

Małe niekodujące RNA (sncRNA): Nowe biomarkery oceny zdolności zapładniającej plemników u okonia eurazjatyckiego

Plemniki ryb odgrywają kluczową rolę w kształtowaniu fenotypu potomstwa, a ich wysoka jakość jest niezwykle istotna do uzyskania jak najwyższego odsetka zapłodnienia oraz pozyskania „zdrowych”, pozbawionych deformacji larw. Obecnie, przy ocenie jakości nasienia bierze się pod uwagę liczne parametry morfologiczne, biochemiczne oraz fizjologiczne plemników, obejmujące ich ruchliwość, żywotność, koncentrację nasienia oraz integralność ich DNA. Jednakże w naszych badaniach wykazaliśmy, że żaden z tych parametrów nie koreluje bezpośrednio z sukcesem zapłodnienia u okonia europejskiego (*Perca fluviatilis*). W związku z tym istnieje potrzeba zidentyfikowania nowych wskaźników zdolności zapładniającej nasienia u tego gatunku, którego znaczenie komercyjne oraz naukowe stale rośnie.

Wśród różnych molekuł (DNA, RNA, białka) obecnych w plemnikach okonia, małe niekodujące cząsteczki RNA (sncRNA) wydają się potencjalnie najbardziej obiecującymi, molekularnymi kandydatami, mogącymi znaleźć zastosowanie w ocenie zdolności zapładniającej nasienia. Dotychczas podkreśla się przydatność sncRNA jako biomarkerów jakości plemników u wyższych kręgowców, ponieważ ich profile ekspresji odzwierciedlają funkcjonalny status i zdolność zapładniającą plemników. W dostępnej literaturze nie ma jednak informacji na temat wykorzystania sncRNA w prognozowaniu sukcesu reprodukcyjnego u ryb okoniowatych, a także dotyczących zmian w profilu cząsteczek RNA, w zależności od jakości nasienia. Dlatego też głównym celem niniejszego projektu jest identyfikacja poszczególnych sncRNA w plemnikach oraz zbadanie zmian w profilu sncRNA w zależności od zdolności zapładniającej plemników. W trakcie realizacji projektu wykorzystywane zostaną zamrożone próby nasienia okonia, zdeponowane w banku nasienia IRZiBŻ PAN, kompleksowo scharakteryzowane pod względem jakości oraz zdolności do zapładniania.

Wyizolowane RNA z zamrożonych prób nasienia zostanie zbadane pod kątem jakości i próby charakteryzujące się wysoką jakością RNA zostaną poddane sekwencjonowaniu oraz analizie bioinformatycznej. Uzyskane wyniki posłużą do stworzenia matryc korelacyjnych łącznie z wynikami pozyskanymi podczas zapłodnienia jaj okonia. Pozwoli to na określenie roli sncRNA plemników, w prognozowaniu ich zdolności zapładniającej.

Zidentyfikowanie oraz zastosowanie biomarkerów sncRNA u okonia może pomóc w udoskonalaniu programów selektywnego rozrodu tego, ale również innych gatunków ryb słodkowodnych. Uzyskana wiedza może przyczynić się również do zrozumienia niepowodzeń związanych z rozrodem, a tym samym wskazać nam drogę lepszego zarządzania i ochrony zasobów różnych gatunków ryb.