

Głębiny oceaniczne należą do najsłabiej poznanych ekosystemów na Ziemi. To środowiska ekstremalne – pozbawione światła, charakteryzujące się niską temperaturą, wysokim ciśnieniem i ubogie w zasoby pokarmowe. Jeszcze na początku ubiegłego uważano, że obszary te są całkowicie pozbawione życia. Dziś, dzięki postępowi technologicznemu – zwłaszcza w zakresie metod i urządzeń służących do eksploracji głębin morskich – wiadomo, że życie w tych strefach nie tylko istnieje, lecz także cechuje się niezwykłą różnorodnością i wyspecjalizowanymi strategiami przystosowawczymi. Choć wiedza na temat molekularnych podstaw adaptacji do życia w głębokim oceanie systematycznie się poszerza, wiele grup taksonomicznych nadal nie zostało objętych tego typu badaniami. Do takich organizmów należą skorupiaki z rzędu Tanaidacea – drobne zwierzęta bentosowe, występujące zarówno w płytkich strefach przybrzeżnych, jak i w najgłębszych partiach oceanu.

Celem projektu **HADDeS** jest określenie, kiedy i w jaki sposób w tej grupie wykształciły się przystosowania do życia w środowisku głębinowym, a także jak funkcjonują one na poziomie molekularnym. Choć zmiany morfologiczne związane z głębokością zostały u Tanaidacea zdefiniowane, mechanizmy genetyczne leżące u ich podstaw pozostają nieznanne. **HADDeS** zakłada porównanie spokrewnionych gatunków pochodzących z płytkich i głębokich partii oceanu, należących do czterech różnych rodzin Tanaidacea. W badaniach zostaną zastosowane nowoczesne techniki biologii molekularnej, które umożliwią identyfikację genów związanych m.in. ze stabilizacją białek w warunkach wysokiego ciśnienia, regulacją osmotyczną, utrzymaniem płynności błon komórkowych, homeostazą wapniową (związaną ze strefą kompensacji węglanów), a także rozwojem narządów zmysłów i cechami morfologicznymi. Sekwencjonowanie DNA i RNA dostarczy danych do analiz porównawczych, filogenetycznych i ekspresji genów. Opcjonalnie przewidziana jest również ekspresja wybranych genów w systemie bakteryjnym, co pozwoli zbadać konsekwencje funkcjonalne zaobserwowanych zmian.

Projekt wyróżnia się nowatorskim podejściem zarówno pod względem doboru modelu badawczego, jak i zastosowanych metod. **HADDeS** wprowadza pierwsze zestawy starterów i sond molekularnych dedykowanych tej grupie zwierząt, zaprojektowane specjalnie z myślą o genach mogących odpowiadać za adaptacje do życia na dużych głębokościach. Wykorzystanie dwóch uzupełniających się metod wzbogacania bibliotek sekwencyjnych zwiększa zarówno kompletność, jak i wiarygodność pozyskiwanych danych. Co istotne, projekt zakłada również eksperymentalny etap walidacji funkcjonalnej – ekspresję wybranych genów w systemie bakteryjnym – co pozwala powiązać zaobserwowane zmiany sekwencji z ich potencjalnymi konsekwencjami biologicznymi.

Oczekiwane wyniki przyczynią się nie tylko do lepszego zrozumienia mechanizmów adaptacyjnych w środowiskach głębinowych, ale także mogą ujawnić nowe geny o potencjale biotechnologicznym, szczególnie istotne w kontekście rosnącej presji eksploatacyjnej na głębokie rejony oceanów.