlandia, Estonia

4 Universidades, 2 institutos de investigación, 1 consultoría ambiental



ENTIDAD COORDINADORA



- **Lidera el WP5 (comunicación)**
- **Participa en los WP1 y WP4**



Cronograma

ACTIVIDAD	TAREA	AÑO 1												AÑO 2												AÑO 3																							
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36												
WP1: Spatial and temporal trends of biodiversity using metabarcoding and metagenomic techniques	T1.1 eDNA data assembly and harmonization	M1		M2																																													
	T1.2 Spatial-temporal dynamics of benthic biodiversity and environmental drivers									M3				M4				D1																															
	T1.3 Development of metrics of spatio-temporal changes of benthic biodiversity to environmental change based on eDNA surveys that can be used to develop indicators for biodiversity assessment																																					D7											
WP4: Development of new eDNA-based	T4.1 Development of eDNA based biodiversity indicators																																					M10											
WP5: Integration of stakeholders input and dissemination and communication of results and outcomes	T5.1 Communication and outreach strategy implementation	M12	D9								M13							M14																															
	T5.2 Co-working / consultation platform	M15												M16											M4				D1, 41																				



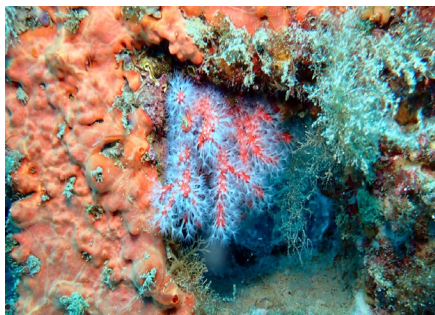

Resultados esperados



1. Una base de datos detallada de biodiversidad molecular bentónica y de resultados de teledetección, que servirá para la evaluación integral de múltiples dimensiones de la biodiversidad bentónica.
2. Un conjunto de nuevos indicadores y herramientas para evaluación del impacto ambiental basadas en nuevas tecnologías (ADN ambiental y teledetección), que facilitará la implantación de la Directiva Marco sobre Estrategia Marina, y permitirá alcanzar sus objetivos de manera objetiva y a un coste razonable.
3. Creación de una Red Regional de expertos que reunirá a investigadores en biodiversidad molecular marina, junto con los actores interesados (agencias de medio ambiente, consultoras ambientales).
4. Un plan de comunicación con agencias gubernamentales y empresas consultoras, que sirva para establecer recomendaciones para políticas ambientales basadas en la evidencia, con potencial real para producir un impacto social positivo y una mejora en la calidad de los ecosistemas marinos.



¡MUCHAS GRACIAS!

Community	Baltic Sea (1)	North Sea (2)	Mediterranean (3)
Bacteria (16S marker)	71 sts (1-4 ys)	65-78 sts (3ys)	36 sts (1y)
Bacteria (Functional genes)	59 sts (1y)	48 sts (1y)	
Fungi (ITS marker)	71 sts (1-4 ys)		
Meiofauna (18S marker)	71 sts (2-5 ys)	65-78 sts (3ys)	36 sts (1y)
Macrofauna (COI marker)	20 sts (1y)	65-78 sts (3ys)	48 sts (1y)


 @DNAsense_BioDiv

