

Akwakultura jest obecnie najszybciej rozwijającym się sektorem przemysłu rolno-spożywczego na świecie. Pstrąg tęczowy (*Oncorhynchus mykiss*), obok karpia, jest najwęższym gatunkiem w Polskiej akwakulturze, dlatego te wszelkie prace zmierzające do poprawy jego rozrodczości mają szczególne znaczenie. Ponadto gatunek ten jest jednym z najwęższych modelowych gatunków ryb wykorzystywanym w badaniach toksykologicznych, immunologicznych, żywieniowych, w dziedzinie fizjologii rozrodu oraz biochemicznych podstaw funkcjonowania męskiego układu rozrodczego.

Dotychczasowe podejście metodyczne w badaniach składu białkowego (proteomu) nasienia pstręga tęczowego koncentrowało się na izolacji i charakterystyce pojedynczych białek, co było czasochłonne, gdyż często pociągało za sobą konieczność opracowania wieloetapowej procedury oczyszczania, odmiennej dla każdego białka. Wprowadzenie do analiz nowego podejścia metodycznego jakim jest proteomika pozwoliło na dokonanie przełomu w badaniach opartych na równoczesnej obserwacji złożonych mieszanin białek w sposób kompleksowy.

Zaplanowane badania ukierunkowane będą na wypełnienie luki w wiedzy dotyczącej proteomicznej charakterystyki nasienia pstręga tęczowego, w zakresie monitorowania dynamicznych zmian w proteomie oraz modyfikacji potranslacyjnych w wyniku dojrzewania nasienia oraz aktywacji ruchu. Zbadanie wpływu dojrzewania nasienia odwróconych samic pstręga tęczowego może przyczynić się do zrozumienia fenomenu odwracania płci oraz jest niezbędne dla zrozumienia biochemicznych podstaw dojrzewania nasienia. Analizy proteomiczne aktywacji plemników powinny także znacząco przyczynić się do poszerzenia wiedzy w zakresie mechanizmu inicjacji ruchu plemników ryb łososiowatych, gdyż w dostępnej literaturze brak jest informacji dotyczących wpływu aktywacji ruchu na białka plemników pstręga tęczowego.

Proponowane badania będą również pierwszymi w zakresie wyjaśnienia mechanizmu triploidyzacji ryb (manipulacji będącej jedną z biotechnik kontroli rozrodu ryb łososiowatych, prowadzącej do uzyskania organizmów posiadających dodatkowy zestaw chromosomów), co powinno skutkować identyfikacją białek odpowiedzialnych za sterowanie triploidów. Uzyskanie takich danych ma ważne znaczenie dla poznania podstaw mechanizmu triploidyzacji zachodzącego w czasie ewolucji, a także podczas manipulacji stanowiących składową biotechnik kontroli rozrodu ryb łososiowatych. Innowacyjne podejście planowanych badań polega na kompleksowej analizie białek z wykorzystaniem metod proteomicznych, szczególnie fluorescencyjnej elektroforezy dwukierunkowej oraz identyfikacji za pomocą spektrometrii mas.