

Mszyce stanowią wyspecjalizowaną grupę owadów odżywiających się sokiem wiązek przewodzących, komórek epidermy i mezofilu roślinnych żywicieli. Prowadzi to do wystąpienia istotnych zakłóceń fizjologicznych, metabolicznych i molekularnych w skolonizowanych roślinach. Wstrzykiwane przez mszyce enzymy ślinowe, substancje toksyczne i efektorowe wzbudzają lokalne i/lub systemiczne reakcje obronne w tkankach gospodarzy. Celem zaplanowanych badań będzie zidentyfikowanie markerów transkryptomicznych (mRNA i mikroRNA) odporności kukurydzy zwyczajnej (*Zea mays* L.) na żerowanie samic trzech gatunków mszyc zbożowych (tj. mszyca różano-trawowa, *Metopolophium dirhodum* Walk., mszyca czeremchowo-zbożowa, *Rhopalosiphum padi* L. oraz mszyca zbożowa, *Sitobion avenae* F.). Zbadany będzie ponadto stopień uszkodzeń błon komórkowych i wybranych związków wielkocząsteczkowych w roślinach kukurydzy podczas stresu oksydacyjnego wywołanego atakiem mszyc. Dodatkowo, porównana zostanie aktywność sztyletów aparatów gębowych i modele żerowania samic testowanych mszyc zbożowych w roślinach kukurydzy, reprezentujących odmiany o różnym stopniu odporności.

Biotesty będą obejmowały wykorzystanie najnowocześniejszych metod biologii molekularnej, tj. 1) technika mikromacierzy ekspresyjnych o wysokiej gęstości oraz 2) sekwencjonowanie nowej generacji (NGS), umożliwiającymi poznanie globalnych zmian ekspresji transkryptomów mRNA i regulatorowych mikroRNA (miRNA) w roślinach kukurydzy zasiedlonych przez mszyce zbożowe. Pomiary przewodności elektrycznej właściwej umożliwią ocenę integralności błon komórkowych w liściach siewek *Z. mays*, zaś określanie poziomu wybranych markerów biochemicznych zobrazuje uszkodzenia oksydacyjne m.in. DNA, białek i lipidów w tkankach kukurydzy. Zastosowanie techniki EPG umożliwi natomiast elektroniczną rejestrację aktywności sztyletów aparatu gębowego mszyc podczas penetracji tkanek/komórek roślin żywicielskich.

Wykorzystanie zaawansowanych technik badawczych w ramach przedłożonego projektu przyczyni się pełniejszego zrozumienia molekularnego podłoża złożonych interakcji między roślinami a mszycami. Zaplanowane badania stanowią nowatorskie połączenie nowoczesnego warsztatu badawczego oraz specjalistycznej wiedzy z zakresu biologii molekularnej, ekofizjologii i ochrony roślin. Nowoczesne narzędzia biologii molekularnej pozwolą zidentyfikować markery transkryptomiczne odporności kukurydzy na żerowanie mszyc zbożowych (na podstawie różnic w ekspresji transkryptomów mRNA i mikroRNA odmian odpornych i podatnych), jak również wytypować geny kodujące białka oraz regulatorowe mikroRNA, których stopień ekspresji jest istotnie różny w roślinach zasiedlonych przez *M. dirhodum*, *R. padi* oraz *S. avenae*. W przypadku pozytywnej weryfikacji hipotez badawczych będą opracowane nowe narzędzia molekularne, które zostaną wykorzystane w selekcji odmian kukurydzy o podwyższonej odporności na mszyce. Ważnym elementem projektu jest także zbadanie różnic w aktywności sztyletów i modelach żerowania trzech gatunków mszyc w tkankach siewek odpornych i podatnych odmian kukurydzy.