

W obliczu wyzwań przed jakimi staje obecnie świat, takich jak wzrost zaludnienia czy globalne i regionalne zmiany klimatyczne, niezwykle ważny staje się zrównoważony i przyjazny środowisku system upraw rolnych. Dla tego typu rolnictwa najistotniejszym czynnikiem jest postęp biologiczny, który polega na wykorzystywaniu najnowszych zdobyczy nauki dla przyspieszenia powstawania nowych, udoskonalonych odmian roślin uprawnych. Nowoczesne odmiany powinny charakteryzować się lepszym dostosowaniem do zmieniających się warunków środowiskowych, wyższą odpornością na choroby i szkodniki oraz wysokim plonowaniem bez obniżania jakości plonu i konieczności stosowania intensywnego nawożenia i ochrony roślin. Przyspieszenie procesu tworzenia nowych, ulepszonych odmian można uzyskać poprzez wykorzystanie metod biotechnologicznych opartych o najnowsze osiągnięcia naukowe, należą do nich m.in. technologia podwojonych haploidów (ang. *doubled haploids*, DH) oraz selekcja oparta o markery molekularne (ang. *Marker Assisted Selection*, MAS). Do uzyskania roślin DH najczęściej stosowane są metody wykorzystujące proces androgenezy. Proces ten może być indukowany w warunkach laboratoryjnych i polega on na zmianie kierunku rozwoju komórek macierzystych ziaren pyłku (mikrospor) tak, aby zamiast ziaren pyłku (gamet męskich) powstały struktury podobne do zarodka zygotycznego, zdolne do wytworzenia rośliny zielonej. Zmianę taką wywołuje odpowiednio dobrany czynnik stresowy. W przypadku pszenżyta ozimego jest to niska temperatura (3 tygodnie w 4°C). Proces androgenezy jest kontrolowany przez wiele czynników zewnętrznych i wewnętrznych a jego mechanizm nie został do końca poznany. W IFR PAN od lat prowadzone są badania mające na celu poznanie różnych aspektów związanych z regulacją androgenezy. Celem projektu było poszerzenie wiedzy na temat podłoża fizjologicznego tego procesu, co może przyczynić się do zwiększenia efektywności wyprowadzania linii DH pszenżyta. Zadanie to zostało zrealizowane za pomocą analizy i identyfikacji białek związanych z androgenezą. Do badań wykorzystano populację 90 roślin pszenżyta. Każdą z nich oceniono pod względem efektywności procesu androgenezy przy pomocy pięciu wybranych parametrów. Następnie wyselekcjonowano dwie linie o wysokim i dwie linie o niskim stopniu efektywności. Z zebranych pylników wyekstrahowano białka i poddano je rozdzielaniu przy pomocy elektroforezy dwuwymiarowej – 2D. Otrzymane profile białkowe porównano między badanymi obiektami. Te białka, które wykazały wyższy stopień akumulacji w pylnikach pobranych z roślin o wysokiej efektywności androgenezy wybrano do identyfikacji przy użyciu spektrometrii masowej (MALDI TOF). Wynikiem wszystkich analiz było zidentyfikowanie 31 białek, które są potencjalnie związane z podatnością na androgenezę. Białka te biorą udział głównie w procesach związanych z odpowiedzią na stres, który jest czynnikiem inicjującym proces androgenezy. Część z puli zidentyfikowanych białek jest zaangażowana w przemiany metaboliczne czy też gospodarkę energetyczną, co może wyjaśniać fakt, iż „przeprogramowaniu” komórek mikrospor towarzyszą znaczne zmiany na poziomie procesów metabolicznych. Trzeba zaznaczyć, że jak dotąd w danych literaturowych nie odnotowano informacji dotyczących identyfikacji białek związanych z procesem androgenezy u pszenżyta, zatem wyniki tego projektu są nowatorskie. Natomiast opublikowane wyniki mogą posłużyć polskim hodowcom do udoskonalenia technologii DH pszenżyta, zboża, które wciąż zyskuje na znaczeniu gospodarczym a na rynku zbożowym zdobyło sobie trwałą pozycję, zwłaszcza w przypadku rolnictwa niskonakładowego i organicznego. Świadczyć może o tym fakt, że areał jego upraw w Polsce (0,9 mln ha) zbliża się do areału upraw żyta (1,0 mln ha). Zatem każde działanie, które może przyczynić się do szybszego otrzymywania nowych odmian tego zboża jest niezwykle wartościowe dla polskiego rynku zbożowego.