

Μεταξύ φωτός και σκοταδιού: Το eDNA συμπληρώνει την αλιεία για την μελέτη βιοκοινοτήτων μεσοπελαγικών ψαριών στο Ιόνιο

Νίκος Χέλμης ^{1*}, Ειρήνη Γρατσία ¹, Μελανθία Σταυρούλακη ¹, Χάρης Αποστολίδης ³, Ευάγγελος Τζανάτος ², Ζαχαρίας Καπελώνης ³, Κωνσταντίνος Τσαγκαράκης³, Παναγιώτης Κασαπίδης¹

¹Ινστιτούτο Θαλάσσιας Βιολογίας, Βιοτεχνολογίας & Υδατοκαλλιεργειών, Ελληνικό Κέντρο Θαλασσίων Ερευνών
²Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών
³ Ινστιτούτο Θαλάσσιων Βιολογικών Πόρων και Εσωτερικών Υδάτων, Ελληνικό Κέντρο Θαλασσίων Ερευνών

*n.chelmis@hcmr.gr

Εισαγωγή

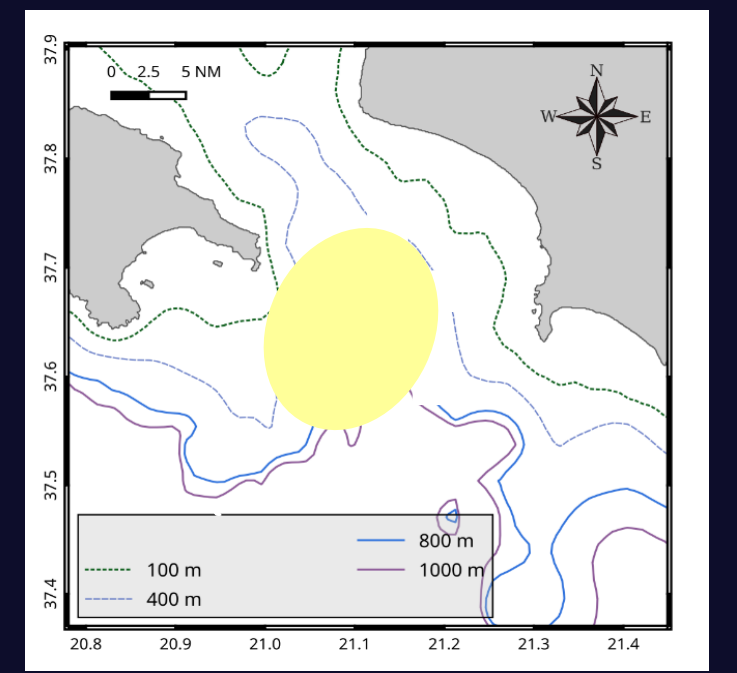
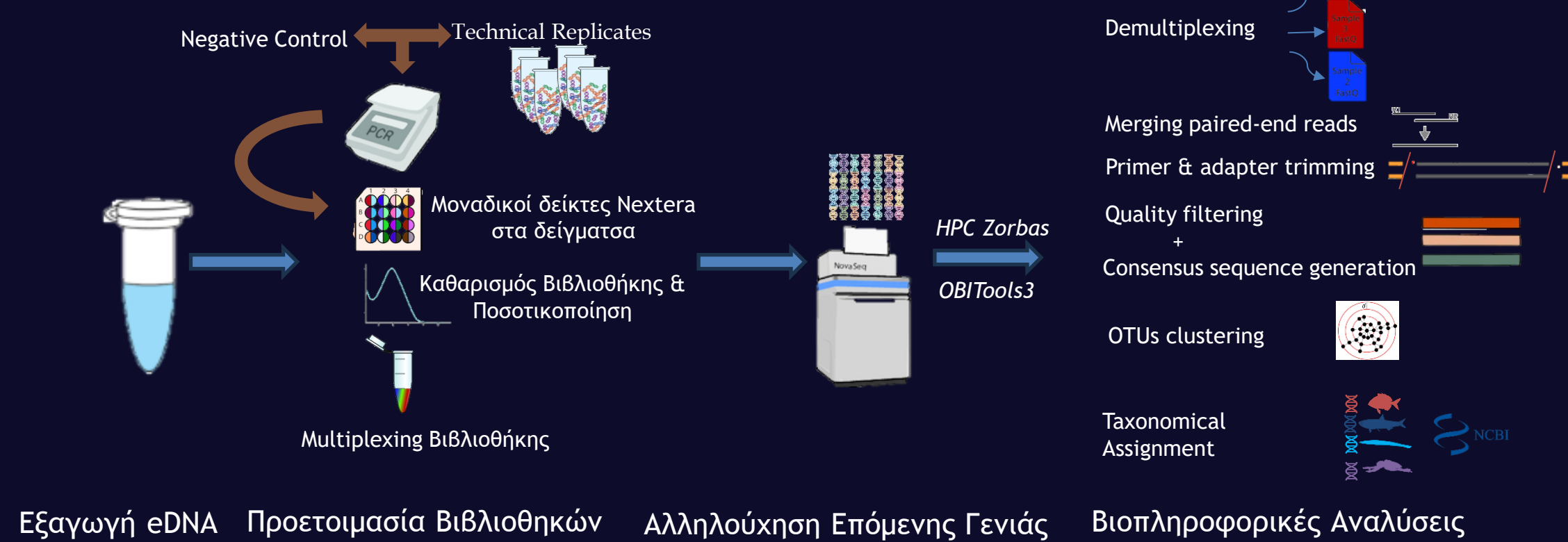
- Μεσοπελαγικά ψαριά: πιο άφθονα χορδωτά στον κόσμο, με σημαντικό ρόλο στο τροφικό πλέγμα των ωκεανών [2,10]
- Περιβαλλοντικό DNA (eDNA) -> μειώνει την περιβαλλοντική όχληση & μπορεί να εντοπίσει σπάνια είδη σε χαμηλό σχετικά κόστος [4,11]
- Ελάχιστες μελέτες στην Α. Μεσόγειο με χρήση eDNA για εντοπισμό μεσοπελαγικών ψαριών

Χαρακτηρισμός της ποικιλότητας των μεσοπελαγικών ιχθύων χρησιμοποιώντας eDNA σε συνδυασμό με δεδομένα κλασικών μεθοδολογιών

Μεθοδολογία

- 20-23/7/2022, δειγματοληψία με το Ε/Σ ΦΙΛΙΑ Ν.Α. Ζακύνθου (Εικ. 1)
- 7 πειραματικές πελαγικές σύρσεις
- Φιλτράρισμα 10 L θαλασσινού νερού σε φίλτρα Sterivex 0.45μm
- Σετ εκκινήτων που στοχεύει ταχα ιχθύων (τροποποιημένο Chor_16S; [3])

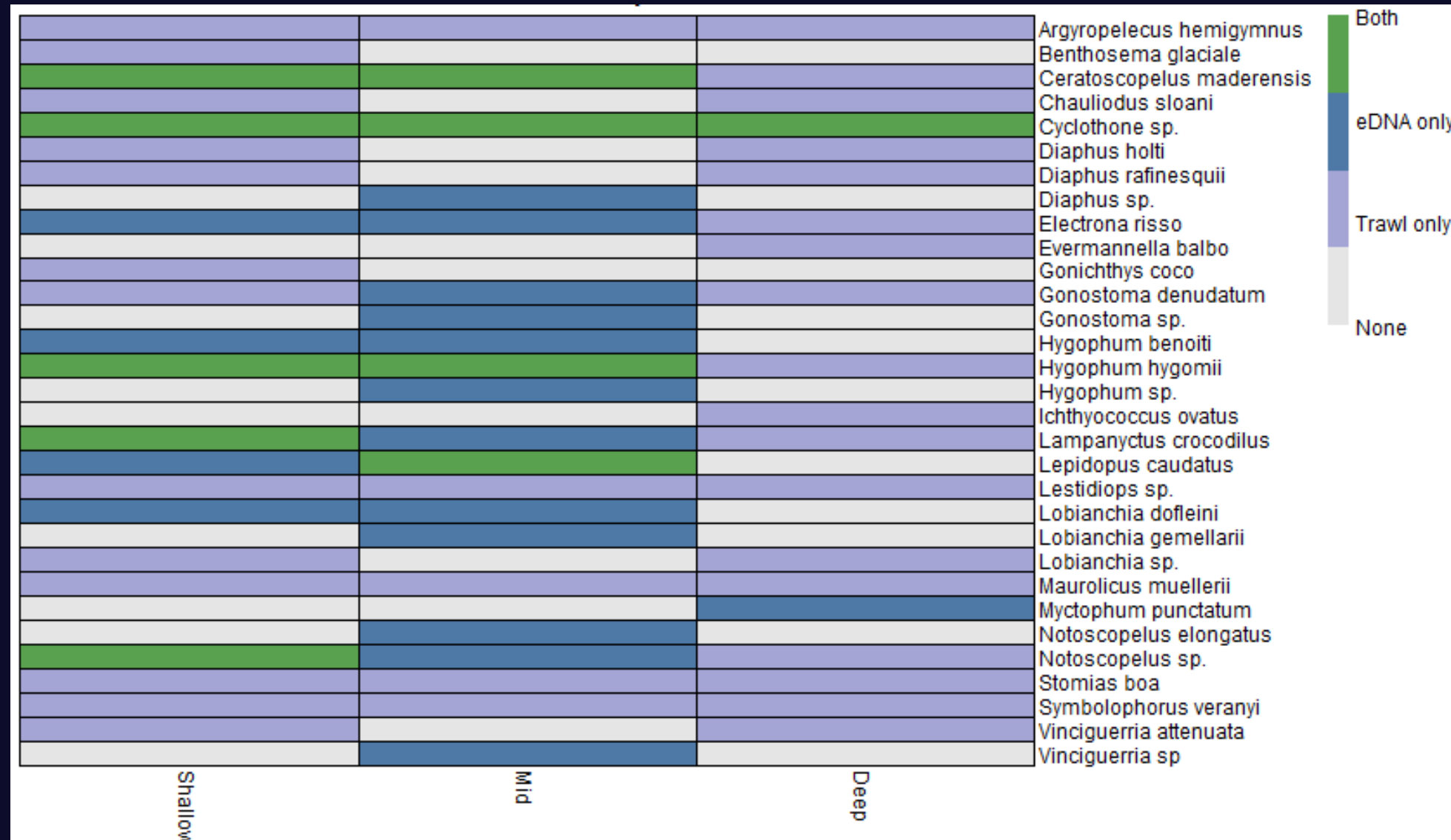
Στάδια Μετακωδικοποίησης DNA



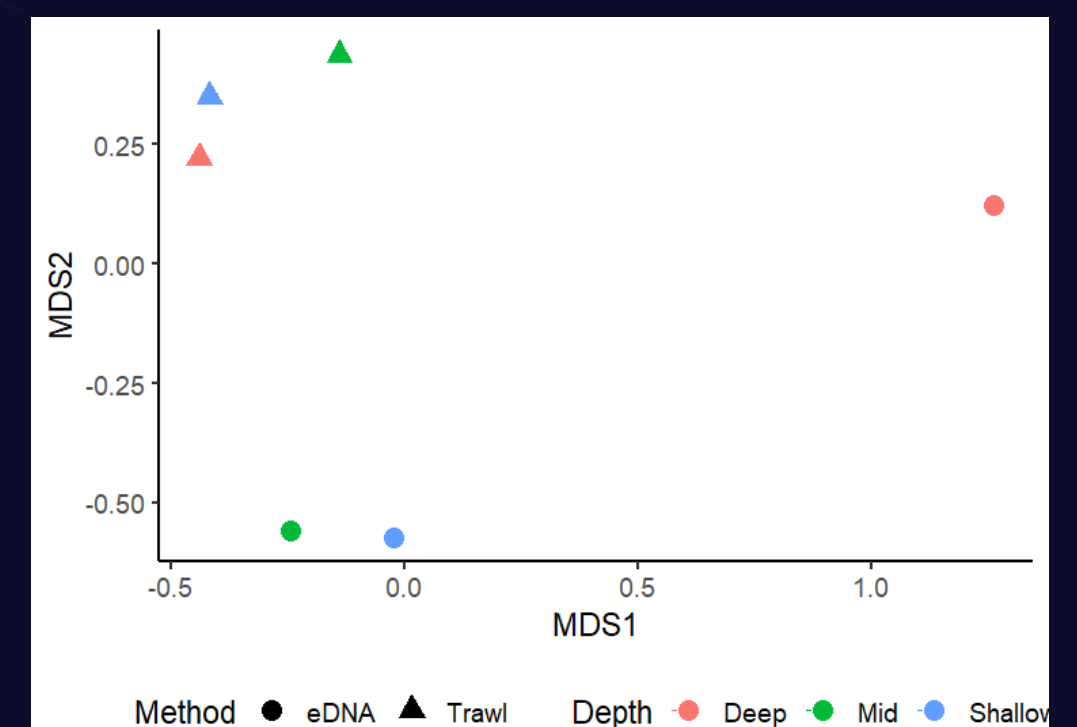
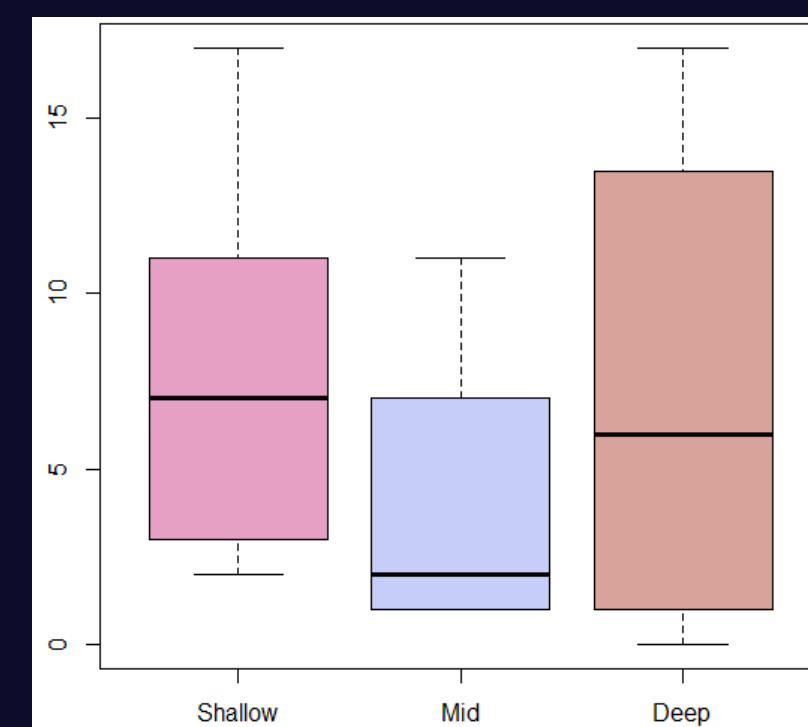
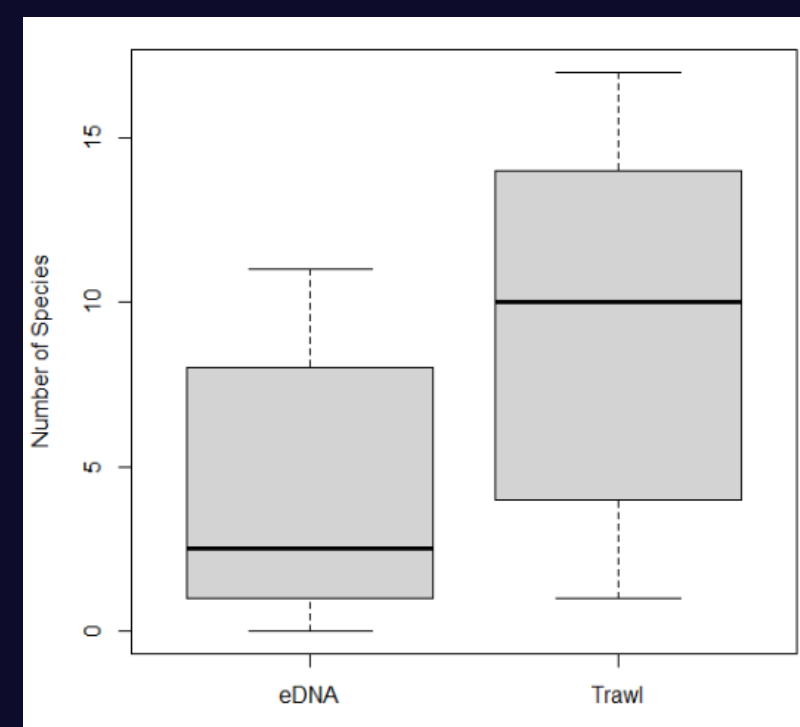
Εικόνα 1. Περιοχή δειγματοληψίας

Αποτελέσματα

- Αλιεύθηκαν 2623 άτομα από 24 μεσοπελαγικά τάξα
- Πιο άφθονα: *Ceratoscopelus maderensis* (N= 531), *Hygorphum hygomii* (N=466), *Lobianchia sp.* (N=309), *Mauroliscus muelleri* (N=315), *Lampranctus crocodilus* (N=290).
- 17 μεσοπελαγικά τάξα ανιχνεύθηκαν μέσω eDNA - 16 τάξα ανιχνεύθηκαν και με τις δύο μεθόδους (67%).
- Μεγαλύτερη ποικιλότητα ειδών μέσω αλιευτικής μεθόδου vs. eDNA



Εικόνα 2. Χάρτης συσχέτισης αναγνωρισμένων ταχα μέσω αλιείας και μετακωδικοποίησης eDNA. Επιφανειακά Βάθη (0-70 μ.), μεσαία βάθη (70-250 μ.) και βαθιά νερά (>250 μ.).

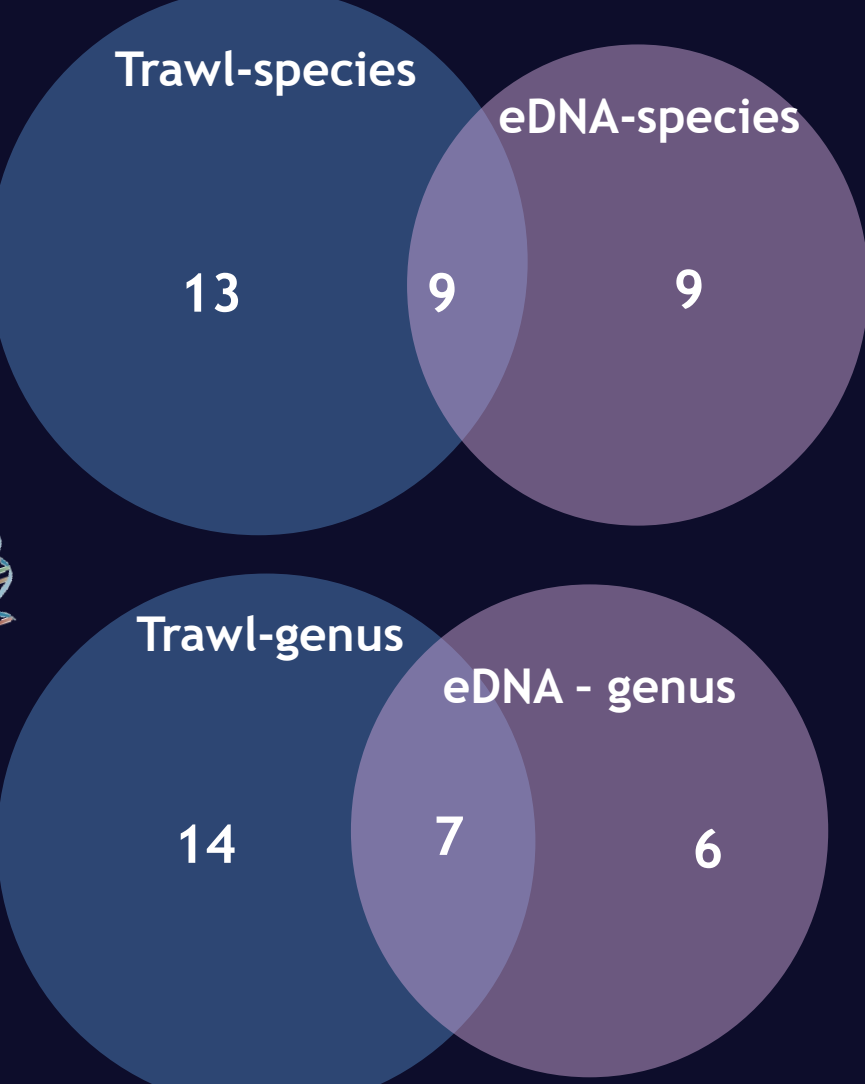


Εικόνα 3. α,β) Θηκογράμματα που απεικονίζουν την αφθονία σε σχέση με τον τρόπο δειγματοληψίας (αριστερά) και σε συνδυασμό με τα διαφορετικά στρώματα βάθους (δεξιά). Επιφανειακά βάθη (0-70 m· κατά τη διάρκεια της νύχτας) απεικονίζονται με ροζ, μεσαία βάθη (70-250 m) απεικονίζονται με μπλε και βαθιά βάθη (>250 m) απεικονίζονται με καφέ χρώμα.

γ) Μη μετρικό πολυδιάστατο διάγραμμα κλιμάκωσης (nMDS) που αντιπροσωπεύει τις ανομοιότητες στην σύνθεση των ψαριών (παρουσία/απουσία) σε όλη τη στήλη του νερού, σε διαφορετικά βάθη στο σύνολο δεδομένων eDNA και αλιείας

Συζήτηση

- Διαφορές στην σύνθεση της μεσοπελαγικής βιοκοινωνίας που εξηγούνται από την ανίχνευση διαφορετικών ειδών μέσω των δύο μεθόδων.
- Η μελέτη αποκαλύπτει σημαντικούς πληθυσμούς μεσοπελαγικών ψαριών στο Ιόνιο
- Το ποσοστό ανίχνευσης μέσω eDNA (67%) σε σχέση με την πελαγική τράτα, συμπίπτει με αντίστοιχες μελέτες [8,10]
- Χαμηλότερη ανίχνευση ειδών μέσω μετακωδικοποίησης eDNA -> πιθανή εξήγηση από διαφορετική δειγματοληπτική προσπάθεια μεταξύ των μεθόδων & από πιθανές ελλείψεις στην βάση δεδομένων για το γονίδιο 16S.
- eDNA πολύτιμο συμπληρωματικό εργαλείο, ειδικά σε μελέτες μεγάλης κλίμακας σε θαλάσσια οικοσυστήματα



Εικόνα 4. Διαγράμματα Venn παρουσιάζοντας ταχα μεσοπελαγικών ιχθύων, όπου ανιχνεύθηκαν μέσω eDNA και αλιείας στο επίπεδο γένους και είδους.

Βιβλιογραφία

- Boyer, C., Mercier, A., Bonin, Y., Le Bras, P., Taberlet, E., Coissac, B. (2016). obitoools: a unix-inspired software package for DNA metabarcoding. Molecular Ecology Resources, 16 (2016), pp. 176-182.
- Catul, V., Gauns, M., Karuppusamy PK (2011) A review on mesopelagic fishes belonging to family Myctophidae. Reviews in Fish Biology and Fisheries, 82 (2011), pp. 339-354.
- Deagle, B.E., Kirkwood, R. and Jarman S.N. (2009). Analysis of Australian fur seal diet by pyrosequencing prey DNA in faeces. Molecular Ecology, 18: 2022-2038
- Deiner, K., Bik, H. M., Mächler, E., Seymour, M., Lacoursière-Roussel, A., Altermatt, F., et al. (2017). Environmental DNA metabarcoding: transforming how we survey animal and plant communities. Mol. Ecol. 26, 5872-5895.
- Govindarajan AF, Francolini RD, Jech JM, Lavery AC, Lopiz JK, Wiebe PH and Zhang W (2021). Exploring the Use of Environmental DNA (eDNA) to Detect Animal Taxa in the Mesopelagic Zone. Front. Ecol. Evol. 9:574877
- Fujii, K., Doi, H., Matsuo, S., Nagano, M., Sato, H., & Yamanaoka, H. (2019). Environmental DNA metabarcoding for fish community analysis in backwater lakes: A comparison of capture methods. PLoS One, 14.
- Olivar M.P., Bernal A., Moll B., Peña M., Balbín R., Castellón A., Miquel J., Massutí E. (2012). Vertical distribution, diversity and assemblages of mesopelagic fishes in the western Mediterranean. Deep-Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers 62, 53-69.
- Shaw, J. L., Clarke, L. J., Wedderburn, S. D., Barnes, T. C., Weyrich, L. S., & Cooper, A. (2016). Comparison of environmental DNA metabarcoding and conventional fish survey methods in a river system. Biological Conservation, 197, 131-138.
- Thomsen, P. F., Kielgast, J., Iversen, L. L., Møller, P. R., Rasmussen, M., & Willerslev, E. (2012). Detection of a diverse marine fish fauna using environmental DNA from seawater samples. PLoS One, 7, e41732.
- Irigoin X., Klevjer T.A., Røstad U., Boyra G., Acuña J.L., Bode A., Echevarría F., Gonzalez Gordillo J.J., Hernandez-Leon S., Agusti S., Aksnes D.L., Duarte C.M., Kaartvedt S. (2014). Large mesopelagic fishes biomass and trophic efficiency in the open ocean. Nature Communications 5, 3271.
- Valentini, A., Taberlet, P., Miaud, C., Clivade, R., Herder, J., Thomsen, P. F., ... Gaboriaud, C. (2016). Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding. Molecular Ecology, 25, 929-942.