

DNASense

Du gène aux paysages: développement d'outils d'évaluation de l'impact environnemental pour la surveillance de la biodiversité marine utilisant l'ADN environnemental et les techniques de télédétection

DURÉE
1/04/2024 – 30/06/2027

BUDGET
211 740 €

DESCRIPTION DU PROJET

Au cours des dernières décennies, la biodiversité a diminué dans la plupart des écosystèmes. Les activités humaines peuvent avoir un impact sur environ 40 % des habitats marins, et les écosystèmes côtiers régionaux perdent rapidement des populations, des espèces ou des groupes fonctionnels entiers. La perte continue de biodiversité marine a des conséquences néfastes sur le fonctionnement des écosystèmes, car elle augmente le taux d'effondrement des ressources et réduit la stabilité et le potentiel de rétablissement des écosystèmes. Les programmes de surveillance à long terme sont essentiels pour détecter et comprendre les tendances, la dynamique et les causes de la perte de la biodiversité, et pour prédire où, quand et comment la biodiversité pourrait changer à l'avenir. Cette compréhension de l'état et des tendances de la biodiversité est cruciale pour une gestion des ressources et une conservation fondées sur des preuves. Il s'agit toutefois d'une tâche complexe, car les communautés écologiques sont dynamiques dans l'espace et dans le temps, et les différentes dimensions de la biodiversité (taxonomique, génétique ou fonctionnelle) sont souvent affectées par de multiples pressions anthropiques telles que la surexploitation, l'eutrophisation, la pollution et l'introduction d'espèces. Les méthodes traditionnelles de surveillance de la biodiversité marine basées sur des études morphologiques et d'observation ont été nécessaires pour cette tâche, mais elles présentent souvent des limites importantes pour évaluer de manière fiable les tendances de la biodiversité et mettre en place des stratégies de gestion efficaces. L'un des défis les plus évidents des approches traditionnelles est l'évaluation de la diversité de la plupart des communautés microscopiques à une échelle spatiale et temporelle pertinente. Ainsi, de nombreux programmes de surveillance marine évaluent aujourd'hui les changements de la biodiversité tout en ignorant les communautés les plus diverses. En outre, ces méthodes sont associées à des coûts élevés et à des méthodes fastidieuses qui limitent l'augmentation de l'échelle spatiale et temporelle et peuvent limiter le potentiel de détection des réponses aux perturbations.

L'objectif principal de ce projet de recherche est de développer une méthode basée sur l'ADN pour identifier les animaux microscopiques présents dans les fonds marins (la méiofaune). L'objectif est de construire une bibliothèque de séquences d'ADN de référence pour les organismes de la méiofaune et de l'utiliser pour déterminer et évaluer efficacement la biodiversité de la méiofaune. Le projet DNASense réalise ainsi des applications pratiques à partir de nouvelles technologies telles que le séquençage de l'ADN environnemental (ADNe), mais d'autres technologies, telles que les données satellitaires, seront également appliquées par nos partenaires. Un autre objectif est d'initier des analyses globales d'ADNe d'échantillons de fonds marins provenant de différentes mers européennes (la mer du Nord, la mer Baltique et la mer Méditerranée) afin d'estimer l'impact des activités humaines sur la biodiversité des fonds marins, en se basant également sur les nouvelles méthodes. Enfin, nous visons à utiliser ces informations pour développer de nouveaux indicateurs pour l'évaluation de la biodiversité et intégrer ceux-ci dans les outils environnementaux existants utilisés par les parties prenantes dans la gestion environnementale et de la conservation de la biodiversité.

Pour atteindre ces objectifs, nous collecterons d'abord des organismes de référence des espèces les plus communes de la méiofaune de la mer du Nord, de la mer Baltique et de la mer Méditerranée. Les séquences de ces organismes seront déposées dans une base de données de référence internationale de séquences d'ADN. Ensuite, nous examinerons dans quelle mesure la biodiversité de la communauté de la méiofaune peut déjà être décrite à partir d'un échantillon artificiel et d'un échantillon réel (complet) du fond marin à l'aide de ces outils d'identification. Dans l'analyse globale, nous utiliserons des ensembles de données d'ADNe préexistants et les métadonnées associées pour distinguer les influences de l'activité humaine sur la vie des fonds marins via des analyses bioinformatiques et statistiques.

DNASense

DNASense intégrera et harmonisera les nouvelles technologies dans les outils d'évaluation de la biodiversité dans le but d'œuvrer pour un environnement marin sain. Les objectifs de notre projet en termes de politique au niveau mondial contribueront principalement à la Convention des Nations unies sur la biodiversité. Les Nations unies ont déclaré la période 2021-2030 comme la Décennie pour les sciences océaniques au service du développement durable, ce qui souligne l'importance des résultats de ce projet. En fournissant une plus grande couverture taxonomique et une meilleure résolution spatiale et temporelle des données de surveillance benthique, notre projet facilitera également l'établissement de nouveaux indicateurs et le développement d'outils d'évaluation qui aideront les États membres de l'UE à satisfaire aux exigences de la directive-cadre sur la stratégie pour le milieu marin (DCSMM) et de la directive-cadre sur l'eau (DCE). L'incorporation et l'harmonisation des protocoles d'ADNe dans la surveillance sont directement liées à l'objectif global de la DCSMM, qui est de promouvoir l'harmonisation régionale des méthodes de surveillance et l'utilisation de données temporelles et spatiales sur les micro-organismes afin d'évaluer la santé de l'environnement marin. Notre projet aboutira à de nouveaux résultats importants : 1) Compréhension mécaniste des tendances spatio-temporelles de la biodiversité benthique à l'aide des données ADNe ; 2) Développement et évaluation de nouvelles méthodes basées sur l'ADNe sans PCR et de directives standardisées pour surveiller la biodiversité benthique ; 3) Établissement de nouveaux indicateurs pour l'évaluation de la biodiversité qui intégreront et harmoniseront les données ADNe benthique pour les micro-organismes et identifieront les seuils écologiques ; 4) Intégration de ces indicateurs dans BEAT, un outil d'évaluation de la biodiversité utilisé par les parties prenantes dans le contexte de la DCSMM et de HELCOM, pour obtenir des évaluations holistiques de la biodiversité.



COORDONNEES

Coordinateur général

Francisco Nascimento

Stockholm University
Department of Ecology, Environment and Plant Sciences
francisco.nascimento@su.se
<https://www.su.se/english/profiles/fnasc-1.192288>

Contribution belge

Sofie Derycke

Instituut voor Landbouw-, Visserij- en Voedingsonderzoek (EV ILVO)
ILVO Marine Research
sofie.derycke@ilvo.vlaanderen.be
<https://ilvo.vlaanderen.be/>

Tom Moens

Universiteit Gent (UGent)
Departement Biologie
tom.moens@ugent.be
<https://www.marinebiology.ugent.be/>

Partenaires

Owen Wangenstein

Universitat de Barcelona
Department of Evolutionary Biology, Ecology and Environmental Sciences
owenwangensteen@gmail.com
www.ub.edu

Henrik Nygård

Finnish Environment Institute
Marine Research Centre
henrik.nygard@syke.fi
<https://www.syke.fi/en-US>

Ele Vahtmaä

University of Tartu
Estonian Marine Institute
ele.vahtmae@sea.ee
<https://ut.ee/en>

Antonia Nyström Sandman

AquaBiota Water Research ABWR AB
antonia.sandman@aquabiota.se
<https://www.aquabiota.se/>

LIENS

<https://www.biodiversa.eu/2024/04/15/dnasense>