

Ekosystemy arktyczne są coraz bardziej narażone na dramatyczne zmiany zarówno warunków środowiskowych (zmiany klimatu) jak efekty coraz intensywniejszej działalności ludzkiej w tych rejonach. Naukowcy notują rosnący napływ ciepłych wód atlantyckich do mórz arktycznych, oddziałujący na lokalny klimat. Nasilająca się adwekcja wód atlantyckich sprzyja transportowi gatunków borealnych modyfikując skład taksonomiczny arktycznych zbiorowisk oraz sieci troficzne. Dodatkowo na ekosystemy przybrzeżne wpływa postępujące topnienie lodowców. Liczne zanieczyszczenia, takie jak sadza, metale ciężkie, trwałe zanieczyszczenia organiczne są transportowane przez masy powietrza, nawet z bardzo odległych rejonów geograficznych, do Arktyki i tam deponowane. Najnowsze szacunki przewidują nasilenie się tych zjawisk w przyszłości.

Dzięki niskiej mobilności, długowieczności, wysokiej różnorodności i swoistej dla poszczególnych gatunków wrażliwości na zaburzenia organizmy bentosowe są uważane za dobry wskaźnik stanu środowiska. Wykorzystuje się je do oceny wpływu działań człowieka oraz monitorowania naturalnej zmienności środowiska, w tym zmian związanych z ociepleniem klimatu w Arktyce. Tradycyjnie badania takie prowadzone są na bazie danych uzyskanych dzięki identyfikacji morfologicznej – analizy te są bardzo kosztowne, czasochłonne i wymagają znacznej wiedzy specjalistycznej, zwykle ograniczając zakres badanych taksonów się jedynie do dużych organizmów (makrofauny).

Na początku XXI wieku wprowadzono metody sekwencjonowania DNA nowej generacji co pozwoliło na tzw. metabarcoding i zrewolucjonizowało badania różnorodności biologicznej ekosystemów wodnych. Metabarcoding DNA jest szybki i często bardziej obiektywny - wykazano, że jest lepszym wskaźnikiem oddziaływania czynników środowiskowych w porównaniu do tradycyjnych metod bazujących na identyfikacji morfologicznej. Metabarcoding DNA polega na ekstrakcji materiału genetycznego z całego zbioru organizmów lub DNA pozakomórkowego (np. DNA środowiskowego [eDNA] z osadów dennych). Analizy eDNA biorą pod uwagę dużo szerszy zakres analizowanych taksonów i pozwalają na ocenę różnorodności organizmów mikroskopowych, co byłoby dużo trudniejsze albo wręcz niewykonalne korzystając z tradycyjnych metod morfologicznych. W proponowanym projekcie zastosujemy badania eDNA osadów (w odniesieniu do prowadzonych równolegle morfologicznych analiz taksonomicznych) w celu rozpoznania wpływu warunków środowiskowych na różnorodność przybrzeżnych organizmów bentosowych w ocieplającym się ekosystemie Arktyki.

**Celami** projektu są: 1) porównanie efektywności metod oceny zbiorowisk ekologicznych bazujących na analizach morfologicznych i metabarcodingu wzdłuż gradientu warunków środowiskowych; 2) porównanie wpływu czynników środowiskowych na różne bentosowe organizmy eukariotyczne, zwłaszcza zbadanie wzorców zmian dla mikroskopijnych jednokomórkowców i większych organizmów makroskopowych; 3) identyfikacja taksonów (i/bądź sekwencji DNA) będących biologicznymi indykatorami zaburzeń środowiska (zarówno naturalnych jak i antropogenicznych); 4) określenie jak różnorodność biologiczna zmienia się wraz z wielkością badanych organizmów w wodach przybrzeżnych Arktyki.

Projekt będzie zorganizowany wokół trzech **zadań badawczych**. Pierwsze skupi się na określeniu różnorodności bentosu wzdłuż gradientu zaburzeń lodowcowych w jednym z fiordów Svalbardu. Stacje zlokalizowane wzdłuż osi fiordu/gradientu zaburzeń zostaną przebadane korzystając z metod morfologicznych jak i metod metabarcodingu, równolegle z pomiarami warunków środowiskowych. W drugim zadaniu zostanie zbadany wpływ różnorodnych czynników środowiskowych na skład taksonomiczny i różnorodność bentosowych organizmów eukariotycznych w zatokach przylodowcowych oraz zatokach do których uchodzą rzeki. W trzecim zadaniu skupimy się na zmienności czasowej różnorodności zbiorowisk bentosowych określonej poprzez zbadanie eDNA w czterech kolejnych latach na trzech stacjach monitoringowych zlokalizowanych w fiordzie Honrsund na Svalbardzie.

Projekt stawia **hipotezę**, iż (w porównaniu do analiz bazujących na metodach morfologicznych) te wykorzystujące **metabarcoding** środowiskowego DNA dadzą **dokładniejszy obraz zmienności różnorodności organizmów bentosowych w odpowiedzi na warunki środowiskowe** dzięki uwzględnieniu szerszego spektrum taksonów. Opracujemy metodycznie nowe narzędzia pozwalające na określanie i monitorowanie stanu ekosystemu arktycznego i jego zmian w erze rosnącego poziomu zaburzeń związanych z działalnością człowieka i zmianami klimatu. Ponadto przedstawimy pierwszy obraz pełnego eukariotycznego eDNA organizmów bentosowych zamieszkujących przybrzeżne osady Arktyczne.