

BIODIVERSIDAD DE LA RESERVA MARINA EL PELADO: Integración de la Información en Sistemas de Información Biogeográfica (Bases de Datos y GIS)



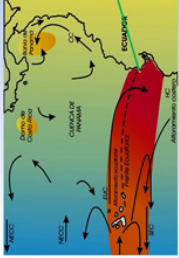
¹Gabriela Agurto, ¹Cecilia Tomalá, ¹Cristóbal Domínguez, ¹Bolivar Chalén, ^{1,2}Paul Guillén, ^{1,3}Karla Jaramillo, ¹Antonella Lavorato, ¹Báslavi Condor-Lujan, ¹Karen Villegas, ²Aminael Sánchez, ³Olivier Thomas y ¹Jenny Rodríguez

¹Escuela Superior Politécnica del Littoral, ESPOL., Centro Nacional de Acuicultura e Investigaciones Marinas, CENAIM, Campus Gustavo Galindo Km 30.5 Vía Perimetral P.O. Box 09-01-5863, Guayaquil Ecuador. ²Departamento de Ciencias Naturales, Universidad Técnica Particular de Loja, San Cayetano Alto s/n. 110104 Loja, Ecuador. ³National University of Ireland, School of Chemistry, Marine Biodiversity, University Road, Galway, Ireland

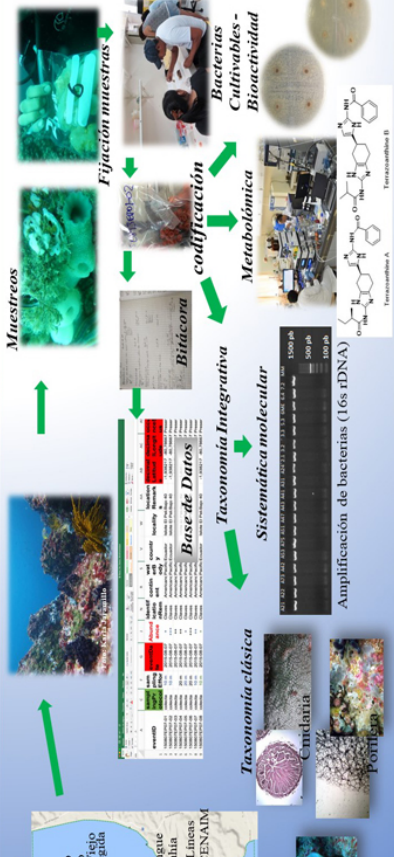
INTRODUCCIÓN

Ecuador es un país megadiverso, sin embargo, la información publicada en biodiversidad marina costera es escasa. La costa ecuatoriana es un área de transición de aguas tropicales calientes, de baja salinidad del norte y aguas frías, salinas de la corriente de Humboldt (Cruz M. *et al* 2003). La confluencia de estas masas de agua da origen al Frente Ecuatorial. Además se registra la presencia periódica de los eventos "El Niño" y "La Niña". Estas condiciones extremas hacen de la costa ecuatoriana un laboratorio marino ideal para estudios de biogeografía, cambio climático, biodiversidad funcional y biodiversidad sistémica.

Este estudio de la biodiversidad marina, está focalizado en invertebrados sésiles de la Reserva marina El Pelado. Recurriendo a las **ómicas** se busca profundizar en los distintos niveles jerárquicos de biodiversidad y en el biodescubrimiento. Los datos generados se están sistematizando en una base de datos siguiendo el modelo "Darwin Core", la misma que está integrada a un sistema de información geográfica (GIS).



METODOLOGÍA



RESULTADOS

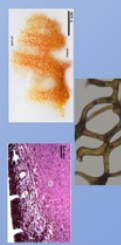
Accession	Species	Genome	Metagenome	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species
150825E.P03-06	<i>Aplysina</i> sp.	150825E.P03-06	150825E.P03-06	Porifera	Sclerospongiales	Sclerospongiales	Sclerospongiales	Sclerospongiales	Sclerospongiales



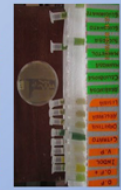
Photo In-situ



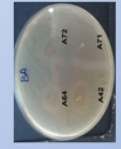
Photo Ex-situ



Taxonomía clásica



Bacteria aisladas bioquímica



Bacteria biotioidividad

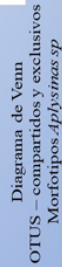
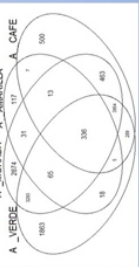


Diagrama de Venn OTUs - compartidos y exclusivos Morfotipos *Aplysina* sp.



Metagenómica

PERSPECTIVAS

- Este modelo es aplicable para establecer una línea base que sirva para comprender estudios de conservación y biodescubrimiento
- Mantener una base de datos de libre acceso actualizada.
- Aplicar este modelo a otras reservas marinas.
- Recurrir a las **ómicas** para investigar los organismos que presenten características interesantes para aplicaciones biotecnológicas.
- Investigar el efecto del cambio climático sobre las interacciones ecológicas entre los organismos.
- Cultivar los organismos de mayor interés a fin de proteger la biodiversidad marina de Ecuador

Ecuador País Biodiverso que necesita una base de datos a nivel nacional, la que debe alimentarse con cada estudio realizado por las diferentes instituciones.

"La REMAPE a demostrado ser un "laboratorio marino" con una gran biodiversidad a diferentes niveles jerárquicos, algunos de estos niveles hasta el momento han demostrado ser aplicables para salud humana y animal"

Molecular organismo

Molecular bacteria

Perfil metabolómico

AGRADECIMIENTOS

Secretaría Nacional de Educación Superior, Ciencia, Tecnología e Innovación