

Análisis de la vulnerabilidad de invertebrados marinos protegidos de las Illes Balears a través de análisis genéticos

María Capa y Claudio Padua

Departament de Biologia, UIB

La vulnerabilidad de las especies suele conllevar reducidos tamaños poblacionales y una pobre conexión entre las distintas poblaciones, lo que compromete su viabilidad y supervivencia frente a los cambios ambientales aleatorios. Este proyecto evalúa 62 especies de invertebrados marinos del mar Balear listados en alguna de las categorías de amenaza empleadas por la UICN. Concretamente, el estudio analiza las secuencias de ADN con método directo para conocer la variabilidad genética y un método indirecto para inferir la conectividad entre poblaciones.

A través de una acción puntual en 2021 y 2022 se puso en práctica una metodología novedosa de secuenciación para la detección de especies en diferentes espacios marinos protegidos del mar Balear, entre los que figuraban las aguas del Parque Nacional de Cabrera. De las 62 especies listadas, se escogieron 19 especies bentónicas de aguas someras que fueran accesibles con escafandra autónoma, de las cuales posteriormente se descartaron algunas debido a la escasa o nula presencia de ejemplares. Los muestreos consistieron en una inspección visual para la identificación de especies, censos para determinar abundancias y toma de muestras de tejido de las especies objeto de procesamiento en laboratorio y análisis posterior.

En el marco de la tesis doctoral que está desarrollando Claudio Padua, se aborda el reto de ampliar el área de estudio para abarcar todo el mar Mediterráneo occidental, aumentando también la profundidad alcanzada, los tipos de fondo prospectados y las técnicas de muestreo utilizadas. Sumando los resultados de estas campañas oceanográficas a los de la acción puntual previamente explicada, se obtiene el muestreo de aproximadamente 75 especies pertenecientes a 7 filos y 1.632 individuos totales, entre los cuales destacan los cnidarios, equinodermos y moluscos. Los resultados del análisis genético de los marcadores moleculares se incorporarán a bases de datos públicas, incrementando el conocimiento actual sobre la genética de las especies objetivo.

Finalmente se pretende investigar, a través de los datos genómicos obtenidos con secuenciación masiva (RAD-Seq), la estructura de población y conectividad de especies con distintas estrategias reproductivas y de dispersión. Esta información es clave a la hora de diseñar una red de espacios marinos protegidos que garantice la supervivencia de las especies amenazadas.