

Convocatoria de ayudas de Proyectos de Investigación Fundamental no orientada

TECHNICAL ANNEX FOR TYPE A or B PROJECTS

1. SUMMARY OF THE PROPOSAL (the summary must be also filled in Spanish)

PROJECT TITLE: TRACKING CHANGES IN THE MARINE BENTHOS BY NOVEL MOLECULAR TOOLS: INDIVIDUALS, POPULATIONS, COMMUNITIES. (BENTHOMICS)

PRINCIPAL INVESTIGATOR: MARIA JESÚS URIZ LESPE

SUMMARY

(brief and precise, outlining only the most relevant topics and the proposed objectives):

The environmental perturbations introduced by man in marine ecosystems often produce significant physiological stress on benthic organisms. This stress may contribute to drop off their fitness and reproductive success, hamper gene flow among populations, and lower genetic diversity, all of which may result in population and community shifts, and species extinction. Given the enormous anthropogenic pressure on the Mediterranean sublittoral, we consider this sea a privileged system for model studies of the effects of these alterations on the benthic biota.

The global objective is to provide data sets for the study of the vulnerability of the marine benthos. The aim is to generate data relevant for monitoring and predicting current and future impacts in benthic ecosystems with socio-economic implications (ecosystem services).

The study will focus on three levels of biological organization: organisms, populations, and communities. We will use particular molecular and analytical methods for each organization level: environmental DNA (community), SNPs/microsatellites/sequences (population), and differential gene expression (organism), focusing on a set of representative species and communities. We also attempt at validating the benthos responses to the studied changes, assessed by molecular tools, by simultaneous conventional biological and ecological studies.

At the organism level, we plan to obtain by pyrosequencing (long reads) the transcriptome of the two target species in order to identify genes that could be up-regulated or down-regulated under stress. Then, by experimental approaches and using shorter read technologies (Illumina), we will quantify differential multi-gene expression under thermal, acidification and pollution stresses.

In population studies, we attempt to analyse new target species besides exploring new polymorphic markers. We will obtain estimates of genetic diversity, divergence, and connectivity between populations of invertebrates and fishes for assessing population vulnerability. Moreover, accurate information will be obtained in a fish species from parentage analysis by using single nucleotide polymorphisms (SNPs), which allow determination of the natal origin of each individual, facilitating the knowledge of connectivity among populations at a very fine scale.

At the community level, we will apply tag-pyrosequencing to the study of metazoan communities of marine sediments. This approach will provide an in-depth knowledge of the existing diversity. We will perform a comparison between natural and perturbed communities to identify the sensitive groups. Furthermore, as application of tag-pyrosequencing to metazoan communities has not been done before, we expect to contribute heavily on the methodological side.

To summarise, we will implement new methods and protocols for assessment of the vulnerability of the benthos at the three study levels. We will establish general trends in the response of the different groups to stressors and will identify indicator gene families of general applicability. We will also determine general patterns and barriers to gene flow in the area, and their relevance to conservation policies.

TITULO DEL PROYECTO: DETECCIÓN DE CAMBIOS EN EL BENTOS MARINO MEDIANTE NUEVAS HERRAMIENTAS MOLECULARES: ORGANISMOS, POBLACIONES, COMUNIDADES (BENTHOMICS)

RESUMEN

(breve y preciso, exponiendo sólo los aspectos más relevantes y los objetivos propuestos):

Las perturbaciones ambientales de origen antrópico en los ecosistemas marinos, producen, a menudo, un importante estrés fisiológico en los organismos bentónicos que afecta a su éxito reproductivo, restringe el flujo génico entre poblaciones y disminuye la diversidad genética. Todo ello puede alterar poblaciones y comunidades y contribuir a la extinción de especies.

El objetivo global es proporcionar series de datos necesarios para el estudio de la vulnerabilidad del bentos marino, que sean de utilidad en el monitoreo y predicción de impactos actuales y futuros en los ecosistemas y sus implicaciones socio-económicas (servicios ecosistémicos).

El estudio se centrará en tres niveles de organización biológica: organismos, poblaciones y comunidades. Utilizaremos métodos moleculares y analíticos específicos para cada nivel de organización: ADN ambiental (comunidad), SNPs/microsatélites/secuencias (población) y expresión génica diferencial (organismo), centrándonos en una serie de especies y comunidades representativas. Igualmente, validaremos las respuestas detectadas con métodos moleculares mediante estudios simultáneos de tipo biológico y ecológico.

A nivel de organismo, pretendemos obtener, mediante pirosecuenciación (lecturas largas), el transcriptoma de dos especies seleccionadas para identificar genes que puedan estar sobre o Infra-expresados en condiciones de estrés. Posteriormente, mediante experimentación y utilizando tecnologías Illumina (de lecturas más cortas), cuantificaremos la expresión génica diferencial bajo estrés térmico, de acidificación y contaminación (metales pesados).

En los estudios poblacionales, pretendemos analizar nuevas especies además de explorar nuevos marcadores polimórficos. Obtendremos estimas de la diversidad genética, divergencia y conectividad entre poblaciones de invertebrados y peces para determinar la vulnerabilidad de dichas poblaciones.

Por otra parte, se obtendrá una información detallada de la conectividad entre poblaciones de una especie de pez a pequeña escala, mediante análisis de parentesco entre los individuos de las poblaciones seleccionadas, utilizando polimorfismos de nucleótidos (SNPs).

A nivel de comunidad, aplicaremos pirosecuenciación de amplicones de ADN al estudio de las comunidades de metazoos de sedimentos marinos. Este enfoque proporcionará un conocimiento profundo de la diversidad existente. Realizaremos una comparación entre comunidades naturales y perturbadas con el fin de identificar los grupos sensibles. Además, como la técnica de pirosecuenciación de amplicones de DNA ambiental no ha sido aplicada al estudio de comunidades de metazoos, esperamos contribuir significativamente a la optimización de esta metodología.

En resumen, implementaremos nuevos métodos y protocolos para la evaluación de la vulnerabilidad del bentos marino en los tres niveles de estudio. Estableceremos pautas generales de respuesta de los diferentes grupos taxonómicos al estrés ambiental e identificaremos familias de genes de aplicación general. Igualmente, determinaremos tendencias generales y barreras al flujo génico en el área de estudio, de relevancia en políticas de conservación.