

<http://dx.doi.org/10.18778/8142-575-9.01>

**V OGÓLNOPOLSKA KONFERENCJA
DOKTORANTÓW NAUK O ŻYCIU -
BIOOPEN**

KSIĘGA ABSTRAKTÓW

ŁÓDŹ, 30 – 31 MAJA 2019 ROKU

SPIS TREŚCI

Organizatorzy konferencji	3
Patroni	6
Sponsorzy	7
Patronat medialny	8
Program V Ogólnopolskiej Konferencji Doktorantów	9
Zaproszeni goście	16
Streszczenia	22
Wykład plenarny	22
Sesja Mikrobiologia i immunologia	24
Sesja Biotechnologia i inżynieria genetyczna	44
Sesja Biologia molekularna i medyczna	71
Sesja Ekologia i ochrona środowiska	127
Indeks autorów	147

ORGANIZATOR KONFERENCJI

Wydział Biologii i Ochrony Środowiska

Uniwersytet Łódzki

Miejsce obrad: Pawilon Biologii Molekularnej

ul. Pomorska 141/143, 90–236 Łódź

www.biol.uni.lodz.pl

Konferencję przygotowali doktoranci:

Studiów Doktoranckich Biochemiczno-Biofizycznych
Studiów Doktoranckich Ekologii i Ochrony Środowiska

Studiów Doktoranckich Genetyki Molekularnej,

Cytogenetyki i Biofizyki Medycznej,

Studiów Doktoranckich Mikrobiologii, Biotechnologii

i Biologii Eksperymentalnej

OPIEKUN KONFERENCJI/KOORDYNATOR

dr hab. Anita Krokosz, prof. UŁ

Katedra Biofizyki Molekularnej, Zakład Radiobiologii

OPIEKA MERYTORYCZNA SESJI KONFERENCYJNYCH

Mikrobiologia i immunologia

dr hab. Magdalena Druszczyńska

Katedra Immunologii i Biologii Infekcyjnej,

Zakład Immunologii Komórkowej

dr. hab. Sylwia Różalska, prof. UŁ

Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii

Biotechnologia i inżynieria genetyczna

dr hab. Przemysław Bernat, prof. UŁ

Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii

dr hab. Tomasz Sakowicz, prof. UŁ

Katedra Biotechnologii Molekularnej i Genetyki

Biologia molekularna i medyczna

dr hab. Tomasz Kowalczyk, prof. UŁ

Katedra Neurobiologii

prof. dr hab. Tomasz Śliwiński

Katedra Genetyki Molekularnej

Ekologia i ochrona środowiska

dr hab. Edyta Kiedrzyńska

Katedra Ekologii Stosowanej

dr hab. Joanna Żelazna-Wieczorek, prof. UŁ

Katedra Algologii i Mykologii

KOMITET ORGANIZACYJNY

Przewodnicząca Komitetu Organizacyjnego

mgr Paulina Wigner

Wiceprzewodniczący

mgr Bartosz Skalski

mgr Rafał Szelenberger

Sekretarz

mgr Anna Włuka

Członkowie

mgr Weronika Adach

mgr Katarzyna Białek

mgr Angela Dziedzic

mgr Aleksandra Góralczyk-Bińkowska

mgr Marcin Hołota

mgr Edyta Janik

mgr Marta Kędzierska

mgr Dominika Komorowska

mgr Patrycja Kopa

mgr Krzysztof Krawczyk

mgr Marta Nowak

lic. Rostyslav Pietukhov

mgr Anastazja Poczta

mgr Agata Rolnik

mgr Aleksandra Witusińska

mgr Gabriela Barszczewska

mgr Jakub Kajdanek

Dział finansowy

mgr Aleksandra Góralczyk-Bińkowska

mgr Krzysztof Krawczyk

Wsparcie w zakresie rozliczeń finansowych

mgr Beata Sudak

Dział techniczny

dr Paweł Hikisz

mgr Joanna Boisse

Komitety naukowy

mgr Elżbieta Mierzejewska

mgr Izabela Skrobek

mgr Agata Staszeliś

mgr Rafał Szelenberger

mgr Anna Litwin

mgr Sebastian Wawrocki

mgr Małgorzata Żyźniewska

mgr Mateusz Wala

Redakcja książki abstraktów

mgr Paulina Wigner

mgr Angela Dziedzic

mgr Rafał Szelenberger

Abstrakty opublikowano w formie otrzymanej od Autorów.

PATRONI



**UNIwersYTET
ŁÓDZKI**

Jego Magnificencja
Rektor Uniwersytetu Łódzkiego
Prof. dr hab. Antoni Różalski



**WYDZIAŁ BIOLOGII
i OCHRONY ŚRODOWISKA**
Uniwersytet Łódzki

Dziekan Wydziału Biologii
i Ochrony Środowiska UŁ
Prof. dr hab. Andrzej Kruk



**UCZELNIANA RADA
SAMORZĄDU
DOKTORANTÓW**
Uniwersytet Łódzki

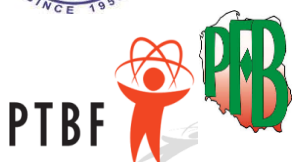
Uczelniana Rada Samorządu Doktorantów
Uniwersytetu Łódzkiego



Marszałek
Województwa
Łódzkiego



Polskie Towarzystwo Biochemiczne – oddział Łódź



Polskie Towarzystwo Biofizyczne



BiolMed

Instytut Biologii Medycznej
Polskiej Akademii Nauk w Łodzi



Polska Federacja
Biotechnologii



Polskie Towarzystwo
Hydrobiologiczne



WOJEWÓDZKI FUNDUSZ
OCHRONY ŚRODOWISKA
I GOSPODARKI WODNEJ
W ŁODZI



Fundacja
Rozwoju
Przedsiębiorczości

SPONSORZY



**UNIWERSYTET
ŁÓDZKI**



**WYDZIAŁ BIOLOGII
I OCHRONY ŚRODOWISKA**
Uniwersytet Łódzki



HTL LAB SOLUTIONS



A&A BIOTECHNOLOGY



**UCZELNIANA RADA
SAMORZĄDU
DOKTORANTÓW**
Uniwersytet Łódzki



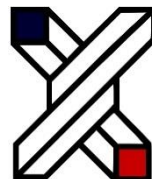
MOLECULAR
BIOLOGY
PRODUCTS



PWN



Fundacja
na Rzecz
Wspierania
Rozwoju
Nauki



GENOS



Linegal Chemicals
Sp. z o.o.



CytoGen
PRODUKTY DO BADAŃ MEDYCZNYCH

eppendorf

MERCK

BIOKOM
biologia komórki



Promega

PATRONAT MEDIALNY



LABORATORIUM
MEDYCZNE

Laboratorium
PRZEGLĄD OGÓLNOPOLSKI



PROGRAM V OGÓLNOPOLSKIEJ KONFERENCJI DOKTORANTÓW NAUK O ŻYCIU BIOOPEN

Czwartek 30 maja 2019r.

- 8.00 – 9.00 Rejestracja uczestników
- 9.00 – 9.10 Otwarcie konferencji
- 9.10 – 9.50 **Wykład plenarny: dr hab. Edyta Reszka, prof.
IMP im. prof. J. Nofera w Łodzi**
**„Geny, czas i światło. Rzecz o zaburzeniach
rytmu okołodobowego w chorobach
nowotworowych”**

Sesja: Mikrobiologia i immunologia

- 9.50 – 10.30 **Wykład: Prof. dr hab. Katarzyna Hryniewicz**
Uniwersytet im. Mikołaja Kopernika w Toruniu
**„Endofity halofitów: różnorodność, funkcje
i zastosowanie”**
- 10.30 – 10.45 Seminarium prowadzone przez firmę **Linegal Chemicals**
- 10.45 – 11.00 Przerwa kawowa
- 11.00 – 11.10 **Adrian Bekier**
Uniwersytet Łódzki
**„Aktywność przeciwdrobnoustrojowa pochodnych
tiosemikarbazyny *in vitro*”**
- 11.10 – 11.20 **Filip Bielec**
Uniwersytet Medyczny w Łodzi
**„Pomiar stężenia katelicyny LL-37 w surowicy
pacjentów z rakiem nie drobnokomórkowym płuca
poddanych resekcji guza – badanie wstępne”**

- 11.20 – 11.30 **Agnieszka Chlebicz**
Politechnika Łódzka
 „Wpływ innowacyjnych preparatów synbiotycznych na metabolizm mikrobioty jelitowej prosiąt – produkcja kwasu mlekowego, SCFA i BCFA”
- 11.30 – 11.40 **Emilia Jankowiak**
Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy
 „Mikrobiologiczna jakość powietrza w aptekach oraz profil oporności szczepów gronkowców”
- 11.40 – 11.50 **Paulina Markowiak**
Politechnika Łódzka
 „Wpływ preparatów synbiotycznych na stężenie kwasów tłuszczowych w kałomoczu kurcząt SPF”
- 11.50 – 12.00 **Sylwia Ścieszka**
Politechnika Łódzka
 „Synergistyczny efekt alg *chlorella vulgaris* na aktywność antagonistyczną bakterii fermentacji mlekowej w stosunku do bakterii chorobotwórczych
- 12.00 – 12.10 **Mariola Wolska**
Uniwersytet Jagielloński w Krakowie
 „Identyfikacja istotnych klinicznie bakterii z rodzajów *Streptococcus* i *Enterococcus* z użyciem sekwencjonowania genów 16S rRNA, SODA, RPOB oraz TUF”
- 12.10 – 13.40 **Sesje plakatowe:**
Mikrobiologia i Immunologia
Biotechnologia i inżynieria genetyczna
- 13.40 – 15.10 **Obiad**

Sesja: Biotechnologia i inżynieria genetyczna

- 15.10 – 15.55 **Wykład: Prof. dr hab. n. biol. Adam Jaworski,**
Emerytowany prof. zw. UŁ
Uniwersytet Łódzki
„CRISPR/Cas9 – rewolucyjna metoda edycji genów
i genomów (nadzieje, obawy, dylematy i zagrożenia)”
- 16.00 – 16.10 **Paulina Błazińska**
Politechnika Łódzka
„Nowa azometinowa pochodna flawonu”
- 16.10 – 16.20 **Kamil Dędek**
Politechnika Łódzka
„Kompleksowanie związków natywnej skrobi
ziemniaczanej z kwasem ferulowym i analiza
ich właściwości”
- 16.20 – 16.30 **Kacper Dziewit**
Uniwersytet Warszawski
„Metabolizm auksyn u rzodkiewnika pospolitego
(Arabidopsis thaliana) w warunkach żywienia
amonowego”
- 16.30 – 16.40 **Islam Khattab**
Karlsruhe Institute of Technology, Germany
“Allocation of phenylalanine pathway draws the
cell destiny towards grapevine botryoshafria
dieback”

- 16.40 – 16.50 **Gabriela Kowalska**
Politechnika Łódzka
„Właściwości antyoksydacyjne utrwalonych preparatów miodu z dodatkiem inuliny”
- 16.50 – 17.00 **Karolina Matulewicz**
Collegium Medicum UMK w Bydgoszczy
„Optymalizacja hodowli sferoidów z pomocą bioprintingu magnetycznego, jako nowego modelu do badań *in vitro*”
- 17.00 – 17.10 **Kamil Szymczak**
Politechnika Łódzka
„Bioaktywne składniki wybranych starych odmian jabłek”
- 17.10 – 17.20 **Marta Szymczak**
Uniwersytet Gdański
„Receptory sygnałowe HVEM i CD160 – porównanie wybranych metod refoldingu”

Piątek 31 maja 2019r.

Sesja: Biologia molekularna i medyczna

- 9.30 – 10.10 **Wykład: dr hab. Monika Szeliga**
Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej
im. M. Mossakowskiego PAN w Warszawie
„Cele terapeutyczne w glioblastoma”
- 10.10 – 10.20 **Karol Kłosiński**
Uniwersytet Medyczny w Łodzi
„Radiacyjna synteza oraz analiza hydrożeli
z karboksymetylochitozanu pod kątem zastosowań
medycznych”
- 10.20 – 10.30 **Joanna Markowicz**
Politechnika Rzeszowska
„Potencjał przeciwnowotworowy α -mangostyny wobec
komórek raka płaskonabłonkowego na podstawie badań
wybranych parametrów komórkowych”
- 10.30 – 10.40 **Katarzyna Piekларz**
Politechnika Łódzka
„Nanokompozyty chitozanowe przeznaczone
na rusztowania komórkowe”
- 10.50 – 11.00 **Anastazja Poczta**
Uniwersytet Łódzki
„Aktywność przeciwnowotworowa nowych
pochodnych melfalanu”
- 11.00 – 11.10 **Bartosz Skalski**
Uniwersytet Łódzki
„Wpływ frakcji fenolowej i frakcji zawierającej
niepolarne związki z liście oraz gałązek rokitnika
zwyczajnego (*Elaeagnus rhamnoides* (L.) A. Nelson)
na wybrane parametry aktywacji płytek krwi *in vitro*”

- 11.10 – 11.20 **Sandra Skibiszewska**
Uniwersytet Gdański
 „Amyloidoza wtórna – jak z nią walczyć?”
- 11.20 – 11.30 **Marharyta Zyma**
Uniwersytet Medyczny w Łodzi
 „Wpływ genu WWOX na regulację ekspresji genów docelowych czynnika transkrypcyjnego AP-2α w raku pęcherza moczowego”
- 11.30 – 11.45 Przerwa Kawowa
- 11.45 – 13.15 **Sesje plakatowe:**
Biologia molekularna i medyczna
Ekologia i ochrona roślin
- 13.15 – 15.00 **Obiad**

Sesja: Ekologia i ochrona roślin

- 15.00 – 15.40 **Wykład: prof. dr hab. Barbara Godzik**
Zakład Ekologii, Instytut Botaniki im. W. Szafera
PAN w Krakowie
 „Długofalowe badania poziomu zanieczyszczeń środowiska z wykorzystaniem bioindykacyjnych właściwości organizmów żywych”
- 15.40 – 15.50 **Amelia Chyb**
Uniwersytet Łódzki
 „Ekspresja ornamentu upierzenia w zależności od kondycji i odporności wrodzonej u mewy śmieszki”

- 15.40 – 15.50 **Marta Kaźmierczak**
Politechnika Łódzka
 „Proces biodegradacji kauczków naturalnych i butadienowo-styrenowych przy udziale bakterii mlekowych”
- 15.50 – 16.00 **Rafał Madaj**
Politechnika Łódzka
 „Biodegradacja kwasu 3,5-dinitrosalicylowego przez *Phanerochaete chrysosporium* z zastosowaniem różnych materiałów odpadowych”
- 16.10 – 16.20 **Ewa Michalska**
Uniwersytet Łódzki
 „Ochrona ex situ gatunku z międzynarodowej listy IUCN *Pulsatilla vernalis mill*”
- 16.20 – 16.30 **Lidia Mielcarz-Skalska**
Politechnika Łódzka
 „*Lolium westerwoldicum* w biologicznym oczyszczaniu gleb z cynku”
- 16.30 – 16.40 **Ewa Pikus**
Uniwersytet Łódzki
 „Rola głównego kompleksu zgodności tkankowej w procesach synurbizacji ptaków”
- 16.40 Wręczenie nagród
- 20.00 – ... Spotkanie integracyjne ☺

ZAPROSZENI GOŚCIE



dr hab. Edyta Reszka, prof. IMP
Zakład Genetyki Molekularnej i Epigenetyki
Instytut Medycyny Pracy im. Prof. J. Nofera w Łodzi
ul. św. Teresy od Dzieciątka Jezus 8, 91-348 Łódź

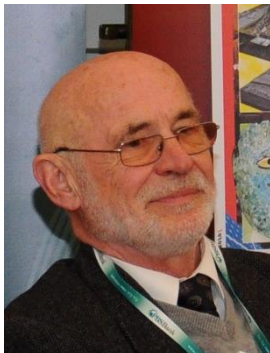
Pani Prof. Edyta Reszka jest kierownikiem Zakładu Genetyki Molekularnej i Epigenetyki Instytutu Medycyny Pracy im. J. Nofera w Łodzi i pełni funkcję prezesa Łódzkiego Oddziału Polskiego Towarzystwa Toksykologicznego. Prace prowadzone przez Panią Profesor obejmują badania markerów genetycznych i epigenetycznych z uwzględnieniem oddziaływań typu gen-gen, gen-środowisko lub gen-dieta do określenia ryzyka zachorowania jak i diagnostyki, prognozowania czy też leczenia chorób cywilizacyjnych. W kręgu zainteresowań badawczych Pani Profesor znajduje się również rytm okołodobowy i jego wpływ na funkcjonowanie organizmu, w tym na mechanizmy rozwoju nowotworów.

Zespół, którego kierownikiem jest Pani Profesor współpracuje z szeregiem jednostek zarówno krajowych jak i zagranicznych, m.in.: I Kliniką Urologii Uniwersytetu Medycznego w Łodzi, Zakładem Medycyny Laboratoryjnej i Biobankiem Uniwersytetu Medycznego w Gdańsku, Europejskim Instytutem Onkologii w Mediolanie we Włoszech; Narodowym Instytut Zdrowia w Oslo, Zakładem Genetyki w Psychiatrii Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu.



Prof. dr hab. Katarzyna Hrynkiewicz
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska
Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu
ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń

Pani prof. dr hab. Katarzyna Hrynkiewicz jest kierownikiem Zakładu Mikrobiologii Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu. Pani Profesor prowadzi współpracę z zagranicznymi ośrodkami naukowymi z Niemiec, Hiszpanii, Danii i Szwecji, m.in.: Department of Mycology (University of Tübingen), Department of Agricultural and Environmental Sciences (University of Rostock), Swedish University of Agricultural Sciences, Leibniz-Institute of Vegetable- and Ornamental Crops Großbeeren, Niemcy. Pani Profesor odbyła liczne staże naukowe w niemieckich ośrodkach naukowych: na Uniwersytetach w Tybindze i Rostoku oraz Instytucie Leibniza w Grossbeeren. Ponadto Pani Profesor od 2012 roku bierze udział w akcjach COST dotyczących m.in.: badań nad endofitami w rolnictwie i biotechnologii, ludzkich patogenów w systemach produkcji roślinnej. Aktywność naukowa Pani Profesor Hrynkiewicz została nagrodzona w 2011 roku nagrodą Rektora UMK II stopnia oraz wyróżnieniem za osiągnięcia naukowe w 2015 i 2016 roku. Zainteresowania badawcze Pani Profesor obejmują zagadnienia związane z interakcjami zachodzącymi pomiędzy mikroorganizmami i roślinami. W kręgu zainteresowań znajduje się szeroki wachlarz mikroorganizmów, wśród których należy wymienić: mikroorganizmy endofityczne (bakterie/grzyby), grzyby symbiotyczne (ektomycoryzowe i arbuskulane), bakterie diazotroficzne (wiążące N₂), bakterie i grzyby będące patogenami roślin, mikroorganizmy chorobotwórcze człowieka, a także wirusy roślinne. Badania prowadzone przez zespół Pani Profesor obejmują oznaczanie bioróżnorodności taksonomicznej i funkcjonalnej mikroorganizmów, izolację i identyfikację mikroorganizmów, selekcję mikroorganizmów promujących wzrost roślin uczestniczących w procesach biokontroli czy oznaczania metabolitów pochodzenia mikrobiologicznego. Prace badawcze pod kierownictwem Pani Profesor są prowadzone na terenach dotkniętych stresem abiotycznym oraz obejmują zarówno drzewa i rośliny zielne naturalnie zasiedlające badane środowiska, a także rośliny uprawne (zboża, warzywa).



Prof. dr hab. n. biol. Adam Jaworski

*Emerytowany profesor zwyczajny
Uniwersytet Łódzki*

Pan prof. dr hab. Adam Jaworski jest z wykształcenia biochemikiem (Uniwersytet Łódzki, 1964 rok), z zawodu biologiem (specjalność biologia i genetyka molekularna), ale przede wszystkim nauczycielem akademickim oraz wychowawcą kadry naukowej specjalistów genetyki molekularnej i inżynierii genetycznej (ponad 50 magistrów i 21 doktorów nauk biologicznych, spośród których 11 osób uzyskało stopnie doktora habilitowanego i profesora nadzwyczajnego, a 1 osoba tytuł profesora nauk biologicznych. Ponad 50 lat pracy naukowej i dydaktycznej w Uniwersytecie Łódzkim, Polskiej Akademii Nauk oraz w Uniwersytetach w USA i Japonii, a od 2013 roku w Społecznej Akademii Nauk w Łodzi na stanowisku dyrektora Instytutu Nauk o Zdrowiu. Dorobek naukowy obejmuje 89 oryginalnych prac twórczych, w tym prac doświadczalnych opublikowanych w wiodących, międzynarodowych czasopismach naukowych, między innymi w: *Science*, *Nature genetics*, *Gene*, *Journal of Bacteriology*, *Journal of Biological Chemistry*, *Journal of Molecular Biology*, *Nucleic Acid Research*, *Procedings national Academy of Science USA*, *Canadian Journal of Microbiology*, *Polish Journal of Microbiology*.



dr hab. Monika Szeliga

*Zakład Neurotoksykologii
Instytut Medycyny Doświadczalnej
i Klinicznej im. M. Mossakowskiego PAN
ul. A. Pawińskiego 5, 02-106 Warszawa*

Z Zakładem Neurotoksykologii IMDiK PAN jestem związana od 2004 roku, kiedy rozpoczęłam studia doktoranckie. Podjęłam wówczas temat związany z rolą glutaminazy w komórkach guzów mózgu. Okazał się on być na tyle szeroki, że do tej pory stanowi jedną z prowadzonych przeze mnie ścieżek badawczych. Innymi zagadnieniami są antyglejakowa aktywność pochodnych tiadiazolu oraz rola peroksyredoksyn w guzach mózgu.

Realizacja moich projektów możliwa jest dzięki współpracy z doktorantami, klinicystami i chemikami. Ogromnym wsparciem projektu glutaminazowego jest prof. Javier Marquez z Uniwersytetu w Maladze. Poza zaangażowaniem w pracę naukową staram się promować naukę. Jestem członkiem Komitetu Okręgowego Olimpiady Biologicznej.



Prof. dr hab. Barbara Godzik

*Zakład Ekologii
Instytut Botaniki im. W. Szafera
Polska Akademia Nauk
ul. Lubicz 46, 31-512 Kraków*

Prof. dr hab. Barbara Godzik pełni funkcję zastępcy dyrektora ds. naukowych w Instytucie Botaniki im. W. Szafera Polskiej Akademii Nauk w Krakowie (2011–2019) oraz kieruje Zakładem Ekologii w Instytucie Botaniki PAN (od 2005). W kręgu naukowych zainteresowań Pani Profesor znajdują się zagadnienia dotyczące ekologii miast i ekosystemów leśnych oraz oceny stopnia skażenia środowiska przy użyciu metod bioindykacyjnych. Ponadto, szeroki wachlarz prac badawczych obejmuje również analizę wpływu metali ciężkich i innych zanieczyszczeń powietrza na roślinność, w tym chemizmu opadów atmosferycznych i ozonu przygruntowego. Prof. B. Godzik przedstawiła swoje badania w licznych wysoko punktowanych czasopismach.

Jej osiągnięcia są również wynikiem wielu międzynarodowych współprac nawiązanych m.in. podczas licznych staży i wyjazdów badawczych oraz szkoleniowych do USA, Szwecji, Słowacji, Czech, Rosji, Norwegii, Ukrainy, Grecji. Prof. Godzik uczestniczyła w realizacji kilkunastu projektów naukowych finansowanych przez KBN, MNiSW, jak też podmioty zagraniczne w tym przez USDA Forest Service, NATO, Visegrad Fund, Europejski Obszar Gospodarczy i Norweski Mechanizm Finansowy. Jest członkiem wielu towarzystw naukowych, w tym m. in.: Polskiego Towarzystwa Botanicznego, Towarzystwa Badania Przemian Środowiska „GEOSFERA” Krakowskiego Oddziału Polskiego Towarzystwa Przyjaciół Nauk o Ziemi, Komitetu Biologii Organizmalnej PAN i Komitetu Biologii Środowiskowej i Ewolucyjnej PAN, w którym pełni funkcję zastępcy przewodniczącego.

STRESZCZENIA
Wykład plenarny

**GENY, CZAS I ŚWIATŁO. RZECZ O ZABURZENIACH RYTMU OKOŁODOBOWEGO
W CHOROBAH NOWOTWOROWYCH**

Edyta Reszka^{1*}

*1) Zakład Genetyki Molekularnej i Epigenetyki, IMP im. prof. dr J. Nofera w Łodzi,
ul. św. Teresy od Dzieciątka Jezus 8, 91-348 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: edyta.reszka@imp.lodz.pl*

Rytm okołodobowy (z ang. circadian rhythm), endogenny mechanizm obecny we wszystkich organizmach żywych, odgrywa kluczową rolę w adaptacji do stale zmieniających się bodźców środowiskowych. Należą do nich tzw. wyznaczniki czasu (z niem. Zeitgebers): światło, temperatura otoczenia i dostęp do pożywienia, które regulują cykle snu i czuwania, temperaturę ciała, metabolizm energetyczny, cykl komórkowy, wydzielanie hormonów itd. U ssaków, 24-godzinny system regulacji czasu opiera się na wielu peryferyjnych oscylatorach, a kieruje nim centralny zegar autonomiczny, zlokalizowany w jądrach nadskrzyżowaniowych podwzgórza. W tej chwili już wiemy, że skomplikowana regulacja rytmu okołodobowego na poziomie tkanek i komórek odbywa się poprzez transkrypcyjno-translacyjne sprzężenia zwrotne, w których zaangażowanych jest powyżej 20 genów zegarowych. W efekcie, prowadzi to do rytmicznych zmian ekspresji wielu genów zaangażowanych w istotne procesy komórkowe.

Rozwój cywilizacyjny oraz tzw. zanieczyszczenie światłem (z ang. light pollution) związane z korzystaniem z różnorodnych sztucznych źródeł światła, praca zmianowa oraz nieregularny tryb życia niosą ze sobą istotne konsekwencje zdrowotne. Powszechnie wiadomo, że zaburzenie systemu zarządzającego czasem przez narażenie na światło w nocy może prowadzić do rozwoju chorób cywilizacyjnych, w tym nowotworów, otyłości, depresji, a także do zaburzeń snu i intensyfikacji procesu starzenia się. Deregulację zegara molekularnego na poziomie polimorfizmu genetycznego, ekspresji i metylacji regionów promotorowych, obserwuje się w nowotworach o różnej lokalizacji, a szczególnie w najintensywniej badanym raku piersi.

Uważa się, że rytm okołodobowy może odgrywać istotną rolę w działaniu predykcyjnym oraz prewencyjnym choroby nowotworowej, ponieważ szereg badań wskazuje skazuje na kluczową rolę genów zegarowych w supresji nowotworów. Ponadto, możliwy wpływ rytmu okołodobowego na metabolizm leków, może stanowić podstawę chronofarmakoterapii.

STRESZCZENIA
Sesja
Mikrobiologia i immunologia

ENDOFITY HALOFITÓW: RÓŻNORODNOŚĆ, FUNKCJE I ZASTOSOWANIEKatarzyna Hryniewicz^{1*}

1) Zakład Mikrobiologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, ul. Lwowska 1, 87-100 Toruń

*e-mail autora do korespondencji: hrynk@umk.pl

Zasolenie gleb jest jednym z ważniejszych czynników środowiskowych, który negatywnie wpływa na wzrost roślin i znacznie obniża ilość uzyskiwanych plonów. Wzrost zasolenia gleb może być efektem naturalnych procesów zachodzących w środowisku (np. zmiany geologiczne, hydrologiczne lub klimatyczne), jak również wynikać z działalności antropogenicznej (np. niewłaściwe metody nawadniania i nawożenia, wylesianie). Halofity to nieliczna grupa roślin, która w wyniku ewolucyjnego przystosowania się do środowiska wykształciła szereg właściwości umożliwiających im wzrost i rozwój w warunkach podwyższonego zasolenia. Ponieważ wszystkie rośliny zasiedlane są przez specyficzny mikrobiom, można przypuszczać, że mechanizmy adaptacji halofitów do wysokiego zasolenia mogą być związane z wysoce wyspecjalizowanymi, halotolerancyjnymi mikroorganizmami endofitycznymi. Endofity halofitów mogą stymulować wzrost roślin i wpływać na ich tolerancję na niekorzystne warunki środowiskowe. Zagadnienia te badane są przez nasz zespół m.in. w odniesieniu do gatunku *Salicornia europaea*, który jest halofitem charakteryzującym się najwyższą tolerancją na zasolenie gleb.

Podczas wykładu zostaną zaprezentowane trzy zagadnienia badawcze:

- (1) Wpływ czynników środowiskowych na ekspresję genów w *S. europaea*;
- (2) Charakterystyka bakteryjnych i grzybowych endofitów *S. europaea*;
- (3) Aplikacyjny charakter endofitów i możliwość ich wykorzystania w rolnictwie.

Podczas wystąpienia przedstawione zostaną najciekawsze wyniki doświadczeń, które wykonano w oparciu o najnowsze techniki badawcze umożliwiające analizę halotolerancyjnych endofitów.

Podziękowanie

Autorka pragnie podziękować dr Soni Szymańskiej i mgr Bliss Furtado za przeprowadzenie eksperymentów.

Badania zostały sfinansowane z grantu Narodowego Centrum Nauki (Polska) (DEC-2012/07/B/NZ9/01801) oraz z programu badań i innowacji Unii Europejskiej „Horyzont 2020” w ramach umowy o grant Marie Skłodowska-Curie 676480.

**AKTYWNOŚĆ PRZECIWDROBNOUSTROJOWA POCHODNYCH TIOSEMIKARBAZYDU
IN VITRO**

Adrian Bekier^{1*}, Malwina Kawka¹, Agata Paneth², Lidia Węglińska²,
Bożena Dziadek¹, Katarzyna Dzitko¹

1) Zakład Immunoparazytologii, Katedra Immunologii i Biologii Infekcyjnej,
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź
2) Katedra i Zakład Chemii Organicznej, Wydział Farmaceutyczny z Oddziałem Analityki
Medycznej, Uniwersytet Medyczny w Lublinie, ul. Chodźki 4a, 20-093 Lublin

*e-mail autora do korespondencji: adrian.bekier@unilodz.eu

Wstęp: Gruźlica, wywoływana przez *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb), jest światowym problemem zdrowotnym powodując ok. 1,5 mln zgonów rocznie. Rosnąca oporność prątków na stosowane w leczeniu gruźlicy leki oraz powiększający się zasięg występowania tej choroby, zmuszają do poszukiwania nowych związków o właściwościach anti-Mtb. *Toxoplasma gondii* (Tg) jest to wewnątrz komórkowy pasożyt, który jest czynnikiem etiologicznym toksoplazmozy, choroby szczególnie groźnej dla osób z obniżoną odpornością. Szacuje się, że 30% ludzkiej populacji jest zarażona. Aktualnie stosowane leki, zmniejszają jedynie stopień uszkodzenia tkanek w trakcie ostrej fazy zarażenia, a skutki uboczne terapii, lekooporność, brak skutecznych narzędzi immunoprotekcyjnych wymuszają potrzebę poszukiwania nowych, efektywnych środków leczniczych.

Cel: Celem badań było sprawdzenie czy pochodne tioseмикarbazylu mają zdolność hamowania wzrostu Mtb oraz proliferacji Tg w warunkach *in vitro*.

Material i metody: Pochodne tioseмикarbazylu stanowiły serię 10 związków o zmiennej grupie funkcyjnej. Wartości cytotoksyczne badanych związków zostały wyznaczone z wykorzystaniem metody MTT z wykorzystaniem linii komórkowej L929 i ludzkich makrofagów pochodzenia monocytnego. Aktywność anti-Mtb została określona na podstawie testu redukcji resazuryny, a anti-Tg została określona na podstawie testu inkorporacji [5,6-3H] uracylu.

Wyniki: Badane związki w stężeniach do 250 µg/ml nie wykazywały działania cytotoksycznego względem komórek linii L929. Spośród 10 pochodnych tioseмикarbazylu aktywność anti-Mtb wykazały tylko 3 pochodne, a właściwości przeciwpasożytnicze posiadały wszystkie zbadane związki.

Wnioski: Pochodne tioseмикarbazylu wydają się obiecującymi związkami o aktywności przeciwdrobnoustrojowej wobec *Mycobacterium tuberculosis* oraz *Toxoplasma gondii in vitro*, jednakże ich dokładny mechanizm działania nie został jeszcze określony. Otrzymane wyniki pozwolą na syntezę dalszych pochodnych, jako potencjalnych związków o aktywności anti-Mtb oraz anti-Tg.

POMIAR STĘŻENIA KATELICYDINY LL-37 W SUROWICY PACJENTÓW Z RAKIEM NIEDROBNOKOMÓRKOWYM PŁUCA PODDANYCH RESEKCJI GUZA – BADANIE WSTĘPNE

Filip Bielec^{1*}, Magdalena Gorzewska-Bojczuk¹, Aleksandra Stolarz¹,

Monika Bigos¹, Janina Grzegorzcyk²

1) Zakład Mikrobiologii i Laboratoryjnej Immunologii Medycznej, Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, ul. Pomorska 251, 92-213 Łódź

2) Klinika Immunologii i Alergii, Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, ul. Pomorska 251, 92-213 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: filip.bielec@stud.umed.lodz.pl

Jednym z czynników aktywujących nieswoiste układ odpornościowy – w tym także skóry – jest stres operacyjny. Istotną rolę w reakcji na stres odgrywa stan odporności wrodzonej (nieswoistej) chorego, a jednym z biomarkerów jest katelicydyna LL-37 – peptyd przeciwdrobnoustrojowy o plejotropowym działaniu. Natężenie reakcji na stres operacyjny jest proporcjonalne do rozległości uszkodzenia tkanek oraz może być powiązane z mikrobiotą skóry, dla której chirurgiczne nacięcie stanowi wrota infekcji.

Celem pracy pomiar stężenia katelicydyny LL-37 w surowicy w odpowiedzi na stres operacyjny w zależności od obecności gronkowcowej mikrobioty skóry oraz rodzaju dostępu chirurgicznego.

Grupę badaną stanowiło 9 pacjentów (5 kobiet i 4 mężczyzn w wieku 40–79 lat) z niedrobnokomórkowym rakiem płuca, hospitalizowanych w Klinice Chirurgii Klatki Piersiowej, Chirurgii Ogólnej i Onkologicznej Uniwersytetu Medycznego w Łodzi z powodu planowanej resekcji guza płuca. Uczestników kwalifikowano na podstawie wywiadu lekarskiego. Materiał biologiczny pobrano w 2 punktach czasowych (przed operacją i w 2 dobie po): 1. wymazy ze skóry okolicy operowanej; 2. krew żylną obwodową na surowicę. Z wymazów wykonano posiewy w kierunku *Staphylococcus spp.* i antybiogramy z zastosowaniem oceny EUCAST. W surowicy krwi określono stężenie LL-37 metodą immunoenzymatyczną ELISA.

Zaobserwowano istotny statystycznie wzrost stężenia katelicydyny LL-37 w surowicy 48 godzin po przebytej operacji. Podobnie istotny wzrost stężenia badanego białka zaobserwowano w grupie z obecną mikrobiotą gronkowcową skóry okolicy operowanej i w grupie operowanej metodą torakotomii, w porównaniu odpowiednio do grupy bez mikrobioty gronkowcowej i grupy operowanej torakoskopowo.

Wzrost stężenia katelicydyny LL-37 w surowicy po przebytej operacji, zaobserwowany nie tylko w grupie pacjentów z potwierdzoną mikrobiotą gronkowcową skóry, świadczy o plejotropowym charakterze badanego białka peptydu przeciwdrobnoustrojowego. Jednocześnie mniejszy wzrost stężenia tego białka u pacjentów poddanych torakoskopii, może świadczyć o korzystniejszej odpowiedzi na stres operacyjny w chirurgii o mniejszym stopniu inwazyjności.

**WPLYW INNOWACYJNYCH PREPARATÓW SYNBIOTYCZNYCH NA METABOLIZM
MIKROBIOTY JELITOWEJ PROSIĄT – PRODUKCJA KWASU MLEKOWEGO,
SCFA I BCFA**

Agnieszka Chlebicz^{1*}, Katarzyna Śliżewska¹

1) Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 171/173, 91-924 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: agnieszka.chlebicz@edu.p.lodz.pl

Synbiotyki stanowią połączenie pro- oraz prebiotyków, których stosowanie ma bardziej pozytywny wpływ na mikrobiotę jelitową i jej metabolizm, aniżeli dane składniki używane indywidualnie. Metabolity wytwarzane przez mikrobiotę jelitową oddziałują na zdrowie gospodarza pozytywnie (kwas mlekowy; krótkołańcuchowe kwasy tłuszczowe, SCFA) lub negatywnie (rozgałęzione kwasy tłuszczowe, BCFA).

Celem badań było określenie wpływu 3 synbiotyków, zawierających różną liczbę probiotycznych szczepów *Lactobacillus* sp. i szczep drożdży *S. cerevisiae* oraz inulinę (prebiotyk), podawanych wraz z paszą lochom karmiącym, na stężenie kwasu mlekowego, SCFA oraz BCFA w kale ich prosiąt.

Hodowla trzody chlewnej prowadzona była przez Państwowy Instytut Weterynaryjny (Puławy, Polska). Lochy należące do grup A, B oraz C karmione były paszą z dodatkiem synbiotyków, odpowiednio: A, B oraz C. Zwierzęta przynależne do grup D i E, przyjmowały porównawczo paszę z handlowo dostępnymi preparaty probiotycznymi, odpowiednio BioPlus2B® i Cylactin® LBC. Lochy należące do grupy K otrzymywały paszę bez dodatków (grupa kontrolna). Prosięta otrzymywały preparaty synbiotyczne lub probiotyczne wraz z mlekiem matki, w zależności od grupy badawczej. Kał do badań pobrano w 7 i 28 dniu życia prosiąt. Próby kału (0,5g) zawieszono w sterylnej wodzie worteksowano, a następnie odwirowano. Supernatant przefiltrowano z zastosowaniem filtrów strzykawkowych PTFE o grubości porów 0,22 µm i poddano analizie metodą wysokosprawnej chromatografii cieczowej (HPLC). Stężenie kwasu mlekowego, SCFA (kwasu octowego, propionowego, masłowego, walerianowego) i BCFA (kwasu izomasłowego, izowalerianowego) określono stosując Surveyor HPLC System, przy użyciu kolumny Aminex HPX-87H.

Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, iż synbiotyki podawane lochom wraz z paszą przyczyniły się do istotnego wzrostu stężenia kwasu mlekowego oraz SCFA, przy jednoczesnym obniżeniu stężenia BCFA w kale prosiąt. Stosowanie probiotyków nie spowodowało tak znaczącego zwiększenia koncentracji SCFA w kale prosiąt, a ponadto nie skutkowało redukcją ilości BCFA. Synbiotyki mają korzystniejszy wpływ na metabolizm mikrobioty jelitowej prosiąt aniżeli stosowanie handlowo dostępnych probiotyków.

Praca naukowa częściowo finansowana z projektu Programu Badań Stosownych (PBS3/A8/32/2015).

**MIKROBIOLOGICZNA JAKOŚĆ POWIETRZA W APTEKACH ORAZ PROFIL OPORNOŚCI
SZCZEPÓW GRONKOWCÓW**

Emilia Jankowiak^{1*}, Łukasz Kubera¹, Marta Małecka-Adamowicz¹,
Ewa Dembowska¹

1) Zakład Mikrobiologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Nauk Przyrodniczych,
Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy, al. Powstańców Wielkopolskich 10,
85-090 Bydgoszcz

*e-mail autora do korespondencji: emilia.jankowiak@ukw.edu.pl

Wstęp i cel pracy. Powietrze w pomieszczeniach użyteczności publicznej jest bogate w różnorodne mikroorganizmy, które mogą być potencjalną przyczyną chorób i infekcji. Ma to szczególne znaczenie w placówkach opieki zdrowotnej, gdzie przebywają osoby chore, o obniżonej odporności organizmu oraz pracownicy służby zdrowia, którzy bezpośrednio narażeni są na kontakt z drobnoustrojami chorobotwórczymi. Celem niniejszej pracy była próba oceny czystości mikrobiologicznej powietrza w kilku przykładowych aptekach. Analiza obejmowała ilościowe zbadanie hodowanego aerozolu biologicznego oraz wpływu czynników, takich jak: typ stanowiska badawczego, kubatura i sezon badawczy na ilość drobnoustrojów, a także ustalenie przynależności taksonomicznej gronkowców wraz z oceną profilu ich lekooporności.

Materiały i metody. Materiał do analiz pobierano przy użyciu próbnika powietrza MAS-100, wykorzystując selektywne podłoża mikrobiologiczne. Analizę taksonomiczną szczepów mannitolu-dodatnich przeprowadzono metodą BIOLOG®. Identyfikacji grzybów pleśniowych dokonano na podstawie cech makro- i mikroskopowych w oparciu o odpowiednie klucze. Ocenę lekowrażliwości zidentyfikowanych gronkowców wykonano metodą dyfuzyjno-krążkową zgodnie z rekomendacjami EUCAST.

Wyniki: Największą średnią liczbę bakterii heterotroficznych oraz gronkowców odnotowano dla stanowisk zlokalizowanych w szpitalu. Natomiast grzybów pleśniowych najwięcej wyizolowano z aptek znajdujących się na terenie centrów handlowych. Spośród wyizolowanych pleśni wyodrębniono dwa dominujące rodzaje: *Cladosporium* oraz *Penicillium*. Analiza taksonomiczna wykazała, że wśród izolatów mannitolu-dodatnich dominowały *Staphylococcus haemolyticus* oraz *Staphylococcus aureus*. Na podstawie wykonanych antybiogramów stwierdzono, iż wyizolowane szczepy gronkowców największą oporność wykazywały wobec erytromycyny (68,2%).

Wnioski: Uzyskane wyniki wskazują, jak wiele jest czynników wpływających na czystość mikrobiologiczną powietrza pomieszczeń użyteczności publicznej oraz uświadamiają, iż miejsca takie jak apteki, mogą być źródłem potencjalnie chorobotwórczych, lekoopornych bakterii o dużym znaczeniu dla zdrowia publicznego.

WPLYW PREPARATÓW SYNBIOTYCZNYCH NA STĘŻENIE KWASÓW TŁUSZCZOWYCH W KAŁOMOCZU KURCZĄT SPF

Paulina Markowiak^{1*}, Katarzyna Śliżewska¹, Piotr Szeleszczuk², Artur Żbikowski²

1) *Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Wólczńska 171/173, 90-924 Łódź*

2) *Katedra Patologii i Diagnostyki Weterynaryjnej, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie, ul. Nowoursynowska 159c, 02-776 Warszawa*

**e-mail autora do korespondencji: paulina.markowiak@edu.p.lodz.pl*

Synbiotykami nazywamy kombinację probiotyków i prebiotyków o działaniu synergistycznym. Preparaty tego typu są powszechnie stosowane w żywieniu zwierząt hodowlanych. Celem pracy było określenie wpływu trzech nowo opracowanych preparatów synbiotycznych na stężenie kwasów tłuszczowych w kałomoczu kurcząt SPF.

Badania przeprowadzono na 84 kurczętach wylęzonych z jaj SPF, które podzielono losowo na 4 grupy. W czasie odchowu kurczętom podawano paszę *ad libitum* z dodatkiem odpowiedniego synbiotyku (preparat A, B, C). Grupę kontrolną stanowiły kurczęta karmione paszą bez dodatków. W skład preparatów synbiotycznych wchodziły bakterie z rodzaju *Lactobacillus*, drożdże *Saccharomyces cerevisiae* oraz inulina (prebiotyk). Zawartość kwasu mlekowego oraz krótkołańcuchowych (SCFA) i rozgałęzionych (BCFA) kwasów tłuszczowych w wodzie kałowej po 2 oraz 21 dniach życia ptaków badano metodą wysokosprawnej chromatografii cieczowej (HPLC).

Suplementacja paszy synbiotykami przez 21 dni spowodowała znaczny wzrost stężenia kwasu mlekowego w kałomoczu kurcząt, które wahało się od 21,94 do 26,14 $\mu\text{mol/g}$, natomiast w gr. kontrolnej utrzymywało się na podobnym poziomie jak po 2 dniach i wynosiło średnio 16,68 $\mu\text{mol/g}$. Sumaryczne stężenie SCFA w grupach zwierząt otrzymujących synbiotyki również znacząco wzrosło i wynosiło średnio 12,09 - 13,73 $\mu\text{mol/g}$. W przypadku gr. kontrolnej obserwowano obniżenie stężenia kwasów SCFA po 21 dniach, do poziomu 6,37 $\mu\text{mol/g}$. W kałomoczu kurcząt karmionych paszą zawierającą synbiotyki zaobserwowano znaczny spadek stężenia BCFA do średnio 0,23-0,28 $\mu\text{mol/g}$, natomiast w gr. kontrolnej utrzymywało się na względnie stałym poziomie i po 21 dniach wynosiło średnio 0,44 $\mu\text{mol/g}$.

Stwierdzono, że podawanie preparatów synbiotycznych ma korzystny wpływ na metabolizm mikrobioty jelitowej, przyczyniając się do wzrostu stężenia kwasu mlekowego oraz SCFA, jednocześnie wpływając na obniżenie stężenia BCFA w kałomoczu kurcząt SPF po 21 dniach stosowania. Przy czym najbardziej korzystny efekt obserwowano w przypadku synbiotyku C.

Praca naukowa częściowo finansowana przez NCBIR (projekt PBS3/A8/32/2015).

**SYNERGISTYCZNY EFEKT ALG *CHLORELLA VULGARIS* NA AKTYWNOŚĆ
ANTAGONISTYCZNĄ BAKTERII FERMENTACJI MLEKOWEJ W STOSUNKU DO BAKTERII
CHOROBOTWÓRCZYCH**

Sylwia Ścieszka^{1*}, Michał Sójka², Elżbieta Klewicka¹

1) Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Politechnika Łódzka,
ul. Wólczańska 171/173, 90-924 Łódź

2) Instytut Technologii i Analizy Żywności, Politechnika Łódzka,
ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: sylwia.scieszka@edu.p.lodz.pl

Algi są rezerwuarem związków biologicznie aktywnych potencjalnie nadającym się do tworzenia fermentowanej żywności funkcjonalnej. Połączenie produktów fermentowanych bogatych w bakterie fermentacji mlekowej z algami, pozwoli nie tylko na uzyskanie produktów bogatych w niezbędne składniki odżywcze, ale również na utworzenie nowego segmentu żywności fermentowanej.

Celem pracy była ocena wpływu alg *Chlorella vulgaris* na aktywność antagonistyczną bakterii fermentacji mlekowej w stosunku do bakterii chorobotwórczych.

Materiał biologiczny stanowiły 4 szczepy bakterii z gatunku *Lactobacillus brevis* wyizolowane z kiszonek roślinnych oraz bakterie chorobotwórcze (*Listeria monocytogenes* ATCC 19111, *Enterococcus faecalis* ATCC 29212, *Escherichia coli* ATCC 10536, *Staphylococcus aureus* ATCC 27734). Badanie wykonano metodą słupkową z zastosowaniem sproszkowanych alg *Chlorella vulgaris* w różnych stężeniach (0,1–3,0%).

Uzyskane wyniki pokazały, że badane szczepy bakterii fermentacji mlekowej wykazały największą aktywność antagonistyczną w stosunku do *Listeria monocytogenes*. Ponadto, dodatek alg w stężeniu do 1,5% do środowiska wzrostowego bakterii *Lactobacillus brevis*, powoduje zwiększenie stref zahamowania wzrostu wokół słupków z bakteriami fermentacji mlekowej. Największą aktywność antagonistyczną charakteryzował się szczep *Lactobacillus brevis* ŁOCK 0944, natomiast najmniejszą *Lactobacillus brevis* ŁOCK 0980.

Dodatek alg *Chlorella vulgaris* w stężeniu do 1,5% do środowiska wzrostowego badanych bakterii *Lactobacillus brevis* powoduje zwiększenie ich aktywności antagonistycznej w stosunku do bakterii *Listeria monocytogenes* ATCC 19111, *Enterococcus faecalis* ATCC 29212, *Escherichia coli* ATCC 10536, *Staphylococcus aureus* ATCC 27734. Algi *Chlorella vulgaris* jako dodatek do produktów żywieniowych dostarczają nie tylko substancji bioaktywnych, ale również mogą stanowić czynnik ochronny podczas przechowywania produktów.

**IDENTYFIKACJA ISTOTNYCH KLINICZNIE BAKTERII Z RODZAJÓW *STREPTOCOCCUS*
I *ENTEROCOCCUS* Z UŻYCIEM SEKWENCJONOWANIA GENÓW *16S rRNA*, *SOD A*, *RPO B*
ORAZ *TUF***

Mariola Wolska¹, Dorota Żabicka², Ewa Sadowy³, Jacek Międzobrodzki¹,
Maja Kosecka-Strojek^{1*}

1) Zakład Mikrobiologii, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii,
Uniwersytet Jagielloński w Krakowie, ul. Gronostajowa 7, 30-387 Kraków

2) Zakład Epidemiologii i Mikrobiologii Klinicznej, Narodowy Instytut Leków,
ul. Chełmska 30/34, 05-077 Warszawa

3) Zakład Mikrobiologii Molekularnej, Narodowy Instytut Leków, ul. Chełmska 30/34,
05-077 Warszawa

*e-mail autora do korespondencji: maja.kosecka-strojek@uj.edu.pl

Bakterie z rodzajów *Streptococcus* i *Enterococcus* mają duże znaczenie kliniczne i epidemiologiczne, a rutynowa diagnostyka zakażeń przez nie powodowanych nie zawsze pozwala na jednoznaczną identyfikację gatunkową. Rozwój technik biologii molekularnej pozwolił na wprowadzenie szybkiej i wiarygodnej diagnostyki zakażeń powodowanych przez te mikroorganizmy.

Celem pracy była identyfikacja gatunkowa szczepów z rodzajów *Streptococcus* i *Enterococcus* z zastosowaniem metod genetycznych i fenotypowych oraz wyznaczenie najbardziej dyskryminującej metody identyfikacji.

Z użyciem metod stosowanych w rutynowej diagnostyce mikrobiologicznej zidentyfikowano 30 izolatów pochodzenia klinicznego, 25 z rodzaju *Streptococcus* i 5 *Enterococcus*. W celu precyzyjnej identyfikacji oraz wyznaczenia najbardziej różnicującej metody, zastosowano sekwencjonowanie Sangera genów *16S rRNA*, *sodA*, *rpoB* oraz *tuf*. Za pomocą wszystkich 4 genów, zidentyfikowano 21 gatunków paciorkowców i 4 gatunki enterokoków, 2 gatunki *Streptococcus* i 1 gatunek *Enterococcus* oznaczono po analizie trzech genów, a po jednym gatunku paciorkowców i enterokoków po analizie dwóch genów. Sekwencjonowanie genu *16S rRNA* pozwoliło jedynie na identyfikację 11 gatunków paciorkowców (44%), *sodA* 14 (56%) gatunków paciorkowców i 3 (60%) gatunków enterokoków, *tuf* i *rpoB* odpowiednio 16 (64%) i 15 (60%) gatunków paciorkowców i 5 (100%) gatunków enterokoków. Uzyskane wyniki przeanalizowano z użyciem dwóch publicznie dostępnych baz danych. Testy fenotypowe pozwoliły zidentyfikować 23 gatunki paciorkowców i 5 enterokoków. Uzyskane wyniki wskazują, iż analiza sekwencji genów jest metodą bardziej wiarygodną, niż rutynowe testy fenotypowe używane w jednostkach diagnostycznych. Sekwencjonowanie genu *16S rRNA* cechowało się najniższą siłą dyskryminującą, a sekwencjonowanie genów *tuf* oraz *rpoB* najwyższą siłą dyskryminującą co pozwoliło na jednoznaczną identyfikację gatunkową wszystkich izolatów. Praca powstała w wyniku realizacji projektu badawczego o nr UMO-2016/21/N/NZ6/00981 (dla M.K.S.) finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki (NCN).

**WPLYW RÓŻNEJ DŁUGOŚCI FAL ŚWIATŁA WIDZIALNEGO NA PRZEŻYWALNOŚĆ
PAŁECZEK LISTERIA MONOCYTOGENES**

Klaudia Brożek^{1*}, Krzysztof Skowron¹, Natalia Wiktorczyk¹,
Eugenia Gospodarek-Komkowska¹

1) Katedra i Zakład Mikrobiologii, Wydział Farmaceutyczny, Collegium Medicum
im. L. Rydygiera UMK w Bydgoszczy, ul. Curie-Skłodowskiej 9, 85-094 Bydgoszcz
*e-mail autora do korespondencji: klaudia.brozek@onet.pl

Pałeczki *Listeria monocytogenes* są czynnikiem etiologicznym listeriozy – choroby przenoszonej głównie za pośrednictwem żywności. *L. monocytogenes* stanowi poważny problem w zakładach spożywczych i z tego względu celowe jest poszukiwanie nowych metod eliminacji tych pałeczek.

Celem pracy była ocena wpływu wybranych długości światła widzialnego na przeżywalność pałeczek *L. monocytogenes* w zawiesinie, odcieku mięsny i na powierzchni surowego mięsa.

Materiał do badań stanowiło 8 szczepów *L. monocytogenes* izolowanych z mięsa wieprzowego oraz szczep wzorcowy ATCC 19111. Przygotowano zawiesiny bakterii *L. monocytogenes* w zbuforowanym roztworze soli fizjologicznej (0,5 w skali McFarlanda) oraz skontaminowano pałeczkami uprzednio przygotowany odciek mięsny i powierzchnię kawałków surowego mięsa. Następnie próby poddawano działaniu światła widzialnego o 6. różnych długościach fali (465 nm, 520 nm, 595 nm, 615 nm, 630 nm i światło białe naturalne) przez 20 min. W celu oceny obecności pałeczek, badane próby wysiano na podłoże Columbia Agar (Becton Dickinson) z dodatkiem 5,0% krwi baraniej i po 24–48 h inkubacji w temperaturze 37°C zliczono wyrosłe kolonie.

Wśród ocenianych długości fal światła widzialnego, najwyższą inaktywację bakterii we wszystkich badanych środowiskach, wykazano przy długości fali 465 nm (światło niebieskie). W tym przypadku liczba odzyskiwanych bakterii wynosiła od 2,68 log jtk×cm⁻² dla zawiesiny do 4,82 log jtk × cm⁻² dla powierzchni surowego mięsa. Równie skuteczne działanie notowano po zastosowaniu fal o długości 630 nm (światło czerwone) i 520 nm (światło zielone). Najniższą inaktywację pałeczek *L. monocytogenes* stwierdzono po działaniu światłem o długości fali 615 nm (światło pomarańczowe). W całym doświadczeniu, przy tej długości fali światła, odnotowano największe liczby przetrwałych bakterii.

W przeprowadzonym doświadczeniu wykazano skuteczne działanie światła o długości fali 465 nm, 520 nm oraz 630 nm wobec pałeczek *L. monocytogenes* w badanych warunkach. Wykorzystanie tych długości fali może okazać się skutecznym narzędziem w celu zabezpieczenia żywności przed rozwojem w niej pałeczek *L. monocytogenes*, a tym samym może przyczynić się do prewencji rozwoju listeriozy wśród ludzi.

**PYL OSIADŁY JAKO ŹRÓDŁO ZAGROŻENIA MIKROBIOLOGICZNEGO NA
STANOWISKACH PRACY ROLNIKA**

Anita Jachowicz^{1*}, Justyna Szulc¹, Małgorzata Okrasa², Katarzyna Majchrzycka²,
Beata Gutarowska¹

1) *Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka, ul. Wółczańska 171/173, 90-924 Łódź*

2) *Centralny Instytut Ochrony Pracy – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Wierzbowa 48,
90-133 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: anita.jachowicz@edu.p.lodz.pl

Wstęp i cel pracy: Rolnicy narażeni są w czasie wykonywania prac na kontakt z pyłem organicznym pochodzenia roślinnego, który jest źródłem drobnoustrojów. W związku z tym w środowiskach pracy w którym jest wysoki poziom zapylenia zaleca się stosowanie odpowiedniego sprzętu do ochrony układu dróg oddechowych. Badania na temat wpływu czynników środowiskowych na przeżywalność drobnoustrojów są niezbędne do konstruowania środków ochrony indywidualnej oraz określenia bezpiecznego czasu ich użytkowania. Celem badań była weryfikacja opracowanego prognostycznego modelu matematycznego do oceny przeżywalności drobnoustrojów na półmaskach filtracyjnych.

Materiały i metody: Analizę mikrobiologiczną prób powietrza, pyłu osiadłego oraz półmasek filtracyjnych użytkowanych przez rolników podczas żniw wykonano metodami hodowlanymi.

Wyniki: Stwierdzono, że liczba drobnoustrojów w powietrzu na stanowiskach pracy rolnika wzrasta podczas wykonywania prac do poziomu 10^3 - 10^4 jtk/m³, co wynika ze zwiększonego stężenia pyłu w powietrzu ($PM_{total} = 6$ - 10 mg/m³). Analiza ilościowa pyłu osiadłego wykazała, że ogólna liczba bakterii (10^6 jtk/g) jest wyższa o 1-2 log w porównaniu do ogólnej liczby grzybów (10^4 - 10^5 jtk/g). Zaobserwowano wysoki współczynnik korelacji pomiędzy masą zatrzymanego pyłu na półmaskach filtracyjnych (od 0,46 g – 0,62 g), a wzrostem liczby drobnoustrojów ($3,5 \times 10^4$ – $1,7 \times 10^5$ jtk/4cm²) w czasie użytkowania półmasek ($R^2 > 0,9$).

Podsumowanie/wnioski: Pył organiczny zanieczyszczony mikroorganizmami jest zagrożeniem dla rolników, dlatego zaleca się stosowanie półmasek jednokrotnego użytku, które powinny być zdejmowane po 30 minutach użytkowania.

Badania wykonywane są w ramach projektu: „Opracowanie prognostycznego modelu mikrobiologicznego do oceny bezpieczeństwa stosowania sprzętu ochrony układu oddechowego w środowisku szkodliwych bioaerozoli”, Centralny Instytut Ochrony Pracy – Państwowy Instytut Badawczy, Łódź. Projekt finansowany przez NCBiR.

**WPLYW CHORÓB TOWARZYSZĄCYCH NA WYSTĘPOWANIE, PRZEBIEG I CIĘŻKOŚĆ
POKRZYWKI WŚRÓD PACJENTÓW KLINIKI ALERGOLOGII, IMMUNOLOGII KLINICZNEJ
I CHORÓB WEWNĘTRZNYCH W LATACH 2012-2018**

Jagoda Karczewska^{1*}, Natalia Ukleja-Sokołowska¹, Robert Zacniewski¹,

Justyna Durślewicz², Zbigniew Bartuzi¹

1) *Katedra i Klinika Alergologii, Immunologii Klinicznej i Chorób Wewnętrznych, Wydział Lekarski, Collegium Medicum w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, ul. Ujejskiego 75, 85-168 Bydgoszcz*

2) *Katedra i Zakład Patomorfologii Klinicznej, Wydział Lekarski, Collegium Medicum w Bydgoszczy Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu, ul. Curie-Skłodowskiej 9, 85-094 Bydgoszcz*

*e-mail autora do korespondencji: karczewska.jagoda@gmail.com

Wstęp i cel: Pokrzywka jest często występującą chorobą skórą o złożonej, wieloczynnikowej patogenezie. Bąble pokrzywkowe, świąd i obrzęk naczynioruchowy są efektem reakcji naczyniowej determinowanej przez komórki tuczne w odpowiedzi na zewnętrzne czynniki alergiczne, chemiczne i fizyczne. Celem niniejszej pracy była analiza czynników ryzyka, takich jak inne choroby towarzyszące oraz ich udział w nasileniu i przebiegu pokrzywki.

Materiał i metody: Dokonano analizy retrospektywnej dokumentacji medycznej pacjentów Kliniki Alergologii, Immunologii Klinicznej i Chorób Wewnętrznych, Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu w latach 2012–2018. Przeanalizowaliśmy historie medyczne 174 pacjentów (127 kobiet, 47 mężczyzn) w kierunku czasu i liczby hospitalizacji, chorób towarzyszących i alergii.

Wyniki: Dwukrotnie więcej pacjentów choruje na inne choroby towarzyszące (poza alergią) w porównaniu do liczby pacjentów bez chorób towarzyszących. Liczba pacjentów z innymi chorobami rośnie wraz z wiekiem. W grupie pacjentów starszych niż 60 lat aż 85% cierpi z powodu innej choroby. Wśród hospitalizacji dłuższych niż 11 dni wszyscy pacjenci mieli choroby towarzyszące. Najczęstszymi chorobami były: nadciśnienie tętnicze (17%), niedoczynność tarczycy (14%), zapalenie błony śluzowej żołądka (10%), astma (9%) i nieżyt nosa (8%). W badanej grupie było 50% pacjentów obciążonych chorobami o podłożu alergicznym. Im dłuższy czas hospitalizacji tym częściej obserwowano przypadki pokrzywek nie alergiczych.

Wnioski: Na przebieg i stopień nasilenia pokrzywy wpływa wiele czynników. Choroby towarzyszące wydłużają czas pobytu chorego w szpitalu. Nie można wykluczyć, że choroby towarzyszące są przyczyną wydłużonego pobytu pacjenta, a nie cięższa postać pokrzywki. Objawy pokrzywki, u której podstaw leżą reakcje alergiczne, ustępują szybciej niż objawy w przypadku innych typów pokrzywki, co może wynikać z lepszej odpowiedzi na leczenie.

**WPLYW WARUNKÓW ŚRODOWISKOWYCH NA ADHEZJĘ KOMÓREK *ESCHERICHIA COLI*
I STAN FIZJOLOGICZNY POPULACJI TWORZĄCYCH BIOFILMY**

Przemysław Liczbiński^{1*}, Dorota Kręgiel¹

1) Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności
Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 171/173, 90-924 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: przemekliczbinski14@gmail.com

Biofilmy występują we wszystkich systemach dystrybucji wody. Stanowią one specyficzne konsorcja umożliwiające przeżywalność komórek w różnych warunkach stresu środowiskowego. Występowanie biofilmów w systemach dystrybucji powoduje znaczne pogorszenie jakości wody, zarówno pod względem chemicznym jak i mikrobiologicznym.

Przeprowadzone badania miały na celu dokonanie oceny wpływu warunków środowiskowych na tworzenie biofilmów oraz stan fizjologiczny bakterii tworzących takie konsorcja. Ocena dynamiki tworzenia biofilmów dla bakterii *Escherichia coli* ATCC 8738 prowadzono w czasie 3 tygodniowych inkubacji w temperaturze 25 i 18°C, w 3 rodzajach pożywek hodowlanych, różniących się dostępnością substancji odżywczych, stosując 2 różne powierzchnie abiotyczne (szkło, PET). Badania prowadzono stosując konwencjonalną metodą wymazów i wysiewów ilościowych. Stan fizjologiczny populacji tworzących biofilmy oceniano porównując wyniki analiz wysiewów po 48 godzinach i 7 dniach inkubacji.

Otrzymane wyniki pozwoliły potwierdzić, że adhezja i tworzenie biofilmów ma silne uwarunkowanie środowiskowe. Największy obrost biologiczny mierzony liczą żywych komórek (jtk/cm²) do nośnika szklanego i PET w temp. 18°C wyniósł $2,48 \times 10^5$ (zburowana woda peptonowa WP) oraz $7,25 \times 10^5$ (50-krotnie rozcieńczona WP), a mierzony względnym współczynnikiem adhezji (%), wyniósł odpowiednio 0,19 oraz 0,26. W wyższej temperaturze wynoszącej 25°C stwierdzono większą aktywność adhezyjną bakterii. Przedłużona inkubacja wysiewów do 7 dni wykazała obecność w utworzonych biofilmach komórek bakterii o obniżonej aktywności metabolicznej, czego efektem było zwiększenie liczby wyrosłych kolonii od 3 do 26%. Udział komórek o obniżonej aktywności metabolicznej był zależny od warunków środowiska i wynosił od 0,23 do 28%. Badania wykazały wpływ warunków środowiskowych na rozwój biofilmów.

**REAKTYWNE FORMY TLENU (RFT) I AZOTU (RFN) W REAKCJACH OBRONNYCH
POMIDORA NA *BOTRYTIS CINEREA* INDUKOWANYCH PRZEZ *TRICHODERMA VIRENS*
TRS106**

Aleksandra Maćkowiak^{1*}, Justyna Nawrocka¹, Urszula Małolepsza¹

*1) Katedra Fizjologii i Biochemii Roślin, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: aleksandramackowiak06@gmail.com*

Botrytis cinerea Pers. jest patogenem powodującym chorobę szarej pleśni w uprawach wielu gatunków roślin. Patogen poraża liście, pędy, kwiaty i owoce tej rośliny skracając okres wegetacyjny i powodując obniżenie plonowania. Do walki z *B. cinerea* wykorzystywane są chemiczne środki ochrony roślin, jednak grzyb przystosowuje się do fungicydów, w jego populacji szybko pojawiają się szczepy odporne na środki ochrony.

Badania skierowane są na poszukiwanie alternatywnych metod ochrony roślin z użyciem nowego, polskiego szczepu grzybów *Trichoderma*: *T. virens* TRS106. Grzyby z rodzaju *Trichoderma* są zaliczane do czynników kontroli biologicznej (BCA, Biological Control Agents) i wykorzystywane są do ochrony roślin przed patogenami. Zasadlając korzenie roślin-gospodarzy mogą indukować naturalne reakcje obronne roślin i odporność systemiczną. W odporność indukowaną przez te grzyby zaangażowane są szlaki sygnałowe zarówno ISR (ang. Induced Systemic Resistance) jak i SAR (ang. Systemic Acquired Resistance) jednak coraz więcej danych pokazuje, że jest to odporność typu „mieszanego” ISR/SAR, którą określa się jako TISR (ang. *Trichoderma* Induced Systemic Resistance).

Głównym celem badań było sprawdzenie jak obecność zarodników *T. virens* TRS106 w podłożu do uprawy pomidora wpływa na porażanie części nadziemnych roślin przez *B. cinerea*. W roślinach traktowanych i nietraktowanych *Trichoderma*, inokulowanych i nieinokulowanych *B. cinerea* badano zmiany w generowaniu reaktywnych form tlenu (RFT) i azotu (RFN) jako biochemicznych markerów reakcji obronnych i odporności indukowanej w roślinach. Obecność zarodników *T. virens* TRS106 w podłożu do uprawy pomidora stymulowała wzrost roślin mierzony ich wysokością oraz przyrostem świeżej i suchej masy części podziemnych i nadziemnych. Liście roślin uprawianych w podłożu z zarodnikami TRS106 były słabiej porażane przez *B. cinerea* w porównaniu z roślinami uprawianymi w podłożu bez TRS106. W roślinach, u których rozwój choroby szarej pleśni był zahamowany, obserwowano zwiększone generowanie RFT tj. anionorodnika ponadtlenkowego, nadtlenu wodoru, któremu towarzyszyły zmiany w stężeniu tlenu azotu i *S*-nitrozotoli.

Wyniki wskazują, że badane cząstki mogą być ważnym elementem złożonego szlaku sygnałowego odporności pomidora indukowanej przez TRS 106, wzmacniające naturalną ochronę przed chorobą szarej pleśni.

BIOLOGICZNE METODY WALKI Z PATOGENEM *LISTERIA MONOCYTOGENES*

Lidia Piekarska^{1*}, Joanna Milala², Robert Klewicky², Elżbieta Klewicka¹,
Natalia Rosół², Michał Sójka², Bożena Matysiak³, Jarosław Markowski³

1) Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 171/173, 90-924 Łódź

2) Instytut Technologii i Analizy Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź

3) Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 maja 1/3, 96-100 Skierniewice

*e-mail autora do korespondencji: lidiapiekarska@edu.p.lodz.pl

Do rodzaju *Listeria* zalicza się 6 gatunków, w tym patogeny dla ludzi gatunek *Listeria monocytogenes*. Od lat 80. XX wieku, na terenie Unii Europejskiej (w tym Polska), oraz Stanów Zjednoczonych, nieustannie wzrasta liczba zakażeń listeriozą, która w 30% kończy się śmiercią pacjentów.

Celem pracy była analiza potencjału przeciwdrobnoustrojowego polifenoli uzyskanych z przemysłowych wyłoków z pseudoowoców róży pomarszczonej *Rosa rugosa* Thunb. („Polska Róża”) oraz właściwości antagonistycznych szczepów z rodzaju *Lactobacillus*, w stosunku do patogennych bakterii *Listeria monocytogenes*.

Materiał badawczy w niniejszej pracy stanowiły cztery ekstrakty z wyłoków uzyskane za pomocą ekstrakcji wodno-acetonowej i wodno-etanolowej. Ekstrakty surowe pozyskane zostały jedynie poprzez ekstrakcję rozpuszczalnikową. Część ekstraktów poddano oczyszczaniu z zastosowaniem chromatografii kolumnowej z użyciem złoża XAD 1600N. Jako materiał biologiczny wykorzystano dwa szczepy bakterii z gatunku *Listeria monocytogenes* (ATCC) oraz siedem szczepów bakterii z rodzaju *Lactobacillus*, zdeponowanych w Kolekcji Czystych Kultur Przemysłowych ŁOCK 105. Aktywność antagonistyczną ekstraktów z wyłoków z pseudoowoców badano metodą dyfuzyjno-studzienkową. Natomiast aktywność antagonistyczną bakterii fermentacji mlekowej badano metodą wzrostu wspólnego (rysowego).

W przeprowadzonych badaniach wykazano, że badane szczepy *Lactobacillus* spp. posiadają zdolność do efektywnego hamowania rozwoju bakterii *Listeria monocytogenes*. Najwyższą aktywność antagonistyczną w stosunku do bakterii patogennych, w obu przypadkach, charakteryzuje bakterie: *Lactobacillus casei* ŁOCK 0979, *Lactobacillus acidophilus* ŁOCK 0928 oraz *Lactobacillus rhamnosus* ŁOCK 0943. Badanie potencjału przeciwdrobnoustrojowego polifenoli zawartych w wyłokach z pseudoowoców róży pomarszczonej pokazuje, że wszystkie z nich są w stanie ograniczyć rozwój patogenów przy stężeniu polifenoli 20 mg/ml. Zdecydowany wpływ na otrzymane wyniki ma skład jakościowy i ilościowy polifenoli badanych ekstraktów związany ze sposobem ich otrzymywania.

Podsumowując, możliwe jest zahamowanie rozwoju patogennych bakterii *Listeria monocytogenes* za pomocą substancji pochodzenia naturalnego oraz mikroflory bytującej w fermentowanej żywności.

**AKTYWNOŚĆ PRZECIWDROBNOUSTROJOWA KOMERCYJNYCH PREPARATÓW
*ARTHROSPIRA PLATENSIS***

Aleksandra Plucińska^{1*}, Alina Kunicka-Styczyńska¹, Monika Mikołajczyk¹,
Katarzyna Janda²

1) Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 171/173, 90-924 Łódź

2) Zakład Biochemii i Żywienia Człowieka, Wydział Nauk o Zdrowiu,
Pomorski Uniwersytet Medyczny w Szczecinie, ul. Broniewskiego 24, 71-460 Szczecin
*e-mail autora do korespondencji: aleksandra.plucinska@edu.p.lodz.pl

Ze względu na rosnącą odporność mikroorganizmów na obecnie dostępne leki i antybiotyki, poszukiwane są alternatywne oraz biodegradowalne związki pochodzenia naturalnego o możliwej aktywności przeciwdrobnoustrojowej. Potencjalne źródło związków bioaktywnych o działaniu przeciwdrobnoustrojowym mogą stanowić mikroglony gatunku *Arthrospira platensis*.

Celem badań było określenie aktywności wodnych oraz etanolowych ekstraktów komercyjnych preparatów spiruliny (*Arthrospira platensis*) różnego pochodzenia wobec wybranych drobnoustrojów.

Ocenę wrażliwości mikroorganizmów na ekstrakty spiruliny przeprowadzono metodą agarowo-dyfuzyjną. Do testów wybrano bakterie gram-dodatnie *Bacillus subtilis*, *Staphylococcus epidermidis*, bakterie gram-ujemne *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, drożdże *Candida* sp. oraz pleśnie *Aspergillus niger*, *Penicillium expansum*. W badaniach wykorzystano 29 preparatów pochodzących z USA, Chin, Rosji, Niemiec, Czech, Wielkiej Brytanii oraz Islandii.

Stwierdzono, że ekstrakty wodne i etanolowe uzyskane z komercyjnych preparatów spiruliny hamują wzrost wszystkich badanych drobnoustrojów. Wobec testowanych szczepów bakterii oraz drożdży wyższą aktywność wykazywały ekstrakty etanolowe. Wyjątek stanowiły pleśnie, których wzrost był silniej hamowany przez ekstrakty wodne niż ekstrakty etanolowe spiruliny. Mniejszą wrażliwość zarówno na ekstrakty wodne, jak i etanolowe wykazały bakterie gram-ujemne oraz drożdże. Najmniej wrażliwe na działanie ekstraktów spiruliny były bakterie *Escherichia coli*. Ekstrakty spiruliny mogą potencjalnie wspomagać zachowanie stabilności mikrobiologicznej różnych matryc spożywczych i kosmetycznych.

WYKORZYSTANIE DROŻDŻY W TECHNOLOGII FERMENTOWANYCH NAPOJÓW ALKOHOLOWYCH

Mateusz Różański^{1*}, Maria Balcerek¹, Katarzyna Pielech-Przybylska¹

1) Zakład Technologii Spirytusu i Drożdży, Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Wólczńska 171/173, 90-924 Łódź

**e-mail autora do korespondencji: mateusz.rozanski@edu.p.lodz.pl*

Wstęp: W procesie fermentacji alkoholowej, obecne w zacierze słodkim cukry przekształcane są do etanolu. W przemyśle najczęściej wykorzystywane są w tym celu drożdże. Gatunek *Saccharomyces cerevisiae* jest jednym z ważniejszych i szeroko stosowanych w bioprodukcji. Przemawia za tym szereg powodów, m.in. wydajna produkcja etanolu, wysoka tolerancja na etanol, łatwość kontrolowania procesu w skali przemysłowej, status GRAS. Szczep wykorzystywanych w produkcji drożdży ma bezpośredni wpływ na jakość uzyskiwanego napoju alkoholowego.

Cel pracy: Zbadanie wpływu początkowego pH nastawu fermentacji, zawartości cukrów w zacierach żytnich na aktywność fermentacyjną drożdży i wydajność fermentacji oraz stężenia produktów ubocznych, tj. związków karbonylowych, kwasów, alkoholi i estrów w otrzymanych destylatach.

Materiały i metody: Wykaz surowców i materiałów niezbędnych do przygotowania zacierów: żyto Dańkowskie Diament, preparaty enzymatyczne Termamyl S.C., Saczyme L, Viscoferm, Neutrase (Novozymes, Dania) oraz drożdże gorzelnicze Ethanol Red (Fermentis, Division S.I. Lesaffre, Francja). Do przygotowania zacierów wykorzystano metodę bezciśnieniowego uwalniania skrobi (BUS). pH początkowe doprowadzano do wartości 3,5; 4,5 i 5,5. Zacieranie, fermentację oraz odpęd prowadzono w kadziach typu ZFD (Zacierno-Fermentacyjno-Destylacyjnych). Analizę składu zacierów przeprowadzono z wykorzystaniem metod chemicznych, natomiast skład chemiczny otrzymanych destylatów, badano metodą chromatografii gazowej.

Wyniki: Wydajność fermentacji mieściła się w zakresie 80,3–89,8% wydajności teoretycznej. Stopień odfermentowania we wszystkich próbach przekroczył 90%. Zawartość związków karbonylowych i alkoholi wyższych była najwyższa w destylatach otrzymanych z zacierów o najniższym pH początkowym, natomiast stężenia kwasów i estrów były większe w próbach fermentacyjnych o wyższym pH początkowym.

Wnioski: W technologii fermentowanych napojów alkoholowych najistotniejsza jest jakość końcowego produktu. Ta zależy od szeregu parametrów poszczególnych etapów wytwarzania, a także obecności wielu związków chemicznych determinujących zapach i smak alkoholu. Dobór warunków fermentacji (m.in. pH) wpływa na aktywność fermentacyjną drożdży i wydajność procesu, oraz zapewnia pożądany poziom standardów jakościowych produkowanego alkoholu.

**ELIMINACJA ZWIĄZKÓW Z GRUPY PCPS PRZEZ GRZYBY STRZĘPKOWE Z RODZAJU
*TRICHODERMA***

Aleksandra Tończyk^{1*}, Magdalena Ulanowska¹, Marta Nowak², Katarzyna
Zawadzka², Katarzyna Lisowska²

1) *Studenckie Koło Naukowe Biotechnologiczno-Mikrobiologiczne „Bio-Mik”*,

Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

2) *Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony*

Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: marta.nowak1@unilodz.eu

Produkty ochrony indywidualnej (ang. *personal care products*, PCPs), to zróżnicowana grupa związków chemicznych stosowanych jako dodatki w mydłach, szamponach, filtrach UV, środkach dezynfekujących i innych. Związki te stanowią grupę substancji o potencjalnie toksycznym i niebezpiecznym oddziaływaniu na środowisko naturalne. Mimo iż ich pozostałości obecne są w ekosystemach w stosunkowo niskich stężeniach to w wyniku ich ciągłej emisji do środowiska mogą długotrwale oddziaływać na organizmy żywe. Przemiany PCPs w środowisku naturalnym są bardzo słabo poznane, dlatego zasadne jest podjęcie badań dotyczących ich mikrobiologicznej degradacji przez grzyby strzępkowe z rodzaju *Trichoderma* powszechnie występujące w środowisku.

Celem niniejszej pracy była ocena zdolności grzybów strzępkowych z rodzaju *Trichoderma* do eliminacji dwóch związków z grupy PCPs – chloroxylenolu (PCMX) oraz chlorku benzalkoniowego (BAC).

Hodowle szczepu *Trichoderma* sp. QF10 prowadzono w różnych wariantach podłoża Lobos, bez lub z dodatkiem glukozy, w obecności PCMX w stężeniu 5 mg/L oraz BAC w stężeniu 50 µg/L w temperaturze 28°C na wytrząsarce obrotowej (120 rpm) w ciągu 5 dni. Następnie grzybnie homogenizowano i ekstrahowano octanem etylu (PCMX) lub z wykorzystaniem zmodyfikowanej metody QuEChERS (BAC). Analizę ilościową przeprowadzono z użyciem technik chromatografii gazowej (GC/MS) i cieczowej (LC-MS/MS) sprzężonych ze spektrometrią mas.

Przeprowadzone badania wykazały, że spośród badanych ksenobiotyków, tylko BAC uległ całkowitej eliminacji już po 120 h inkubacji na podłożu Lobos z dodatkiem glukozy. W przypadku PCMX stopień eliminacji wynosił 20%.

ELIMINACJA CHLOROXYLENOLU (PCMX) PRZEZ SZCZEP***TRICHODERMA CITRINOVIRIDAE***

Magdalena Ulanowska^{1*}, Aleksandra Tończyk¹, Marta Nowak², Katarzyna Zawadzka², Katarzyna Lisowska²

1) *Studenckie Koło Naukowe Biotechnologiczno-Mikrobiologiczne „Bio-Mik”*,

Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

2) *Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony*

Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: marta.nowak1@unilodz.eu

Wstęp: Chloroxylenol (para-chloro-meta-ksylenol, PCMX) to substancja organiczna, która należy do grupy związków fenolowych. Związek ten stanowi skuteczny środek antyseptyczny i dezynfekujący, stosowany zarówno do oczyszczania skóry, ran, jak i narzędzi chirurgicznych. Ponadto, często dodaje się go do leków przeciwlupieżowych i przeciwtrądzikowych dostępnych bez recepty oraz różnych kosmetyków, np. preparatów do włosów, makijażu i paznokci. Niskie stężenia chloroxylenolu nie są szkodliwe dla ludzi. Jednakże, liczne badania toksykologiczne potwierdziły jego ostrą toksyczność oraz aktywność mutagenną wobec bezkręgowców i ryb w zakresie stężeń od 4 $\mu\text{g L}^{-1}$ do 200 $\mu\text{g L}^{-1}$. W środowisku związek ten może ulegać akumulacji w zbiornikach wodnych i glebie, zaburzając prawidłowe funkcjonowanie ekosystemów. Dlatego poszukuje się skutecznych metody eliminacji PCMX ze środowiska. Grzyby strzępkowe z rodzaju *Trichoderma*, które charakteryzują się wysoką tolerancją wobec związków toksycznych, a także zdolnością do zasiedlania różnicowanych ekosystemów, mogą być wykorzystywane w bioremediacji skażonych środowisk.

Cel: Celem niniejszej pracy było zbadanie zdolności szczepu *Trichoderma citrinoviridae* (IM 6325) do biodegradacji chloroxylenolu.

Materiały i metody: Szczep *Trichoderma citrinoviridae* (IM 6325) hodowano w podłożu płynnym Lobos oraz Lobos z dodatkiem glukozy, w obecności chloroxylenolu, o stężeniu 5 mg L^{-1} . Następnie próby ekstrahowano i poddano analizie GC-MS (chromatografia gazowa sprzężona ze spektrometrią mas) w celu oceny wydajności eliminacji.

Wyniki i wnioski: *Trichoderma citrinoviridae* to gatunek, który wydajnie usuwa szeroką gamę ksenobiotyków ze środowiska. W niniejszej pracy zaobserwowano 10% ubytek chloroxylenolu z podłoża, co może wskazywać na to, że jego struktura chemiczna jest trudno biodegradowalna.

**OCENA WPŁYWU DODATKU KRWI BARANIEJ NA ZDOLNOŚĆ TWORZENIA BIOFILMU
PRZEZ SZCZEPY *LISTERIA MONOCYTOGENES***

Natalia Wiktorczyk^{1*}, Katarzyna Grudlewska¹, Krzysztof Skowron¹, Grzegorz Gryń²,
Eugenia Gospodarek-Komkowska¹

1) Katedra i Zakład Mikrobiologii, Wydział Farmaceutyczny, Collegium Medicum
im. L. Rydygiera UMK w Bydgoszczy, ul. Curie-Skłodowskiej 9, 85-094 Bydgoszcz

2) Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy,
al. Powstańców Wielkopolskich 10, 85-090 Bydgoszcz

*e-mail autora do korespondencji: natalia12127@gmail.com

Listeria monocytogenes to Gram-dodatnie, względnie beztlenowe pałeczki, powszechnie występujące w środowisku naturalnym. Są czynnikiem etiologicznym listeriozy. Bakterie te mają zdolność tworzenia biofilmu na powierzchniach zarówno żywionych, jak i nieżywionych. Cecha ta stanowi istotne zagrożenie dla pacjentów hospitalizowanych, zwłaszcza tych, u których zastosowano cewniki naczyniowe i wewnątrzkomorowe.

Celem badania była ocena zdolności tworzenia biofilmu przez szczepy *L. monocytogenes* na powierzchni polipropylenu, w bulionie odżywczym z dodatkiem krwi baraniej. Materiał do badań stanowił szczep wzorcowy *L. monocytogenes* ATCC 7644 oraz jeden szczep izolowany z krwi (1K) i jeden z marchwi (1M). Oceniono zdolność tworzenia biofilmu na powierzchni polipropylenu w bulionie wzbogaconym krwią baranią w objętości 5,0, 10,0, 20,0 i 50,0%.

Wykazano, że szczep 1K *L. monocytogenes* najsilniej tworzył biofilm wraz ze zwiększającym się dodatkiem objętościowym krwi (bulion odżywczy – $4,87 \times 10^5$ j.t.k. $\times$ cm⁻², dodatek krwi 50,0% (v/v) – $3,40 \times 10^7$ j.t.k. $\times$ cm⁻²). Z kolei, dla szczepu wzorcowego *L. monocytogenes* ATCC 7644 i 1M obserwowano wzrost intensywności tworzenia biofilmu tylko do 20,0% objętościowo dodatku krwi do bulionu odżywczego (odpowiednio $3,07 \times 10^5$ j.t.k. $\times$ cm⁻² i $4,03 \times 10^5$ j.t.k. $\times$ cm⁻² – bulion odżywczy oraz $1,10 \times 10^7$ j.t.k. $\times$ cm⁻² i $9,23 \times 10^6$ j.t.k. $\times$ cm⁻² – dodatek krwi 20,0% (v/v)). Zmniejszenie liczby komórek odzyskanych z biofilmu dla szczepu wzorcowego i 1M stwierdzono przy 50,0% dodatku krwi do bulionu (odpowiednio $8,80 \times 10^6$ j.t.k. $\times$ cm⁻² i $7,87 \times 10$ j.t.k. $\times$ cm⁻²).

Cewnik umieszczony w naczyniu krwionośnym znajduje się w kontakcie ze składnikami osocza i elementami morfotycznymi krwi chorego, a na jego powierzchni często powstaje warstwa złożona z białek, która może zostać skolonizowana przez drobnoustroje, czego skutkiem jest utworzenie biofilmu. Wykazano, że dodatek krwi baraniej do bulionu odżywczego w objętości 20,0% stymulował wzrost liczby komórek odzyskiwanych z biofilmu dla wszystkich badanych szczepów.

STRESZCZENIA
Sesja
Biotechnologia i inżynieria genetyczna

**CRISPR/CAS9 - REWOLUCYJNA METODA EDYCJI GENÓW I GENOMÓW
(NADZIEJE, OBAWY, DYLEMATY I ZAGROŻENIA)**

Prof. dr hab. n. biol. Adam Jaworski*

Emerytowany prof. zw. Uniwersytetu Łódzkiego

**e-mail autora do korespondencji: adam.jaworski@biol.uni.lodz.pl*

Bakteryjny system obrony przed infekcją fagami CRISPR/Cas (ang. *clustered regularly interspaced palindromic repeats*), odkryty w 1987 roku i funkcjonalnie scharakteryzowany w latach 2000–2007 w komórkach wielu rodzajów i gatunków bakterii, stał się podstawą dla skonstruowania w ostatnich 10 latach nowego, wciąż ulepszanego „narzędzia” genetycznego CRISPR/Cas9 dla edycji DNA, to jest ukierunkowanej, precyzyjnej inżynierii genetycznej organizmów. Zostały stworzone techniczne możliwości dla stosunkowo łatwej, ukierunkowanej modyfikacji genomów wszystkich organizmów żywych, w tym ludzkich komórek somatycznych, a także germinalnych. Miara ogólnoświatowego zainteresowania, a nawet fascynacji możliwościami, jakie zostały stworzone przez metodę edycji DNA przy zastosowaniu CRISPR/Cas9, jest liczba publikowanych prac w wiodących czasopismach naukowych świata. Przełomowe prace zostały opublikowane w 2012 i 2013 w czasopiśmie *Science* przez m.in. J.A. Doudna, F. Zhanga oraz G. Churcha. W 2016 ukazało się 2155 publikacji na temat edycji genów i genomów, a w 2018 dwa razy więcej. W czasie wykładu zostanie przedstawiona organizacja i mechanizmy działania bakteryjnego systemu CRISPR oraz skonstruowanego, uniwersalnego narzędzia jakim jest system CRISPR/Cas9. Zasadnicza część wykładu zostanie poświęcona przykładom genomów bakterii, roślin uprawnych i zwierząt hodowlanych zmodyfikowanych metodą edycji DNA, w kierunku pożądanym dla celów biotechnologicznych. Na tym tle podjęta zostanie dyskusja na temat pojęcia GMO (ang. *genetically modified organism*) i różnic pomiędzy organizmami transgenicznymi, noszącymi obce fragmenty DNA, a organizmami otrzymanymi po edycji DNA, u których dokonano subtelnych zmian informacji genetycznej w ich własnych genomach. Szczególna uwaga zostanie skoncentrowana na wynikach przełomowych prac dotyczących użycia systemu CRISPR/Cas9 do ukierunkowanej modyfikacji genomów ludzkich komórek somatycznych, które stwarzają nadzieję przełamania dotychczasowej bariery w terapii *ex vivo* i *in vivo* wielu jednogenowych chorób genetycznych człowieka. Stąd, dzisiaj, w XXI wieku, bardzo wielu ludzi, autorytetów w dziedzinie genetyki, medycyny, antropologii, bioetyki, filozofii zadaje sobie pytanie, czy nie dokonuje się obecnie reinkarnacja eugeniki, ale z łagodniejszym obliczem? Stąd, w 2015 roku profesor Jennifer Doudna, współtwórczyni narzędzia CRISPR/Cas9, wezwała do ogłoszenia światowego moratorium na stosowanie tej metody u ludzi, bo może to doprowadzić do nieprzewidywalnych konsekwencji. Dr Frank Ryan, członek Royal Society of Medicine napisał w książce „*Tajemniczy Świat Genomu Ludzkiego*”: „Uważam to za równie wielki krok naprzód, jak odkrycie siły ciężenia przez Newtona, teorii względności przez Einsteina oraz przeobrażenia innych jego odkryć w bombę atomową. I podobnie jak tamte epokowe odkrycia, również kryje w sobie potencjał wielkiego dobra i wielkiego zła” !!

NOWA AZOMETINOWA POCHODNA FLAWANONU

Paulina Błazińska^{1*}, Elżbieta Łodyga-Chruścińska¹, Anna Sykuła¹

1) *Instytut Podstaw Chemii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: paulina.blazinska@edu.p.lodz.pl*

Celem niniejszej pracy było zsyntetyzowanie nowej azometinowej pochodnej wywodzącej się z flawanonu i izoniazydu oraz zbadanie jej właściwości fizykochemicznych. Flawanon (2,3-dihydroflawon) jako niepodstawiony flawanoid jest przedstawicielem podgrupy flawanonów. *Flawanony* są prekursorami w biosyntezie wszystkich pozostałych grup flawanoidów. W różnych badaniach wykazują działanie lecznicze w chorobach sercowo-naczyniowych, przeciwproliferacyjne, przeciwzapalne czy zmiatające wolne rodniki.

W celu poszerzenia terapii lekowej związki o aktywności biologicznej są stosowane do syntezy nowych związków o wysokiej skuteczności i niskich efektach ubocznych. Izoniazyd i jego pochodne są stosowane w leczeniu gruźlicy. Dlatego też w swojej pracy podjęłam próbę syntezy nowego analogu flawanonu o strukturze hybrydowej, w którym układ flawanonu i układ izoniazydu połączone są wiązaniem azometinowym (C=N). Zasady Schiffa są grupą związków zawierających w swojej strukturze to aktywne chemicznie ugrupowanie, należą do najważniejszych grup biomolekuł. Zasady Schiffa lub azometiny ujawniają zarówno niezwykle aktywności biologiczne, jak i wiele cennych praktycznych zastosowań. Jak wykazują badania połączenie flawanonu z cząsteczką bioaktywną powoduje zwiększenie jego biodostępności lub aktywności biologicznej.

Flawanon i izoniazyd poddano reakcji w temperaturze 80°C w czasie 24 godzin w środowisku etanolu z dodatkiem stężonego kwasu siarkowego (VI), który jest katalizatorem oraz by pH reakcji było 4. Otrzymany produkt poddano analizie stosując analizę elementarną, IR, NMR, UV-Vis oraz przeprowadzono ocenę właściwości fizykochemicznych poprzez badanie właściwości kwasowo-zasadowych za pomocą potencjometrii i spektrofotometrii.

Wyniki analiz potwierdziły strukturę chemiczną oraz czystość otrzymanego związku. Badania charakterystyki kwasowo-zasadowej wykazały zmiany w strukturze związku oraz powstawanie nowej formuły chemicznej.

Nowa izoniazydonowa pochodna flawanonu zostanie wykorzystywana w dalszych badaniach pod kątem właściwości przeciwdrobnoustrojowych i przeciwnowotworowych *in vitro*.

KOMPLEKSOWANIE ZWIĄZKÓW NATYWNEJ SKROBI ZIEMNIACZANEJ Z KWASEM FERULOWYM I ANALIZA ICH WŁAŚCIWOŚCI

Kamil Dędek^{1*}, Justyna Rosicka-Kaczmarek¹, Ewa Nebesny¹, Gabriela Kowalska¹

1) Zakład Technologii Skrobi Cukiernictwa, Instytut Technologii i Analizy Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź

**e-mail autora do korespondencji: kamil.dedek@edu.p.lodz.pl*

Skrobia jest podstawowym polisacharydem występującym w świecie roślin. Z chemicznego punktu widzenia zbudowana jest z dwóch frakcji – helikalnej amylozy i prostoliniowej amylopektyny¹. Kwas ferulowy to pochodna kwasu cynamonowego wykazująca silne właściwości bioaktywne. Między innymi przeciwdziała postępowi chorób neurodegeneracyjnych (Alzheimera i Parkinsona) i cywilizacyjnych (cukrzyca typu II i miażdżyca)².

Celem pracy było podjęcie próby przeprowadzenia interakcji pomiędzy natywną skrobią ziemniaczaną a kwasem ferulowym przy zastosowaniu różnych parametrów reakcyjnych, tj. temperatury kleikowania skrobi (95 i 135°C), temperatury (60 i 90°C) i czasu (1 i 3 h) reakcji kompleksowania oraz reakcji retrogradacji (24 i 72 h w temp. 4°C oraz 24 h w -18°C). Uzyskane preparaty oceniano pod względem efektywności kompleksowania i wykazywania aktywności antyoksydacyjnej. Dodatkowo oceniano ich strukturę (FTIR i SEM).

Wyniki przeprowadzonych analiz wykazały, że najlepsze rezultaty interakcji natywnej skrobi ziemniaczanej z kwasem ferulowym uzyskano w preparacie, który otrzymywano na drodze reakcji kompleksowania (3 h w 60°C) ówczśnie skleikowanej i zautoklawowanej skrobi, przy zastosowaniu 24 h retrogradacji w 4°C. Uzyskane wyniki dowiodły, że wyższa temperatura kleikowania skrobi (135°C) wpłynęła na uzyskanie dwukrotnie lepszej aktywności antyoksydacyjnej i trzykrotnie wyższej zawartości związanego kwasu ferulowego. Zauważono również, że wydłużenie okresu retrogradacji do 72 h nie przyczyniło się do polepszenia rezultatów.

Uzyskane kompleksowe związki natywnej skrobi ziemniaczanej z kwasem ferulowym można wykorzystać w sektorze przetwórstwa cukierniczego oraz piekarskiego. Dodatek ten przyczyni się do wzrostu aktywności biologicznej wyrobów.

1) Korma SA, Kamal-Alahmad, Niazi S, AmmarA-F, Zaaboul F, Zhang T. Chemically Modified Starch and Utilization in Food Stuffs. International Journal of Nutrition and Food Sciences 2016;5:264-72.

2) Batista R. Uses and potential applications of ferulic acid. In Warren B (ed). Ferulic acid: antioxidant properties uses and potential health benefits. 1ed edn. Nova Science Publishers, Inc., New York, USA, 2014, 39-70.

**METABOLIZM AUKSYN U RZODKIEWNIKA POSPOLITEGO (*ARABIDOPSIS THALIANA*)
W WARUNKACH ŻYWIENIA AMONOWEGO**

Kacper Dziewit^{1*}, Katarzyna Dobrzyńska¹, Bożena Szal¹, Anna Podgórska¹

1) Zakład Anatomii i Cytologii Roślin, Instytut Biologii Eksperymentalnej i Biotechnologii Roślin, Wydział Biologii Uniwersytetu Warszawskiego, ul. Miecznikowa 1, 02-096 Warszawa

*e-mail autora do korespondencji: kacper.dziewit@biol.uw.edu.pl

Hodowla w obecności jonów amonowych powoduje istotne zahamowanie rozwoju roślin nazywane syndromem amonowym. Jednocześnie wiadomo, że auksyny to jedne z głównych fitohormonów odpowiedzialnych za wiele procesów rozwojowych oraz za odpowiedź rośliny na sygnały ze środowiska.

Celem projektu jest zbadanie, czy zmiany w metabolizmie auksyn w tkankach rzodkiewnika pospolitego (*Arabidopsis thaliana*) mogą wpływać na zahamowanie wzrostu roślin podczas żywienia amonowego. Rzodkiewnik był hodowany w obecności jonów amonowych lub jonów azotanowych (kontrola) jako jedynym źródle azotu. Określono stężenie auksyn w liściach i korzeniach oraz zmiany w ekspresji enzymów uczestniczących w syntezie auksyn (na poziomie transkryptów lub poziomie białek). Z wykorzystaniem techniki mikroskopii konfokalnej uwidoczniono zmiany w lokalizacji auksyn w tkankach.

Stwierdzono, że w konsekwencji żywienia amonowego następuje obniżenie aktywności szlaku syntezy auksyn w pędach. Zmiana ta przyczynia się zarówno do obniżenia stężenia auksyn w korzeniach roślin dotkniętych syndromem amonowym, jak i do istotnych zmian w lokalizacji auksyn na terenie tkanek pędów i korzeni u tych roślin. Na tej podstawie można wnioskować, że modyfikacje metabolizmu auksyn wywołane żywieniem amonowym są jednym z ważnych czynników przyczyniających się do występowania syndromu amonowego.

Badania realizowane w ramach projektu badawczego nr 2018/29/B/NZ3/02687 finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki oraz z funduszy MNiSW na badania naukowe służące rozwojowi młodych naukowców oraz uczestników studiów doktoranckich finansowane w wewnętrznym trybie konkursowym dla Wydziału Biologii UW, DSM nr 501-D114-86-0117600-29, kierownik dr A. Podgórska.

**ALLOCATION OF PHENYLALANINE PATHWAY DRAWS THE CELL DESTINY TOWARDS
GRAPEVINE BOTRYOSHAERIA DIEBACK**

Islam Khattab^{1*}, Vaidurya Sahi¹, Michael Riemann¹, Peter Nick¹

1) Nick lab, Botanical Institute I, Karlsruhe Institute of Technology. Fritz-Haber-Weg. 4, Gbd. 30.43, (5. OG), 76131 Karlsruhe, Germany

*e-mail autora do korespondencji: islam.khattab@kit.edu

Grapevine trunk diseases have devastating consequences on the vineyards all over the world, especially in the Mediterranean countries. Wild grapes, grown in Germany on the Rhein river from *V. vinifera* subs. *Sylvestris*, which are genetically closed plus *Vitis vinifera*, Chardonnay, were screened to investigate the basal Immunity levels along with anatomical analysis towards the infection with *Neofusicocum parvum* 67-B, one of the most virulent fungal strains causing grapevine trunk diseases.

Such genotypes have shown a variation in resistance accompanied with different activity patterns of Stilbene synthase genes like (VvSTS27, VvSTS48) as indicators for the basal immunity against fungal attack. Such contrasting activity of VvSTS genes between the resistant and susceptible lines of *V. Sylvestris* affected the phenylalanine pathway and give an insight into the mystery of plant-pathogen interaction in case of grapevines Botryoshaeria Dieback. Cryo scan electron microscopy images showed a serious reduction in the hyphae growth area through the infected xylem vessels of 2 resistant genotypes, Ke15 and Ke95, as compared to Chardonnay.

Our study paves a way for selection of candidate genotypes for resistant breeding in context to grapevine trunk disease

**WŁAŚCIWOŚCI ANTYOKSYDACYJNE UTRWALONYCH PREPARATÓW MIODU
Z DODATKIEM INULINY**

Gabriela Kowalska^{1*}, Justyna Rosicka-Kaczmarek¹, Tomasz P. Olejnik¹,
Kamil Dędek¹

*1) Instytut Technologii i Analizy Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: gabriela.kowalska@edu.p.lodz.pl*

Nieprzetworzona żywność, zwłaszcza pochodzenia regionalnego, cieszy się dużym uznaniem konsumentów. Miód będący produktem naturalnym, charakteryzującym się przyjemnym aromatem, złotą barwą oraz słodkim smakiem uznawany jest za żywność mającą dobroczynny wpływ na nasze zdrowie. Jednakże wysoka gęstość i lepkość miodu utrudniają dozowanie oraz stanowią wyzwanie dla procesów technologicznych w procesie produkcji żywności. Alternatywą dla miodu w tradycyjnej postaci mógłby być miód w formie proszku.

Celem przeprowadzonych badań było otrzymanie stabilnego proszku miodowego uzyskanego metodą suszenia rozpyłowego. Ze względu na wysoką wrażliwość prozdrowotnych komponentów miodu na podwyższoną temperaturę proces ten przeprowadzono w możliwie najniższej temperaturze, tj. nieprzekraczającej 70°C. Jako nośnik zastosowano długo- oraz krótkołańcuchową inulinę, znaną z właściwości prebiotycznych. Otrzymane preparaty miodowe przechowywano zarówno w temperaturze pokojowej, jak i w 4°C, w celu oceny wpływu warunków przechowywania na ich aktywność antyoksydacyjną. Właściwości te badano metodą spektrofotometryczną, wykorzystując test z rodnikiem DPPH.

Na podstawie otrzymanych wyników badań wykazano, że uzyskane preparaty miodowe charakteryzowały się równie wysoką aktywnością antyoksydacyjną, jak miody w postaci płynnej. Na tej podstawie można wnioskować, że zastosowane warunki suszenia, jak i rodzaj nośnika, pozytywnie wpłynęły na zachowanie wysokiej aktywności antyoksydacyjnej proszków miodowych. Należy jednak podkreślić, że aktywność biologiczna utrwalonych preparatów miodu determinowana jest masą molekularną oraz stężeniem użytego nośnika, jak i warunkami przechowywania.

Wszystkie otrzymane preparaty oceniono jako stabilne w czasie ich przechowywania i wykazujące pozytywne cechy olfaktoryczne.

**OPTIMALIZACJA HODOWLI SFEROIDÓW ZA POMOCĄ BIOPRINTINGU
MAGNETYCZNEGO, JAKO NOWEGO MODELU DO BADAŃ *IN VITRO***

Karolina Matulewicz^{1*}, Łukasz Kaźmierski^{1,2}, Anna Bajek¹

1) *Katedra Urologii, Zakład Inżynierii Tkankowej, Wydział Lekarski, Collegium Medicum UMK, ul. Jagiellońska 13-15, 85-067 Bydgoszcz*

2) *Katedra Onkologii, Radioterapii i Ginekologii Onkologicznej, Wydział Nauk o Zdrowiu, Collegium Medicum UMK, ul. Łukasiewicza 1, 85-821 Bydgoszcz*

*e-mail autora do korespondencji: karola.matulewicz@gmail.com

Wstęp: Rosnąca ilość nowych badań prowadzonych w warunkach *in vitro* wymaga opracowywania coraz lepszych modeli komórkowych, pozwalających na jak najlepsze odzwierciedlenie warunków w środowisku *in vivo*. Tradycyjne, dwuwymiarowe hodowle komórek (2D), znacznie odbiegają od mikrośrodowiska panującego w obrębie guza nowotworowego, przez co są coraz częściej zastępowane hodowlą trójwymiarową (3D). Sferoidy są znaną formą hodowli komórek 3D, która pozwala na lepszą ocenę penetracji leków lub innych środków terapeutycznych w strukturze wielokomórkowej, imitującej guz.

Cel: Celem pracy jest optymalizacja metody hodowli sferoidów 3D wybranych nowotworów narządów płciowych układu moczowo-płciowego metodą bioprintingu magnetycznego oraz ocena powstałych sferoidów.

Materiały i metody: Do stworzenia sferoidów wykorzystano linie komórkowe T24 i DU-145. Zastosowano metodę magnetycznego bioprintingu przy użyciu nanocząstek magnetycznych NanoShuttle™ -PL (Greiner Bio-One, Austria). Na podstawie pomiarów sferoidów wyznaczono wykres kinetyki ich wzrostu. Do oceny przeżywalności komórek budujących sferoidy wykorzystano test MTT (Abcam, UK) oraz test Live/Dead (StienCell™, USA).

Wyniki: Wyniki pokazują, że komórki raka pęcherza moczowego mają duże predyspozycje do tworzenia sferoidów. Komórki raka prostaty nie zawsze tworzą optymalne sferoidy, są one bardziej wrażliwe na działanie nanocząstek. Obserwacja kinetyki wzrostu wykazuje, że sferoidy mogą być wykorzystane do dalszych badań po ponad 4 tygodniach od założenia hodowli. Komórki budujące sferoid charakteryzują się wysoką przeżywalnością.

Podsumowanie: Sferoidy wielokomórkowe mogą być nowym modelem badań *in vitro*. Metoda bioprintingu magnetycznego wydaje się być bardzo prostą, obiecującą metodą, która dzięki optymalizacji może przyczynić się do stworzenia prostego modelu, który pozwala na lepszą ocenę wpływu środków farmakologicznych na wybrane komórki nowotworowe.

BIOAKTYWNE SKŁADNIKI WYBRANYCH STARYCH ODMIAN JABŁEK

Kamil Szymczak^{1*}, Radosław Bonikowski¹, Gabriela Kowalska²,

Mateusz Aninowski¹, Katarzyna Mietlińska¹, Grzegorz Hodun³

1) *Instytut Podstaw Chemii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź*

2) *Instytut Technologii i Analizy Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź*

3) *Zakład Zasobów Genowych Roślin Ogrodniczych, Instytut Ogrodnictwa, ul. Konstytucji 3 maja 1/3, 96-100 Skierniewice*

*e-mail autora do korespondencji: kamil.szymczak@edu.p.lodz.pl

O wyjątkowości jabłek świadczy fakt, że żaden inny owoc nie pojawia się w literaturze i sztuce tak często. Co więcej, żaden inny owoc nie przyczynił się do sformułowania jakiegoś prawa fizyki. Na świecie jabłka są na trzecim miejscu pod względem wielkości zbioru (zaraz po bananach i arbuzach), natomiast w Polsce wyprzedzają drugie w kolejności śliwki o ponad rząd wielkości. Swoją popularność zawdzięczają głównie faktowi, że charakteryzują się tak wysokim poziomem zmienności genetycznej, który pozwala na jego uprawę bez mała, na całym świecie, od USA po Japonię i od Norwegii po Nową Zelandię. Niestety pomimo znanych już 7-10 tysięcy odmian jabłoni, na skalę gospodarczą uprawia się stosunkowo nieliczne. To sprawia, że konsumenci mają dostęp jedynie do kilku-kilkunastu najpopularniejszych z nich. Na szczęście, z roku na rok zwiększające się zainteresowanie dawnymi odmianami warzyw i owoców wywiera coraz większy nacisk na producentów, którzy muszą sprostać oczekiwaniom rynku.

Pomimo że jabłka są tak ważnymi owocami, wiemy o nich stosunkowo mało, a dostępne informacje, dotyczące zawartości składników bioaktywnych odnoszą się zwykle tylko do kilku najbardziej popularnych odmian i wybranych związków, jak cukry, czy witaminy.

Celem moich badań było przeanalizowanie kilkudziesięciu starych odmian jabłek pod kątem zawartości ważnych dla zdrowia składników bioaktywnych m. in.: polifenoli, fitosteroli, tokoferoli, kwasów ursolowego i oleanolowego, ale również składu związków lotnych, które wpływają na smak i zapach jabłek oraz wartości kwasowości, czy potencjału antyoksydacyjnego. Dzięki scharakteryzowaniu zawartości i składu cukrów możliwe będzie dobranie odmian najlepszych dla diabetyków, a oznaczenie poziomów profilin i Bet v1 – najbezpieczniejszych dla alergików.

**RECEPTORY SYGNAŁOWE HVEM I CD160 – PORÓWNANIE WYBRANYCH METOD
REFOLDINGU**

Marta Szymczak^{1*}, Szymon Ziętkiewicz², Katarzyna Kuncewicz¹,

Sylwia Rodziewicz-Motowidło¹, Marta Orlikowska¹

1) *Katedra Chemii Biomedycznej, Wydział Chemii, Uniwersytet Gdański, ul. Stwosza 63, 80-308 Gdańsk*

2) *Katedra Biologii Molekularnej i Komórkowej, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG i GUMed, ul. Abrahama 58, 80-307 Gdańsk*

*e-mail autora do korespondencji: martaszymczak0@onet.pl

Czerniak to najbardziej agresywny i najczęściej spotykany nowotwór skóry. Z uwagi na stale rosnącą zachorowalność i ograniczone metody leczenia od lat pozostaje dużym wyzwaniem dla współczesnej onkologii. Obiecującą metodą walki wydaje się być terapia bazująca na blokowaniu punktów kontrolnych układu odpornościowego. Polega ona na zablokowaniu receptorów kostymulatorowych, które negatywnie wpływają na funkcjonowanie układu odpornościowego. Przykładem takich receptorów są m.in. białko CD160 i obecny na powierzchni komórek nowotworowych receptor HVEM (*Herpesvirus entry mediator*). W wyniku tworzenia się kompleksu tych dwóch białek dochodzi do zahamowania aktywacji limfocytów T CD4⁺. Aby możliwe było projektowanie terapeutycznych cząsteczek stymulujących odpowiedź immunologiczną organizmu niezbędne jest poznanie struktury przestrzennej kompleksu HVEM-CD160. Głównym celem tego etapu badań jest opracowanie wydajnej metody ekspresji i oczyszczania obu białek, pozwalającej na uzyskanie wystarczającej ilości materiału do podjęcia pierwszych prób krystalizacji kompleksu HVEM-CD160.

Ekspresję białek HVEM i CD160 znakowanych His-tagiem przeprowadzono w bakteryjnym systemie ekspresyjnym (*Escherichia coli*). Niestety konieczna była izolacja receptorów z frakcji nierozpuszczalnej. Białka zostały rozfałdowane z użyciem mocznika, wstępnie oczyszczone przy użyciu chromatografii powinowactwa, a następnie ponownie sfałdowane. Podjęto próby renaturacji receptorów trzema metodami: dializy, rozcieńczania oraz na kolumnie chromatograficznej. W końcowym etapie białka doczyszczono metodą filtracji żelowej. Dla otrzymanych frakcji białek wykonano chromatografię wykluczania na kolumnie analitycznej w celu określenia ich monomeryczności oraz test immunoenzymatyczny w celu sprawdzenia zdolności do tworzenia kompleksu. W ramach dotychczasowych badań przeprowadzono refolding białek HVEM oraz CD160 z użyciem trzech wybranych protokołów. Uzyskane wyniki porównano, a następnie wybrano najwydajniejszą metodę renaturacji. Dodatkowo za pomocą testu ELISA wykazano, które z otrzymanych form multimericznych posiadają zdolność do tworzenia kompleksu.

Podziękowanie. Badania zostały sfinansowane z grantu NCN 2016/21/D/NZ1/0277

**WRAŻLIWOŚĆ MUTANTA *FROSTBITE1* NA ŻYWIENIE AMONOWE
A AKTYWNOŚĆ SZLAKU DEGRADACJI METYLOGLIOKSALU**

Klaudia Borysiuk^{1*}, Monika Ostaszewska-Bugajska¹, Kamil Fijolek¹, Bożena Szal¹
1) Zakład Anatomii i Cytologii Roślin, Instytut Biologii Eksperymentalnej i Biotechnologii Roślin, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, ul. Miecznikowa 1, 02-096 Warszawa

**e-mail autora do korespondencji: k.borysiuk@biol.uw.edu.pl*

Główną formą azotu pobieraną przez rośliny są jony amonowe (NH_4^+) lub jony azotanowe (NO_3^-). Wiadomo, że pobieranie azotu w postaci jonów amonowych prowadzi do zaburzenia wzrostu i rozwoju roślin co zostało określone jako „syndrom amonowy”. Przyczyna tego zjawiska jest złożona i nie do końca poznana. Udowodniliśmy, że u rzodkiewnika (*Arabidopsis thaliana*) jednym z prawdopodobnych czynników odpowiedzialnych za powstawanie syndromu amonowego jest wzrost metabolizmu toksycznego metyloglioksalu (MG) i produktów pośrednich jego katabolizmu (S-D-laktyloglutationu i D-mleczanu)¹. Jednocześnie wykazaliśmy, że mutanty *frostbite1* (*fro1*) charakteryzujące się dysfunkcją kompleksu I w mitochondrialnym łańcuchu oddechowym (mtETC) nie wykazują symptomów syndromu amonowego². Różnice we wrażliwości roślin *fro1* mogą być konsekwencją zmian w aktywności ścieżki katabolizmu MG. Aby to sprawdzić zbadano wrażliwość roślin typu dzikiego oraz mutantów *fro1* na toksyczne metabolity pośrednie szlaku degradacji MG. Ponadto oznaczono zmiany w poziomie transkryptów genów kodujących enzymy szlaku degradacji MG oraz poziom pochodzących od MG zaawansowanych produktów glikacji (poziom MG-H1), które powodują zaburzenia struktury i funkcji białek. Wstępne wyniki wskazują, że rzeczywiście zmiany w intensywności detoksyfikacji MG mogą być istotnym czynnikiem determinującym zmiany we wrażliwości mutantów *fro1* na żywienie amonowe.

1) Borysiuk K, Ostaszewska-Bugajska M, Vaulter M-N, Hasenfratz-Sauder M-P, Szal B. Enhanced formation of methylglyoxal-derived advanced glycation end products in *Arabidopsis* under ammonium nutrition. *Front Plant Sci.* 2018;9:667.

2) Podgórska A, Ostaszewska M, Gardeström P, Rasmusson AG, Szal B. In comparison with nitrate nutrition, ammonium nutrition increases growth of the *frostbite1* *Arabidopsis* mutant. *Plant Cell Environ.* 2015;38(1):224–37.

Badania realizowane w ramach projektu badawczego nr 2014/14/E/NZ3/00155 finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki, kierownik dr hab. B. Szal

**APOPLASTOWY STATUS REDOKS U MUTANTÓW RBOHD I RBOHF
PODCZAS ŻYWIENIA AMONOWEGO**

Maria Burian^{1*}, Anna Podgórska¹, Bożena Szal¹

1) Zakład Anatomii i Cytologii Roślin, Instytut Biologii Eksperymentalnej i Biotechnologii Roślin, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski, ul. Miecznikowa 1, 02-096 Warszawa

**e-mail autora do korespondencji: mburian@biol.uw.edu.pl*

Reaktywne formy tlenu w przestrzeni apoplastowej (apROS) produkowane są głównie dzięki aktywności plazmolemowych oksydaz NADPH (*respiratory burst oxidase homolog*, RBOH) lub dzięki aktywności oksydacyjnej peroksydaz klasy III (POX) umiejscowionych w przestrzeni pozakomórkowej. Jedną z konsekwencji żywienia amonowego u rzodkiewnika jest wzrost stężenia apROS co może modyfikować procesy rozwojowe roślin, a w konsekwencji być jedną z przyczyn syndromu amonowego^{1,2}. Celem badań była szczegółowa analiza apoplastowego systemu antyoksydacyjnego u mutantów *rbohd* i *rboh*f, które wykazują większą wrażliwość na obecność jonów amonowych w podłożu w porównaniu do typu dzikiego rzodkiewnika. Wykazaliśmy, że dysfunkcja głównych izoform RBOH w warunkach żywienia amonowego powoduje duże modyfikacje pozostałych badanych elementów apoplastowego systemu oksydo-redukcyjnego w liściach rzodkiewnika, w tym istotny spadek stężenia apoplastowego askorbinianu, spadek poziomu transkryptów wybranych izoform POX oraz wzrost (u *rbohd*) lub spadek (u *rboh*f) aktywności oksydacyjnej POX związanych z frakcją ściany komórkowej. Ponadto, u mutantów *rbohd* i *rboh*f nie zaobserwowaliśmy typowego dla roślin dzikich wzrostu ekspresji OZF1- markera stresu oksydacyjnego na terenie apoplastu. Nasze wyniki wskazują, że aktywności RBOHD i RBOHF stanowią istotne źródło apROS podczas żywienia amonowego.

1) Podgórska A, Ostaszewska M, Gardeström P, Rasmusson AG, Szal B. In comparison with nitrate nutrition, ammonium nutrition increases growth of the frostbite1 *Arabidopsis* mutant. *Plant Cell Environ.* 2015;38(1):224–37.

2) Podgórska A, Burian M, Gieczewska K, Ostaszewska-Bugajska M, Zebrowski J, Solecka D, Szal B. Altered Cell Wall Plasticity Can Restrict Plant Growth under Ammonium Nutrition. *Front Plant Sci.* 2017;8:1344.

Badania realizowane w ramach projektu badawczego nr 2014/13/B/NZ3/00847 finansowanego ze środków Narodowego Centrum Nauki, kierownik dr hab. B. Szal

**STYMULACJA PROLIFERACJI PRZEZ NISKIE DAWKI PROMIENIOWANIA UV MOŻE
ZALEŻEĆ OD STANU OKSYDOREDUKCYJNEGO KOMÓREK**

Sylwia Ciesielska^{1*}, Małgorzata Adamiec¹, Aleksandra Poterała-Hejmo¹, Patryk Bil¹,

Karolina Gajda¹, Magdalena Skonieczna¹, Joanna Rzeszowska-Wolny¹

1) Zakład Inżynierii Systemów, Instytut Automatyki, Wydział Automatyki,
Elektroniki i Informatyki, Politechnika Śląska, Akademicka 16, 44-100 Gliwice

*e-mail autora do korespondencji: sylwia.ciesielska@polsl.pl

Reakcje redoks to wszystkie reakcje utleniania i redukcji, w których następuje przepływ elektronu związany z pojawianiem się i neutralizacją reaktywnych form tlenu (ang. *Reactive Oxygen Species*) i azotu (ang. *Reactive Nitrogen Species*). Zarówno w komórkach prawidłowych, jak i nowotworowych zmiany stanu redoks mogą zachodzić podczas normalnego cyklu życiowego komórek oraz pod wpływem różnych czynników chemicznych i fizycznych, np. takich jak promieniowanie UV.

Badane reaktywne formy tlenu i azotu powstające po zadziałaniu promieniowania UVA wykazują wzajemne interakcje i wpływają na regulację procesów zachodzących w komórkach. Różne dawki promieniowania UVA powodują różne efekty obserwowane dla całej populacji komórkowej. Porównywane jest działanie o zróżnicowanym wpływie na odpowiedź proliferacyjną komórek (dawki promieniowania UVA nie wykazujące efektu, dawki stymulujące oraz hamujące proliferację). Przebadane zostały dwie nowotworowe linie komórkowe, nowotwór jelita grubego HCT116 (ang. *Human Colorectal Carcinoma*) oraz czerniak Me45 (ang. *Human Melanoma*).

Najwyższe dawki promieniowania UVA powodują obniżenie potencjału klonogennego w różnych typach komórek, jednak ekspozycja na niektóre niższe dawki, jest specyficzna dla linii komórkowej oraz powoduje stymulację proliferacji. Analiza zmian reaktywnych form tlenu w czasie wykazała, że w przypadku danej linii komórkowej poziomy te fluktuują. Ekspozycja na wysokie dawki promieniowania UVA powoduje hamowanie proliferacji oraz zmianę dynamiki wolnych rodników. Niskie dawki promieniowania, które stymulują proliferację nie powodują takich zmian.

Komórki różnych typów wykazują także znamienne różnice w ekspresji genów zaangażowanych w systemy antyoksydacyjne sugerując, że różnią się ich mechanizmy regulacji reaktywnych form tlenu i azotu.

Indukcja dodatkowych reaktywnych form tlenu przez niskie dawki promieniowania UVA może stymulować proliferację, a specyficzność efektu zależy od mechanizmu regulacji używanego przez dane komórki.

**WPLYW SŁODÓW ŻYTNIEGO I JĘCZMIENNEGO NA PROCES CZERSTWIENIA
I WŁAŚCIWOŚCI FIZYKOCHEMICZNE PIECZYWA**

Łukasz Duda^{1*}, Karol Kłosiński², Barbara Kościelska¹,

Izabella Kwaśniewska-Karolak¹, Zbigniew Pasieka²

1) *Instytut Technologii i Analizy Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności
Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 171/173, 90-924 Łódź*

2) *Katedra Endokrynologii, Zakład Chirurgii Doświadczalnej, Wydział Lekarski,
Uniwersytet Medyczny w Łodzi, ul. Pabianicka 62, 93-513 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: lukasz.duda@umed.lodz.pl

Czerstwienie pieczywa doprowadza do wielu niekorzystnych zmian organoleptycznych. Skórka staje się miękka i matowa, natomiast mięksisz wysuszony i kruchy co jest powiązane z redystrybucją wody w trakcie przechowywania¹.

Do badań zostały wypieczone 3 rodzajów chlebów:

- chleb pszenno-żytni z dodatkiem czarnuszki,
- chleb pszenno-żytni z dodatkiem czarnuszki i słodu żytniego,
- chleb pszenno-żytni z dodatkiem czarnuszki i słodu jęczmiennego.

W przygotowanych pieczywie przeprowadzono następujące analizy:

- kwasowości i metodą miareczkową,
- porowatości metodą Jacobiego,
- objętości metodą przesypową z wykorzystaniem ryżu,
- badanie czerstwienia – pomiar liczby niebieskiej, metodą spektrofotometryczną.

Dodatek słodu żytniego i ekstraktu słodu jęczmiennego są czynnikami, które determinowały większość cech fizykochemicznych otrzymanych bochenków pieczywa. Kwasowość wzrosła po dodaniu słodów, objętość uległa zwiększeniu po dodaniu zwłaszcza słodu jęczmiennego, porowatość uległa zmniejszeniu po dodaniu słodów. Na podstawie zmian wartości liczby niebieskiej można stwierdzić, że sól żytni jest bardziej skuteczny w opóźnianiu czerstwienia od słodu jęczmiennego. Biorąc pod uwagę twardość, niższymi wartościami tego parametru charakteryzował się chleb z dodatkiem ekstraktu słodu jęczmiennego.

Na podstawie przeprowadzonych analiz nie można w jednoznaczny sposób stwierdzić, który z zastosowanych słodów ma bardziej korzystny wpływ na jakość pieczywa. Biorąc pod uwagę wartości liczby niebieskiej czyli stopnia czerstwienia najmniejszy jej spadek można było zaobserwować w pieczywie z dodatkiem słodu żytniego. Zastosowanie słodu zależy od cech produktu końcowego oraz grupy konsumentów do których jest kierowany.

**ZABURZENIA REPLIKACJI DNA I MITOZY W KOMÓRKACH MERYSTEMÓW KORZENI
VICIA FABA POD WPLYWEM REAKTYWNYCH FORM TLENU INDUKOWANYCH****OBECNOŚCIĄ JONÓW KADMU****Aleksandra Horoszczuk^{1*}, Aneta Żabka¹**

1) Katedra Cytofizjologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki,
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: a.a.horoszczuk@gmail.com

Rośliny narażone są na działanie wielu abiotycznych czynników stresowych. Korzenie, ekspozowane głównie na wpływ wodnych roztworów szkodliwych związków chemicznych, obniżają aktywność mitotyczną komórek w swoich strefach wierzchołkowych, a w konsekwencji dynamikę wzrostu pędów nadziemnych. Wspólną dla wszystkich organizmów reakcją na stres jest wzmożona produkcja reaktywnych form tlenu (RFT). Kadm (Cd) jest metalem ciężkim i jednym z najczęściej występujących czynników skażeń ekosystemów glebowych. Może on generować w tkankach roślinnych znaczne ilości RFT. Celem przeprowadzonych badań było określenie jaki wpływ na replikację DNA, aktywność mitotyczną i strukturę chromosomów ma stres oksydacyjny indukowany jonami Cd^{2+} w merystemach korzeni siewek bobiku (*Vicia faba*).

W porównaniu z wierzchołkowymi strefami zarodkowych korzeni *V. faba* po hodowli w wodzie (warunki kontrolne), merystemy siewek inkubowanych w roztworze $CdCl_2$ przez 24h wykazują znaczne obniżenie wartości indeksów mitotycznych. Mimo uszkodzeń w obszarze jądrowego DNA, część populacji komórek inicjuje podziały o charakterze aberracyjnym. Obecność jonów Cd^{2+} powoduje także wyraźne zmniejszenie dynamiki replikacji DNA, przejawiające się redukcją intensywności fluorescencji jąder znakowanych 5-etynylo-urydyną (EdU).

Uzyskane wyniki wskazują, że RFT indukowane jonami Cd^{2+} w znacznym stopniu wpływają na przebieg cyklu komórkowego w jego obu krytycznych fazach: S i M. Ponadto, wydają się one potwierdzać istnienie specyficznych mechanizmów zapewniających roślinom szczególną plastyczność adaptacyjną w zmiennych warunkach środowiska naturalnego.

**KAPSULKOWANIE EKSTRAKTU KAKAOWEGO Z WYKORZYSTANIEM
β-CYKLODEKSTRYNY ORAZ HYDROKSYPROPYLO-β-CYKLODEKSTRYNY**

Milena Kaczmarek^{1*}, Dorota Żyżelewicz¹, Joanna Oracz¹

1) Instytut Technologii i Analizy Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź

**e-mail autora do korespondencji: milena.kaczmarek@edu.p.lodz.pl*

Proszek kakaowy, który jest bogatym źródłem związków polifenolowych wprowadzany do produktów spożywczych może tracić swoje właściwości prozdrowotne. Jest to związane z termolabilnością i utlenianiem zawartej w nim katechiny. Proces kapsułkowania proszku kakaowego lub ekstraktów kakaowych może przyczynić się do ochrony związków przeciwutleniających w nim obecnych, takich jak polifenole. Celem badań było otrzymanie kapsułkowanych preparatów kakao oraz ich analiza przed i po procesie kapsułkowania pod kątem zawartości polifenoli.

Materiałem badawczym był proszek kakaowy pochodzący z Holandii, zakupiony od firmy Cargill Cocoa & Chocolate, z którego otrzymane zostały ekstrakty. Ekstrakcję prowadzono za pomocą mieszaniny metanol:woda (70:30 v/v). Przefiltrowane oraz pozbawione metanolu ekstrakty zakapsułowano poprzez połączenie ekstraktu kakaowego w formie płynnej z β-cyklodekstryną (β-CD) oraz jej pochodną hydroksypropylo-β-cyklodekstryną (HP-β-CD). Zawartość polifenoli w ekstraktach kakaowych oraz uzyskanych z nich kompleksach oznaczono z wykorzystaniem metody chromatograficznej (UHPLC-DAD) oraz spektrofotometrycznej (Folina-Ciocalteu). W celu zbadania stabilności termicznej otrzymanych kapsułek próby inkubowano w temperaturze 100°C przez 2h, a następnie rozpuszczono je w mieszaninie metanol:woda (70:30 v/v) i poddano analizie ilościowej metodą UHPLC-DAD.

Ogólna zawartość związków polifenolowych w kapsułkowanych ekstraktach kakaowych uległa 2-krotnemu i 10-krotnemu zwiększeniu odpowiednio w przypadku kompleksów z β-CD i HP-β-CD. Wydajność kapsułkowania określono na poziomie 100%. Zaobserwowano również, że otrzymane kompleksy inkluzyjne w temperaturze 100°C są stabilne termicznie.

Uzyskane wyniki badań wykazały, że otrzymane kompleksy ekstraktu kakaowego z β-CD i jej pochodną charakteryzują się stabilnością w temperaturze 100°C, co daje możliwość wytwarzania produktów funkcjonalnych z ich udziałem z zastosowaniem wysokiej temperatury.

**POSZUKIWANIE SPECYFICZNYCH PRIMERÓW PCR DLA GENU PEPTYDU
INSULINOPODOBNEGO U *ACHETA DOMESTICUS*.**

Małgorzata Kocot^{1*}, Jacek Francikowski²

1) Katedra Fizjologii Zwierząt i Ekotoksykologii, Uniwersytet Śląski w Katowicach,
ul. Bankowa 9, 40-007 Katowice

2) Katedra Fizjologii Zwierząt i Ekotoksykologii, Uniwersytet Śląski w Katowicach,
ul. Bankowa 9, 40-007 Katowice

*e-mail autora do korespondencji: mgkocot@gmail.com

Muszka owocowa, *Drosophila melanogaster* od prawie 100 lat jest podstawowym gatunkiem modelowym w badaniu mechanizmów metabolizmu sacharydów w organizmie oraz jego patologii takich jak np. cukrzyca. Cukrzyca jest grupą zaburzeń metabolicznych charakteryzujących się wysokim poziomem cukru we krwi utrzymującym się przez dłuższy okres.

Geny kodujące peptydy analogiczne do insuliny (PIP) są obecne w genomach bezkręgowców. Przykładem występowania tych genów jest genom muszki owocowej, u której zidentyfikowano kilka wersji PIP. Analizy ich sekwencji wykazały ich wyższą homologię do ludzkiej insuliny niż podobne peptydy ssacze.

W Katedrze Fizjologii Zwierząt i Ekotoksykologii Uniwersytetu Śląskiego prowadzona jest hodowla świerszczy domowych *Acheta domesticus*, które są wykorzystywane do badań w zakresie reakcji na wysokie stężenia cukrów w pokarmie, symulując tym samym zjawiska powiązane z cukrzycą typu 2. Zidentyfikowanie odpowiednich primerów jest podstawowym punktem wyjściowym do badań nad metabolizmem cukrów u świerszcza domowego. Dzięki analizie bioinformatycznej sekwencji muszki oraz innych owadów w tym z rzędu prostoskrzydłych (*Orthoptera*) potwierdzono obecność sekwencji analogicznych do PIP u świerszcza domowego.

W przyszłości wyniki te mogą rzucić głębsze światło na funkcjonowanie tego układu u ssaków jak ma to miejsce w wypadku muszki owocowej.

**WSTĘPNA OCENA WPŁYWU PREPARATU MYCOTREX™ NA ROZWÓJ SAŁATY POD
WPŁYWEM STRESU WYWOŁANEGO OBECNOŚCIĄ KADMU.**

Patrycja Kopa^{1*}, Aleksandra Witusińska¹, Ewa Gajewska¹

1) Katedra Fizjologii i Biochemii Roślin, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: patrycja.kopa@unilodz.eu

Mycotrex™ jest biopreparatem stymulującym wzrost i rozwój roślin. Stanowi on mieszaninę dziewięciu gatunków grzybów z rodzaju *Glomus* spp., które naturalnie zasiedlają glebę. Preparat ten wzmacnia wzrost roślin poprzez modyfikację morfologii korzeni, czego skutkiem jest zwiększony pobór wody oraz składników mineralnych. Dodatkowo, dzięki działalności enzymatycznej, drobnoustroje zwiększają biodostępność wielu pierwiastków, zarówno tych niezbędnych dla prawidłowego rozwoju rośliny, jak również tych toksycznych, co może zachodzić w glebach zanieczyszczonych metalami ciężkimi. W ostatnich latach zanotowano zwiększającą się ilość kadmu (Cd) w środowisku naturalnym. Metal ten, nawet w niewielkich ilościach, jest toksyczny dla żywych organizmów. Wynika to z wysokiego powinowactwa do wielu istotnych biologicznie grup chemicznych. Mimo że dla funkcjonowania roślin kadm jest całkowicie zbędny, to pobierają go ze względu na jego podobieństwo do innych metali dwuwartościowych. Kumulacja tego pierwiastka jest niebezpieczna w przypadku roślin uprawnych przeznaczonych do konsumpcji ze względu na niekorzystne skutki długotrwałego oddziaływania na organizm ludzki.

Celem badań była ocena wpływu preparatu Mycotrex™ na wzrost, stężenie kadmu i wybranych mikroelementów oraz zawartość barwników fotosyntetycznych w liściach sałaty w warunkach stresu wywołanego obecnością metalu.

Salata (*Lactuca sativa* var. *capitata*) odmiany Michalina była uprawiana przez 4 tygodnie w glebie z dodatkiem preparatu Mycotrex™ (3 g/l) i kadmu (75 mg/l) stosowanych osobno bądź równocześnie. Wzrost rośliny oceniano na podstawie suchej masy części nadziemnej i powierzchni liści. Zawartość pierwiastków wyznaczono metodą spektrometrii absorpcji atomowej. Stężenie barwników fotosyntetycznych zmierzono spektrofotometrycznie. Biopreparat przyczynił się do ok. 30% przyrostu biomasy, natomiast w obecności kadmu oraz w wariancie mieszanym masa zmniejszyła się kolejno o ok. 50% i 65%. Zastosowanie mikroorganizmów sprzyjało zwiększonej kumulacji kadmu w odniesieniu do wariantu z samym metalem. W próbie z kadmem zmniejszyła się zawartość Fe i Mg, natomiast w próbie Cd⁺ preparat nie odbiegała ona od kontroli. Traktowanie metalem spowodowało również ubytek chlorofilu oraz karotenoidów.

Wykazano, iż preparat Mycotrex™ jest skutecznym stymulatorem wzrostu sałaty. Jednak stosowanie preparatu w glebie zanieczyszczonej kadmem spowodowało nasilenie negatywnego wpływu Cd na biomasę sałaty, co może być związane ze zwiększoną akumulacją tego metalu w części nadziemnej rośliny

**BADANIE PRZYDATNOŚCI GRZYBA *MYROTHECIUM RORIDUM* DO USUWANIA
BARWNIKÓW AZOWYCH I WSTĘPNA IDENTYFIKACJA MECHANIZMÓW
ODPOWIEDZIALNYCH ZA TEN PROCES**

Małgorzata Kowalewska^{1*}, Anita Szczepaniak¹, Anna Jasińska², Jerzy Długoński²

1) *Studenckie Koło Naukowe Biotechnologiczno-Mikrobiologiczne „SKN Bio-Mik”, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź*

2) *Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-231 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: gorzata.kowalewska@gmail.com

Barwniki azowe są powszechnie wykorzystywane w wielu gałęziach przemysłu. Związki te dostają się do środowiska naturalnego głównie w postaci ścieków przemysłowych i stanowią poważne zagrożenie dla wszystkich żywych organizmów. Bardzo często obecność barwników może wywoływać u organizmów efekt toksyczny, mutagenny i/lub kancerogeny. Usuwanie barwników syntetycznych ze ścieków przy użyciu mikroorganizmów stanowi przyjazną dla środowiska technologię eliminacji tych związków. Celem pracy była ocena możliwości wykorzystania grzyba *Myrothecium roridum* do dekoloryzacji wybranych barwników azowych oraz wstępna identyfikacja mechanizmów odpowiedzialnych za ten proces.

Szczep *M. roridum* pochodził z kolekcji szczepów Katedry Mikrobiologii Przemysłowej i Biotechnologii Uniwersytetu Łódzkiego. Został on wyizolowany z gleby pobranej z terenu zakładu produkcji barwników Boruta – Zachem Kolor S.A. w Zgierzu. Drobnoustroj hodowano w zmodyfikowanym podłożu Czapek-Dox z dodatkiem 50 mg/L barwnika Acid Blue 113 (AB113) lub bez dodatku barwnika. W wybranych odstępach czasu oceniano: aktywność enzymów lignino litycznych, stężenie białek zewnątrzkomórkowych oraz suchą masę grzybni. Z płynu pohodowlanego oraz z grzybni uzyskanej po 72 godz. Hodowli wyizolowano białko za pomocą kwasu trójchlorooctowego. Precypitaty białek oczyszczono i poddano rozdzielaniu elektroforetycznemu.

Dodatek do hodowli barwnika AB113 nie ograniczał wzrostu grzyba, a drobnoustroj charakteryzował się zdolnością do dekoloryzacji barwnika. Po 48 godz. Hodowli eliminacja barwnika wynosiła 84%. Wstępna ocena aktywności enzymów lignino litycznych wykazała obecność w płynach pohodowlanych lakazy oraz niewielkich ilości peroksydazy ligninowej i manganozależnej. Stężenie białek zewnątrzkomórkowych w hodowli z dodatkiem barwnika było zbliżone do zawartości białek w hodowlach kontrolnych, jednak zaobserwowano różnice w profilu białek.

Uzyskane wyniki wskazują na możliwe zaangażowanie w proces dekoloryzacji AB113 przez grzyb *M. roridum* białek zewnątrzkomórkowych m.im. lakazy peroksydazy manganozależnej i/lub ligninowej. Dalsze badania będą zmierzać do opracowania skutecznej i taniej metody eliminacji barwników azowych z wykorzystaniem badanego drobnoustroju.

**OCENA CYTOTOKSYCZNEGO DZIAŁANIA KWASU ASKORBINOWEGO NA LINIĘ
KOMÓRKOWĄ CZERNIAKA LUDZKIEGO A375**

Klaudia Mikołajczyk^{1,2*}, Wioletta Zielińska^{1,2}, Magdalena Izdebska^{1,2},
Marta Hałas-Wisniewska^{1,2}, Paweł Niewiadomski², Aleksandra Opacka^{1,2},
Alina Grzanka¹

1) *Katedra i Zakład Histologii i Embriologii, Wydział Lekarski, Collegium Medicum
im. Ludwika Rydygiera, ul. Karłowicza 24, 85-092 Bydgoszcz*

2) *SKN Biologii Komórki i Ultrastruktury*

*e-mail autora do korespondencji: klaudia199527@wp.pl

Wstęp: Witamina C, nazywana również kwasem askorbinowym, ma ogromne znaczenie dla prawidłowego funkcjonowania organizmu. Kwas askorbinowy wykazuje wysoce antyoksydacyjne właściwości. Ta rola jest niezwykle istotna ze względu na fakt, że komórki organizmu są bezustannie narażone na działanie reaktywnych form tlenu. Najnowsze badania wskazują na właściwości hamujące proces inicjacji karynogenezy przez witaminę C.

Cel badań: Wykazanie działania przeciwnowotworowego i rakotwórczego poprzez zastosowanie terapii kwasem askorbinowym wobec komórek nowotworowych.

Materiał i metody: Do badania użyto komórki linii czerniaka ludzkiego A375 wyizolowane z pierwotnego guza i traktowane roztworem witaminy C w różnych stężeniach i dwóch czasach inkubacji: 24 i 48 godzin. Oceniono efekt cytotoksyczny witaminy C za pomocą testu MTT i klonogenności. Oraz scharakteryzowano morfologię komórek poprzez barwienie hematoksyliną wg. Mayera. Analiza cytometryczna pozwoliła określić procent komórek apoptotycznych.

Wyniki: Na podstawie przeprowadzonych badań i analiz wybrano kluczowe stężenia, w których następuje supresja guza poprzez działanie witaminy C. Na podstawie uzyskanych wyników określono również stężenie sprzyjające transformacji nowotworowej.

Wnioski: Kwas askorbinowy charakteryzuje się różnorodną skutecznością w stosunku do komórek nowotworowych guza pierwotnego. Niskie stężenia warunkują progresję procesu nowotworowego, natomiast wysokie stężenia witaminy C, supresję karcynogenezy.

**WPLYW SELENU NA PODATNOŚĆ SAŁATY (*LACTUCASATIVA*) NA SZARĄ PLEŚŃ
(*BOTRYTISCINEREA*)**

Marta Olszewska^{1*}, Paweł Kejna¹, Marzena Wielanek¹,

Elżbieta Kuźniak-Gębarowska¹

1) Katedra Fizjologii i Biochemii Roślin, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
ul. Banacha 12/13, 90-237 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: marta.olszewska@unilodz.eu

Selen (Se) zwiększa tolerancję roślin na stres abiotyczny jednak niewiele wiadomo o jego wpływie na odporność roślin na patogeny. Wyjaśnienie problemu jest ważne w kontekście nawożenia roślin użytkowych selenem jako metody uzupełniania niedoborów tego pierwiastka w diecie człowieka. Akumulacja Se lub produktów jego metabolizmu w roślinach może modulować ich podatność na patogeny i przez to weryfikować zalecenia dotyczące suplementacji roślin. Sałata suplementowana w Se może być zaliczana do tzw. żywności funkcjonalnej.

Celem pracy było określenie wpływu Se (IV) na podatność sałaty na *Botrytis cinerea*. Określono zawartość chlorofilu, karotenoidów, nadtlenku wodoru (H_2O_2) i anionorodnika ponadtlenkowego ($O_2^{\cdot-}$) oraz aktywność enzymów antyoksydacyjnych: peroksydazy askorbinianowej (APX) i katalazy (CAT).

Materiał stanowiły trzytygodniowe siewki sałaty traktowane 2 μM i 10 μM Se (IV) i po 7 dniach zakażone *B. cinerea*.

Se (IV) w niższym stężeniu ma pozytywny wpływ na wzrost sałaty i poprawia wigor roślin. U roślin traktowanych 10 μM Se przebieg infekcji był łagodniejszy niż w pozostałych wariantach. Wykazano hamujący wpływ selenu na wzrost i rozwój *B. cinerea* w roślinie, który potwierdzono w badaniach *in vitro*. Bezpośrednio po infekcji nie zaobserwowano zmian w zawartości barwników fotosyntetycznych. Stwierdzono wyższe aktywności CAT oraz APX w grupach traktowanych 10 μM Se (IV) w dniu inokulacji (T0). Histochemiczna detekcja H_2O_2 wykazała mniejszą liczbę ognisk świadczących o generowaniu tego związku w roślinach traktowanych 10 μM Se (IV), co potwierdza stymulujący wpływ selenu na system antyoksydacyjny roślin w trakcie patogenezы.

Wnioski: (1) dolistna aplikacja Se (IV) wpływa korzystnie na wzrost i kondycję sałaty siewnej, (2) wpływ selenu na system antyoksydacyjny roślin może odgrywać rolę w ograniczeniu rozwoju szarej pleśni.

**POLI(WĘGLANO-URETANY) JAKO KOPOLIMERY Z PAMIĘCIĄ KSZTAŁTU DO
ZASTOSOWAŃ BIOMEDYCZYNYCH**

Karolina Rolińska^{1,2*}, Paweł Parzuchowski¹, Andrzej Sikorski²

1) *Katedra Chemii i Technologii Polimerów, Wydział Chemiczny, Politechnika Warszawska, ul. Noakowskiego 3, 00-664 Warszawa*

2) *Zakład Chemii Teoretycznej i Strukturalnej, Wydział Chemiczny, Uniwersytet Warszawski, ul. Pasteura 1, 02-093 Warszawa*

**e-mail autora do korespondencji: krolinska@ch.pw.edu.pl*

Polimery z pamięcią kształtu stanowią perspektywiczną grupę materiałów, która zastosowanie znajduje również w dziedzinie biomedycyny, także w przypadku artykułów wszczepialnych. Zarówno poliuretany, jak i poliwęglany znalazły zastosowanie właśnie w tej dziedzinie. Celem pracy jest otrzymanie kopolimerów charakteryzujących się różną gęstością usieciowania, jak i zróżnicowanymi parametrami związanymi z pamięcią kształtu.

W pracy przedstawiono syntezę poli(węglano-uretanów) z zastosowaniem oligowęglano alkilenów charakteryzujących się różnymi masami molowymi. Oligowęglany otrzymane zostały w syntezie dwuetapowej z zastosowaniem 1,10-dekanodiolu¹ oraz 1,12-dodekanodiolu. Początkowo otrzymano bis(metylowęglany)alkilenu, a następnie przeprowadzono dalszą syntezę z określonym diolem. Kolejny etap stanowi poliaddycja oligowęglanodiolu oraz izocyjanianu, po czym prepolimer utwardza się z zastosowaniem pary wodnej.

Realizacja badań z zastosowaniem różnych oligowęglanodiolu, jak i związków wielohydroksylowych w reakcji z diizocyjanianami umożliwi lepsze określenie charakterystyki poli(węglano-uretanów) związanej ze zjawiskiem pamięci kształtu. Przeprowadzone badania umożliwią zoptymalizowanie struktury kopolimeru w odniesieniu do późniejszego zastosowania w dziedzinie biomedycyny.

1) Tomczyk KM, Parzuchowski PG, Kozakiewicz J, Przybylski J, Rokicki G. *Synteza oligowęglanodiolu z "zielonego monomeru" – węglanu dimetylu – jako segmentów giętkich w elastomerach poli(uretano-mocznikowych). Polimery 2010;5:366.*

Projekt nr POWR.03.02.00-00-I007/16-00 realizowany w ramach Programu Operacyjnego Wiedza Edukacja Rozwój 2014-2020 współfinansowany ze środków Europejskiego Funduszu Społecznego.

THE SECRET POWER OF MINT SMELL-ALLELOPATHY IN MENTHA & OTHER LAMIACEAEMohammed Mahmood Sarheed^{1*}, Peter Nick¹

1) Nick lab, Botanical Institute I, Karlsruhe Institute of Technology, Fritz-Haber-Weg. 4, Gbd. 30.43, (5. OG), 76131 Karlsruhe, Germany

*e-mail autora do korespondencji: mohammed.sarheed@kit.edu

Allelopathy is a process whereby plants naturally, evade competition by suppressing other plants. *Mentha* species is known to be allelopathic in nature and it produces oils (volatile) which effect the growth and development of other plants. We therefore used a comparative approach, where we tested allelopathic effects of essential oils from different Mints (including the genus *Mentha*, but also Cat Mint (*Nepeta cataria*), and Corean Mint (*Agastache rugosa*), belonging to sisters clades within the *Mentheae*) using the standard cress germination assay as readout. By using pairs of closelyrelated active/non-active *Mentha* species, we could identify two candidate compounds: beta-pinene which activates programmed cell death and targets actin filaments. Menthone activates programmed cell death and targets microtubules.

Based on the comparison between bioactivity and chemical components, we identified menthone as prime candidate for the allelopathic effect and confirmed this experimentally. In order to understand the mode of action, we followed the effect of menthone in a transgenic tobacco BY-2 cell line expressing the microtubule marker *AtTuB6* in fusion with GFP). We could show that menthone, disrupted microtubules and induced mortality. This mortality was elevated in the tubulin marker line, where microtubules are mildly stabilized, as compared to the non-transformed wild type. The disruptive effect of menthone on microtubule could also be confirmed in rice roots and *Arabidopsis* cotyledons.

Our study paves way for the use of novel bioherbicides that would be environment friendly.

**OCENA PARAMETRÓW ANTYOKSYDACYJNYCH W KOMÓRKACH GUCZOŁÓW
PRZĘDNYCH PAJĄKA *STEATODA GROSSA* (THERIDIIDAE) PO DŁUGOTERMINOWEJ
EKSPOZYCJI NA KADM I MIEDŹ**

Kinga Surmiak^{*1}, Kamila Wiśniewska¹, Beata Capiga¹, Elżbieta Szulińska¹,

Grażyna Wilczek¹

1) Katedra Fizjologii Zwierząt i Ekotoksykologii, Uniwersytet Śląski w Katowicach,
ul. Bankowa 9, 40-007 Katowice

*e-mail autora do korespondencji: surmiak.kinga@gmail.com

Jednym z podstawowych zanieczyszczeń biosfery są metale ciężkie. Pierwiastki te mogą być włączane do łańcucha pokarmowego i ulegać biomagnifikacji, powodując zaburzenia wielu funkcji fizjologicznych organizmu.

Celem pracy było sprawdzenie, czy i w jakim stopniu ksenobiotyczny kadm i biogenna miedź podawane pająkom *Steatoda grossa* (Theridiidae) w prostym modelu łańcucha pokarmowego (pożywka suplementowana metalem → muchy *Drosophila hydei* → pająk), zmieniają potencjał antyoksydacyjny w komórkach gruczołów przednich podczas długoterminowej intoksykacji.

Analizy przeprowadzono w ampułkowatych gruczołach przednich, które izolowano z ciał samic pająka *S. grossa* karmionych długoterminowo (minimum 12 miesięcy) ofiarami (*D. hydei*) hodowanymi na standardowych pożywkach suplementowanych CdCl_2 (0,25 mM) lub CuSO_4 (0,23 mM) w dawkach subletalnych dla pająka. W narządach zmierzono aktywność katalazy (CAT), transferazy glutationowej (GST) oraz poziom całkowitej zdolności antyoksydacyjnej (TAC), stosując metody spektrofotometryczne. Stężenie metali w ciele samic oceniano techniką AAS.

Wykazano, że długoterminowa ekspozycja pajaków na kadm zawarty w pokarmie skutkowałą ponad pięćdziesięciokrotnie wyższym, niż u osobników kontrolnych stężeniem metalu w ciele, podczas gdy stężenie miedzi było wyższe niż kontroli tylko o 70%. Narażenie na kadm spowodowało istotne względem kontroli nasilenie aktywności CAT, jednak aktywność GST oraz poziom TAC w gruczole przednim pozostały na poziomie zbliżonym do kontrolnego. W przypadku osobników poddanych działaniu miedzi, wartości mierzonych parametrów były podobne jak w kontroli. Otrzymane rezultaty wskazują na większą wrażliwość gruczołów ampułkowatych na kadm niż miedź, który powodował nasilenie stresu oksydacyjnego w analizowanym narządzie pająka. Miedź w zastosowanym stężeniu i przy zadanym czasie ekspozycji nie stanowi poważnego zagrożenia dla komórek gruczołów przednich tego gatunku, prawdopodobnie dzięki sprawnym mechanizmom regulującym zawartość tego biogenu w organizmie.

ZMIANY W MORFOLOGII I METABOLIZMIE W KORZENIACH I ŁODYGACH SIEWEK KUKURYDZY (*ZEА MAYS*) W WYNIKU 72-GODZINNEGO DZIAŁANIA BISFENOLU A (BPA)

Jakub Winczek^{1*}, Andrzej Kaźmierczak¹

1) Katedra Cytofizjologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: winczekjakub@gmail.com

Wiele związków antropogenicznych wywołuje negatywne efekty w rozwoju zwierząt i roślin, jednym z tych czynników jest BPA. Jest on substratem wykorzystywanym w syntezie poliwęglanów i żywic epoksydowych, które znalazły zastosowanie w produkcji sprzętu i opakowań plastikowych. Dane literaturowe skupiają się głównie na wpływie BPA na komórki człowieka, a jest mało publikacji dotyczących innych obiektów eksperymentalnych, w tym roślin. W związku z tym, że jest to czynnik o charakterze toksycznym wydało się interesujące sprawdzić jaki efekt BPA wywołuje we wzroście i rozwoju siewek, gospodarczo ważnej rośliny, *Zea mays*.

Wykonano pomiary morfologiczne długości korzeni, epikotyli i dokumentację fotograficzną siewek. Wykonano analizę żywotności komórek kory pierwotnej korzeni z zastosowaniem barwienia oranżem akrydyny i bromkiem etyldyny. Przeprowadzono także analizy zawartości H₂O₂, aktywności dysmutaz ponadtlenkowych (SOD), katalazy (KAT) i peroksydaz (POX) metodą spektrofotometryczną z wykorzystaniem substratów, odpowiednio NBT, H₂O₂ i gwajakolu. Do eksperymentów, na podstawie wstępnych analiz, wybrano dwa stężenia BPA, tj. 30 mg L⁻¹ i 120 mg L⁻¹.

Żywotność komórek kory pierwotnej korzeni bobiku w kontroli wynosiła 85%, w 30 mg L⁻¹ BPA 98% a w 120 mg L⁻¹ BPA 75%. W siewkach traktowanych 120 mg L⁻¹ BPA zaobserwowano znaczący wzrost stężenia H₂O₂ oraz aktywności enzymów antyoksydacyjnych.

Na podstawie otrzymanych wyników wykazano wyniszczający wpływ stężenia 120 mg L⁻¹ BPA na siewki kukurydzy, przejawiało się to zarówno na poziomie morfologii siewek, żywotności komórek jak i zmian aktywności enzymów antyoksydacyjnych. Natomiast stężenie 30 mg L⁻¹ wykazuje niewielkie różnice w stosunku do kontroli, co będzie przedmiotem dalszych badań, zwłaszcza, że niektóre dane literaturowe wskazują na pozytywny wpływ BPA na rozwój roślin.

ORGANOSPECYFICZNA INDUKCJA AKTYWNOŚCI PEROKSYDAZ W SIEWKACH OGÓRKA TRAKTOWANYCH NIKLEM

Aleksandra Witusińska^{1*}, Patrycja Kopa¹, Ewa Gajewska¹

1) Katedra Fizjologii i Biochemii Roślin, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

**e-mail autora do korespondencji: aleksandra.witusinska@biol.uni.lodz.pl*

Nikiel (Ni) jest mikroelementem niezbędnym dla wzrostu i rozwoju roślin, jednak jego wysokie stężenia mogą wywoływać efekty toksyczne. Fitotoksyczność Ni przypisuje się jego negatywnemu wpływowi na kluczowe procesy metaboliczne i fizjologiczne, co prowadzi do zahamowania wzrostu roślin. Peroksydazy (POX) uczestniczą w różnych procesach związanych z modyfikacją ściany komórkowej katalizując utlenianie związków fenolowych kosztem H_2O_2 . Uważa się, że POX wykorzystująca jako substrat syringaldazynę jest szczególnie zaangażowana w polimeryzację ligniny. Celem pracy było zbadanie aktywności peroksydazy oznaczanej względem guajakolu (GPOX) oraz syringaldazyny (SPOX) w korzeniu, liścieniach, liściu I i II siewek ogórka, w odniesieniu do wpływu Ni na wzrost tych organów i akumulację Ni w ich tkankach.

Materiał do badań stanowiły siewki ogórka odm. Cezar uprawiane metodą hydroponiczną: kontrolne i traktowane $10 \mu M$ Ni. Aktywność POX oznaczano spektrofotometrycznie po 2 tygodniach traktowania roślin metalem.

Ekspozycja siewek ogórka na działanie Ni spowodowała spadek biomasy pędu i korzenia, odpowiednio o 51% i 59% w stosunku do kontroli. Powierzchnia liścia I i II siewek traktowanych Ni spadła odpowiednio o 22% i 43%, a liścienia o 29%. Aplikacja Ni spowodowała ponad 117-krotny wzrost zawartości tego pierwiastka w pędzie oraz 135-krotny w korzeniu. Analiza dystrybucji Ni w poszczególnych organach siewek traktowanych metalem wykazała, że w korzeniu, łodydze, liścieniach, liściu I i II akumulowane jest odpowiednio 41%, 7%, 34%, 14% oraz 4% całkowitej ilości metalu pobranego przez siewkę. Wpływ Ni na aktywność POX był zróżnicowany w zależności od badanego organu. Największy wzrost aktywności GPOX stwierdzono w liściu I (13-krotny), natomiast w korzeniu, liściu II oraz liścieniu nastąpił około 70% wzrost aktywności tego enzymu. W odpowiedzi na traktowanie Ni aktywność SPOX w liściu I oraz liścieniu wzrosła odpowiednio 26-krotnie i 1,6-krotnie, natomiast w liściu II i korzeniu nie zmieniła się istotnie. Oceniając stopień lignifikacji badanych organów wykazano, że w największym stopniu proces ten zachodzi w liściu I.

Wyniki wskazują, że peroksydazy są zaangażowane w odpowiedź siewek ogórka na stres Ni. Ich rola może wiązać się ze wzmacnianiem ściany komórkowej, w tym procesu lignifikacji, a także z usuwaniem H_2O_2 . Nie stwierdzono ścisłej zależności między wzrostem aktywności POX a stopniem zahamowania wzrostu i akumulacją Ni w poszczególnych organach, jednak w liściu I, który charakteryzował się największą zawartością ligniny, aktywność peroksydaz była najwyższa.

HYDROPEROXYLYASE-TRIGGERED DEFENSE SIGNALLING AND CELL DEATH MEDIATED BY METACASPASE 5 IN GRAPEVINE

Xin Zhu^{1*}, Michael Riemann¹, Peter Nick¹

1) Karlsruhe Institute for Technology (KIT), Botanik Institute 1, Fritz-Haber-Weg 4, 76131 Karlsruhe, Germany

*e-mail autora do korespondencji: xin.zhu@kit.edu

Plant immunity consists of two levels: basal immunity and cell-death related immunity. In the plastid, the oxidation of membrane lipids triggers the oxylipin pathway that leads to the synthesis of jasmonic acid, a central player for basal immunity. The first committed enzyme of this pathway, Allene Oxid Synthase (AOS) has a duplicated sister, Hydroperoxy Lyase (HPL), which differs in one amino-acid exchange in the active center and does not generate jasmonate, but volatile compounds. HPL generates two volatile isomers: cis-3-hexenal (Z3HAL) and trans-2-hexenal (E2HAL).

The Z3HAL is highly efficient in activating disassembly of actin followed by cell death, while E2HAL is not. This has been observed both in tobacco BY-2 cells and Vitis cell expressing a fluorescent actin marker, as well as in real grape leaves. There should be a specific signalling pathway leading to Programmed Cell Death (PCD). Meanwhile, we have found a potential target of this signaling, metacaspase, which is involved in defence-related hypersensitive response (HR). HR is a plant-specific form of PCD providing an efficient strategy to block pathogens and always associates with a high degree of plant resistance.

Metacaspase is a family of cysteine-dependent proteases with “caspase-like” activity. Overexpressing metacaspase 5 from grapevine in BY-2 tobacco cell line shows a dramatic increase in defence-triggered cell death induced by harpin (an elicitor from a phytopathogenic bacterium) or Z3HAL. Metacaspase 5 belongs to metacaspase type II family, which could be activated by intermolecular cleavage of itself.

Many studies reported some of the plant types II MCPs exhibit Ca²⁺ dependence for their endopeptidase activity *in vitro*. Therefore, we develop a cell permeating peptide that could specifically manipulate metacaspase function to study the role of VrMC5 in Z3HAL triggered signaling pathway. Meanwhile, we are investigating the autolysis sites in VrMC5 and biological relevance of Ca²⁺ dependence in its self-process

STRESZCZENIA
Sesja
Biologia molekularna i medyczna

CELE TERAPEUTYCZNE W GLIOBLASTOMAMonika Szeliga^{1*}

1) Zakład Neurotoksykologii, Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. M. Mossakowskiego PAN, ul. Pawińskiego 5, 02-106 Warszawa

*e-mail autora do korespondencji: mszeliga@imdik.pan.pl

Glejaki stanowią 80% pierwotnych złośliwych nowotworów ośrodkowego układu nerwowego (OUN). Glioblastoma (GBM, WHO IV) jest najczęstszym pierwotnym nowotworem OUN u dorosłych, charakteryzującym się agresywnym przebiegiem klinicznym i złymi rokowaniami. Pomimo postępu medycyny, średnia przeżywalność pacjentów wynosi nadal około roku. Głównymi przyczynami porażek w leczeniu GBM są: lokalizacja tych nowotworów, zdolność komórek GBM do naciekania zdrowych tkanek, a także istnienie bariery krew-mózg utrudniającej penetrację większości cytostatyków. Ponadto GBM są nowotworami heterogennymi pod względem molekularnym. Różnice na poziomie genomu, epigenomu, transkryptomu i proteomu obserwowane są zarówno pomiędzy poszczególnymi przypadkami GBM, jak i w obrębie jednego guza. Istotną przeszkodę w leczeniu GBM stanowią także nowotworowe komórki macierzyste (ang. *cancer stem cells*, CSC), w znacznej mierze przyczyniające się do wznowy i progresji tych nowotworów.

Stosowane obecnie terapie są nieskuteczne i wywołują szereg działań ubocznych obniżając znacząco jakość życia pacjentów z GBM. Konieczne są zatem intensywne badania zarówno nad potencjalnymi celami terapeutycznymi, jak i skutecznymi terapeutykami, które nie działałyby cytotoksycznie na zdrowe tkanki.

**RADIACYJNA SYNTEZA ORAZ ANALIZA HYDROŻELI Z KARBOKSYMETYLOCHITOZANU
POD KĄTEM ZASTOSOWAŃ MEDYCZNYCH**

Karol Kłosiński^{1*}, Radosław Wach², Łukasz Duda¹, Barbara Kościelska¹,
Zbigniew Pasieka¹

1) *Katedra Endokrynologii, Zakład Chirurgii Doświadczalnej, Wydział Lekarski,
Uniwersytet Medyczny w Łodzi, ul. Pabianicka 62, 93-513 Łódź;*

2) *Międzyresortowy Instytut Techniki Radiacyjnej, Wydział Chemiczny, Politechnika Łódzka,
ul. Wróblewskiego 15, 93-590 Łódź.*

*e-mail autora do korespondencji: karol.klosinski@umed.lodz.pl

Celem badań jest wytworzenie elastycznych hydrożeli z karboksymetylochitozanu (CMCS) o właściwościach zbliżonych do komercyjnie dostępne opatrunkach hydrożelowych oraz przeprowadzanie badań właściwości fizykochemicznych i biologicznych.

Hydrożele wytworzone zostały z wodnych roztworów CMCS z dodatkiem niskocząsteczkowego, nieszkodliwego makromonomeru PEGDA, które zostały napromienione wiązką przyspieszonych elektronów, aby wytworzyć żele chemiczne. W ten sposób powstałe hydrożele zostały poddane analizie żelowo-żelowej w celu wyznaczenia ilości frakcji żelowej i równowagowego stopnia spęczenia (EDS). Wyniki przeprowadzonych badań wskazują, że promieniowanie jonizujące jest wygodnym narzędziem do syntetyzowania hydrożeli opartych na CMCS.

Następnie hydrożele zostały zbadane w teście cytotoksyczności XTT względem mysich fibroblastów oraz w teście Live-Dead względem komórek ludzkich. Wykazano, że cytotoksyczność malała wraz ze spadkiem stężenia CMCS oraz substancji sieciującej użytych do syntezy hydrożeli. Największą przeżywalność uzyskano dla próbki o zawartości 3% CMCS oraz 3% PEGDA. W miarę zmniejszania stężenia ekstraktu przeżywalność komórek rosła (nawet powyżej 100% w stosunku do kontroli), co świadczy o tym, że karboksymetylochitozan wspomaga wzrost fibroblastów.

W celu dalszej oceny biokompatybilności wykonane zostały badania *in vivo*, na modelu szczura laboratoryjnego. Procedurom poddane zostały zwierzęta po 7-dniowym okresie adaptacji. Do eksperymentu włączono jedynie zdrowe w pełni rozwinięte osobniki. Badania nie wykazały niekorzystnego wpływu hydrożeli na zdrowie organizmów zwierzęcych.

Wyniki przeprowadzonych badań wskazują, że hydrożele z karboksymetylochitozanu mogą być rozważane jako potencjalne opatrunki na rany.

Projekt został sfinansowany ze środków zadania badawczego Uniwersytetu Medycznego w Łodzi o numerze: 502-03/1-153-02/502-14-325.

**POTENCJAŁ PRZECIWNOWOTWOROWY α -MANGOSTYNY WOBEC KOMÓREK RAKA
PŁASKONABŁONKOWEGO NA PODSTAWIE BADAŃ WYBRANYCH PARAMETRÓW
KOMÓRKOWYCH**

Joanna Markowicz^{1*}, Łukasz Uram²

1) Zakład Polimerów i Biopolimerów, Wydział Chemiczny, Politechnika Rzeszowska,
al. Powstańców Warszawy 6, 35-959 Rzeszów

2) Zakład Polimerów i Biopolimerów, Wydział Chemiczny, Politechnika Rzeszowska,
al. Powstańców Warszawy 6, 35-959 Rzeszów

*e-mail autora do korespondencji: j.markowicz@outlook.com

α -Mangostyna należy do ksantonów, związków organicznych pochodzenia roślinnego, głównie występuje w owocni mangostanu właściwego (*Garcinia mangostana* Linn), wiecznie zielonego drzewa z południowo-wschodniej Azji. Liczne badania, zarówno *in vitro* jak *in vivo* wykazały, że α -mangostyna posiada szereg właściwości farmakologicznych, takich jak: antyoksydacyjne, przeciwzapalne, przeciwbakteryjne oraz przeciwnowotworowe.

Celem niniejszej pracy było zbadanie potencjału przeciwnowotworowego α -mangostyny wobec komórek ludzkiego raka płaskonabłonkowego skóry (SCC-15) w odniesieniu do komórek normalnych fibroblastów ludzkich (BJ). Parametry, jakie badano to: cytotoksyczność (test wychwyty czerwieni neutralnej – NR oraz test redukcji soli tetrazolowych – XTT), proliferacja, adhezja, indukcja apoptozy (oznaczenie aktywności kaspaz 3 i 7) oraz poziom wewnątrzkomórkowego ATP.

α -Mangostyna wykazała działanie toksyczne zależne od stężenia oraz typu komórek, nieco silniejsze wobec komórek nowotworowych niż normalnych. IC₅₀ dla komórek SCC-15 wyniosło 6,43 μ M (test NR) oraz 7,72 μ M (test XTT), natomiast dla komórek BJ były to odpowiednio wartości 8,97 μ M oraz 18,58 μ M. Efektem toksycznego działania α -mangostyny w komórkach SCC-15 było uszkodzenie błony komórkowej oraz zaburzenie pracy mitochondriów. Aktywność przeciwnowotworowa związku przejawiała się również poprzez efektywniejsze zahamowanie proliferacji komórek SCC-15 w porównaniu do BJ w zakresie stężeń cytotoksycznych. α -Mangostyna w stężeniu 10 μ M spowodowała także obniżenie adhezji komórek SCC-15 do 45% (względem nieleczonej kontroli). Ponadto, badany związek indukował apoptozę zarówno w komórkach nowotworowych jak i normalnych, przy czym w komórkach SCC-15 ten proces miał miejsce przy niższym stężeniu α -mangostyny oraz towarzyszył mu spadek poziomu ATP.

Podsumowując, prezentowane wyniki sugerują pewną selektywność toksycznego działania α -mangostyny wobec komórek raka płaskonabłonkowego skóry, związanego z wpływem na różne parametry metabolizmu komórkowego. Wyniki te skłaniają do kontynuacji badań pod kątem zastosowania α -mangostyny w leczeniu nowotworów skóry.
Źródło finansowania badań: Narodowe Centrum Nauki, grant nr 2016/21/B/NZ1/00288.

NANOKOMPOZYTY CHITOZANOWE PRZEZNACZONE NA RUSZTOWANIA KOMÓRKOWE

Katarzyna Piekларz^{1*}, Zofia Modrzejewska¹, Michał Tylman²

1) *Katedra Inżynierii Środowiska, Zakład Procesów Ciepłych i Dyfuzyjnych, Wydział Inżynierii Procesowej i Ochrony Środowiska, Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 213, 90-924 Łódź*

2) *Katedra Termodynamiki Procesowej, Wydział Inżynierii Procesowej i Ochrony Środowiska, Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 213, 90-924 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: katarzyna.piekларz@edu.p.lodz.pl

W ostatnich latach zauważalny jest ogromny postęp w dziedzinie inżynierii tkankowej, będącej interdyscyplinarną gałęzią medycyny regeneracyjnej. Największy progres dotyczy modyfikowania powierzchni oraz właściwości stosowanych biomateriałów. W centrum zainteresowania znajdują się głównie trójwymiarowe, mikroporowate struktury polimerowe (ang. *scaffolds*) umożliwiające prowadzenie efektywnych hodowli komórkowych.

Celem przeprowadzonych badań własnych było wytworzenie matryc chitozanowych zawierających w strukturze tlenek grafenu. Układy formowane były w postaci termowrażliwych hydrożeli, służących jako materiał na rusztowanie komórkowe, który w rezultacie pozwoli na regenerację uszkodzeń kości.

Bionanoukłady chitozanowe wytworzono z mleczanu oraz chlorku chitozanu (chitozan o stopniu deacetylacji powyżej 80%), przy użyciu tlenku grafenu w dyspersji wodnej i soli disodowej β -glicerofosforanu jako substancji neutralizującej i umożliwiającej wzrost oddziaływań międzycząsteczkowych oraz tworzenie struktury sieciowej 3D.

W ramach przeprowadzonych prac wykonano badania strukturalne stosując technikę spektroskopii FTIR oraz metodę dyfraktometrii XRD. Ponadto wykonano mikroobrazy przy użyciu mikroskopii SEM oraz mikroskopii polaryzacyjnej. W części testów biologicznych przeprowadzono ocenę przeżywalności komórek osteoblastów z zastosowaniem techniki mikroskopii fluorescencyjnej.

Na podstawie analizy obrazów SEM stwierdzono, iż hydrożele zawierające GO cechują się bardziej rozwiniętą strukturą przestrzenną i zwiększeniem porów niż w przypadku hydrożeli sporządzonych bez nanonapełniacza, co zapewnia optymalne warunki do namnażania komórek.

Biorąc pod uwagę wyniki zrealizowanych eksperymentów, można stwierdzić, iż obecność w strukturze hydrożeli nanononapełniacza w postaci GO predysponuje opracowane nanokompozyty chitozanowe do zastosowania jako rusztowania do hodowli komórkowych.

AKTYWNOŚĆ PRZECIWNOWOTWOROWA NOWYCH POCHODNYCH MELFALANUAnastazja Poczta^{1*}, Arkadiusz Gajek¹, Małgorzata Łukawska², Joanna Tobiasz²,Agnieszka Marczak¹*1) Katedra Biofizyki Medycznej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź**2) Zakład Syntezy i Technologii Chemicznej, Instytut Biotechnologii i Antybiotyków, ul. Starościńska 5, 02-516 Warszawa***e-mail autora do korespondencji: anapoczta5@gmail.com*

Nowotwory układu krwiotwórczego są jedną z najczęstszych przyczyn zgonów wśród pacjentów w różnym przedziale wiekowym. Melfalan jest powszechnie stosowany w leczeniu szpiczaka mnogiego oraz nowotworów hematologicznych. Lek ten należy do bifunkcyjnych związków alkilujących. Problemy związane ze stosowaniem tego leku to brak selektywności, wysoka toksyczność i rozwój oporności na lek. Z tego powodu naukowcy podejmują liczne próby znalezienia nowych chemicznych modyfikacji tego związku.

Celem badań było określenie cyto- i genotoksycznego wpływu nowych pochodnych melfalanu na komórki białaczkowe i szpiczakowe oraz ocena zdolności analogów od indukowania apoptozy. Badania prowadzono na modelu ostrej białaczki promielocytowej (HL-60), monocytowej (THP-1) oraz szpiczaka mnogiego (RPMI-8226). Wszystkie badane związki zostały zsintetyzowane w Instytucie Biotechnologii i Antybiotyków w Warszawie. Modyfikacje chemiczne cząsteczki melfalanu obejmowały grupę karboksylową, otrzymano tak estry metylowe oraz etylowe melfalanu (EE-MEL i EM-MEL), dodatkowo tak zmodyfikowane związki przekształcono dalej, w ten sposób, że grupę aminową zastąpiono grupą amidynową zawierającą pierścień morfolinowy (EE-MOR-MEL, EM MOR-MEL) lub łańcuch dipropylowy (EE-DIPR-MEL, EM-DIPR-MEL). Oceniono cytotoksyczność (test żywotności resazuryny), genotoksyczność (test kometowy) i zdolności pochodnych melfalanu do indukowania apoptozy (TUNEL, aktywność kaspaz -3/-7, -8, -9).

Z przeprowadzonych badań wynika, że wszystkie pochodne okazały się bardziej cytotoksyczne niż związek macierzysty w badanych liniach komórkowych. Nowo syntetyzowane związki melfalanu wykazywały najwyższą cytotoksyczność względem linii komórkowej HL-60 i THP-1, natomiast najniższą względem RPMI-8226. Najefektywniejsze okazały się estry melfalanu oraz estry melfalanu zawierające w ugrupowaniu amidynowym resztę cyklicznej aminy- morfoliny. powodując zwiększoną fragmentację DNA oraz wykazując zdolność do indukowania apoptozy.

Podsumowując, wszystkie badane pochodne (w szczególności EM-MEL, EE-MEL oraz EE-MOR-MEL, EM-MOR-MEL) wykazywały zwiększoną aktywność cytotoksyczną w porównaniu z melfalanem, co sugeruje, że mogą one stanowić ważną grupę potencjalnych chemioterapeutyków

WPLYW FRAKCJI FENOLOWEJ I FRAKCJI ZAWIERAJĄCEJ NIEPOLARNE ZWIĄZKI Z LIŚCI ORAZ GAŁĄZEK ROKITNIKA ZWYCZAJNEGO (*ELAEAGNUS RHAMNOIDES* (L.) A. NELSON) NA WYBRANE PARAMETRY AKTYWACJI PŁYTEK KRWI *IN VITRO*

Bartosz Skalski^{1*}, Karolina Ulanowska¹, Klaudia Lechowska¹, Jerzy Żuchowski², Anna Stochmal², Beata Olas¹

1) Katedra Biochemii Ogólnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź

2) Zakład Biochemii i Jakości Plonów, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

*e-mail autora do korespondencji: bartosz.skalski@biol.uni.lodz.pl

Choroby układu sercowo-naczyniowego stanowią istotny problem XXI wieku. Związki fenolowe pochodzenia roślinnego zdolne są do zahamowania aktywacji płytek krwi nie powodując przy tym skutków ubocznych. Rokitnik zwyczajny (*Elaeagnus rhamnoides* (L.) A. Nelson) jest rośliną, która stanowi bogate źródło związków fenolowych, tym samym jest potencjalnym źródłem substancji, które mogą wpływać na procesy hemostazy, w tym na aktywację płytek krwi.

Celem pracy było określenie wpływu frakcji fenolowej oraz zawierającej niepolarne związki z liści oraz gałązek rokitnika zwyczajnego na wybrane parametry aktywacji płytek krwi (adhezja płytek krwi do fibrynogenu i kolagenu oraz agregacja płytek krwi) *in vitro*.

Istotne zahamowanie adhezji płytek krwi obserwowano w przypadku płytek krwi stymulowanych trombiną do fibrynogenu traktowanych frakcją fenolową z gałązek rokitnika zwyczajnego w najwyższym testowanym stężeniu. Frakcja zawierająca niepolarne związki z gałązek badanej rośliny istotnie hamowała adhezję płytek krwi stymulowanych ADP do fibrynogenu w stężeniu 1 µg/ml oraz adhezję płytek krwi stymulowanych trombiną do kolagenu w stężeniu 50 µg/ml. Istotne zahamowanie adhezji płytek krwi niestymulowanych do kolagenu odnotowano w przypadku badanej frakcji fenolowej z liści rokitnika zwyczajnego w stężeniu 50 µg/ml. Frakcja zawierająca niepolane związki istotnie hamowała adhezję płytek krwi stymulowanych trombiną do kolagenu w stężeniu 10 µg/ml oraz adhezję płytek krwi stymulowanych trombiną do kolagenu w stężeniu 10 i 50 µg/ml. Istotnie statystycznie zahamowanie agregacji płytek krwi wywołanej kolagenem obserwowano wyłącznie dla frakcji fenolowej z gałązek rokitnika zwyczajnego (50 µg/ml). Frakcja zawierająca niepolarne związki z liści rokitnika zwyczajnego (50 µg/ml) istotnie zahamowała agregację wywołaną ADP, natomiast frakcja fenolowa z liści tej rośliny istotnie zahamowała agregację płytek krwi wywołaną trombiną w najniższym badanym stężeniu.

Przeprowadzone badania mogą stać się podstawą do poszukiwania oraz izolowania związków z poszczególnych organów rokitnika zwyczajnego, które mogłyby w przyszłości stać się suplementami o aktywności przeciwplatekowej.

Praca finansowana w ramach grantu NCN 2015/19/B/N29/03164.

AMYLOIDOZA WTÓRNA – JAK Z NIĄ WALCZYĆ?Sandra Skibiszewska^{1*}, Elżbieta Jankowska¹

1) *Katedra Chemii Biomedycznej, Wydział Chemii, Uniwersytet Gdański,
ul. Stwosza 63, 80-308, Gdańsk*

**e-mail autora do korespondencji: sandraskibiszewska@gmail.com*

Jednym z podejść w projektowaniu leków antyamyloidowych jest znalezienie związków zdolnych do hamowania samoasocjacji amyloidogennych cząsteczek białka. Istnieje idea, że inhibitorów agregacji można szukać w samej sekwencji amyloidogennej białka i zapobiegać jego oligomeryzacji powodując osłanianie miejsca interakcji. W naszych badaniach skupiliśmy się na inhibitorach agregacji ludzkiego osocznego białka amyloidu A (hSAA). SAA jest białkiem ostrej fazy, którego zwiększona produkcja występuje w odpowiedzi na uraz, zapalenie lub zakażenie. Długotrwałe wysokie stężenie krążącego SAA może prowadzić do jego agregacji i akumulacji złogów białka w macierzy komórkowej różnych narządów i ostatecznie powodować śmierć zaatakowanych tkanek i narządów. W naszych badaniach wykorzystaliśmy fragment 1-5 SAA jako związek wiodący do projektowania inhibitorów agregacji. Zmodyfikowaliśmy sekwencję tego fragmentu, wprowadzając różne naturalne i nienaturalne reszty aromatyczne. Badałyśmy zdolność hamującą analogów saal-5 przy użyciu amyloidogennej regionu N-końcowego białka SAA, SAA1-27. W celu określenia wpływu inhibitora na modelową strukturę peptydu oraz typ i morfologię agregatów, zastosowaliśmy odpowiednio spektroskopię dichroizmu kołowego, spektroskopię w podczerwieni z transformacją Fouriera i transmisyjną mikroskopię elektronową.

Badanie finansowane ze środków budżetowych na naukę w latach 2016-2020 jako projekt badawczy DI2015 022445 w ramach programu „Diamentowy Grant”.

**WPLYW GENU WWOX NA REGULACJĘ EKSPRESJI GENÓW DOCELOWYCH CZYNNIKA
TRANSKRYPCYJNEGO AP-2 α W RAKU PĘCHERZA MOCZOWEGO**

Marharyta Zyma^{1*}, Elżbieta Pluciennik²

1) Wydział Nauk Biomedycznych i Kształcenia Podyplomowego, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, ul. Żeligowskiego 7/9, 90-643 Łódź

2) Zakład Kancerogenezy Molekularnej, Wydział Nauk Biomedycznych i Kształcenia Podyplomowego, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, ul. Żeligowskiego 7/9, 90-643 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: marharyta.zyma@stud.umed.lodz.pl

Rak pęcherza moczowego jest jednym z najczęstszych nowotworów układu moczowego. Jednym z nietypowych genów supresorowych, którego funkcja nie została do końca poznana w raku pęcherza moczowego jest WWOX. Białko WWOX, zawierające dwie domeny WW może oddziaływać z motywem PPxY, który ma w swojej budowie rodzina czynników transkrypcyjnych AP-2. Celem badania było określenie roli genu WWOX w regulacji wybranych genów docelowych dla czynnika transkrypcyjnego AP-2 α w raku pęcherza moczowego.

Badanie było przeprowadzone na linii komórkowej RT-112, która reprezentuje 2 stopień złośliwości raka pęcherza moczowego. Komórki zostały transdukowane cDNA WWOX przez system lentiwirusowy. Geny docelowe dla czynnika AP-2 α , które są zaangażowane w różne procesy komórkowe, takie jak adhezja komórkowa (CDH1), transdukcja sygnału (EGFR, ERBB2, PTEN), regulacja transkrypcji (ESR1) oraz angiogeneza (VEGFA) były analizowane na poziomie mRNA za pomocą Real Time PCR. Oceniono również wpływ WWOX na jeden z markerów metastazy FOXA2 za pomocą techniki Western Blot. Dodatkowo za pomocą testu zymografii określono aktywność enzymatyczną metaloproteiny 2 (MMP2). Wykonano również ocenę wpływu genu WWOX na regulację cyklu komórkowego przy użyciu cytometrii (Muse Cell Cycle Assay Kit).

Przeprowadzone badanie wykazało, że nadekspresja genu WWOX zwiększa ekspresję genów *EGFR*, *ERBB2*, *ESR1*, *PTEN*, *CDH1* oraz *VEGFA*, ale zmniejsza poziom białka FOXA2. Ponadto, w komórkach RT-112/WWOX zaobserwowano niższy poziom aktywności enzymatycznej MMP2 w porównaniu z kontrolą. Nie zanotowano jednak wpływu genu WWOX na cykl komórkowy.

Podsumowując, powyższe dane mogą świadczyć o potencjalnej roli genu WWOX w regulacji ekspresji wybranych genów docelowych czynnika transkrypcyjnego AP-2 α w raku pęcherza moczowego.

Niniejsze badanie było przeprowadzone w Zakładzie Kancerogenezy Molekularnej Uniwersytetu Medycznego w Łodzi i finansowane z projektu Farm@BIO POWR.03.01.00-00-K050/15

**WPLYW KWERCETYNY I JEJ POCHODNYCH WYIZOLOWANYCH Z LIŚCI SOCZEWICY NA
AKTYWNOŚĆ HEMOSTATYCZNĄ OSOCZA *IN VITRO***

Weronika Adach^{1*}, Jerzy Żuchowski², Beata Olas¹, Anna Stochmal²

1) *Katedra Biochemii Ogólnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki,
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

2) *Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Państwowy Instytut Badawczy,
ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy*

*e-mail autora do korespondencji: weronika.adach@biol.uni.lodz.pl

Soczewica jadalna (*Lens culinaris*) to gatunek rośliny jednorocznej lub dwuletniej z rodziny bobowatych. Z upraw soczewicy otrzymywane są pożywne, lekkostrawne nasiona z grupy roślin strączkowych. Pochodne soczewicy charakteryzują się wysoką zawartością związków m.in. kwercetyną, taniną, które chronią organizm przed nowotworami, m.in. spowalniając tempo podziału komórek nowotworowych. Kwercetyna z klasy flawonoli wykazuje właściwości przeciwzapalne, antyoksydacyjne i rozszerzające naczynia krwionośne. Wzmacnia naczynia krwionośne, przez co może pełnić funkcję wspomagającą w leczeniu krwawień podskórnych, hemoroidów, żylaków, jak również ogranicza zakrzepy krwi, stąd posiada także właściwości przeciwmiażdżycowe.

Celem badań było określenie wpływu czy kwercetyna i jej pochodne wyizolowane z liści soczewicy modulują parametry hemostatyczne ludzkiego osocza (w tym czas częściowej tromboplastyny po aktywacji (APTT), czas protrombinowy (PT) i czas trombinowy (TT)) *in vitro*. Ludzkie osocze inkubowano przez 30 minut z różnymi stężeniami związków kwercetyny i jej pochodnych (1 µg/ml, 5 µg/ml i 50 µg/ml). Czasy krzepnięcia krwi określono koagulometrycznie.

Analiza badanych związków roślinnych na aktywność krzepnięcia osocza ludzkiego wykazała, że badane związki nie zmieniły APTT, PT i TT.

**OCENA ZDOLNOŚCI WYBRANYCH POLIFENOLI W PRZECIWDZIAŁANIU AGREGACJI
GAPDH INDUKOWANEJ DZIAŁANIEM H_2O_2**

Edyta Adamiak^{1*}, Aleksandra Rodacka¹

*1) Katedra Biofizyki Molekularnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki,
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: editaadamiak@gmail.com*

W ostatnich latach obserwuje się wzrost liczby osób w podeszłym wieku, co niesie za sobą wzrost liczby chorych na choroby wieku starczego, m.in. na choroby neurodegeneracyjne. Dowiedziono, że jedną z głównych przyczyn rozwoju tych chorób jest nieprawidłowe fałdowanie, agregacja oraz nadmierna akumulacja białek, w tym dehydrogenazy aldehydu 3-fosfoglicerynowego (GAPDH). Proces agregacji indukowany jest działaniem reaktywnych form tlenu i azotu, powstających w warunkach stresu oksydacyjnego. Istnieją związki, posiadające zdolność spowalniania lub zapobiegania agregacji białek, tym samym chroniąc bądź opóźniając rozwój chorób neurozwyrodnieniowych. Są to najczęściej niskocząsteczkowe substancje, syntetyzowane przez rośliny.

Celem pracy była odpowiedź na pytanie, czy polifenole występujące naturalnie, takie jak: piceid, genisteina i kurkumina chronią GAPDH przed agregacją indukowaną nadtlenkiem wodoru (H_2O_2).

Materiałem badawczym była dehydrogenaza aldehydu 3-fosfoglicerynowego, pochodząca z mięśni królika. Oceniono zmiany stopnia agregacji GAPDH pod wpływem H_2O_2 w obecności i pod nieobecność polifenoli. Wykorzystano metodę pomiaru fluorescencji tioflawiny - barwnika wiążącego się do złożeń białkowych. Ponadto, sprawdzono, czy badane związki zmieniają aktywność katalityczną GAPDH oraz wybrane parametry jego struktury. Pomiaru zmian aktywności enzymatycznej dokonano wykorzystując metodę pomiaru szybkości redukcji NAD^+ w reakcji katalizowanej przez GAPDH, w której aldehyd 3-fosfoglicerynowy przekształcany jest do 1,3-bisfosfoglicerynianu.

Zaobserwowano, że spośród badanych polifenoli tylko kurkumina obniżała stopień agregacji GAPDH, indukowanej H_2O_2 , dodatkowo minimalnie obniżając aktywność enzymatyczną dehydrogenazy. Uzyskane wyniki są przesłanką do dalszych kompleksowych badań, które pozwolą odpowiedzieć na pytanie czy kurkumina posiada neuroprotektoryjne właściwości.

PORÓWNANIE DWÓCH METOD OCZYSZCZANIA ISOLATU DNA PO EKSTRAKCJI METODĄ ORGANICZNĄ

Joanna Arciszewska^{1*}, Sandra Cytacka¹, Maria Szargut¹

1) *Pomorski Uniwersytet Medyczny, Zakład Genetyki Sądowej,
al. Powstańców Wielkopolskich. 72, 70-111 Szczecin*

**e-mail autora do korespondencji: joanna.arciszewska5@gmail.com*

Na przestrzeni wieków przez ziemie należące do Polski przetoczyło się wiele konfliktów zbrojnych. Dzięki rozwojowi genetyki sądowej, naukowcy mają obecnie możliwość identyfikacji odnajdowanych szczątków i przywracania tożsamości poległym. Podstawą tego procesu jest uzyskanie dobrej, jakości matrycy DNA, niezbędnego w procesie profilowania genetycznego. Dlatego też ciągle podejmowane są próby uzyskanie możliwie najbardziej efektywnej metody ekstrakcji DNA ze zdegradowanego materiału kostnego.

Celem badania jest wytypowanie najwydajniejszej metody oczyszczania DNA po ekstrakcji fenolowo chloroformowej.

W badaniu porównano wydajność dwóch różnych metod oczyszczania supernatantu uzyskanego po ekstrakcji metodą organiczną (fenol-chloroform). Użyty materiał biologiczny stanowiły zęby pobrane ze szczątków ludzkich odnalezionych w grobach masowych z okresu II wojny światowej. W celu porównania wydajności różnych metod część produktu oczyszczono przy użyciu aparatu AutoMateExpress™ Instrument, metodą kulek magnetycznych, a drugą część przy użyciu krzemionkowych kolumniek z zestawu QIAquick PCR Purification Kit firmy Qiagen. Otrzymane izolaty zostały poddane reakcji PCR w czasie rzeczywistym, kolejno próbki poddano reakcji amplifikacji z użyciem zestawu GlobalFiler™ PCR Amplification Kit, a detekcję produktów przeprowadzono metodą elektroforezy kapilarnej.

Stężenie DNA w ekstraktach otrzymanych po oczyszczeniu kolumniekowym wahała się od 0,8060 ng/μl do 0,0016 ng/μl. Średnie DNA stężenie wynosiło 0,0502 ng/μl. Spośród 30 próbek oczyszczonych tą metodą otrzymano 14 pełnych profili. Stężenie DNA w izolatach oczyszczonych z użyciem kulek magnetycznych wahało się od 1,2835 ng/μl do 0,0005 ng / μl. Średnie stężenie DNA wynosiło 0,0667 ng/μl. Zautomatyzowana metodą dała 11 pełnych profili na 30 przeanalizowanych próbek.

Obie metody oczyszczania izolatu sprawdzają się przy materiale mocno zdegradowanym. Po oczyszczeniu metodą kolumniekową otrzymano wyższy stopień amplifikacji w stosunku do metody kulek magnetycznych, jednak biorąc pod uwagę czas procesu, skomplikowanie i możliwość kontaminacji, metody są sobie równoważne. W badaniach wykazano, że wysoki stopień amplifikacji nie koreluje ze stężeniem DNA w próbkach.

**WPLYW METABOLITÓW MIKROBIOMU JELITA NA ROZWÓJ
NEUROPSYCHIATRYCZNYCH SCHORZEŃ U CZŁOWIEKA**

Gabriela Barszczewska^{1*}, Tomasz Śliwiński¹

1) *Pracownia Genetyki Medycznej, Instytut Biochemii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: gabriela.barszczewska@unilodz.eu*

Mikrobiom ludzki często jest definiowany jako odrębny ‘narząd’ co podkreśla jego znaczenie w poprawnym funkcjonowaniu organizmu człowieka. Jelita zdrowego gospodarza zamieszkuje biliony mikroorganizmów, ponad tysiąca różnych gatunków, a ich bytowanie nie może obejść się bez skutków dla człowieka. Co raz więcej badań donosi, że oddziaływanie to może być zarówno pozytywne jak i negatywne.

W ostatnich latach naukowcy podkreślają korelacje między mikrobiomem, a chorobami cywilizacyjnymi, takimi jak: otyłość, cukrzyca, choroby autoimmunologiczne i psychiczne. Istotny jest skład mikroorganizmów budujących florę bakteryjną jelit, a także wydzielane przez nie metabolity. W przedstawionej pracy największą uwagę poświęć jego interakcji z układem nerwowym człowieka. W zależności tej wyróżnia się oś jelitowo-mózgową z angielskiego „*microbiota-gut-brain axis*”, na którą składa się: centralny układ nerwowy, autonomiczny układ nerwowy, system neuroendokryny i neuroimmunologiczny, jelitowy układ nerwowy oraz mikroflora jelitowa. Znaczącą rolę w tej złożonej interakcji odgrywają związki pochodzenia bakteryjnego, do najważniejszych należą: krótkołańcuchowe kwasy tłuszczowe (ang. *short chain fatty acids*, SCFA), kwas gamma-aminomasłowy (GABA), tryptofan i jego metabolity, hormony przewodu pokarmowego i inne. Neuro- i immuno-aktywne substancje przedostają się przez śluzówkę przewodu pokarmowego do krwi, a pokonując barierę krew-mózg (ang. *blood-brain-barrier*, BBB) mogą wpływać na układ nerwowy gospodarza. Według WHO ponad 300 milionów ludzi na całym świecie cierpi na depresję. Ze względu na powszechność i trudność w diagnozie depresja zyskała szczególne zainteresowanie badaczy. Dotychczasowe badania prowadzone na zwierzętach „*germ free*” czyli pozbawionych wszystkich wykrywalnych mikroorganizmów i pasożytów prowadzą do wniosków, że zaburzenia mikroflory jelitowej mogą stanowić znaczący czynnik w rozwoju depresji. Podejmuje się próby badań pacjentów z depresją, analizując próbki kału bądź innych wydzielin z organizmu, niemniej jednak jest ich obecnie na tyle mało, że nie pozwalają one na dokładne poznanie mechanizmu korelacji mikrobiomu jelitowego z występującymi schorzeniami psychicznymi u jego gospodarza.

Ta praca przeglądowa ma na celu przybliżyć obecny stan wiedzy na ten temat i zwrócić uwagę na znaczenie mikrobiomu jako podłoże bądź bodziec do dalszego rozwoju zaburzeń neuropsychiatrycznych, w tym depresji. Przytoczone badania wskazują również stosowanie pre- i probiotyków oraz przeszczepów prawidłowej flory bakteryjnej jako nowy kierunek w leczeniu tego schorzenia.

WPLYW POLIMORFIZMÓW POJEDYNCZEGO NUKLEOTYDU GENÓW *IRF1*, *IKBKB* ORAZ *IL-1 β* NA EFEKTYWNOŚĆ LECZENIA PRZECIWDEPRESYJNEGOKatarzyna Białek^{1*}, Paulina Wigner¹, Piotr Czarny², Tomasz Śliwiński¹¹ Katedra Genetyki Molekularnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź² Katedra Biochemii Medycznej, Wydział Nauk o Zdrowiu, Uniwersytet Medyczny Łodzi, ul. Mazowiecka 6/8, 92-215 Łódź

*e-mail do korespondencji: bialek.k@gmail.com

Wstęp i cel pracy: Depresja (ang. *Major Depressive Disorder*, MDD) jest jedną z najczęściej diagnozowanych chorób o podłożu psychicznym. MDD stanowi główny czynnik przyczyniający się do globalnego obciążenia chorobami populacji ludzkiej. Według WHO (ang. *World Health Organization*) na depresję choruje około 350 milionów ludzi. Według szacunków, do 2020 roku obok chorób układu krążenia, depresja będzie drugą najczęściej diagnozowaną jednostką chorobową oraz wiodącą przyczyną niepełnosprawności społecznej. Depresja należy do grupy chorób afektywnych charakteryzujących się szerokim spektrum objawów, wśród których należy wymienić: obniżenie nastroju, zachowania psychotyczne oraz wycofanie społeczno-behawioralne. Co więcej około jedna trzecia pacjentów nie odpowiada na tradycyjne, farmakologiczne metody leczenia. Mimo istotności problemu, wieloczynnikowa etiologia choroby nadal nie jest w pełni poznana. Według najnowszych badań polimorfizmy pojedynczego nukleotydu (ang. *single-nucleotide polymorphism*, SNP) zlokalizowane w genach kodujących białka zaangażowane w rozwój stanu zapalnego mogą istotnie wpływać na patogenezę depresji oraz modulację odpowiedzi na farmakoterapię. Celem przeprowadzonego badania było wykazanie korelacji pomiędzy wystąpieniem SNP w genach kodujących *IRF1*, *IKBKB* oraz *IL-1 β* , a efektywnością leczenia przeciwdepresyjnego z wykorzystaniem leków z grupy SSRI.

Materiały i metody: Analizie poddane zostały warianty polimorficzne: g.132484229C>A (rs2070729) – *IRF1*, g.42140549G>T (rs5029748) – *IKBKB* oraz g.113594387G>A (rs1143627) – *IL-1 β* . Badanie przeprowadzone zostało z wykorzystaniem sond TaqMan w łańcuchowej reakcji polimerazy z detekcją produktu w czasie rzeczywistym (Real-Time PCR). Materiał stanowił DNA wyizolowany z krwi obwodowej pacjentów chorych na MDD (n=180).

Wyniki: Analiza efektywności leczenia skorelowana z genotypami badanych SNP wykazała, że genotypy AG genu *IL-1 β* , AA genu *IRF1* oraz GG genu *IKBKB* związane są z lepszą odpowiedzią na leki antydepresyjne niż pozostałe warianty polimorficzne badanych genów.

Wnioski: Uzyskane wyniki badań potwierdzają, że szlak zapalny stanowi istotny aspekt w molekularnych podstawach leczenia depresji.

**AMI-1 HAMUJE CYKL KOMÓRKOWY I WZBUDZA APOPTOZĘ KOMÓREK MIĘSAKA
PRĄŻKOWANOKOMÓRKOWEGO TYPU PĘCHERZYKOWEGO**

Joanna Bujak^{1*}, Patrycja Kopytko¹, Małgorzata Łączna¹

1) Katedra i Zakład Fizjologii, Wydział Lekarski z Oddziałami Nauczania w Języku Angielskim, Pomorski Uniwersytet Medyczny, ul. Rybacka 1, 70-204 Szczecin

*e-mail autora do korespondencji: joanna.bujak@onet.pl

Wstęp i cel pracy: Mięsak prążkowanokomórkowy (*Rhabdomyosarcoma*, RMS) to nowotwór złośliwy wywodzący się mezenchymy lub neuroektodermi. Typ pęcherzykowy Rhabdomyosarcoma (ARMS) stanowi 1/3 przypadków wszystkich zachorowań na mięsaka prążkowanokomórkowego i charakteryzuje się dużą skłonnością dawania przerzutów odległych oraz złym rokowaniem. Coraz więcej dowodów wskazuje, iż RMS może być spowodowany czynnikami epigenetycznymi. Nieprawidłowy poziom enzymów epigenetycznych może powodować dysregulację kluczowych ścieżek sygnalizacyjnych w komórce i sprzyjać transformacji nowotworowej. Metylotransferazy argininy (PRMT) katalizują metylację reszt argininy ogonów histonowych. Proces metylacji argininy pełni wiele krytycznych funkcji, niezbędnych do prawidłowego funkcjonowania organizmu, między innymi reguluje splicing mRNA, różnicowanie, dojrzewanie i apoptozę komórek. Podwyższony poziom PRMT został stwierdzony w przypadku wielu nowotworów złośliwych. Aktywność PRMT może być regulowana za pomocą swoistego inhibitora AMI-1, którego antynowotworowy potencjał został potwierdzony w przypadku nowotworu płuc, trzustki oraz w kostniakomięsaku. Celem pracy było sprawdzenie wpływu AMI-1 na biologię komórek mięsaka prążkowanokomórkowego.

Materiały i metody: Materiał do badań stanowiła ustalona ludzka linia komórkowa mięsaka prążkowanokomórkowego Rh30. Wykonano test proliferacji, WST-1, ocenę cyklu komórkowego, test apoptozy oraz analizę Real-time PCR.

Wyniki:

1. AMI-1 hamuje proliferację komórek linii Rh30.
2. Po zastosowaniu AMI-1 komórki RMS zatrzymały się w fazie G0/G1 cyklu komórkowego oraz odnotowano wzrost ich apoptozy.
3. Analiza qPCR wykazała wzrost ekspresji genu EMP1

Wnioski: AMI-1 wykazuje właściwości antynowotworowe w modelu RMS. Badany związek hamuje kinetykę wzrostu komórek Rh30, reguluje cykl komórkowy oraz wzbudza apoptozę poprzez aktywację genu EMP1.

**OCENA CYTOTOKSYCZNOŚCI ZSYNTEZOWANYCH DE NOVO POCHODNYCH
FTALAZYNONU**

Karol Bukowski^{1*}, Monika Nowak², Zbigniew Malinowski², Renata Kontek¹

*1) Katedra Biotechnologii Molekularnej i Genetyki, Pracownia Cytogenetyki,
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/13, 90-23 Łódź*

*2) Katedra Chemii Organicznej, Wydział Chemii, Uniwersytet Łódzki, ul. Tamka 12,
91-403 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: karol.bukowski@unilodz.eu*

Wstęp: Pochodne ftalazynonu stanowią ważną grupą bioaktywnych związków heterocyklicznych. Wykazano, iż układy chemiczne zawierające szkielet ftalazynonu charakteryzują się biologiczną aktywnością przeciwko szerokiej gamie procesów patologicznych, jak np. rak, astma, cukrzyca, alergie, ból oraz stany zapalne. Pochodne ftalazynonu do tej pory znalazły zastosowanie kliniczne w lekach stosowanych w alergologii (azelastyna), diabetologii (zopolrestat – inhibitor AKR1B1), czy też w onkologii (olaparib – inhibitor PARP).

Cel pracy: Analiza właściwości cytotoksycznych zsyntetyzowanych *de novo* pochodnych ftalazynonu: ZM-487, ZM-483, ZM 506A, ZM-496, ZM-509AA, ZM-511.

Materiał i metody: Badania zostały przeprowadzone na komórkach linii nowotworowych gruczolakoraka jelita grubego (HT-29) i raka gruczołu krokowego (PC-3) oraz na komórkach prawidłowych - fibroblastach mysich (L-929). W celu oceny cytotoksyczności testowanych związków zastosowano test MTT, pozwalający określić metabolizm energetyczny żywych komórek przez pomiar aktywności dehydrogenazy mitochondrialnej.

Wyniki: Wyniki uzyskane w teście MTT wskazują, że badane nowe pochodne ftalazynonu wykazują działanie cytotoksyczne w kierunku testowanych linii komórkowych w zakresie stężeń od 22,4 μM do 92,93 μM . Pomimo, iż ZM-506A, ZM-509AA oraz ZM-511 wykazały najniższe wartości IC_{50} dla badanych linii, to w porównywalnym stopniu wpływały one na obniżenie żywotności komórek prawidłowych (L-929) i nowotworowych (PC-3 i HT-29). Związkiem, który okazał się najmniej cytotoksyczny dla komórek prawidłowych L-929 ($\text{IC}_{50} = 92,93 \mu\text{M}$) i jednocześnie silniej wpłynął na obniżenie żywotności komórek nowotworowych PC-3 ($\text{IC}_{50} = 66,27 \mu\text{M}$) i HT-29 ($\text{IC}_{50} = 51,65 \mu\text{M}$) był ZM-483. Pozostałe związki, tj. ZM-487 oraz ZM-496, charakteryzowały się wyższymi wartościami IC_{50} dla komórek nowotworowych w porównaniu z prawidłowymi.

Wnioski: Otrzymane wyniki wskazują, iż z pośród zsyntetyzowanych *de novo* pochodnych ftalazynonu, związkiem o największym potencjale biologicznym jest ZM-487.

**ROLA ZALEŻNOŚCI POMIĘDZY AUTOFAGIĄ I APOPTOZĄ W KOMÓRKACH LUDZKIEGO
RAKA PIERSI**

Anna Chmurska^{1*}, Anna Gabryńczuk¹, Karolina Matczak¹, Serafin Zawadzki¹

1) Katedra Biofizyki Medycznej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź

**e-mail autora do korespondencji: anna.chmurska@unilodz.eu*

Choroby nowotworowe pozostają wciąż jednym z największych wyzwań współczesnej medycyny. Walka z chorobą jest trudnym procesem ze względu na wysoki poziom oporności na chemio- i radioterapię. Pomimo znacznych postępów w badaniach przesiewowych umożliwiających wczesne wykrycie choroby oraz opracowania obiecujących metod terapeutycznych, oporność na terapię pozostaje głównym wyzwaniem w leczeniu raka. Oporność na terapię można podzielić na dwa rodzaje: de novo (wewnętrzna) lekooporność, w której pacjenci wykazują natychmiastowy brak reakcji na terapię oraz tzw. oporność nabyta, rozwijająca się w miarę upływu czasu u pacjentów leczonych między innymi na raka piersi.

Autofagia odgrywa podwójną rolę w procesie rozwoju nowotworu, może hamować dalszy rozwój choroby lub chronić komórki, powodując pobudzenie wzrostu guza. Zjawisko to określane jest jako "paradoks autofagii". Z jednej strony autofagia degraduje elementy komórkowe, dostarczając substratów do biosyntezy oraz zaspokojenia potrzeb energetycznych, z drugiej jednak strony nadmierna aktywność procesu może prowadzić do nadprogramowej degradacji i ostatecznie do śmierci komórki na drodze apoptozy. Celem badań była analiza możliwości indukcji procesu apoptozy przez doksorubicynę i jej dwie nanoformy po zahamowaniu procesu autofagii, wobec dwóch linii komórkowych ludzkiego gruczolaka piersi – linia MCF-7 (wrażliwa na DOX) oraz linia MCF-7/Dx (oporna na działanie DOX).

STĘŻENIE BIAŁKA REGIV I JEGO KORELACJA ZE STATUSEM ANTYOKSYDACYJNYM U PACJENTÓW Z ŁYSIENIEM PLACKOWATYM I ANDROGENOWYM

Agnieszka Chrustek^{1*}, Anna Cwynar¹, Dorota Olszewska-Slonina¹

1) Katedra Patobiochemii i Chemii Klinicznej, Wydział Farmaceutyczny, Collegium Medicum w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, ul. Curie-Skłodowskiej 9, 85-094 Bydgoszcz

**e-mail autora do korespondencji: a.chrustek@cm.umk.pl*

Łysieniem określamy długotrwałe, nadmierne wypadanie włosów przekraczające 100/dobę. Podstawowy podział alopecji opiera się na potwierdzeniu lub wykluczeniu procesu bliznowacenia skóry. Wytworzenie blizny obejmuje zniszczenie mieszków włosowych i uniemożliwia odrost włosów. Proces ten można zaobserwować w przebiegu tocznia rumieniowatego, liszaja płaskiego, a także łysienia plackowatego. Znacznie częściej występuje łysienie niebliznowaciejące, podczas którego nie dochodzi do uszkodzenia mieszków włosowych i możliwe jest odrastanie włosów. Wyróżnia się tutaj łysienie telogenowe, alagenowe oraz androgenowe kobiet i mężczyzn.

REGIV zaliczane jest do białek wydzielniczych z rodziny lektyn, zależnych od jonów wapnia. W warunkach fizjologicznych zaangażowane jest w proliferację i regenerację komórki, a także w kształtowanie się układu immunologicznego.

Celem pracy była ocena występowania białka REGIV u pacjentów z łysieniem plackowatym i androgenowym, a także korelacja tego białka z SOD, CAT, GPx oraz MDAos.

Grupę badawczą stanowili mężczyźni z łysieniem plackowatym (n=8) oraz z łysieniem androgenowym (n=7) leczeni w Przychodni Dermatologicznej Szpitala im. dr. A. Jurasza w Bydgoszczy, natomiast grupę kontrolną (n=9) stanowili ochotnicy płci męskiej zgłaszający się do Katedry Patobiochemii i Chemii Klinicznej Collegium Medicum w Bydgoszczy. Od uczestników badania pobrano krew z żyły łokciowej o objętości 15 ml, którą odwirowano w celu uzyskania osocza. Białko REGIV oznaczano z wykorzystaniem testu immunoenzymatycznego (Human REGIV ELISA Kit, abbexa) zgodnie z procedurą producenta.

Stężenie białka REGIV w osoczu u pacjentów chorych na łysienie plackowate (AA) wynosiło 0,496-3,296 pg/ml (Me=1,366, IQR=1,146), łysienie androgenowe (AGA) 0,00-2,541 pg/ml (Me=0,689, IQR=2,056), natomiast w grupie kontrolnej 0,312-2,70 pg/ml (Me=0,855, IQR=0,806). Nie zaobserwowano istotnych różnic statystycznych dla AA (p=0,312) oraz AGA (p=0,768) (Test U Manna-Whitneya), natomiast odnotowano niewielki wzrost białka REGIV u mężczyzn chorych na łysienie plackowate. Wykazano brak korelacji między stężeniem białka REGIV w osoczu pacjentów z AA oraz AGA, a aktywnością SOD, CAT, GPx oraz MDAos.

Białko REGIV może występować u osób z łysieniem plackowatym i androgenowym. Przedstawione badania pilotażowe warto kontynuować zwiększając liczebność grupy badanej chorych na łysienie plackowate.

**IMMUNOCYTOCHEMICZNE ANALIZY UDZIAŁU HISTONU H2B W INTERFAZIE
I MITOZIE W MERYSTEMATYCZNYCH KOMÓRKACH KORZENI BOBIKU
(*VICIA FABA* SUBSP. *MINOR*)**

Alicja Cienkowska^{1*}, Mikołaj Cybulski¹, Dorota Rybaczek¹

1) *Sekcja Biologii Komórki HOMUNCULUS przy Kole Naukowym Biologów UŁ, Katedra Cytofizjologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*
*e-mail autora do korespondencji: alicja.cienkowska@unilodz.eu

Cykl komórkowy obejmuje serię następujących po sobie zdarzeń, podczas których materiał genetyczny zawarty w jądrze ulega podwojeniu w fazie S, a następnie jest rozdzielany między dwie komórki potomne w mitozie. Regulacja tego procesu oparta jest na silnie rozbudowanej sieci szlaków biochemicznych nazywanych punktami kontrolnymi cyklu komórkowego, ale także podlega wpływowi różnorodnych modyfikacji potranslacyjnych histonów rdzeniowych.

Prowadzone przez nas badania dotyczyły monitorowania kolejnych podokresów interfazy (faz: G1–S–G2) a także mitozy (profazy–metafazy–anafazy–telofazy) w komórkach kontrolnych oraz w tych, w których indukowano chemicznie (przy użyciu hydroksymocznika i kofeiny) proces przedwczesnej kondensacji chromosomów (PCC).

Zakres badań obejmował analizy immunocytochemiczne i analizy typu *in silico* – związane z udziałem histonu H2B – podczas indukcji stresu replikacyjnego oraz uruchamiania PCC. W badanych jądrach komórkowych określono (ilościowo i przestrzennie) zmiany w obszarach chromatyny luźnej i chromatyny silnie skondensowanej (ze szczególnym uwzględnieniem mas heterochromatyny okołojąderkowej) w każdej z trzech serii eksperymentalnych: kontrola vs stres replikacyjny vs. PCC. Wykazano:

1) w jakim stopniu ulega zmianom trójwymiarowa organizacja chromatyny w interfazie;

2) jaki wpływ na strukturę chromosomów mitotycznych ma indukcja PCC.

Stwierdzono, że ilość histonu H2B gwałtownie wzrastała w tych komórkach, w których występowały rozległe uszkodzenia DNA (co okazało się być związane z aktywacją szlaków prowadzących do śmierci tych komórek na drodze apoptoza–podobnej [AL-PCD]).

Przeprowadzone badania potwierdzają, że potranslacyjne modyfikacje histonów rdzeniowych (np. histonu H2B) stanowią ważny aspekt mechanizmów przekazywania informacji genetycznej kolejnym pokoleniom komórek.

**IMMUNOCYTOCHEMICZNE ANALIZY UDZIAŁU HISTONU H2B W INTERFAZIE
I MITOZIE W MERYSTEMATYCZNYCH KOMÓRKACH KORZENI BOBIKU**

(*Vicia faba* subsp. *minor*)

Alicja Cienkowska^{1*}, Mikołaj Cybulski¹,

Dorota Rybaczek¹

*1) Sekcja Biologii Komórki HOMUNCULUS przy Kole Naukowym Biologów UŁ,
Katedra Cytofizjologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii
i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź
e-mail autora do korespondencji: alicja.cienkowska@unilodz.eu

Cykl komórkowy obejmuje serię następujących po sobie zdarzeń, podczas których materiał genetyczny zawarty w jądrze ulega podwojeniu w fazie S, a następnie jest rozdzielany między dwie komórki potomne w mitozie. Regulacja tego procesu oparta jest na silnie rozbudowanej sieci szlaków biochemicznych nazywanych punktami kontrolnymi cyklu komórkowego, ale także podlega wpływowi różnorodnych modyfikacji potranslacyjnych histonów rdzeniowych.

Prowadzone przez nas badania dotyczyły monitorowania kolejnych pod okresów interfazy (faz: G1–S–G2) a także mitozy (profazy–metafazy–anafazy–telofazy) w komórkach kontrolnych oraz w tych, w których indukowano chemicznie (przy użyciu hydroksymocznika i kofeiny) proces przedwczesnej kondensacji chromosomów (PCC).

Zakres badań obejmował analizy immunocytochemiczne i analizy typu *in silico* – związane z udziałem histonu H2B – podczas indukcji stresu replikacyjnego oraz uruchamiania PCC. W badanych jądrach komórkowych określono (ilościowo i przestrzennie) zmiany w obszarach chromatyny luźnej i chromatyny silnie skondensowanej (ze szczególnym uwzględnieniem mas heterochromatyny okołojąderkowej) w każdej z trzech serii eksperymentalnych: kontrola vs stres replikacyjny vs. PCC. Wykazano:

1) w jakim stopniu ulega zmianom trójwymiarowa organizacja chromatyny w interfazie;

2) jaki wpływ na strukturę chromosomów mitotycznych ma indukcja PCC.

Stwierdzono, że ilość histonu H2B gwałtownie wzrastała w tych komórkach, w których występowały rozległe uszkodzenia DNA (co okazało się być związane z aktywacją szlaków prowadzących do śmierci tych komórek na drodze apoptozo-podobnej [AL-PCD]).

Przeprowadzone badania potwierdzają, że potranslacyjne modyfikacje histonów rdzeniowych (np. histonu H2B) stanowią ważny aspekt mechanizmów przekazywania informacji genetycznej kolejnym pokoleniom komórek.

**ANALIZA FILOGENETYCZNA SZCZĄTKÓW LUDZKICH ODNALEZIONYCH NA TERENIE
OGRODÓW ARESZTU ŚLEDZIEGO W BIAŁYMSTOKU**

Sandra Cytacka^{1*}, Joanna Arciszewska¹, Maria Szargut¹

*1) Zakład Genetyki Sądowej, Pomorski Uniwersytet Medyczny w Szczecinie,
al. Powstańców Wielkopolskich 72, 70-111 Szczecin*

**e-mail autora do korespondencji: cytackasandra@gmail.com*

Na mocy porozumienia Pomorskiego Uniwersytetu Medycznego w Szczecinie z Instytutem Pamięci Narodowej powstała w 2012 roku Polska Baza Genetyczna Ofiar Totalitaryzmów. W ramach projektu przeprowadzono między innymi prace ekshumacyjne na terenie Aresztu Śledczego w Białymstoku. W trakcie ponad 4 lat prac ekshumacyjnych odnaleziono szczątki około 500 ofiar, należące zarówno do mężczyzn, kobiet, jak i dzieci. Efekty prac terenowych sugerowały, że odnalezione ofiary pochodzą nie jak założono na początku z działalności terroru komunistycznego w Polsce (1944-1956), ale również z czasów okupacji niemieckiej. Na podstawie danych antropologicznych spośród wszystkich ekshumowanych szczątków wybrano około 80 mężczyzn w wieku dojrzałym (Adultus – Maturus). Zostały one poddane testom genetycznym w celu oszacowania możliwego pochodzenia biogeograficznego i etnicznego. Badanie to obejmuje analizę markerów STR zlokalizowanych na chromosomie Y.

Z zabezpieczonego materiału pobrano zęby bez ubytków, które zostały oczyszczone mechanicznie, chemicznie, wysuszone i poddane działaniu światła UV, a następnie sproszkowane w młynku kriogenicznym. DNA z proszków kostnych wyizolowano przy pomocy metody wykorzystującej kulki magnetyczne. Profil Y-STR ustalono przy użyciu YFiler® Plus Amplification Kit. Korzystając z dostępnych predyktorów haplogrup, takich jak: Ysearch, Nevgen oraz Haplogroup Predictor, ustalono prawdopodobną haplogrupę każdego z badanych osobników.

Wśród przebadanych najczęściej powtarzała się haplogrupa R1a. Pojawiły się także haplogrupy I1, I2, R1b, E1b, N1c, J1, J2, G2a, H1 i G2b.

Zdecydowana większość przebadanych szczątków posiada typowo europejskie haplogrupy, które spotkać można również we współczesnej populacji Polski. Zastosowane metody badawcze sugerują jednak, że wśród ofiar mogą znajdować się nie tylko osoby pochodzenia polskiego, ale również Żydzi i Romowie. Wstępna analiza uzyskanych wyników sugeruje, że przebadane groby masowe charakteryzują się dużym zróżnicowaniem haplogrupowym odnalezionych w nich osobników. Można więc wnioskować, że odnalezione pochówki nie miały charakteru etnicznego, co potwierdza również brak informacji historycznych jakoby Areszt Śledczy w Białymstoku był w czasie okupacji niemieckiej miejscem czystek etnicznych.

**OCENA INTERAKCJI FARMAKOLOGICZNYCH POMIĘDZY TRICETYNĄ
A TEMOZOLOMIDEM W KOMÓRKACH LUDZKICH LINII CZERNIAKA**

Anna Klimaszewska-Wiśniewska¹, Justyna Durślewicz^{1*}, Karolina Warda¹,

Paulina Czajkowska¹, Dariusz Grzanka¹

1) Katedra i Zakład Patomorfologii Klinicznej, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu.
Collegium Medicum im. Rydygiera w Bydgoszczy, ul. Curie-Skłodowskiej 9,
85-094 Bydgoszcz

*e-mail autora do korespondencji: justyna.durslewicz@op.pl

Pomimo licznych sukcesów terapeutycznych związanych z leczeniem czerniaka w ostatnich latach, jego zaawansowana postać nadal wiąże się z wysoką śmiertelnością. Zatem poszukiwanie nowych związków o potencjale terapeutycznym oraz opracowywanie kolejnych schematów leczenia skojarzonego wpisuje się w stałe dążenie naukowców i klinicystów do poprawy programów leczenia tego nowotworu.

Temozolomid jest środkiem chemioterapeutycznym wykazującym aktywność przeciwnowotworową przy stosunkowo niewielkiej toksyczności. Ze względu na wielokierunkową aktywność biologiczną, niski koszt, potencjalny brak toksyczności oraz powszechną dostępność dużą popularnością wśród naukowców cieszą się w ostatnich latach związki pochodzenia dietetycznego, takie jak np. flawonoidy. Jednym z lepiej poznanych związków tej grupy jest fizetyna, która wykazuje aktywność przeciwnowotworową wobec szerokiego spektrum linii komórek nowotworowych oraz niektórych modeli *in vivo*, a jej strukturalny analog – tricotyna – to obecnie stosunkowo słabo poznany związek o sugerowanych właściwościach antyproliferacyjnych, proapoptotycznych i antymigracyjnych.

Celem naszej pracy była ocena interakcji farmakologicznych pomiędzy tricotyną a temozolomidem w komórkach ludzkich linii czerniaka. Porównano także przeciwnowotworową aktywność fizetyny i tricotyny zastosowanych pojedynczo. Wykazano, że fizetyna, ale nie tricotyna nasila działanie temozolomidu wobec badanych linii, a efekt ten jest zależny od dawki, czasu inkubacji oraz od typu komórek. Badane linii komórkowe wykazują znacznie większą wrażliwość na fizetynę w porównaniu do tricotyny.

**ZWIĘKSZONY POZIOM PŁYTKOWEGO mRNA DLA BIAŁEK CYTOSZKIELETU PŁYTEK KRWI
W STWARDNIENIU ROZSIANYM**

Angela Dziedzic^{1*}, Michał Bijak¹, Joanna Sauk-Bijak¹

1) Katedra Biochemii Ogólnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki,
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź

*e-mail autora do korespondencji : angela.dziedzic@unilodz.eu

Stwardnienie rozsiane (ang. *Multiple Sclerosis*, MS) to przewlekła choroba neurodegeneracyjna o podłożu autoimmunologicznym. Dane epidemiologiczne potwierdzają zwiększone ryzyko epizodów niedokrwienych skorelowanych z rozwojem tej choroby. W uprzednio przeprowadzonych przez nas badaniach wykazaliśmy, iż płytki krwi od pacjentów z MS charakteryzują się silnymi właściwościami adhezyjnymi i zwiększoną agregacją. Adhezja płytek krwi jest pierwszym etapem ich aktywacji prowadzącym do fosforylacji białek cytoszkieletu. Reorganizacja architektury cytoszkieletu umożliwia zmianę kształtu płytek krwi, degranulację ziarnistości zawierających szereg związków czynnych biologicznie oraz tworzenie agregatów komórkowych. Ilościowe zmiany białek cytoszkieletu mogą odpowiadać za prozakrzepową aktywność płytek krwi w MS.

Poziom ekspresji mRNA dwóch kluczowych białek cytoszkieletu płytek krwi (aktyny i β -tubuliny) zmierzono metodą ilościową – łańcuchowej reakcji polimerazy w czasie rzeczywistym (Real-Time PCR) z zastosowaniem sond TaqMan.

Materiał do badań stanowiły próbki cDNA przepisane na matrycy mRNA wyizolowanego z lizatów płytkowych pochodzących od pacjentów ze zdiagnozowanym MS oraz od osób zdrowych, stanowiących grupę kontrolną. Analizie ekspresji na poziomie mRNA poddano dwa geny: *TUBB1* (ang. *Tubulin Beta 1*) i *ACTB* (ang. *Actin Beta*). Jako gen referencyjny zastosowano 18S rRNA.

Analizując uzyskane wyniki wykazano istotną statystycznie zwiększoną ilość transkryptów mRNA dla genów *TUBB1* i *ACTB* kodujących płytkowe białka cytoszkieletu (β -tubulinę $p=0,0001$ i aktynę $p=0,0003$) u pacjentów z MS względem grupy kontrolnej. Podsumowując, wzrost ekspresji genów *TUBB1* i *ACTB* może prowadzić do zwiększonej gęstości głównych białek cytoszkieletu w płytkach krwi, zmieniając w ten sposób aktywność hemostatyczną płytek krwi w MS.

**OCENA STRESU OKSYDACYJNEGO GENEROWANEGO W KOMÓRKACH ŚRÓDBŁONKA
MIKROWASKULARNEGO HMEC-1 PODDANYCH DZIAŁANIU LIPOSOMALNYCH FORM
CYTOSTATYKÓW – WYNIKI ANALIZY POZIOMU RFT I RFA**

Anna Gabryanczyk^{1*}, Anna Chmurska¹, Karolina Matczak¹, Serafin Zawadzki¹

1) *Katedra Biofizyki Medycznej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki,
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: annagab1995@gmail.com*

Co roku w Polsce i na świecie rośnie liczba osób, które umierają na skutek chorób nowotworowych. Według WHO nowotwory odpowiadały za około 9,6 miliona zgonów w 2018 roku. W Polsce w 2015 roku stwierdzono 160 tys. przypadków zachorowań na nowotwór złośliwy – o prawie 15% więcej niż w 2010 roku. Na śmiertelność wśród pacjentów ma wpływ m.in. osłabienie organizmu samą terapią. Dlatego tak ważne jest skonstruowanie terapii, która będzie oparta o skuteczne klinicznie chemioterapeutyki i równocześnie łagodna wobec tkanek niezmienionych nowotworowo. Aby rozwiązać ten problem stosuje się nośniki, które przenoszą leki i uwalniają je dopiero w pobliżu guza nowotworowego, dzięki czemu możliwe jest uchronienie zdrowych tkanek przed szkodliwym wpływem podawanego leku.

Celem projektu była ocena poziomu stresu oksydacyjnego generowanego w komórkach śródbłonna mikrowaskularnego poddanego działaniu leków cytostatycznych używanych w chemioterapii.

Reaktywne formy tlenu (RFT) wytwarzane wewnątrzkomórkowo mierzono wrażliwymi na utlenianie sondami fluorescencyjnymi – diocetanem 2',7'-dichlorodihydrofluoresceiny (H2DCF-DA). Reaktywne formy azotu (RFA) wytwarzane wewnątrzkomórkowo analizowano przy zastosowaniu sondy fluorescencyjnej DAF-FM (4-amino-5-metyloamino-2',7'-difluorofluoresceina).

Wyniki uzyskano po inkubacji komórek linii HMEC-1 z cytostatykami przez 0,5 i przez 3h. Po upływie czasu inkubacji z lekami komórki inkubowano z sondą fluorescencyjną, a następnie monitorowano kinetykę generowania RFT i RFA w hodowli przez 3 godziny dokonując pomiaru co 15 minut. Obserwowano zmianę fluorescencji po zamknięciu leków w liposomie.

**OCENA ŻYWOTNOŚCI KOMÓREK LUDZKICH FIBROBLASTÓW LINII HS68
TRAKTOWANYCH TOKSYNĄ T-2**

Edyta Janik^{1*}, Michał Ceremuga², Michał Bijak¹

1) Katedra Biochemii Ogólnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki,
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź

2) Zakład Rozpoznania i Likwidacji Skażeń, Wojskowy Instytut Chemii i Radiometrii,
al. gen. Chruściela "Montera" 105, 00-910 Warszawa

*e-mail autora do korespondencji: edyta.janik@unilodz.eu

Wstęp i cel pracy: Toksyny biologiczne to związki produkowane przez organizmy żywe głównie w celach obronnych. Toksyna T-2 jest mykotoksyną wytwarzaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium*. W przeciwieństwie do innych toksyn pochodzenia biologicznego (toksyna botulinowa, abryna, rycyna), które posiadają budowę peptydową a ich mechanizm działania jest dobrze poznany, toksyna T-2 jest niskocząsteczkowym związkiem o budowie pierścieniowej a jej właściwości zbliżone są tzw. „broni chemicznej”. Charakterystyczne dla toksyny T-2 i jednocześnie nietypowe dla toksyn pochodzenia biologicznego jest jej działanie silnie drażniące na skórę określane jako 40 razy silniejsze niż działanie iperytu siarkowego zaliczanego do grupy parzących bojowych środków trujących. Celem przedstawionych badań była analiza żywotności komórek fibroblastów linii Hs68 traktowanych mykotoksyną T-2.

Materiał i metody: Materiał badawczy stanowiły komórki prawidłowych ludzkich fibroblastów linii Hs68 (ATCC® CRL-1635™) traktowane toksyną T-2 w zakresie stężeń 1nM – 100 μM. Poziomu żywotności dokonywano po 24 i 48 godzinach od potraktowania komórek toksyną przy użyciu automatycznego licznika komórek TC-20 (Bio-Rad, USA), stosując metodę barwienia błękitem trypanu.

Wyniki: W uzyskanych wynikach zaobserwowano obniżenie żywotności komórek poddanych działaniu mikotoksyny T-2 wraz ze wzrostem stosowanych stężeń. Wyznaczone parametry LD₅₀ wynosiły odpowiednio 12 μM dla 24 godzinnej inkubacji oraz 450 nM dla 48 godzinnej inkubacji,

Podsumowanie/wnioski: Podsumowując badania można stwierdzić, że toksyna T-2 posiada silne właściwości cytotoksyczne względem komórek prawidłowych ludzkich fibroblastów linii Hs68. Co potwierdza obserwacje o jej toksycznym wpływie na zdrowie i życie człowieka poprzez ekspozycję na skórę.

**WPLYW BIOKOMPOZYTÓW CHITOZANOWYCH MODYFIKOWANYCH POCHODNYMI
PEPTYDOWYMI NA ERYTROCYTY CZŁOWIEKA**

Jakub Kajdanek^{1*}, Beata Kolesińska², Katarzyna Miłowska¹

1) *Katedra Biofizyki Ogólnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki,
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

2) *Instytut Chemii Organicznej, Wydział Chemii, Politechnika Łódzka,
ul. Żeromskiego 116, 90-924 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: jakub.kajdanek@unilodz.eu

Chitozan to polisacharyd uzyskiwany w wyniku częściowej deacetylacji chityny. Jest związkiem pochodzenia naturalnego i cechuje się wysoką biokompatybilnością, jest również nietoksyczny i biodegradowalny. Można z niego tworzyć różne struktury, m.in. włókniny. Uzyskane z tego polisacharydu struktury łatwo mogą być nośnikami różnych związków chemicznych. Powyższe cechy czynią z tego polisacharydu obiecujący materiał, z którego tworzyć można nowe opatrunki.

Celem pracy było zbadanie wpływu włókien zbudowanych z na bazie chitozanu i modyfikowanych pochodnymi peptydowymi na erytrocyty człowieka oraz sprawdzenie czy wcześniej wspomniane włókniny mogą adsorbować hemoglobinę do swojej powierzchni. Pomiary wykonano metodą spektrofotometryczną.

Na podstawie przeprowadzonych badań można stwierdzić, że właściwości hemolityczne włókien zależą od zastosowanych modyfikacji danego filmu. Część z badanych włókien nie wykazywała zwiększonych właściwości hemolitycznych, podczas gdy inne włókniny istotnie wpływały na proces hemolizy. Podobne wyniki uzyskano w przypadku badania właściwości wiązania hemoglobiny do struktury włókien.

Kluczowym czynnikiem mającym wpływ na zarówno właściwości hemolityczne, jak również i zdolność do adsorpcji przez włókniny chitozanowe wydaje się być zastosowana modyfikacja danej włókniny. Dzięki swoim właściwościom te właśnie polisacharydy jawią się jako nowatorski, ekologiczny i bardzo obiecujący materiał do produkcji opatrunków na rany.

**INHIBITOR EGFR WYKAZUJE ODMIENNE DZIAŁANIE WOBEC DWÓCH IZOFORM
RECEPTORA JĄDROWEGO RORGAMMA/RORGAMMAT**

Kaja Karas^{1,2*}, Anna Sałkowska², Iwona Karwaciak³, Jarosław Dastyh⁴, Marcin Ratajewski²

1) Instytut Biochemii Technicznej, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź

2) Pracownia Epigenetyki, Instytut Biologii Medycznej, Polska Akademia Nauk,
ul. Tylna 3A, 90-364 Łódź

3) Pracownia Regulacji Transkrypcyjnej, Instytut Biologii Medycznej,
Polska Akademia Nauk, ul. Tylna 3A, 90-364 Łódź

4) Pracownia Immunologii Komórkowej, Instytut Biologii Medycznej,
Polska Akademia Nauk, ul. Tylna 3A, 90-364 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: kaja.karas@gmail.com

Będący czynnikiem transkrypcyjnym receptor jądrowy ROR γ występuje w postaci dwóch izoform o identycznych domenach wiążących ligand, ROR γ oraz ROR γ T. Pierwsza bierze udział regulacji metabolizmu lipidów, cukrów i cyklu dobowego, druga zaś jest kluczowa dla różnicowania i funkcjonowania limfocytów pomocniczych Th17. Rola komórek Th17 w ustroju jest kontrowersyjna (ochrona przed patogenami, jak i patogenezę chorób autoimmunologicznych np. stwardnienie rozsiane, łuszczyca). Celem badań było poszukiwanie ligandów receptora ROR γ /ROR γ T zdolnych do modyfikacji jego aktywności transkrypcyjnej oraz zbadanie wpływu zidentyfikowanych związków na ludzkie komórki Th17.

Skrining biblioteki związków chemicznych przy pomocy reporterowej linii komórkowej ROR γ -HepG2 zidentyfikował AZ5104 (inhibitor receptora naskórkowego czynnika wzrostu EGFR) jako aktywatora receptora ROR γ . Nadekspresja ludzkich oraz mysich białek ROR γ w linii reporterowej synergistycznie zwiększyła efekt AZ5104. Związek zwiększył ekspresję genu ROR γ -zależnego G6PC w komórkach HepG2 (qPCR). AZ5104 wykazał wysoką cytotoksyczność w przypadku ludzkich, dziewicznych komórek Th17. Spowodował on spadek ekspresji genu kodującego czynnik ROR γ T, a także genów ROR γ T-zależnych – *IL17A* i *IL17F*, co związane było ze spadkiem wydzielania interleukiny IL17 (ELISA). Wykryto spadek wiązania się białka ROR γ T do promotorów genów *IL17A* i *IL17F* (ChIP). Zaobserwowano zmniejszenie fosforylacji białek szlaku EGFR w komórkach CD4+ różnicujących w kierunku limfocytów Th17 w obecności AZ5104 (Western Blot).

Wyniki wskazują, że związek AZ5104 działa odmiennie na izoformę ROR γ (komórki HepG2) oraz izoformę ROR γ T (komórki Th17) receptora jądrowego. AZ5104 w komórkach HepG2 działa jako agonista receptora ROR γ , zaś w komórkach Th17, poprzez inhibicję szlaku sygnałowego EGFR i hamowanie ekspresji receptora ROR γ T, negatywnie reguluje proces różnicowania tych komórek.

ZJAWISKO SYNTETYCZNEJ LETALNOŚCI**Mateusz Kciuk^{1*}, Maciej Skrzypek²***1) Katedra Biotechnologii Molekularnej i Genetyki, Pracownia Cytogenetyki,**Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/13, 90-237 Łódź**2) Katedra Genetyki Molekularnej, Pracownia Genetyki Medycznej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź***e-mail autora do korespondencji: mateusz.kciuk94@gmail.com*

Syntetyczna letalność (SL) jest śmiercią komórki wywołaną zmniejszoną ekspresją dwóch lub więcej genów zaangażowanych w kluczowe dla przetrwania komórki procesy. Brak z zmniejszona ekspresja genów może powstawać na drodze mutacji, zmian epigenetycznych oraz stosowania odpowiednie zaprojektowanych inhibitorów niskocząsteczkowych. Geny niezbędne dla prawidłowego funkcjonowania komórki posiadają swoje alternatywne odpowiedniki. Komórki nowotworowe charakteryzują się niestabilnością genomową, w wyniku czego dochodzi do licznych mutacji, co kompensowane jest przez szlaki alternatywne. Przedstawione zjawisko jest naturalnym zabezpieczeniem przed utratą kluczowego produktu białkowego. Utrata alternatywnego szlaku stanowi doskonały cel ukierunkowanej terapii przeciwnowotworowej.

**OCENA WŁAŚCIWOŚCI HEMOLITYCZNYCH I HEMOSTATYCZNYCH BIOMATERIAŁÓW
CHITOZANOWYCH MODYFIKOWANYCH GRAFENEM I CELULOZĄ JAKO CZYNNIKÓW
PRZYSPIESZAJĄCYCH PROCES GOJENIA RAN**

Marta Kędzierska^{1*}, Joanna Kołodziejczyk-Czepas², Katarzyna Miłowska¹

1) *Katedra Biofizyki Ogólnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódźki, ul. Pomorska 141/143, 90-001 Łódź*

2) *Katedra Biochemii Ogólnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódźki, ul. Pomorska 141/143, 90-001 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: marta.kedzierska1@unilodz.eu

Gojenie się ran to złożony proces, który angażuje komórki skóry, krew, układ odpornościowy oraz szereg krążących w organizmie substancji. Infekcja, zanieczyszczenie rany, rozległy obszar uszkodzenia komplikują i opóźniają naturalny proces regeneracji skóry. Trudno gojące się rany to coraz powszechniejszy problem, gdyż mogą znacznie upośledzać jakość życia pacjenta. Z tego względu niezwykle istotne jest poszukiwanie czynników (leków, opatrunków czy innych substancji), które mogłyby przyspieszyć i złagodzić proces gojenia się ran. Spośród wielu związków będących w obszarze zainteresowania inżynierii medycznej uwagę należy zwrócić na naturalne polisacharydy np. chitozan. Badane w pracy kompozyty (filmy) stanowią połączenie chitozanu, tlenków grafenu i celulozy. Do najbardziej pożądaných właściwości filmów należą biokompatybilność, bioaktywność, biodegradowalność oraz nietoksyczność.

Celem pracy było sprawdzenie właściwości hemolitycznych i hemostatycznych biokompozytów chitozanowych modyfikowanych tlenkiem grafenu i celulozą. Badania przeprowadzono wykorzystując erytrocyty i osocze krwi człowieka oraz modyfikowane filmy chitozanowe. Jak wynika z badań, rodzaj modyfikacji materiału wpływa w różnym stopniu na hemolizę erytrocytów. Dodatkowo sprawdzony został wpływ filmów na wewnątrzpochodny i zewnątrzpochodny układ krzepnięcia krwi. Określone zostały czasy krzepnięcia: czas protrombinowy metodą Quicka (PT) oraz czas koalinowo-kefalinowy (APTT). Uzyskane wyniki pozwalają stwierdzić, że modyfikowane tlenkiem grafenu kompozyty wykazują działanie prokoagulacyjne, co może mieć pozytywny wpływ na przyspieszenie procesu gojenia ran.

**OCENA WPLYWU NANOCZĄSTEK POLISTYRENOWYCH NA JEDNOJĄDRZASTE KOMÓRKI
KRWI OBWODOWEJ CZŁOWIEKA**

Kinga Kik^{1*}, Karol Bukowski¹, Paulina Sicińska¹, Bożena Bukowska¹

*1) Katedra Biofizyki Śkazeń Środowiska, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: kinga.malinowska@unilodz.eu*

W XXI wieku korzystamy z nowoczesnych technik, które pozwalają na odkrycie nowych struktur. Coraz większe zainteresowanie skupia się wokół nauki zwanej nanotechnologią. Dzięki niej poznajemy świat materiałów nanocząsteczkowych, które posiadają szerokie zastosowanie oraz unikatowe właściwości. Są to struktury mające średnicę poniżej 100 nm. Ważnym aspektem jest kwestia ich toksyczności. Przypuszcza się bowiem że cząstki te łatwo wnikają do organizmu i akumulują się w narządach. Wiele wskazuje na to, że przechodzą również przez barierę krew-mózg i w rezultacie kumulują się w mózgu.

W badaniach wykorzystano nanocząstki polistyrenowe, które mają szerokie zastosowanie biomedyczne oraz technologiczne. Nanocząstki cechują się większą powierzchnią w stosunku do objętości, która może prowadzić do powstawania oddziaływań z systemami biologicznymi.

Celem badań było określenie wpływu nanocząstek polistyrenowych na jednojądrzaste komórki krwi obwodowej człowieka. W badaniach wykorzystano nanocząstki o średnicy 29, 44 i 72 nm z którymi inkubowano komórki 24 godz. Następnie oznaczono procent komórek żywych, aktywność metaboliczną i stopień eksternalizacji fosfatydyloseryny (jako marker apoptozy).

Analiza wykazała, że nanocząstki polistyrenu o najmniejszej średnicy powodowały największy spadek żywotności, aktywności metabolicznej oraz indukowały proces apoptozy. Przeprowadzone badania wskazują na to że wielkość nanocząstek ma istotne znaczenie w przenikaniu ich do komórek, a tym samym warunkuje ich toksyczność.

**AKTYWNOŚĆ KATALAZY W KOMÓRKACH RAKA PIERSI PODDANYCH DZIAŁANIU
POCHODNYCH STILBENOWYCH I PROMIENIOWANIA JONIZUJĄCEGO**

Dominika Komorowska^{1*}, Agnieszka Gajewska¹, Aleksandra Rodacka¹

*1) Katedra Biofizyki Molekularnej, Zakład Radiobiologii, Wydział Biologii
i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: dominikakomorowska1@gmail.com*

Choroby nowotworowe są drugą zaraz po chorobach sercowo-naczyniowych przyczyną zgonów w Polsce. U kobiet najczęściej występującym nowotworem jest rak piersi. Rocznie notuje się około 17 000 nowych zachorowań na nowotwór piersi z czego ponad 5600 przypadków kończy się zgonem.

Celem prowadzonych badań było sprawdzenie aktywności katalazy w komórkach raka sutka poddanych działaniu naturalnie występujących pochodnych stilbenowych (Res, Res-OH, Res-G) i promieniowania jonizującego.

Materiałem badawczym była linia komórkowa MCF-7 – estrogenozależnego gruczolakoraka piersi. Komórki preinkubowano przez 3 godziny z pochodnymi stilbenowymi, a następnie poddawano działaniu promieniowania jonizującego. Zbadano aktywność katalazy wykorzystując spadek absorbancji H_2O_2 przy długości fali 240 nm. Największe spadki w aktywności katalazy zaobserwowano po czasie 72 h w komórkach inkubowanych z resweratolem..

GARCINOL WPŁYWA NA BIOLOGIĘ KOMÓREK RHABDOMYOSARCOMA.

Patrycja Kopytko^{1*}, Joanna Bujak¹, Małgorzata Łączna¹

1) Katedra i Zakład Fizjologii, Wydział Lekarski z Oddziałami Nauczania w Języku Angielskim, Pomorski Uniwersytet Medyczny, ul. Rybacka 1, 70-204 Szczecin

**e-mail autora do korespondencji: patrycja.kopytko@op.pl*

Wstęp i cel pracy: Mięsak prążkowanokomórkowy (Rhabdomyosarcoma, RMS) jest jednym z najczęściej występujących nowotworów złośliwych tkanek miękkich wieku dziecięcego. Powstaje z embrionalnej tkanki mezenchymalnej lub neuroektodermalnej. W wyniku licznych defektów molekularnych, komórki nabywają zdolność do niekontrolowanej proliferacji, prowadząc do procesu przerzutowania. Z uwagi, iż do tej pory nie powstała w pełni zadowalająca strategia leczenia RMS, trwają poszukiwania nowych substancji, które mogłyby zahamować rozwój tego nowotworu. Liczne badania wskazują na istotną rolę czynników epigenetycznych w patogenezie chorób nowotworowych. Główną modyfikacją potranslacyjną jest acetylacja histonów, katalizowana przez grupę enzymów acetylotransferaz histonów (HAT). Zaburzenie wzoru modyfikacji histonów może prowadzić do nadmiernej transkrypcji onkogenów oraz inaktywacji genów supresorowych. Garcinol (GAR) jest inhibitorem acetylotransferaz histonów i wykazuje liczne właściwości antynowotworowe. Celem pracy była ocena potencjału przeciwnowotworowego GAR w modelu Rhabdomyosarcoma.

Materiały i metody: W badaniu wykorzystano linię komórkową RH30, która jest typowym przykładem Rhabdomyosarcoma typu ARMS. Wykonano test proliferacji, analizę cyklu komórkowego, oceniono zdolność tworzenia kolonii oraz przeprowadzono analizę Real-time PCR.

Wyniki:

1. GAR hamuje kinetykę wzrostu komórek RMS.
2. Po stymulacji GAR zauważono przesunięcie cyklu komórkowego w porównaniu do komórek kontrolnych.
3. GAR zmniejsza zdolność tworzenia kolonii.
4. Analiza Real-time PCR wykazała wzrost ekspresji genu SMAGP.

Wnioski: Garcinol wpływa na biologię komórek RMS. Zauważono redukcję tempa proliferacji oraz mniejszą zdolność tworzenia kolonii badanych komórek po stymulacji GAR. Dodatkowo odnotowano wzrost ekspresji genu SMAGP, który wiąże się z antynowotworowym działaniem GAR.

NOWE POCHODNE ROSKOWITYNY JAKO INDUKTORY APOPTOZY W KOMÓRKACH PRZEWLEKLEJ BIAŁACZKI LIMFOCYTOWEJ

Małgorzata Kubczak^{1*}, Aleksandra Szustka¹, Tomáš Gucký², Vladimír Krystof²,
Jerzy Błoński³ Tadeusz Robak³, Małgorzata Rogalińska¹

1) *Uniwersytet Łódzki, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Katedra Cytobiochemii, ul. Pomorska 141/143, 90 - 236 Łódź*

2) *Laboratory of Growth Regulators and Department of Chemical Biology and Genetics, Centre of the Region Haná for Biotechnological and Agricultural Research, Faculty of Science, Palacký University and Institute of Experimental Botany AS CR, Czech Republic*

3) *Uniwersytet Medyczny w Łodzi, Klinika Hematologii, ul. Ciołkowskiego 2, 93-513 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: malgorzata.kubczak@biol.uni.lodz.pl

W przebiegu przewlekłej białaczki limfocytowej wyróżniono dwie populacje komórek tj. proliferujące oraz nie podlegające podziałom. Wyzwaniem dla badaczy jest poszukiwanie efektywnego sposobu leczenia tego typu nowotworu. Transformowane nowotworowo limfocyty wykazują różnice w poziomie ekspresji czynników odpowiedzialnych za przebieg apoptozy. Większość komórek nowotworowych w klasycznej postaci tej białaczki stanowią limfocyty znajdujące się w fazie G0/G1 cyklu komórkowego. Dlatego zasadnym wydaje się poszukiwanie nowych związków o aktywności proapoptotycznej. Przeprowadzone badania wskazują, że nowa generacja pochodnych roskowityny wykazuje potencjał antynowotworowy. Testowane analogi purynowe wykazywały uprzednio właściwości terapeutyczne w liniach komórkowych HepG2, PLC/PRF/5 oraz Hep3B. Celem naszych badań było porównanie cytotoksyczności analogów purynowych w komórkach prawidłowych i nowotworowych oraz wykazanie ich proapoptotycznych właściwości w komórkach nowotworowych. Materiał do badań stanowiły komórki jednojądrzaste krwi obwodowej zdrowych dawców oraz pacjentów z przewlekłą białaczką limfocytową (współpraca z Kliniką Hematologii Uniwersytetu Medycznego w Łodzi). Ocenę cytotoksyczności/ indukcji apoptozy dokonano za pomocą techniki cytometrii przepływowej (test Vybrant Apoptosis Assay #4). Poziomą ekspresji białek pro- i antyapoptotycznych badano techniką Western blot. Wyniki badań wskazują, że pochodne roskowityny w zakresie stężeń od 10 nM do 100 mM wykazują działanie anty-nowotworowe i proapoptotyczne, natomiast nie wykazują wysokiej cytotoksyczności względem prawidłowych limfocytów.

WPLYW KWASU CYKORIOWEGO NA ADHEZJĘ PŁYTEK KRWI

Bernadetta Lis^{1*}, Dariusz Jędrejek², Jarosław Mołdoch², Anna Stochmal², Beata Olas¹

1) *Katedra Biochemii Ogólnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

2) *Zakład Biochemii i Jakości Plonów, Instytut Uprawy, Nawożenia i Gleboznawstwa, Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy*

*e-mail autora do korespondencji: bernadetta.lis@biol.uni.lodz.pl

Choroby układu krążenia stanowią główną przyczynę zgonów na całym świecie. Istotą rolę w ich patogenezie odgrywają zaburzenia hemostazy, które są zależne od mechanizmów osoczowych, płytkowych i naczyniowych. Hemostaza jest definiowana jako zespół mechanizmów zapobiegających wypływowi krwi z naczyń krwionośnych (zarówno w warunkach prawidłowych, jak i w przypadkach ich uszkodzeń), a także zapewniających jej płynność w układzie krwionośnym. Zachwianie równowagi istniejącej w układzie hemostazy między procesami pro- i przeciwzakrzepowymi wiąże się z uszkodzeniem ściany naczyń krwionośnych oraz zakłóceniem czynności fizjologicznej płytek krwi, jak i białek osocza. Uszkodzenie komórek śródbłonnka oraz odsłonięcie trombogenicznej warstwy podśródbłonkowej białek adhezyjnych prowadzi do zwiększonej adhezji i aktywacji płytek krwi. Jedną z metod leczenia jest stosowanie leków antypłytkowych lub przeciwzakrzepowych, jednak w wielu przypadkach mogą one wywoływać niepożądane skutki uboczne. Uważa się, iż związki pochodzenia naturalnego mogą być alternatywą dla ludzi cierpiących na dolegliwości ze strony układu sercowo-naczyniowego.

Celem niniejszej pracy było określenie wpływu kwasu cykoriowego (2,3-O-dikawoilo-L-winowego) wyizolowanego z liści mniszka pospolitego (*Taraxacum officinale* L.) na parametry hemostazy tj. adhezję płytek krwi do kolagenu i fibrynogenu w warunkach *in vitro*. Analizowano kwas cykoriowy w stężeniach 0,5, 10 i 50 µg/ml. Otrzymane wyniki sugerują, iż kwas ten w dawkach: 10 i 50 µg/ml hamuje adhezję płytek krwi stymulowanych trombina do kolagenu o ok. 20% ($p < 0,05$; $p < 0,01$). Podobnie zaobserwowano obniżoną adhezję płytek krwi stymulowanych trombina do fibrynogenu, w najwyższym stężeniu, tj. 50 µg/ml ($p < 0,05$). Natomiast w przypadku adhezji płytek krwi stymulowanych adenylozynyloforanem (ADP) do fibrynogenu odnotowano największy spadek aktywności płytek krwi w stężeniu 50 µg/ml ($p < 0,01$).

Nasze badania *in vitro* nad kwasem cykoriowym wykazały, że posiada on duży potencjał przeciwpłytkowy i jest dobrym kandydatem do testów *in vivo*, w poszukiwaniu nowych substancji aktywnych wykorzystywanych w leczeniu chorób układu krążenia.

Badania finansowane z grantu NCN nr 2017/27/N/NZ9/02009.

MECHANIZM OCHRONNEGO DZIAŁANIA EKSTRAKTÓW POLIFENOLOWYCH ZE SKÓRKI GRANATU (*PUNICA GRANATUM* L.) W ODNIESIENIU DO BŁON BIOLOGICZNYCH**Katarzyna Męczarska^{1*}, Sylwia Cyboran-Mikołajczyk¹, Aleksandra Włoch¹,****Dorota Bonarska-Kujawa¹, Jan Oszmiański²****1) Katedra Fizyki i Biofizyki, Wydział Przyrodniczo-Technologiczny, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Norwida 25, 50-375 Wrocław****2) Katedra Technologii Owoców, Warzyw i Nutraceutyków Roślinnych, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Norwida 25, 50-375 Wrocław*****e-mail autora do korespondencji: katarzyna.meczarska@upwr.edu.pl**

Celem przeprowadzonych badań było oznaczenie ochronnego działania ekstraktów polifenolowych ze skórki granatu (*Punica granatum* L.) w odniesieniu do błony erytrocytów oraz zmian strukturalnych błon lipidowych zmodyfikowanych tym ekstraktem. Zbadano również wpływu ekstraktu na hemolizę i odporność osmotyczną czerwonych krwinek.

Metodą chromatografii cieczowej przeprowadzono analizę jakościową i ilościową związków polifenolowych zawartych w ekstrakcie. Metodą spektrofotometryczną określono wpływ ekstraktu na stopień hemolizy i oporność osmotyczną erytrocytów oraz zbadano zdolność związków zawartych w ekstrakcie ze skórki granatu do ochrony komórki przed uszkodzeniem oksydacyjnym. W metodzie tej wolne rodniki indukowano promieniowaniem UVC. Metodą fluorymetryczną przy użyciu sond DPH oraz Laurdan określono wpływ ekstraktu ze skórki granatu na uporządkowanie i płynność błony erytrocytów. Zbadano również aktywność antyoksydacyjną ekstraktu. Czynnikiem indukującym utlenianie był związek AAPH. Metodą mikroskopii optycznej została określona lokalizacja związków w błonie erytrocytów. Badania potwierdziły wysoką aktywność antyoksydacyjną polifenoli zawartych w ekstrakcie *Punica granatum* L. Związki w nim zawarte nie działają destrukcyjnie na erytrocyty. Nie stwierdzono istotnych zmian w anizotropii fluorescencji sondy DPH, pod wpływem ekstraktu polifenolowego ze skórki granatu. Obliczone wartości uogólnionej polaryzacji (GP) zmniejszały się wraz ze wzrostem stężenia ekstraktu, co wskazuje na zmiany w części hydrofilowej warstwy lipidowej oraz obecność związków polifenolowych ekstraktu w tym obszarze. Dzięki bogatemu składowi polifenolowemu i wysokiej aktywności antyoksydacyjnej wyciąg ze skórki granatu chroni organizm przed szkodliwym działaniem wolnych rodników. Duża aktywność przeciwutleniająca, klasyfikuje badane ekstrakty, jako wartościowe źródło związków, mogące znaleźć szerokie zastosowanie w profilaktyce i leczeniu wielu schorzeń powstających na skutek zaburzenia procesów oksydacyjnych w organizmie.

Praca ta jest finansowana ze środków na działalność statutową Katedry Fizyki i Biofizyki Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu.

WPLYW CHRONICZNEGO STOSOWANIA INHIBITORA COX-2 NA GĘSTOŚĆ RECEPTORÓW IL-1 β R1 oraz TNF- α R1 W OŚRODKOWYM UKŁADZIE NERWOWYM SZCZURA

Paweł Napora^{1*}, Anna Kobrzycka¹, Marek Wieczorek¹

1) Katedra Neurobiologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki,
ul. Pomorska 141/143. 90-236 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: pawel.napora@unilodz.eu

Komunikacja między układem odpornościowym i ośrodkowym układem nerwowym (OUN) odpowiada za utrzymanie stanu homeostazy organizmu. Informacje z układu odpornościowego do OUN przekazywane są dwiema głównymi drogami: humoralną za pośrednictwem szeregu substancji uwalnianych do płynów ustrojowych, cytokin lub prostaglandyn, oraz drogę neuronalną za pośrednictwem zakończeń czuciowych nerwów obwodowych, w tym nerwu błędnego. W obecnym doświadczeniu analizowano skutki chronicznego, selektywnego blokowania cyklooksygenazy-2 (COX-2) na zmiany gęstości receptorów: IL-1 β R1 oraz TNF- α R1 w obrębie wybranych obszarów OUN. W celu zablokowania syntezy PGE₂, zastosowano selektywny inhibitor COX-2, celekoksyb. W ten sposób efektywnie naruszając fizjologiczne funkcjonowanie humoralnej drogi komunikacji odporność – nerwowej. Zakładamy, że ewentualne zmiany gęstości wspomnianych receptorów mogą być powiązane z bardziej skuteczną odpowiedzią organizmu na rozwijający się stan zapalny oraz związane z nim zagrożenia. Materiał badany stanowiły samce szczurów stada niekrewniaczego Wistar o masie ok. 250-300 g. Zwierzęta podzielono na 2 grupy: kontrolną (CNT) oraz doświadczalną (CEL), otrzymującą codzienne przez 10 dni dootrzewnowe iniekcje celekoksylu. Obie grupy zwierząt po upływie 24 godzin od ostatniego podania CEL poddano eutanazji, a następnie pobrano i utrwalono ich mózgowia. Wszystkie procedury wykonywano za zgodą Lokalnej Komisji Etycznej 73/LB582/2012. Do oceny gęstości IL-1 β R1 oraz TNF- α R1 przygotowano czołowe, mrożeniowe skrawki mózgowia. W celu zobrazowania receptorów wykorzystano pośrednią metodę immunohistochemiczną. Zdjęcia wybarwionych preparatów wykonano przy użyciu mikroskopu konfokalnego LSI, Leica. Wzrost gęstości badanych receptorów zaobserwowano w: formacji hipokampa, ciałach migdałowatych, obszarze tylnego podwzgórza, istocie szarej okółowodociągowej oraz w obrębie wyściółki komory trzeciej. Długotrwałe hamowanie COX-2 skutkuje osłabieniem działania humoralnej drogi komunikacji nerwowo-odpornościowej. W związku z powyższym możliwym jest wykształcenie przez organizm specyficznych mechanizmów mających na celu zastąpienie wyłączonej drogi humoralnej, które mogą obejmować zwiększenie gęstości receptorów dla mediatorów prozapalnych w strukturach OUN zaangażowanych w modulację procesów odpornościowych. Analizowane receptory stanowią element docelowy dla produkowanych na obwodzie mediatorów prozapalnych, a zatem wzrost ich gęstości będzie prawdopodobnie kompensował brak aktywnej COX-2 oraz jej produktów. *Badanie zostało sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki – UMO-2012/07/B/NZ4/00205.*

**ZWIĄZKI POLIFENOLOWE OWOCÓW *VIBURNUM OPULUS* O POTENCJALE
PRZECIWOTYŁOŚCIOWYM**

Nina Pawlik^{1*}

1) Instytut Biochemii Technicznej, Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: nina.pawlik@edu.p.lodz.pl

Dane epidemiologiczne wskazują, iż otyłość oraz nadwaga należą obecnie do głównych problemów zdrowotnych współczesnego świata. Jednak duża ilość efektów ubocznych stosowania syntetycznych preparatów farmakologicznych spowodowała zwiększenie zainteresowania w aktywnością przeciwotyłościową związków pochodzenia roślinnego, a szczególnie polifenoli i terpenoidów. Ich działanie polega m.in. na hamowaniu aktywności enzymów trawiennych oraz enzymów metabolizujących węglowodany i lipidy, hamowaniu adipogenezy i jej regulatorów oraz zmniejszaniu apetytu. Wśród roślin wykazujących wysoką zawartość, a także szeroki zakres związków polifenolowych można wyróżnić kalinę koralową (*Viburnum opulus* L.). Prozdrowotne właściwości soku z owoców kaliny koralowej są znane już od dawna m.in. w Turcji, gdzie występuje on pod postacią handlową jako gilaburu.

Wyniki najnowszych badań wskazują, że istotne znaczenie w regulacji procesów komórkowych prowadzących do nadwagi i otyłości mają receptory jądrowe aktywowane przez proliferatory peroksysomów (peroxisome-proliferator-activated receptor, PPAR), a szczególnie jego izoforma PPAR- γ . Obok PPAR- γ również istotnymi w procesie formowania nowych komórek tłuszczowych są m.in. czynniki transkrypcyjne SREBP-1 oraz C/EBP.

Podczas prezentacji zostaną przedstawione założenia projektu badawczego, jak również sposób pozyskania ekstraktów z owoców *V. opulus*. Udało uzyskać się 4 (ekstrakt metanolowy, acetonowy, oczyszczony metodą SPE oraz odwirowany sok), które wykazały wysoką zdolność antyoksydacyjną, również w układzie biologicznym. Wstępne wyniki aktywności białek metodą Western blott wykazały, że badane preparaty wpływając na aktywność białek zaangażowanych w procesy lipogenezy i adipogenezy, co potwierdza słuszność wykorzystania ekstraktów kaliny koralowej w prewencji oraz leczeniu otyłości.

**WPLYW KWASU MASLINOWEGO NA WYBRANE PARAMETRY USZKODZEŃ BIAŁEK
OSOCZA *IN VITRO***

Rostyslav Pietukhov^{1*}, Bartosz Skalski¹, Jerzy Żuchowski², Anna Stochmal²,
Beata Olas¹

1) *Katedra Biochemii Ogólnej, Instytut Biochemii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

2) *Zakład Biochemii i Jakości Plonów, Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy*

*e-mail autora do korespondencji: rrrostislav97@gmail.com

Zdolność detoksykacji organizmu narażonego na wpływ reaktywnych form tlenu (RFT) stała się przedmiotem wielu badań. Liczne publikacje wskazują na związki pochodzenia roślinnego, jako potencjalne antyoksydanty. Aktualne badania w dużej mierze skupiły się na wpływie rokitnika zwyczajnego (*Elaeagnus rhamnoides* (L.) A. Nelson) na stres oksydacyjny. Rokitnik zwyczajny jest krzewem, który stanowi bogate źródło licznych substancji prozdrowotnych w tym: związków fenolowych, witamin, makro- i mikroelementów. Ostatnie badania donoszą o obecności w jagodach i gałązkach rokitnika zwyczajnego kwasu maslinowego.

Celem pracy było określenie wpływu kwasu maslinowego zakupionego komercyjnie w firmie Sigma-Aldrich na wybrane parametry uszkodzeń białek osocza krwi *in vitro*.

Materiał badany stanowił kwas maslinowy o stężeniach końcowych 0,5; 1; 10 µg/ml. Materiałem biologicznym było osocze wyizolowane ze świeżo pobranej krwi ludzkiej od zdrowych ochotników. Materiał pochodził z Centrum Medycznego im. L. Rydygiera. W celu określenia parametrów stresu oksydacyjnego wykorzystano następujące metody: oznaczenia grup karbonylowych w osoczu metodą kolorymetryczną oraz oznaczenia zawartości grup tiolowych w białkach osocza.

Przeprowadzone badania nie wykazały istotnie statystycznego wpływu testowanego kwasu maslinowego na uszkodzenia białek osocza.

Praca finansowana w ramach grantu NCN 2015/19/B/N29/03164.

ANALIZA WPLYWU EKSTRAKTU Z LIŚCI SOCZEWICY NA CZASY KRZEPNIĘCIA

Agata Rolnik^{1*}, Jerzy Żuchowski², Anna Stochmal², Beata Olas¹

1) Katedra Biochemii Ogólnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź

2) Zakład Biochemii i Jakości Plonów, Instytut Upraw, Nawożenia i Gleboznawstwa,
Państwowy Instytut Badawczy, ul. Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

*e-mail autora do korespondencji: agata.rolnik@unilodz.eu

Ze względu na swoje właściwości odżywcze, soczewica jadalna (*Lens culinaris*) jest jedną z częściej uprawianych roślin strączkowych. Jest dobrym źródłem białka dla osób na diecie roślinnej. Dzięki wysokiej zawartości potasu i kwasu foliowego polecana jest kobietom w ciąży. Soczewica wykazuje silne właściwości antyoksydacyjne, co związane jest z wysokim stężeniem związków z grupy tanin, głównie tanin skondensowanych. Soczewica jest również dobrym źródłem błonnika pokarmowego, dlatego jest zalecana w diecie osób chorych na choroby układu sercowo-naczyniowego. O ile skład i właściwości biologiczne ziarna soczewicy są dobrze scharakteryzowane, to niewiele uwagi poświęcano jej częściom zielonym. Nie jest na przykład znany wpływ związków z liści soczewicy na hemostazę.

Hemostaza jest to cykl procesów mających na celu utrzymanie płynności krwi w naczyniach krwionośnych przy jednoczesnym zatamowaniu krwawienia w przypadku przerwania ciągłości ściany naczynia. W prawidłowej hemostazy warunkach procesy krzepnięcia są uruchamiane w przypadku przerwania naczynia. Niestety zaburzenia hemostazy mogą prowadzić do chorób układu krążenia, takich jak na przykład zakrzepice żyłne i tętnicze. Jednym ze sposobów oceny przebiegu procesu hemostazy jest pomiar czasów krzepnięcia. Jest to miara sprawności zarówno zewnątrzpo pochodnego, jak i wewnątrzpo pochodnego układu aktywacji krzepnięcia, a także ostatniego etapu krzepnięcia, którym jest przekształcenie fibrynogenu w nierozpuszczalną fibrynę.

Celem pracy była ocena w warunkach *in vitro* wpływu ekstraktu z liści soczewicy na właściwości hemostatyczne osocza ludzkiego. W tym celu wykonano pomiary czasów krzepnięcia, czyli czasu protrombinowego, czasu częściowej tromboplastyny po aktywacji i czasu trombinowego. W metodzie kagulometrycznej wykorzystano ekstrakt z liści soczewicy w stężeniach 1 µg/ml, 5 µg/ml, 50 µg/ml. Nie zaobserwowano istotnego wpływu na ekstrakt z liści soczewicy na czasy krzepnięcia.

**ZASTOSOWANIE NISKOCZĄSTECzkOWYCH INHIBITORÓW PERK W LECZENIU JASKRY
PIERWOTNEJ OTWARTEGO KĄTA**

Wioletta Rozpedek^{1*}, Adam Wawrzynkiewicz¹, Natalia Siwecka¹, Dariusz Pytel²,
J. Alan Diehl², Ireneusz Majsterek¹

1) Zakład Chemii i Biochemii Klinicznej Wydział Wojskowo-Lekarski, Uniwersytet Medyczny
w Łodzi, ul. Narutowicza 60, 90-136 Łódź

2) Department of Biochemistry and Molecular Biology, Hollings Cancer Center,
Medical University of South Carolina, Charleston, SC 29425, USA

*e-mail autora do korespondencji: wioletta.rozpedek@umed.lodz.pl

Dokładne mechanizmy molekularne będące przyczyną zainicjowania oraz późniejszej progresji jaskry pierwotnej otwartego kąta nie zostały dokładnie opisane. Wzrost ciśnienia wewnątrzgałkowego może być bezpośrednią przyczyną powstania warunków stresu Retikulum Endoplazmatycznego (ER) w siatce włókien kolagenowych oraz tarczy nerwu wzrokowego. Chroniczny stres ER prowadzi do fosforylacji kinazy PERK, a następnie białka eIF2 α , co skutkuje wzrostem poziomu białek ATF4 oraz CHOP indukującego śmierć komórkową na drodze apoptozy. Cel pracy stanowiła analiza właściwości inhibicyjnych niskocząsteczkowego selektywnego inhibitora PERK oraz ocena jego cytotoksyczności.

Badania zostały przeprowadzone w modelu *in vitro* na ludzkich astrocytach siatkówki (HA-r). Analiza poziomu fosforylacji czynnika eIF2 α została wykonana za pomocą metody Western blot. Komórki preinkubowano w szeregu stężeń inhibitora 3 – 50 μ M w czasie 1h, a następnie traktowano tapsygarginą (Th) jako aktywatorem stresu ER i inkubowano przez 2h. Kontrolę pozytywną stanowiły komórki traktowane wyłącznie Th (500 nM), kontrolę negatywną komórki nie traktowane żadnym ze związków. Analiza cytotoksyczności została przeprowadzona za pomocą testu XTT. Komórki poddano inkubacji z testowanym inhibitorem w szeregu stężeń 50 μ M – 3 μ M w czasie 16, 24 oraz 48h. Kontrolę pozytywną stanowiły komórki traktowane 0,01% DMSO, natomiast kontrolę negatywną komórki traktowane 100% DMSO. Analiza Western blot poziomu fosforylacji białka eIF2 α w komórkach linii HA-r traktowanych inhibitorem PERK wykazała, iż badany związek wykazuje najwyższą aktywność inhibicyjną w stężeniu 25 μ M. Ponadto analizowany inhibitor PERK nie wykazuje efektu cytotoksycznego w stosunku do komórek HA-r w żadnym z zastosowanych stężeń oraz żadnym czasie inkubacji.

Zatem inaktywacja szlaków zależnych od kinazy PERK za pomocą niskocząsteczkowych, wysoce selektywnych wobec niej inhibitorów może przyczynić się do opracowania przełomowej strategii terapeutycznej w leczeniu jaskry.

Praca została sfinansowana z grantu OPUS nr 2016/21/B/NZ5/01411, PRELUDIUM nr 2015/19/N/NZ3/00055, przyznanych przez Narodowe Centrum Nauki, grantu nr 502-03/5-108-05/502-54-224-18 oraz nr 564/2-000-00/564-20-031 przyznanych przez Uniwersytet Medyczny w Łodzi

**INNOWACYJNA TERAPIA ANTYNOWOTWOROWA Z ZASTOSOWANIEM
NISKOCZĄSTECzkOWYCH INHIBITORÓW PERK**

Natalia Siwecka^{1*}, Wioletta Rozpędek¹, Adam Wawrzynkiewicz¹, Dariusz Pytel²

J. Alan Diehl², Ireneusz Majsterek¹

1) *Zakład Chemii i Biochemii Klinicznej, Wydział Wojskowo-Lekarski, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, ul. Narutowicza 60, 90-136 Łódź*

2) *Department of Biochemistry and Molecular Biology, Hollings Cancer Center, Medical University of South Carolina, Charleston, SC 29425, USA*

*e-mail autora do korespondencji: natalia.siwecka@stud.umed.lodz.pl

Istnieje szereg doniesień naukowych potwierdzających, iż kinaza PERK inicjująca szlak adaptacyjnej odpowiedzi na stres (UPR) może pełnić podwójną rolę zarówno o charakterze pro-adaptacyjnym, jak i pro-apoptycznym w warunkach stresu Retikulum Endoplazmatycznego (ER) wywołanych stanem hipoksji w komórkach nowotworowych. Aktywacja PERK prowadzi do znaczącego wzrostu poziomu ufosforylowanego czynnika eIF2 α , będącego jej głównym substratem. Główny cel prezentowanego eksperymentu stanowiła ocena poziomu fosforylacji eIF2 α w komórkach raka jelita grubego linii HT-29 traktowanych wyselekcjonowanym inhibitorem PERK. Ponadto dokonano analizy cytotoksyczności analizowanego inhibitora zarówno na komórkach linii HT-29, jak i komórkach prawidłowych jelita grubego linii CCD 841 CoN. Poziom p-eIF2 α w komórkach HT-29 oceniono za pomocą techniki Western blot, po uprzedniej inkubacji komórek HT-29 z inhibitorem w szeregu stężeń 6-50 μ M przez 1h, a następnie z 500 nM tapsyrgarginą (Th), jako aktywatorem stresu ER, w czasie 2h. Komórki traktowane wyłącznie Th przez 2h stanowiły kontrolę pozytywną, natomiast nietraktowane żadnym związkiem – kontrolę negatywną. Analiza cytotoksyczności badanego związku została dokonana za pomocą testu LDH. Eksperyment przeprowadzono na komórkach linii HT-29 oraz CCD 841 CoN przy rosnących stężeniach inhibitora PERK od 0,75 do 100 μ M, inkubowanych odpowiednio przez 16, 24 i 48h. Kontrolę stanowiły natomiast komórki potraktowane jedynie 1 μ l DMSO stanowiącym rozpuszczalnik badanego inhibitora. Analiza przeprowadzona metodą Western blot wykazała wyraźną inhibicję fosforylacji eIF2 α przy stężeniach inhibitora 25 μ M oraz 50 μ M. Wyraźne cytotoksyczne działanie selektywnego inhibitora PERK wobec HT-29 osiągnięto przy stężeniach 50 μ M i wyższych wraz ze wzrastającym czasem inkubacji, jednocześnie nie odnotowując znaczącej cytotoksyczności w przypadku komórek CCD 841 CoN niezależnie od stężenia inhibitora oraz czasu inkubacji.

Ponieważ nowotwory stanowią istotny problem kliniczny, a mechanizmy ich adaptacji w warunkach stresu i lekooporności wciąż pozostają niejasne, konieczne jest przeprowadzenie dodatkowych badań. Selektywne, molekularne inhibitory wydają się obiecującym celem do opracowania nowej, skutecznej strategii terapeutycznej.

Praca została sfinansowana z grantu PRELUDIUM nr 2015/19/N/NZ3/00055 przyznanego przez Narodowe Centrum Nauki, grantu OPUS nr 2016/23/B/NZ5/02630 przyznanego przez Narodowe Centrum Nauki oraz przez Uniwersytet Medyczny w Łodzi z zadania badawczego nr 502-03/5-108-05/502-54-224-18 oraz 564/2-000-00/564-20-031.

ZJAWISKO SYNTETYCZNEJ LETALNOŚCI**Maciej Skrzypek^{2*}, Mateusz Kciuk¹***1) Katedra Genetyki Molekularnej, Pracownia Genetyki Medycznej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź**2) Katedra Biotechnologii Molekularnej i Genetyki, Pracownia Cytogenetyki, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/13, 90-237 Łódź***e-mail autora do korespondencji: skrzypas95@gmail.com*

Syntetyczna letalność (SL) jest śmiercią komórki wywołaną zmniejszoną ekspresją dwóch lub więcej genów zaangażowanych w kluczowe dla przetrwania komórki procesy. Brak z zmniejszona ekspresja genów może powstawać na drodze mutacji, zmian epigenetycznych oraz stosowania odpowiednie zaprojektowanych inhibitorów niskocząsteczkowych. Geny niezbędne dla prawidłowego funkcjonowania komórki posiadają swoje alternatywne odpowiedniki. Komórki nowotworowe charakteryzują się niestabilnością genomową, w wyniku czego dochodzi do licznych mutacji, co kompensowane jest przez szlaki alternatywne. Przedstawione zjawisko jest naturalnym zabezpieczeniem przed utratą kluczowego produktu białkowego. Utrata alternatywnego szlaku stanowi doskonały cel ukierunkowanej terapii przeciwnowotworowej.

**PROFIL EKSPRESJI GENÓW KOMÓREK NOWOTWOROWYCH LINII MCF7 I MDA-MB-231
W ANALIZIE IN SILICO****Maciej Sobczak^{1*}, Agnieszka Robaszekiewicz¹***1) Katedra Biofizyki Ogólnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki,
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź***e-mail autora do korespondencji: maciejsobczak222@gmail.com*

Nowotwory piersi, są drugim co do częstości typem nowotworów wśród kobiet. Mimo wielu lat intensywnych badań nie udało się znaleźć leku, który działałby skutecznie i specyficznie względem danego typu nowotworu. Zatem istotnym wydaje się by zbadać mechanizmy, kontrolujące ekspresję genów odpowiedzialnych za stymulowanie proliferacji komórek nowotworowych oraz mechanizmy związane z ich odpornością na działanie cytostatyków. Wydajnym narzędziem wspomagającym rozwój badań w dziedzinie onkologii jest analiza bioinformatyczna danych sekwencjonowania nowej generacji (NGS). Analiza wyników sekwencjonowania mRNA (RNA-seq) komórki nowotworowej pozwala określić ekspresję poszczególnych genów. Kolejnym krokiem, może być wykorzystanie analizy sekwencjonowania fragmentów DNA otrzymanych po immunoprecypitacji chromatyny (ChIP-seq). Analiza ta pozwala chociażby na znalezienie modyfikacji epigenetycznych związanych z regulacją procesów zidentyfikowanych w analizie RNA-seq. Celem tej pracy, była analiza *in silico* danych sekwencjonowania nowej generacji – RNA-seq i ChIP-seq dostępnych w bazie GEO, w poszukiwaniu pewnych wzorców genetycznych, wspólnych dla obydwu analizowanych linii komórkowych, które regulowałyby wspomniane wyżej procesy z wykorzystaniem serwerów i narzędzi *The Galaxy Project*.

Analiza ekspresji genów komórek nowotworowych wyłoniła wiele genów ulegających odmiennej ekspresji w obydwu liniach nowotworowych w porównaniu do komórek prawidłowych. Wyłonione geny przede wszystkim związane były z procesami takimi jak: proliferacja, naprawa uszkodzeń DNA, czy regulacja cyklu komórkowego. Analiza ChIP-seq wykazała, że aktywność promotorów genów związanych z wyżej wspomnianymi procesami jest związana z metylacjami lizyny 4, oraz acetylacjami lizyny 9, 23 i 27 histonu 3.

Wyżej opisane analizy pokazały procesy komórkowe, będące istotą odmienności komórek nowotworowych. Ukazały geny związane z nadmierną ich proliferacją – w tym te, regulujące cykl komórkowy, jak i wpływające na naprawę DNA, co może stanowić bezpośrednią przyczynę oporności komórek nowotworowych na standardowe leczenie. Dalsze badania w tym kierunku, mogą przyczynić się do zbadania zależności między ekspresją genów a ich epigenetyczną regulacją, co może prowadzić do udoskonalenia terapii przeciwnowotworowych, a tym samym, ratowania życia pacjentek cierpiących na raka piersi.

WEWNĄTRKOMÓRKOWE STĘŻENIE ATP A AKUMULACJA JODKU PROPIDYNY W KOMÓRKACH LINII A549

Małgorzata Strulak^{1*}, Błażej Rychlik¹

1) Pracownia Cytometrii, Katedra Biofizyki Molekularnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: malgorzata.strulak@gmail.com

Wstęp: Jodek propidyny jest barwnikiem fluorescencyjnym stosowanym do barwienia kwasów nukleinowych. Wynika do komórek z uszkodzoną błoną plazmatyczną i barwi DNA w jądrze komórkowym oraz struktury bogate w RNA. Żywe komórki w dobrym stanie metabolicznym nie barwią się jodkiem propidyny, choć obserwuje się akumulację barwnika w komórkach poddanych czynnikom stresogennym¹.

Cel: Sprawdzenie czy akumulacja jodku propidyny jest zależna od stanu metabolicznego komórek linii A549.

Materiały i metody: Model badawczy stanowiły komórki linii A549 – niedrobnokomórkowego raka płuc. Stężenie ATP w komórkach oznaczano metodą luminometryczną². Pomiar akumulacji jodku propidyny w komórkach prowadzony był techniką cytometrii przepływowej.

Wyniki: Wewnątrzkomórkowe stężenie ATP obniżano, inkubując komórki w podłożu pozbawionym glukozy jako podstawowego surowca energetycznego, z lub bez dodatkiem trucizn metabolicznych, jak 2-deoksyglukoza. Obserwowano spadek wewnątrzkomórkowego stężenia ATP zależny od czasu i warunków inkubacji, a także zmiany w poziomie stopnia wybarwienia komórek jodkiem propidyny.

Podsumowanie: Stopień akumulacji jodku propidyny w komórkach zależy od wewnątrzkomórkowego stężenia ATP.

1) Davey i wsp. *Environ. Microbiol.* 2011;13(1):163-171.

2) Yang i wsp. *Anal Biochem.* 2002;306(2):323-7.

**WPLYW SIARCZANU INDOKSYLU NA STAN KONFORMACYJNY BŁONY KOMÓRKOWEJ
ERYTROCYTÓW CZŁOWIEKA**

Artur Szczepocki^{1*}, Anna Pieniążek¹

*1) Katedra Biofizyki Molekularnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: artur.szczepocki@wp.pl*

Wstęp: W przebiegu przewlekłej choroby nerek dochodzi do postępującego, nieodwracalnego uszkodzenia i zmniejszenia liczby czynnych nefronów w miąższu nerki. Takie zmiany prowadzą z kolei do zachwiania równowagi parametrów fizyko-chemicznych ustroju, rozumianych pod pojęciem homeostazy. Zaburzenie funkcji wydaliniczej nerek prowadzi m.in. do gromadzenia się w organizmie zbędnych produktów przemiany materii normalnie usuwanych z moczem (toksyny mocznicowe). Jedną z takich substancji jest siarczan indoksyłu należący do grupy toksyn wiążących się z białkami. W stanie chorobowym jego poziom może wzrastać nawet 88-krotnie w stosunku do stężenia w stanie prawidłowym. We wcześniejszych badaniach wykazano, że siarczan indoksyłu może generować stres oksydacyjny w komórkach i tym samym przyczyniać się do ich oksydacyjnego uszkodzenia.

Cel pracy: Celem podjętych badań było sprawdzenie czy indukowany siarczanem indoksyłu stres oksydacyjny może powodować utlenianie białek i lipidów błonowych erytrocytów człowieka

Materiały i metody: Materiałem do badań było wyizolowane erytrocyty człowieka poddane 24 godzinne inkubacji z siarczanem indoksyłu o końcowym stężeniu 0,2 mM i 1,0 mM, wybranych na podstawie danych literaturowych. Po zakończeniu inkubacji przeprowadzono badanie płynności lipidów błonowych erytrocytów oraz stanu konformacyjnego białek błonowych z zastosowaniem techniki elektronowego rezonansu paramagnetycznego.

Wyniki: W przeprowadzonych badaniach nie zaobserwowano żadnych różnic w stanie konformacyjnym białek błonowych erytrocytów poddanych działaniu siarczanu indoksyłu mierzonych z zastosowaniem znacznika maleimidowego i jodoacetamidowego. Płynność lipidów błonowych erytrocytów inkubowanych z siarczanem indoksyłu znacząco spadała jedynie na głębokości 12 atomu węgla łańcuchów węglowodorowych kwasów tłuszczowych.

Wnioski: Przeprowadzone badania wykazały, że siarczan indoksyłu nie powoduje zmian w stanie konformacyjnym białek błonowych erytrocytów. Spadek płynności lipidów błonowych na głębokości 12 atomu węgla łańcuchów węglowodorowych może być wynikiem ich utleniania wynikających z generowania reaktywnych form tlenu przez siarczan indoksyłu.

**ANALIZA WPLYWU POLIMORFIZMÓW GENÓW SOD2, CAT I GPX4 NA RYZYKO WYSTĄPIENIA
OSTREGO ZESPOŁU WIEŃCOWEGO**

Rafał Szelenberger^{1*}, Paulina Wigner², Michał Kacprzak³, Michał Bijak¹, Joanna Saluk-Bijak¹

1) *Katedra Biochemii Ogólnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

2) *Katedra Genetyki Molekularnej, Pracownia Genetyki Medycznej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska Uniwersytetu Łódzkiego, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

3) *Klinika Intensywnej Terapii Kardiologicznej, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, ul. Pomorska 251, 92-213 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: rafal.szelenberger@unilodz.eu

Wstęp: Ostry Zespół Wieńcowy (OZW) jest to grupa schorzeń charakteryzująca się występowaniem patologicznych zmian w obrębie tętnic wieńcowych, prowadzących do częściowego lub całkowitego zablokowania przepływu krwi. Według Światowej Organizacji Zdrowia choroby układu krążenia są najczęstszą przyczyną zgonów w krajach wysoko rozwiniętych. Na świecie powodują śmierć blisko 18 mln ludzi rocznie, z czego w Polsce wskaźnik ten wynosi 170 000. Pomimo rosnącej świadomości dotyczącej zasad prowadzenia zdrowego trybu życia, choroby układu krążenia coraz częściej dotyczą osób młodych, bez typowych czynników ryzyka. W związku z tym istnieje uzasadniona konieczność badań skupiających się na molekularnym podłożu patogenezy OZW. Jednym z ważniejszych aspektów rozpatrywanych w patogenecie OZW jest udział stresu oksydacyjnego. Z tego względu w niniejszym badaniu zaplanowano analizę porównawczą polimorfizmów genów zaangażowanych w regulację stresu oksydacyjnego, w tym dysmutazy ponadtlenkowej (SOD2), katalazy (CAT) oraz peroksydazy glutationowej (GPx4).

Materiały i metody: Badanie przeprowadzono na 40 pacjentach ze zdiagnozowanym i potwierdzonym koronarograficznie OZW oraz na homologicznie dobranej grupie kontrolnej, składającej się ze zdrowych ochotników. Z krwi pełnej wyizolowano DNA i za pomocą sond TaqMan, wykonano genotypowanie metodą Real-Time PCR.

Wyniki: W niniejszym badaniu analizie zostały poddane trzy polimorfizmy: rs4880 (SOD2), rs7943316 (CAT), rs713041 (GPx4). Analiza dystrybucji allelów wykazała, iż heterozygoty (T/C) oraz homozygoty (CC) dla polimorfizmu zlokalizowanego w genie SOD2 cechują się odpowiednio 10-krotne ($p < 0,001$) i 2-krotne ($p = 0,036$) zmniejszonym ryzykiem zachorowania na OZW ($p < 0,001$). Istotne statystycznie wyniki uzyskano również dla CAT - heterozygoty (A/T) charakteryzowały się blisko 17-krotnym zwiększeniem ryzyka rozwoju OZW ($p < 0,001$), podczas gdy homozygoty T/T wykazywały około 2-krotne zmniejszenie tego ryzyka ($p = 0,033$). Dla polimorfizmu zlokalizowanego w genie GPx4 nie wykazano istotnie statystycznych różnic w rozkładzie populacji.

Podsumowanie: Polimorfizmy genów CAT (rs7943316) oraz SOD2 (rs4880) mogą modulować ryzyko pojawienia się OZW, co wskazuje na genetyczne uwarunkowania występowania incydentów niedokrwienych.

**ANALIZA ZALEŻNOŚCI POMIĘDZY EKSPRESJĄ *BMI1* A EKSPRESJĄ GENÓW
ZWIĄZANYCH Z PROCESEM AUTOFAGII W RAKU ENDOMETRIUM**

Aleksandra Szustka¹, Agnieszka Zaczek¹, Anna Krześlak¹

1) *Katedra Cytobiochemii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki,
ul. Pomorska 141/14, 91-136 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: aleksandra.szustka@biol.uni.lodz.pl

Autofagia jest procesem, którego celem jest degradacja uszkodzonych organelli oraz zbędnych lub zmienionych makrocząsteczek, a produkty tej degradacji mogą być wykorzystane do pozyskiwania energii lub tworzenia nowych struktur. Uważa się, że zaburzenia autofagii mogą odgrywać istotną rolę w nowotworach choć jej rola w procesie nowotworzenia nie jest jednoznaczna. Autofagia przyczyniając się do usuwania uszkodzonych i zbędnych elementów komórkowych zapobiega powstawaniu nowotworów. Z drugiej strony w zaawansowanych nowotworach narażonych na niedobór składników odżywczych, sprzyja ich powstawaniu i wzrostowi.

Celem badań była ocena wpływu zahamowania ekspresji *BMI1* przez inhibitor PTC-209 oraz metodą interferencji RNA na ekspresję genów związanych z autofagią – *ATG7*, *ATG9*, *ATG12*, *BECN1* oraz *ULK1* w komórkach linii HEC-1A oraz Ishikawa. Ponadto dokonano oceny ekspresji *BECN1* na poziomie mRNA w preparatach raka błony śluzowej trzonu macicy oraz analizy korelacji pomiędzy ekspresją *BECN1* i *BMI1* na poziomie mRNA.

Po zastosowaniu PTC-209 stwierdzono istotny statystycznie wzrost ekspresji *BMI1* na poziomie mRNA oraz spadek poziomu białka w przypadku obu linii komórkowych. W wyniku zahamowania ekspresji *BMI1* przy pomocy PTC-209 na komórkach linii HEC-1A oraz Ishikawa zaobserwowano istotny spadek ekspresji genu *BECN1*. Dla porównania ekspresję *BMI1* wyciszono metodą interferencji RNA. Wyniki badań wykazały istotny spadek ekspresji *BMI1* na poziomie mRNA i białka. Wyciszenie ekspresji *BMI1* metodą interferencji RNA w linii Ishikawa spowodowało istotny spadek ekspresji *BECN1* oraz *ULK1*.

W przypadku preparatów tkankowych otrzymane wyniki wskazują istotny spadek ekspresji *BECN1* w preparatach nowotworowych bardziej zaawansowanych raków (III+IV stopień) w porównaniu z nowotworami w I stopniu zaawansowania według klasyfikacji FIGO, w preparatach nowotworowych o większym stopniu histologicznej złośliwości (G3) w porównaniu z nowotworami o niższym stopniu złośliwości (G1) oraz w preparatach nowotworowych o większej zdolności do przerzutów w porównaniu z nowotworami nieprzerzutującymi. Analiza korelacji wykazała brak zależności między ekspresjami *BMI1* a *BECN1*.

Przeprowadzone badania wskazują, że *BMI1* może być włączone w regulację ekspresji *BECN1*. Spadek ekspresji *BECN1* jest związany z progresją nowotworu.

**NISKOCZĄSTECZKOWE INHIBITORY PERK JAKO INNOWACYJNY KIERUNEK W ROZWOJU
TERAPII PRZECIWNOWOTWOROWEJ**

Adam Wawrzynkiewicz^{1*}, Wioletta Rozpędek¹, Natalia Siwecka¹, Dariusz Pytel²,

J. Alan Diehl², Ireneusz Majsterek¹

1) Zakład Chemii i Biochemii Klinicznej Wydział Wojskowo-Lekarski, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, ul. Narutowicza 60, 90-136 Łódź

2) Department of Biochemistry and Molecular Biology, Hollings Cancer Center, Medical University of South Carolina, Charleston, SC 29425, USA

*e-mail autora do korespondencji: adam.wawrzynkiewicz@stud.umed.lodz.pl

Najnowsze doniesienia naukowe sugerują, iż aktywacja kinazy PERK odgrywa znaczącą rolę w patogenezie i progresji chorób nowotworowych. Cel pracy stanowiła ocena właściwości inhibicyjnych wybranego niskocząsteczkowego inhibitora PERK w komórkowym modelu *in vitro*.

Badania przeprowadzono na komórkach raka jelita grubego linii HT-29 oraz komórkach prawidłowych jelita linii CCD 841 CoN. Analizę apoptozy przeprowadzono przy użyciu testu podwójnego barwienia FITC-aneksyna V/jodek propidyny (PI) z wykorzystaniem cytometrii przepływowej. Komórki HT-29 i CCD 841 CoN traktowano analizowanym inhibitorem w stężeniach 6 μM i 50 μM i inkubowano w czasie 24h. Kontrolę pozytywną stanowiły komórki traktowane staurosporyną (1 μM), a kontrolę negatywną komórki inkubowane w medium zawierającym 1 μl DMSO. Analizy progresji cyklu komórkowego dokonano przy użyciu PI za pomocą cytometrii przepływowej. Komórki traktowano selektywnym inhibitorem w stężeniach 6 μM i 50 μM przez 24h. Kontrolę pozytywną stanowiły komórki traktowane nokodazolem (1 μM), natomiast kontrolę negatywną komórki inkubowane jedynie w medium zawierającym 1 μl DMSO.

Wykazano, iż 42% komórek linii HT-29 traktowanych 50 μM inhibitorem znajdowało się we wczesnej lub późnej apoptozie, natomiast w przypadku komórek traktowanych 6 μM badanym inhibitorem - 8,36%. Po 24 h inkubacji z inhibitorem w stężeniu 50 μM tylko 10% komórek linii CCD 841 CoN znajdowało się we wczesnej lub późnej apoptozie. Cykl komórkowy został zahamowany w fazie G2/M w komórkach HT-29 traktowanych wybranym inhibitorem w stężeniu 50 μM przez 24h. Nie zaobserwowano zmian w progresji cyklu komórkowego w wyniku traktowania komórek HT-29 6 μM inhibitorem. W komórkach CCD 841 CoN nie wykazano działania badanego inhibitora zarówno w stężeniu 6 μM , jak i 50 μM .

Selektywne inhibitory PERK mogą w przyszłości dać początek nowej, innowacyjnej strategii w leczeniu nowotworów.

Praca została sfinansowana z grantu PRELUDIUM nr 2015/19/N/NZ3/00055, OPUS nr 2016/23/B/NZ5/02630 przyznanych przez Narodowe Centrum Nauki, grantu nr 502-03/5-108-05/502-54-224-18 oraz nr 564/2-000-00/564-20-031 przyznanych przez Uniwersytet Medyczny w Łodzi.

WPLYW WENLAFAKSYNY NA POZIOM EKSPRESJI I STOPIEŃ METYLACJI PROMOTORÓW GENÓW KODUJĄCYCH KATALAZĘ I DYSMUTAZĘ PONADTLENKOWĄ 1**W ZWIERZĘCYM MODELU CHRONICZNEGO STRESU ŁAGODNEGO**

Paulina Wigner^{1*}, Katarzyna Białek¹, Ewelina Synowiec¹, Tomasz Śliwiński¹,
1) *Katedra Genetyki Molekularnej, Pracownia Genetyki Medycznej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*
*e-mail autora do korespondencji: paulina.wigner@gmail.com

Wstęp: Depresja należy do grupy poważnych chorób psychicznych, stanowiących szczególnie problem w krajach rozwiniętych. Co więcej, do 2020 roku stanie się ona, zaraz po chorobach układu krążenia, główną przyczyną niepełnosprawności współczesnego społeczeństwa. Pomimo iż jest to tak istotny problem, patogeneza tej choroby jak i mechanizm oporności na stosowane leczenie wciąż pozostają niejasne. Jednakże, istnieją doniesienia sugerujące udział powiązanych ze sobą szlaków biochemicznych, w tym procesów stresu oksydacyjnego, w ogólnym mechanizmie rozwoju depresji.

Materiały i metody: Badania przeprowadzono na 30 dorosłych szczurach samcach rasy Wistar (Charles River, Niemcy). Były one poddawane standardowej procedurze chronicznego łagodnego stresu (CMS) przez okres 7 tygodni. Po zakończeniu procedury szczury poddano dekapitacji i pobrano od nich próbki krwi (jednojądrzaste komórki krwi obwodowej, PBMCs) i tkanki mózgowej z wypreparowanymi częściami mózgu (hipokamp, ciało migdałowate, podwzgórze, śródmózgowie, kora mózgowa i jądra zwojów podstawy). Uzyskany materiał wykorzystano do izolacji DNA, RNA i białka do oznaczenia odpowiednio stopnia metylacji regionów promotorowych, ekspresji na poziomie mRNA i białka katalazy (CAT) i dysmutazy nadmanganowej 1 (SOD1). W tym celu wykorzystano odpowiednio: methylation-sensitive high-resolution melting techniques, TaqMan Gene Expression Assay oraz Western blot.

Wyniki: W wyniku podawania wenlafaksyny zaobserwowaliśmy istotny statystycznie wzrost ekspresji *SOD1* w PBMCs podczas gdy w hipokampie efekt ten był odwrotny. Z kolei poziom metylacji regionu promotorowego genu *SOD1* był wyższy w hipokampie zwierząt stresowanych w porównaniu do grupy kontrolnej. W przypadku katalazy procedura CMS powodowała obniżenie poziomu ekspresji, który w wyniku zastosowania leczenia wenlafaksyną ulegał normalizacji. Oznaczenie ekspresji na poziomie białka wykazało, że stosowana terapia powodowała wzrost ilości białka w śródmózgowiu i korze mózgowej.

Wnioski: Podsumowując, CMS jako zwierzęcy model depresji oraz leczenie antydepresyjne z zastosowaniem wenlafaksyny mogą modulować ekspresję na poziomie mRNA i białka oraz stopień metylacji regionów promotorowych genów kodujących CAT i SOD1. Tym samym potwierdza to naszą hipotezę, o istotnej roli stresu oksydacyjnego w mechanizmie rozwoju depresji.

**OCENA WPŁYWU 2,4,6-TRIBROMOFENOLU ORAZ PENTABROMOFENOLU NA
ŻYWOTNOŚĆ I POZIOM ATP W JEDNOJĄDRZASTYCH KOMÓRKACH KRWI OBWODOWEJ
CZŁOWIEKA**

Anna Włuka^{1*}, Agnieszka Woźniak¹, Jaromir Michałowicz¹

*1) Katedra Biofizyki Skażeń Środowiska, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: anna.wluka@unilodz.eu*

Bromofenolowe związki ograniczające palność są substancjami syntetycznymi szeroko stosowanymi w przemyśle (produkcja sprzętu elektrycznego i elektronicznego, tekstyliów, mebli i innych produktów codziennego użytku). Produkty zawierające bromowane uniepalniacze chronią ludzkie życie oraz mienie, istnieją jednak obawy dotyczące toksycznego wpływu tych substancji na organizm człowieka.

Dotychczasowe wyniki badań nie pozwalają udzielić odpowiedzi na pytanie, czy 2,4,6-tribromofenol (2,4,6-TBP) oraz pentabromofenol (PBP) są toksyczne dla ludzi, w tym ich układu odpornościowego. Wpływ tych związków na jednojądrzaste komórki krwi obwodowej człowieka może przyczynić się do upośledzenia układu immunologicznego, a w konsekwencji prowadzić do rozwoju nowotworów i chorób autoimmunologicznych.

Celem badań było określenie wpływu 2,4,6-TBP oraz PBP na żywotność oraz poziom ATP w jednojądrzastych komórkach krwi obwodowej człowieka. Komórki inkubowano ze związkami w zakresie stężeń od 1 do 100 µg/ml przez 1 oraz 24 godziny.

Wyniki badań wykazały, że 2,4,6-TBP oraz PBP obniżają żywotność jednojądrzastych komórek krwi obwodowej człowieka oraz powodują spadek poziomu ATP w tych komórkach.

Statystycznie istotny spadek żywotności zaobserwowano w komórkach inkubowanych z 2,4,6-TBP w stężeniach 50 µg/ml i 100 µg/ml po 1 godz. inkubacji oraz od 25 µg/ml do 100 µg/ml po 24 godz. inkubacji, podczas gdy PBP obniżał ten parametr od 25 µg/ml do 100 µg/ml po 1 i 24 godz. inkubacji. Ponadto, PBP w stężeniu 50 µg/ml i 100 µg/ml po 1 i 24 godz. inkubacji, a także 2,4,6-TBP w stężeniu 100 µg/ml po 1 godz. inkubacji oraz 50 µg/ml i 100 µg/ml po 24 godz. inkubacji obniżały poziom wewnątrzkomórkowego ATP.

Podsumowując, 2,4,6-TBP oraz PBP zmniejszały żywotność jednojądrzastych komórek krwi obwodowej człowieka, co było m.in. związane z obniżeniem poziomu ATP w tym typie komórek.

**OCENA WPLYWU UNIEPALNIACZY BROMOFENOLOWYCH NA USZKODZENIA DNA
W JEDNOJĄDRZASTYCH KOMÓRKACH KRWI OBWODOWEJ CZŁOWIEKA**

Agnieszka Woźniak^{1*}, Anna Włuka¹, Jaromir Michałowicz¹

*1) Katedra Biofizyki Skazeń Środowiska, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: agnieszkawoz92@gmail.com*

Uniepalniacze bromofenolowe ze względu na dużą wydajność i niskie koszty produkcji należą do największej na rynku grupy substancji ograniczających palność materiałów przemysłowych. Związki te stanowią potencjalne zagrożenie dla zdrowia i życia ludzi szczególnie w krajach wysoko uprzemysłowionych.

Celem przeprowadzonych badań było określenie wpływu wybranych uniepalniaczy bromofenolowych tj.: tetrabromobisfenolu A (TBBPA), tetrabromobisfenolu S (TBBPS), 2,4,6-tribromofenolu (TBP) oraz pentabromofenolu (PBP) na stopień uszkodzeń DNA jednojądrzastych komórek krwi obwodowej człowieka.

Komórki zostały wyizolowane z kożuszka leukocytno-płytkowego pochodzącego z krwi zdrowych dawców pobranej w Regionalnym Centrum Krwiodawstwa i Krwiolecznictwa w Łodzi. Metoda kometowa pozwoliła na ocenę uszkodzeń jedno- i dwuniciowych DNA.

Wyniki badań wykazały, że wszystkie badane związki spowodowały pęknięcia jedno- i dwuniciowe w jednojądrzastych komórkach krwi obwodowej człowieka (inkubowanych przez 24 godziny), przy czym TBBPA spowodował najsilniejsze uszkodzenia struktury DNA, a TBBPS najsłabsze. Wykazano, że stopień uszkodzeń DNA wzrastał wraz ze wzrostem zastosowanego stężenia związku; badane substancje indukowały najmniejsze zmiany w stężeniu 0,1 µg/ml, największe zaś w stężeniu 10 µg/ml.

Powyższe wyniki wskazują, że uniepalniacze bromofenolowe indukują uszkodzenia materiału genetycznego w postaci jedno- i dwuniciowych pęknięć DNA. TBBPA jako związek stosowany na największą skalę w przemyśle (spośród badanych w pracy uniepalniaczy) indukował najsilniejsze uszkodzenia materiału genetycznego.

HACHIMOJI DNA - OŚMIOLITEROWY KOD GENETYCZNYWeronika Wójtowicz^{1*}

1) *Katedra Biotechnologii Molekularnej i Genetyki, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/13, 90-237 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: weronika_wojtowicz97@o2.pl*

Materiał genetyczny zarówno organizmów prokariotycznych jak i eukariotycznych występuje w postaci DNA i jest zbudowany z czterech nukleotydów, zawierających cztery różne zasady azotowe: adeninę, guaninę, tyminę i cytozynę. Zespół naukowców pod kierownictwem dr Stevena Bennera zaprojektował i stworzył cztery nowe, syntetyczne zasady azotowe, które pasują do rozmiaru i kształtu naturalnych elementów budulcowych DNA. Ten ośmioliterowy system genetyczny nazwano hachimoji DNA (jap. hachi – osiem, moji – litera).

Celem mojej prezentacji jest zapoznanie uczestników konferencji z najnowszymi osiągnięciami w dziedzinie genetyki molekularnej.

Zwiększona gęstość informacji w stosunku do standardowego DNA i przewidywalna stabilność cząsteczki oraz fakt, iż spełnia ona „wymóg Schrödingera”, czyni ten system potencjalnie zdolnym do wspierania ewolucji molekularnej. Co więcej, naukowcom udało się zmodyfikować polimerazę RNA faga T7, tak aby była w stanie transkrybować ośmioliterowy DNA do RNA.

DNA hachimoji nie jest samowystarczalny i nie posiada zdolności do samodzielnego przetrwania, jednak jego istnienie rozszerza zakres struktur materiału genetycznego, które powinniśmy brać pod uwagę poszukując innych form życia pozaziemskiego.

**KANDYCYDYNA D ZMIENIA POZIOM AKTYWNOŚCI ORAZ LOKALIZACJĘ KOMÓRKOWĄ
KINAZ MAP W KORZENIACH SIEWEK *VICIA FABA* SUBSP. *MINOR***

Mateusz Wróblewski^{1*}, Konrad Winnicki¹, Paweł Szczepkowski², Justyna Polit¹

1) *Katedra Cytofizjologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

2) *Katedra Technologii Leków i Biochemii, Wydział Chemiczny, Politechnika Gdańska, ul. Narutowicza 11/12, 80-233 Gdańsk*

*e-mail autora do korespondencji: mateusz.wroblewski@hotmail.com

Kinazy MAP (MAPK) należą do białek uczestniczących w sieci szlaków sygnałowych u organizmów eukariotycznych. Aktywacja szlaku MAPK może być następstwem działania biotycznych i abiotycznych czynników stresowych. Odbyna się ona poprzez kaskadowo zachodzące reakcje fosforylacji MAPK przez nadrzędne kinazy tych białek. Konsekwencją wzbudzenia kolejnych pięter kaskady jest modyfikacja aktywności białek regulujących ekspresję genów odpowiedzi na stres. Kinazy MAP są zaangażowane w regulację wielu procesów kluczowych dla rozwoju roślin. Uczestniczą, między innymi, w kontroli wzrostu i podziału komórek, dokonując fosforylacji białek PIN odpowiedzialnych za polarny transport auksyn.

Celem podjętych badań była odpowiedź na pytanie: czy kandycydyna D – naturalny antybiotyk z grupy makrolitów polienowych, produkowany przez promieniowce glebowe, ingeruje w szlak MAPK w komórkach korzeni *Vicia faba* subsp. *minor*. Niezbadany pod kątem wpływu na komórki roślin antybiotyk, prowadzi do śmierci komórek grzybów strzępkowych, a mechanizm jego działania polega na wiązaniu ergosterolu w błonie i tworzeniu kanałów jonowych permeabilizujących błony komórkowe. Dotychczasowe badania nie ujawniły bójczego wpływu kandycydyny D na komórki roślinne, zawierające fitosterole błonowe o różniące się od ergosterolu budowie chemicznej. Antybiotyk nie pozostaje jednak obojętny, gdyż w stężeniu 100 µg/ml (destrukcyjnie działającym na komórki grzybów) ogranicza wzrost wydłużeniowy korzeni zarodkowych. W bieżących badaniach, metodą immunocytochemiczną wykazano, że kandycydyna D zmienia poziom fosforylacji i komórkowej lokalizacji MAPK, prowadząc w konsekwencji do wyraźnego hamowania wzrostu wydłużeniowego komórek korzeni i stymulacji ich wzrostu na szerokość. Ufosforylowane, aktywne kinazy MAP zlokalizowane na jednym biegunie komórek (w okolicach błony przy ścianach poprzecznych) aktywują białka PIN odpowiedzialne za polarny transport auksyn i stymulują wzrost wydłużeniowy korzeni. Prawdopodobnym jest, że wykryte aktywne MAPK przy ścianach prostopadłych do uprzednio wyznakowanych, aktywują zlokalizowane tam transportery hormonów modyfikując ich transport generując wzrost korzeni na grubość.

HIPERMETYLACJA PROMOTORA GENÓW SUPRESOROWYCH W NOWOTWORZE JELITA GRUBEGOGabriela Zając¹

1) *Katedra Genetyki Molekularnej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: *gzajac@vp.pl*

Nieswoiste zapalenie jelita grubego należy do chorób autoimmunologicznych przewodu pokarmowego o słabo poznanej etiologii. Stanowi ona jeden z ważniejszych czynników ryzyka zachorowania na raka jelita grubego. Korelacja pomiędzy tymi jednostkami chorobowymi wciąż rodzi wiele pytań i pozostaje niejasna. Jako przyczynę rozwoju nowotworu jelita grubego wymienia się niestabilność genetyczną powiązaną z niestabilnością mikrosatelitarną oraz modyfikacje epigenetyczne.

Zmiany epigenetyczne, takie jak metylacja DNA i modyfikacje białek histonowych są coraz częściej podkreślane jako czynnik związany z ekspresją genów specyficzną dla nowotworów, w związku z czym leżą w centrum zainteresowania wielu naukowców. Mechanizmem o dużym znaczeniu dla rozwoju nowotworu jest wyciszenie ekspresji genów supresorowych, poprzez metylację ich regionów promotorowych. Konsekwencją tego zjawiska jest utrata stabilności genetycznej i transformacja nowotworowa. Wzór profilu hipermetylacji nie odróżnia jedynie osób z nowotworami od osób zdrowych, ale jest charakterystyczny dla konkretnego rodzaju nowotworu, co w przyszłości może uczynić go wartościowym markerem nowotworowym wykorzystywanym w diagnostyce onkologicznej.

Celem prezentacji jest przedstawienie wyników najnowszych prac badawczych, dotyczących analizy hipermetylacji regionów promotorowych genów supresorowych w nowotworze jelita grubego oraz podjęcie ewentualnej dyskusji.

**WPLYW NONYLFENOLU ORAZ BISFENOLU A NA EKSPRESJĘ GENÓW ZWIĄZANYCH
Z PRZEJŚCIEM EPITELIALNO-MEZENCHYMALNYM W KOMÓRKACH POTRÓJNIE**

NEGATYWNYCH RAKÓW PIERSI

Zuzanna Żródelna^{1}, Ewa Forma¹*

*1) Katedra Cytobiochemii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki,
ul. Pomorska 141/143, 90-236 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: zzrodelna@gmail.com*

Nowotwory piersi to najczęściej diagnozowane nowotwory kobiet na całym świecie. Około 20% wszystkich nowotworów piersi stanowią potrójnie negatywne raki piersi, które charakteryzują się brakiem ekspresji receptorów estrogenowych (ER), progesteronowego (PR) oraz receptora naskórkowego czynnika wzrostu (HER2). Jednakże w komórkach niektórych potrójnie negatywnych raków piersi obserwuje się wysoką ekspresję receptora androgenowego (AR). Receptor androgenowy odgrywa istotną rolę zarówno w prawidłowym rozwoju piersi, jak i w procesie nowotworzenia, ponieważ wpływa na regulację proliferacji, apoptozy oraz przejścia epitelialno-mezenchymalnego. Bisfenol A (BPA) oraz nonylfenol (NP) zalicza się do ksenoestrogenów, czyli związków które ingerują w prawidłową pracę układu hormonalnego. Substancje te mogą wpływać na karcynogenezę przez receptory estrogenowe, ale również przez receptor androgenowy. Celem przeprowadzonych badań było określenie czy BPA i NP mogą wpływać na ekspresję genów związanych z przejściem epitelialno-mezenchymalnym (EMT) w komórkach potrójnie negatywnych raków piersi.

Materiały i metody: Badania przeprowadzono na komórkach potrójnie negatywnych raków piersi linii MDA-MB-231 i Hs578T, które traktowane były BPA i NP. Ekspresja genów związanych z przejściem epitelialno-mezenchymalnym (*SLUG*, *ZEB1*, *FOXC1* i *KLF4*) została określona przy użyciu metody Real-Time PCR. Jednoczesne traktowanie komórek raka piersi linii MDA-MB-231 zarówno BPA jak i NP o stężeniu 0,0005 μ M prowadziło do wzrostu ekspresji mRNA genów *SLUG* i *ZEB1* oraz spadku poziomu mRNA genów *FOXC1* i *KLF4*. Natomiast traktowanie wyżej wymienionych komórek bisfenolem A (0,001 i 0,01 μ M) prowadziło do istotnego statystycznie wzrostu ekspresji *ZEB1* i *KLF4* na poziomie mRNA. W przypadku komórek raka piersi linii Hs578T stwierdzono, że 0,01 μ M BPA oraz BPA w połączeniu z NP wpływa na spadek ekspresji mRNA *ZEB1* i *KLF4*. Zaś traktowanie komórek Hs578T 0,01 μ M NP oraz kombinacją BPA i NP powodowało wzrost ekspresji mRNA genu *SLUG*. Uzyskane wyniki wyraźnie wskazują, że zarówno bisfenol A jak i nonylfenol mogą powodować zaburzenia ekspresji genów związanych z przejściem epitelialno-mezenchymalnym w potrójnie negatywnych rakach piersi.

CYSTATYNA C – OLIGOMERYZACJA I CHOROBOTWÓRCZOŚĆJustyna Żygowska^{1*}, Aneta Szymańska¹

1) *Katedra Chemii Biomedycznej, Wydział Chemii, Uniwersytet Gdański, ul. Bażyńskiego 8, 80-309 Gdańsk*

**e-mail autora do korespondencji: justyna.zygowska@phdstud.ug.edu.pl*

Cystatyna C (hCC) to niewielkie, globularne białko należące do grupy białek amyloidogennych. W organizmach ludzkich pełni funkcję inhibitora proteaz cysteinowych, uczestniczy w obronie organizmu przed stresem oksydacyjnym oraz posiada właściwości neuroochronne. W medycynie wykorzystywana jest jako wskaźnik zdolności filtracyjnych nerek. Rzadka mutacja w genie kodującym cystatynę C (zamiana pojedynczego nukleotydu i, w konsekwencji, zamiana reszty Leu w pozycji 68 sekwencji białka na Gln) powoduje ciężką nieuleczalną chorobę neurodegeneracyjną zwaną dziedziczną angiopatią amyloidową.

Występujące naturalnie w organizmie jony metali takie jak miedź, cynk czy żelazo, zostały zidentyfikowane w złogach amyloidu β w chorobie Alzheimera. Ich wpływ na sam proces oligomeryzacji białek amyloidogennych, mimo licznych badań, nadal nie jest jednoznaczny. W naszym projekcie badamy wpływ jonów miedzi (II) na proces agregacji i fibrylizacji cystatyny C. Inkubacja hCC typu dzikiego oraz jej wariantów z jonami Cu^{2+} , wykazała znaczne przyspieszenie procesu agregacji i precypitacji oligomerów w porównaniu z próbkami niezawierającymi dodatku jonów. Badania przeprowadzone metodami spektrofлуorymetrycznymi z zastosowaniem tioflawiny T (ThT) dowiodły, że obecność jonów Cu (II) obniża poziom fibrylizacji badanych białek, co sugeruje preferencje do tworzenia dużych nieuporządkowanych struktur w zaproponowanych warunkach.

Niekontrolowana oligomeryzacja białek i odkładanie złogów amyloidowych w obrębie mózgu jest ogromnym problemem współczesnej medycyny. Złożoność procesów chorobotwórczych i czynników wpływających na ich rozwój jest na tyle duża, że mimo dziesiątek lat badań nadal nie potrafimy zahamować procesów chorobotwórczych. Badania białek amyloidogennych są niezbędne do zrozumienia i leczenia chorób amyloidowych, w tym także dziedzicznej angiopatii amyloidowej.

Badania finansowane z grantu NCN OPUS 11 nr UMO-2016/21/B/NZ1/02823.

STRESZCZENIA
Sesja
Ekologia i ochrona środowiska

**EKOSYSTEMY MORSKIE OD BAŁTYKU PO OCEAN WOBEC ZMIANY KLIMATU
DLUGOFALOWE BADANIA POZIOMU ZANIECZYSZCZEŃ ŚRODOWISKA
Z WYKORZYSTANIEM BIOINDYKACYJNYCH WŁAŚCIWOŚCI ORGANIZMÓW ŻYwych**

Barbara Godzik^{1*}

1) Zakład Ekologii, Instytut Botaniki im. W. Szafera Polskiej Akademii Nauk,
ul. Lubicz 46, 31-422 Kraków

*e-mail autora do korespondencji: b.godzik@botany.pl

W badaniach stopnia zanieczyszczenia środowiska szeroko stosowanymi są, obok metod technicznych, metody biologiczne. Wśród wskaźników biologicznych do najczęściej wykorzystywanych należą mchy i porosty, rzadziej rośliny naczyniowe. Mchy *Pleurozium schreberi* i *Hylocomium splendens* są jednymi z najczęściej stosowanych biowskaźników do określania poziomu zanieczyszczenia środowiska metalami ciężkimi. W drugiej połowie lat 70. mchy posłużyły do waloryzacji środowiska parków narodowych Polski, potem prowadzono regularne badania w Puszczy Niepołomickiej, a od początku lat 90. Polska uczestniczy w ramach konwencji LRTAP w europejskim monitoringu depozycji metali (obszar całej Polski, 320 stanowisk pomiarowych, pomiary co 5 lat, zbiór bezpośrednio w lasach). W ciągu lat 90. ubiegłego wieku nastąpił znaczący spadek emisji pyłów zawierających metale ciężkie. Od roku 2000 stężenia metali w mchach wskazują na stałe obniżanie się ich poziomu w środowisku. Przestrzenne wzorce akumulacji metali w mchach były zbliżone w kolejnych latach badań: południowa część Polski, bardziej uprzemysłowiona i gęściej zaludniona, jest nadal bardziej zanieczyszczona niż pozostała część kraju. Wyniki uzyskane w ramach tego monitoringu mogą stanowić podstawę do weryfikacji danych wejściowych w modelowaniu ładunków krytycznych i oceny efektów depozycji pierwiastków na organizmy żywe.

W krajach środkowej Europy w końcu lat 80. obserwowano wzrost poziomu zanieczyszczeń, które stanowią prekursorsy do syntezy zanieczyszczeń należących do grupy wtórnych fotoutleniaczy (m. in. ozonu). Badania przy użyciu wskaźnika – tytoniu szlachetnego (*Nicotiana tabacum*) prowadzono w Krakowie i Puszczy Niepołomickiej, a obserwacje uszkodzeń liści różnych gatunków roślin w Tatrach i całym łuku Karpat. Widoczne na liściach symptomy stwierdzono u kilkunastu gatunków. Wyniki pomiarów i obserwacje uszkodzeń roślin potwierdzają, że południowa część Polski jest bardziej narażona na wysokie stężenia ozonu przygruntowego. Dla oceny stopnia obciążenia środowiska Puszczy Niepołomickiej związkami kwaśnymi wykorzystano porosty (grzyby zlichenizowane), metalami ciężkimi, oprócz mchów, także *Moehringia trinervia*, a obecności radionuklidów w Polsce po awarii w Czernobylu mech *Pleurozium schreberi*.

**EKSPRESJA ORNAMENTU UPIERZENIA W ZALEŻNOŚCI OD KONDYCJI I ODPORNOŚCI
WRODZONEJ U MEWY ŚMIESZKI**

Amelia Chyb^{1*}, Piotr Minias², Patrycja Podlaszczuk², Kamila Gach²,

Tomasz Janiszewski²

1) Uniwersytet Łódzki, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, ul. Banacha 1/3, 90-237 Łódź

2) Katedra Badania Różnorodności Biologicznej, Dydaktyki i Bioedukacji, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 1/3, 90-237 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: chybamelia@gmail.com

Receptory toll-podobne (TLR) należą do białek transbłonowych identyfikujących konserwatywne wzory cząsteczkowe związane z patogenem (ang. *pathogen-associated molecular patterns*, PAMPs), które są niezbędne do rozpoznania szerokiego zakresu bakterii, wirusów, grzybów i pasożytów. Stymulacja receptorów TLR przez PAMPs prowadzi do uruchomienia kaskady reakcji biochemicznych prowadzących do aktywacji czynników transkrypcyjnych NF- κ B i AP-1, biorących udział w powstaniu odpowiedzi immunologicznej i stanu zapalnego w organizmie. U ptaków do tej pory potwierdzono istnienie dziesięciu genów kodujących TLR.

Celem badań było przetestowanie zależności między zmiennością genów TLR a ekspresją ornamentu płciowego i kondycją u pospolitego ptaka wodnego, mewy śmieszki *Chroicocephalus ridibundus*. W tym celu, określono skład alleliczny genów kodujących receptory toll-podobne oraz wielkość barwnego ornamentu (brązowego kaptura) występującego u obu płci śmieszki w okresie lęgowym. Oczekiwaliśmy, że wysoki poziom heterozygotyczności, a także obecność konkretnych wysoce adaptatywnych alleli w genach kodujących receptory TLR powinien sprzyjać lepszej odpowiedzi immunologicznej na patogeny (efektywniejsza odpowiedź odpornościowa względem szerszego spektrum patogenów), co w konsekwencji powinno przekładać się na silniejszą ekspresję ornamentu i lepszą kondycję ptaków.

Nasze badania potwierdziły pozytywną korelację między wielkością kaptura a kondycją (mierzoną całkowitym stężeniem hemoglobiny we krwi) oraz poziomem stresu fizjologicznego (mierzonego proporcją liczby heterofili do limfocytów we krwi, H/L). Jednakże hipoteza o wpływie składu i zróżnicowania alleli receptorów-toll podobnych na ekspresję ornamentu w postaci wielkości kaptura nie uzyskała wyraźnego potwierdzenia na bazie analizowanej próby ptaków.

**PROCES BIODEGRADACJI KAUCZUKÓW NATURALNYCH I BUTADIENOWO –
STYRENOWYCH PRZY UDZIALE BAKTERII MLEKOWYCH**

Marta Kaźmierczak*, Tomasz P. Olejnik

1) Instytut Technologii i Analizy Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: martakaz@o2.pl

Jednym z globalnych problemów ochrony środowiska jest składowanie i utylizacja odpadów przemysłu motoryzacyjnego – zużytych samochodów, które zawierają w sobie elementy gumowe – opony. Zgodnie z danymi GUS z roku 2017 w Polsce na specjalnych składowiskach zgromadzonych jest około 3,5 mln ton zużytych opon samochodowych, a ich liczba ciągle rośnie.

Składowanie odpadów gumowych wymaga dużych powierzchni a ich samorzutny rozkład trwa kilkadziesiąt lat. Podstawowym procesem utylizacji odpadów gumowych są metody termiczne, wymagające instalowania kosztownej aparatury, która umożliwia całkowity rozkład odpadów oraz wyłapanie toksycznych gazów uwalniających się podczas spalania.

Stosowanie metod biologicznych do rozkładu związków toksycznych jest najbardziej przyjaznym dla środowiska mimo, że wymaga długiego czasu. W miejscach składowania odpadów, w tym odpadów gumowych, pojawiają się mikroorganizmy, które potrafią wykorzystać w swoich szlakach metabolicznych odpady jako źródło węgla i energii.

Celem realizowanej pracy doktorskiej jest opracowanie efektywnego procesu degradacji różnego typu kauczków/odpadów gumowych z użyciem szczepu bakterii *Lactobacillus plantarum* LOCK 1145, wraz z określeniem kinetyki procesu. W pracy badawczej skupiono się na opracowaniu skutecznej metody utylizacji kauczków naturalnych i butadienowo-styrenowo, stanowiących podstawowy element budowy wyrobów gumowych.

Po przeprowadzeniu degradacji wybranych odpadów gumowych w skali laboratoryjnej stwierdzono, że szczep *Lactobacillus plantarum* LOCK 1145 jest zdolny do pozyskania potrzebnych dla siebie pierwiastków z materiałów gumowych, a tym samym jest zdolny do ich częściowej degradacji. Hipotezę tę potwierdzają wykonane bilanse masowe oraz analizy składu pierwiastkowych materiałów gumowych sprzed i po procesie hodowli.

BIODEGRADACJA KWASU 3,5-DINITROSALICYLOWEGO PRZEZ *PHANEROCHAETE CHRYSOSPORIUM* Z ZASTOSOWANIEM RÓŻNYCH MATERIAŁÓW ODPADOWYCH

Rafał Madaj^{1*}, Halina Kalinowska², Witold Sroczyński¹, Elżbieta Sobiecka¹

1) *Instytut Podstaw Chemii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924, Łódź*

2) *Instytut Biochemii Technicznej, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: rafal.madaj@edu.p.lodz.pl

Nitrowe związki aromatyczne to toksyczne i wyjątkowo odporne na biodegradację ksenobiotyki. Obecność tych związków w środowisku wynika z ich masowej produkcji oraz tendencji do bioakumulacji. Stanowią one poważne wyzwanie dla współczesnej nauki. Dużo uwagi poświęca się obecnie metodom degradacji mikrobiologicznej, ze względu na niskie koszty jej prowadzenia przy równoczesnej wysokiej wydajności.

Celem pracy było zbadanie wpływu materiałów odpadowych zastosowanych jako matryce immobilizacyjne grzybni *Phanerochaete chrysosporium* na proces rozkładu kwasu 3,5-dinitrosalicylowego (DNS) w reaktorze przepływowym. Roztwór DNS w buforze cytrynianowym o pH początkowym w zakresie 3,5–6,5 przepuszczano przez bioreaktor wypełniony grzybnią immobilizowaną na wysłdkach buraczanych, zrębkach bukowych, lub piance poliuretanowej. Zmiany stężenia substratu kontrolowano za pomocą wysokosprawnej chromatografii cieczowej (HPLC).

Wykazano bardzo wyraźny spadek stężenia substratu, z blisko 90% zmianą w przypadku hodowli o początkowym pH 6,5 dla grzyba unieruchomionego na wysłdkach buraczanych w przeciągu 4 tygodni. Zaobserwowano stopniowe ciemnienie podłoża hodowlanego. Wykryto również wzrastające stężenie azotanów (V) i azotanów (III), wskazujące na odrywanie grup nitrowych ze struktury związku, co potwierdziły badania na spektrometrze masowym.

Udowodniono, że matryca, na której unieruchomiono *P. chrysosporium* ma wprawdzie wpływ na proces rozkładu, jednak jest on drugorzędny. Najważniejszym czynnikiem mającym wpływ na biodegradację okazało się pH początkowe procesu, zapewniające optymalne środowisko dla rozwoju grzybni i syntezy enzymów odpowiedzialnych za rozkład aromatycznych związków nitrowych.

**OCHRONA EX SITU GATUNKU Z MIĘDZYNARODOWEJ LISTY IUCN PULSATILLA
VERNALIS MILL**

Ewa Michalska^{1*}, Marcin Kiedrzyński¹, Katarzyna Zielińska¹

*1) Katedra Geobotaniki i Ekologii Roślin, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: ewa16108@gmail.com*

Pulsatilla vernalis to cenny gatunek reliktowy, zagrożony wyginięciem, wpisany na Czerwoną Listę IUCN. Jego zasięg obejmuje główne łańcuchy górskie Europy środkowej i Góry Skandynawskie oraz pojedyncze stanowiska na niżu będące pozostałością po dużo większym zasięgu geograficznym tego gatunku w okresie zlodowacenia północnopolskiego. Ostatnie badania wskazują na drastyczne zmniejszanie się liczby stanowisk na niżu europejskim. Dotychczasowe próby ochrony *P. vernalis in situ*, czyli na stanowiskach naturalnych, nie zapobiegły procesowi zmniejszania się nielicznych populacji. W obecnych warunkach zmieniającego się klimatu i degradacji środowiska przyrodniczego, najlepszym rozwiązaniem jest ochrona *ex situ*, która będąc wyzwaniem dla świata nauki i praktyki związanej z ochroną różnorodności biologicznej, jest zarazem jedyną skuteczną formą ratowania tej niezwykle cennej, reliktywnej rośliny.

Celem opisywanego projektu było kontrolowane zapylenie kwiatów roślin, które wyrosły w Ogrodzie Botanicznym w Łodzi z nasion pochodzących z naturalnych stanowisk niżowych. Otrzymano czyste genetycznie nasiona, które po zaważeniu i wykonaniu pomiarów biometrycznych będą użyte – w dalszej części eksperymentu – do uzyskania siewek. Uzyskane młode osobniki powiększą kolekcję w Ogrodzie Botanicznym i posłużą do restytucji gatunku na stanowiskach naturalnych. W efekcie eksperyment ten pomoże opracować metody pozwalające na ochronę puli genowej populacji *P. vernalis* oraz uzyskać zabezpieczającą przetrwanie gatunku liczbę kwitnących okazów hodowanych *ex situ*. Szczegółowa analiza tempa rozwoju poszczególnych osobników oraz ich kwitnienia i owocowania w kolejnych sezonach przyczyni się do poszerzenia wiedzy o biologii i ekologii sasanki.

LOLIUM WESTERWOLDICUM W BIOLOGICZNYM OCZYSZCZANIU GLEB Z CYNKU***Lidia Mielcarz-Skalska^{1*}, Beata Smolińska¹****1) Instytut Podstaw Chemii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 171/173 90-924 Łódź***e-mail autora do korespondencji: lidiamielcarz@gmail.com*

Konwencjonalne metody remediacji gleb są kosztowne oraz mocno ingerują w środowisko naturalne, a metody biologiczne są procesami długotrwałymi. Z tego powodu stosuje się połączenie obu technik. Jednymi z nowszych środków chemicznych mających potencjalne zastosowanie w fitoremediacji wspomaganą są nanocząstki żelaza. Ich działanie polega na zachodzeniu m.in. procesów sorpcji i adsorpcji z cząstkami gleby.

Ze względu na bardzo szerokie zastosowanie cynku (m.in. farmacja, przemysł chemiczny lub metalurgiczny) znaczne ilości tego pierwiastka dostają się do środowiska, gdzie w dużych stężeniach działają toksycznie. Takie zanieczyszczenie jest bardzo niebezpieczne dla organizmów żywych, szczególnie roślin. Może powodować spowolnienie kiełkowania, zahamowanie rozwoju, chlorozę, a nawet nekrozę. Dodatkowo nadmiar cynku poprzez łańcuch troficzny może stanowić zagrożenie dla człowieka.

Celem pracy jest opracowanie metody usuwania cynku z nadmiernie zanieczyszczonych gleb przy zastosowaniu trawy – *Lolium westerwoldicum* wspomaganą nZVI.

Pierwszym etapem badań było sprawdzenie, czy zastosowanie nZVI jako dodatku stabilizującego w procesie oczyszczania gleby, nie jest toksyczne w stosunku do *Lolium westerwoldicum*. Przeprowadzone doświadczenia wykazały, że nZVI są w niewielkim stopniu pobierane z gleby. Żelazo gromadzi się w zewnętrznych warstwach korzeni albo agreguje się na ich powierzchni i zamyka dalszy dostęp do tkanek. Wzrost długości pędów i korzeni przy zastosowaniu nanocząstek żelaza może wynikać z przylegania nanożelaza do cząstek gleby, co powoduje stymulację części podziemnej i zwiększenie powierzchni ryzosfery. Dodatkowo zwiększa się dostępność składników odżywczych z gleby i nZVI mogą działać jako nawóz.

Następnie przeprowadzono proces fitoremediacji wspomaganą gleby zanieczyszczonej 5 g cynku/kg gleby, z zastosowaniem nZVI w stężeniach: 5; 10; 50 i 100 g/kg gleby. Wykazano, że dodanie nZVI wzmacnia procesy stabilizacji metalu w glebie. Nie obserwowano żadnego transportu żelaza lub jego nadmiernej zawartości w korzeniach i pędach. Analiza cech metabolicznych wykazała, że roślina uruchamia system antyoksydacyjny i lepiej neutralizuje wpływ cynku na tkanki.

Wyniki wykazały, że najbardziej skuteczne w usuwaniu cynku z gleby, przy jednoczesnej poprawie wzrostu roślin, było zastosowanie 50 g nZVI na kg gleby.

**ROLA GŁÓWNEGO KOMPLEKSU ZGODNOŚCI TKANKOWEJ W PROCESACH
SYNURBIZACJI PTAKÓW**

Ewa Pikus^{1*}, Piotr Minias¹

1) *Katedra Badania Różnorodności Biologicznej, Dydaktyki i Bioedukacji, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 1/3, 90-237 Łódź*

*e-mail autora do korespondencji: ewa.pikus@wp.pl

Synurbizacja to proces dostosowywania się zwierząt do nowych warunków, w tym do panującej w miastach fauny patogenów, co z kolei może być związane z odpowiednią adaptacją układu odpornościowego. Istotną rolę w odporności adaptacyjnej kręgowców pełnią cząsteczki głównego kompleksu zgodności tkankowej, MHC (*major histocompatibility complex*) klasy I i II. Cząsteczki MHC klasy I i II, inicjują odpowiedź immunologiczną odpowiednio przeciw patogenom wewnątrz- i zewnątrzkomórkowym. Obszar cząsteczki MHC odpowiedzialny za wiązanie peptydów pochodzących z przetwarzania patogenów i prezentację ich komórkom układu odpornościowego nazywany jest rowkiem. Duże zróżnicowanie genów kodujących rowek zwiększa szansę, na skuteczną obronę przed szerokim spektrum patogenów.

Celem pracy było określenie, czy u osobników pospolitego ptaka wodnego, łyski *Fulica atra*, procesy synurbizacji ptaków wiążą się ze zmianami puli genowej MHC klasy II.

W ramach prac badano ptaki z czterech populacji, z czego dwie były populacjami miejskimi (Warszawa – stara populacja, Łódź – nowa populacja), a dwie żyjącymi na terenach dzikich (Sarnów i Żeromin).

W wyniku analiz stwierdzono, że całkowita liczba alleli MHC, a także liczba alleli na osobnika była istotnie niższa w starej populacji miejskiej w porównaniu do nowej populacji miejskiej oraz populacji z terenów dzikich. Nie stwierdzono natomiast różnic między nową populacją miejską a obiema populacjami z terenów dzikich. Populacje dziko żyjące nie wykazywały istotnego zróżnicowania genów MHC między sobą. Z kolei analiza neutralnych loci mikrosatelitarnych wskazywała na dużo niższe zróżnicowanie genetyczne między populacjami. Sugeruje to, że procesy synurbizacji ptaków mogą się wiązać z koniecznością dopasowania puli genów MHC do fauny patogenów i pasożytów charakterystycznej dla terenów zurbanizowanych.

Badania wykonano z grantu NCN 2015/19/D/N28/01310

**EKOLOGICZNE ORAZ TRADYCYJNE STRATEGIE ZAPOBIEGANIA ROZWOJOWI
FITOPATOGENÓW ZIEMNIAKA**

Anastasiia Bekhter^{1*}, Krzysztof Śmigielski¹

1) Instytut Podstaw Chemii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka, ul. Stefanowskiego 4/10, 90-924 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: bekhteranastasiia@gmail.com

Ziemniak- jest to gatunek rośliny uprawiany na wszystkich kontynentach, zajmuje czwarte miejsce pod względem wielkości produkcji światowej. Całkowita powierzchnię to około 19 mln ha nasadzeń. Polska jest jednym z największych producentów – około 320 tys. gospodarstw rolnych – siódme miejsce w świecie. Warunki agrotechniczne są dobrze poznane. Dzisiaj punktem krytycznym, istotnie wpływającym na opłacalność produkcji, to fitopatogeny. Czynniki biotyczne powodują choroby roślin na każdym etapie produkcji, począwszy od sadzenia, objawy różne, od suchej zgnilizny do śluzowacenia. Etiologia w znacznym stopniu poznana – bakterie *Clavibacter michiganensis*, *Ralstonia solanacearum*, promieniowce z rodzaju *Streptomyces*, grzyby z rodzaju *Fusarium* oraz gatunków *Rizoctonia solani*, *Helminthosporium solani*, *Alternaria solani*. Obecnie, zapobiegawczo i interwencyjnie przed chorobami, są stosowane głównie preparaty chemiczne, co ze względu na wielkość upraw, ma istotne znaczenie dla środowiska naturalnego. Dokonano przeglądu substancji aktywnych w najczęściej stosowanych fungicydach i oceny negatywnego wpływu zarówno na środowisko wodne jak i glebowe. Badania wskazują celowość modyfikacji aktualnej strategii ochrony poprzez wyeliminowanie najbardziej niebezpiecznych związków chemicznych dla natury i uzupełnianie programu ochrony o ekologicznie bezpieczne biopreparaty.

Projekt naukowy dotyczy opracowania receptury preparatu do walki z patogenami ziemniaków w oparciu o komponenty pozyskane z roślin krajowych, o dużym potencjale aktywności biologicznej. Nowa strategia ochrony roślin to stosowanie naturalnych, skutecznych i bezpiecznych technologii dla ograniczenia czy nawet wyeliminowania tradycyjnych preparatów chemicznych.

**WPLYW ZEWNĘTRZNYCH ŹRÓDEŁ WĘGLA I PROPORCJI CHZT/N NA PRZEBIEG
PROCESU BIOLOGICZNEGO OCZYSZCZANIA POFERMENTU**

Aleksandra Chuda^{1*}, Krzysztof Ziemiński¹

*1) Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności,
Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 171/173, 90-924 Łódź,*

**e-mail autora do korespondencji: 175283@edu.p.lodz.pl*

Proces fermentacji beztlenowej oprócz korzyści wynikających z produkcji biogazu generuje znaczne ilości pofermentu, którego objętość odpowiada w przybliżeniu masie wykorzystywanego substratu. Niewłaściwa utylizacja tego odpadu stanowi poważne zagrożenia dla środowiska ze względu na emisję gazów cieplarnianych oraz ługowanie składników materii organicznej do gleby. Oczyszczanie pofermentu metodą heterotroficznej denitryfikacji i autotroficznej nityfikacji realizowaną w oczyszczalniach biologicznych może się okazać konieczne w przypadku problemów logistycznych, czy też prawnych związanych z jego rolniczym zagospodarowaniem.

Poferment charakteryzuje się wysokim stężeniem azotu amonowego ($N - NH_4$ powyżej 1000 g N/m^3), co może wpływać niekorzystnie na proporcję ChZT/N. Zbyt niska wartość tego wskaźnika powoduje zmniejszenie efektywności procesu denitryfikacji. Przyjmuje się, że dla zredukowania $1 \text{ g NO}_3 - N$ do N_2 , w zależności od warunków eksploatacji oczyszczalni, wymagane są średnio $4 - 5 \text{ g ChZT}$. Wzrost skuteczności biologicznego usuwania azotu można osiągnąć wprowadzając do układu łatwo przyswajalne źródło węgla organicznego.

Celem pracy było określenie wpływu zewnętrznych źródeł węgla (kwasu octowego i wody splawiakowej) oraz zmiennych proporcji ChZT/N na efektywność procesu biodegradacji pofermentu. Do realizacji badań zastosowano układ z wydzieloną komorą denitryfikacji o objętości $12,66 \text{ dm}^3$ oraz komorą nityfikacji o objętości $33,43 \text{ dm}^3$.

Wykazano, że proporcja ChZT/N równa 11 korzystnie wpływa na przebieg procesu usuwania azotu z pofermentu. Stwierdzono również, że efektywność procesu była uzależniona od zastosowanego zewnętrznego źródła węgla. Szybkość utleniania azotu amonowego – test AUR wynosiła $2,92 \text{ mg NH}_4 - N/\text{g}_{\text{smo}} \cdot \text{h}$ dla kwasu octowego i $2,63 \text{ mg NH}_4 - N/\text{g}_{\text{smo}} \cdot \text{h}$ dla wody splawiakowej. Natomiast szybkość usuwania jonów azotanowych (V) – test NUR osiągnęła wartość odpowiednio $6,28 \text{ mg NO}_3 - N/\text{g}_{\text{smo}} \cdot \text{h}$ oraz $5,95 \text{ mg NO}_3 - N/\text{g}_{\text{smo}} \cdot \text{h}$.

Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że zastosowanie zewnętrznych źródeł węgla w procesie oczyszczania pofermentu w układzie osadu czynnego z wydzieloną komorą denitryfikacji umożliwia usunięcie azotu z ponad 90 % skutecznością.

**HYDROLIZA CHEMICZNA I ENZYMATYCZNA WYSŁODKÓW BURACZANYCH
WYKORZYSTYWANYCH W CIEMNEJ FERMENTACJI**

Weronika Cieciora-Włoch^{1*}, Sebastian Borowski¹

*1) Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii Politechnika Łódzka,
ul. Wólczańska 171/173, 90-924 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: weronika.cieciora-wloch@edu.p.lodz.pl*

Problemy związane z zanieczyszczeniem środowiska oraz niedobory paliw kopalnych to tylko kilka powodów, dla których poszukiwane są nowe źródła energii. Jednym z obiecujących paliw jest wodór, który ma wysoką wartość opałową, a para wodna jest jedyną pozostałością powstającą przy jego spalaniu. W ostatnich latach rozwijana jest technologia pozyskiwania wodoru z odpadów organicznych (m.in. z produkcji rolno-przemysłowej i gospodarki komunalnej) w procesie ciemnej fermentacji, która może być alternatywą dla konwencjonalnych sposobów produkcji energii wykorzystujących paliwa kopalne.

Celem badań była poprawa wydajności wytwarzania wodoru z wysłodków buraczanych w procesie ciemnej fermentacji poprzez hydrolizę chemiczną lub enzymatyczną.

Wysłodki buraczane pochodziły z cukrowni w Dobrzelinie. Hydrolizę enzymatyczną prowadzono z wykorzystaniem preparatów enzymatycznych w różnych dawkach: UltrafloMax i Viscozyme L w 45°C przez 4, 10 i 24 godziny. Hydroliza chemiczna polegała na zastosowaniu 20% NaOH oraz temperatury 90°C przez 1 godzinę. Dodatkowo połączono obie te metody, tj. w pierwszym etapie przeprowadzono hydrolizę chemiczną, a następnie po skorygowaniu pH hydrolizę enzymatyczną.

Hydroliza enzymatyczna z zastosowaniem dawki 100ml/kg s.m. przez 10 godzin pozwala na najwyższy uzysk wodoru, który jest 9 krotnie wyższy (170 ml/g s.m.o) w porównaniu do uzysku z wysłodków surowych (18 ml/g s.m.o.). Hydroliza zasadowa pozwala jedynie na dwukrotne zwiększenie ilości wodoru w gazie fermentacyjnym.

Obróbka wstępna wysłodków buraczanych pozwala na rozluźnienie kompleksu ligniny, celulozy i hemicelulozy, co zwiększa wydajność produkcji wodoru. Wśród przebadanych metod hydrolizy najlepiej sprawdziło się zastosowanie preparatów enzymatycznych.

**ZRÓŻNICOWANIE MORFOLOGICZNE NASION TRZECH PODRODZAJÓW *VERONICA* L.
(*PLANTAGINACEAE*) *BECCABUNGA*, *PENTASEPTALE* ORAZ *STENOCARPON***

Agnieszka Dunajska^{1*}

1) Instytut Biologii Środowiskowej, Ogród Botaniczny, Wydział Nauk Biologicznych,
Uniwersytet Kazimierza Wielkiego w Bydgoszczy, ul. Ossolińskich 12, 85-093 Bydgoszcz

*e-mail autora do korespondencji: agnieszka1190@wp.pl

Celem pracy było porównanie nasion dziewięciu gatunków przetaczników, należących do trzech podrodzajów *Beccabunga*, *Stenocarpum* oraz *Pentasepalae*. Zastosowano analizy biometryczne i statystyczne. Zbadano jedenaście cech mierzonych oraz piętnaście cech syntetycznych nasion.

Analiza materiału obejmującego łącznie 313 nasion wszystkich dziewięciu gatunków wykazała zróżnicowanie między badanymi cechami nasion. Wynik analizy wariancji oraz test Kruskala-Wallisa wykazał statystycznie istotne różnice takich cech jak obwód, długość, szerokość, grubość, szerokość $\frac{1}{4}$, szerokość $\frac{3}{4}$, długość części chalazalnej, długość tarczki chalazalnej, szerokość tarczki chalazalnej, stosunek obwodu do długości, stosunek obwodu do szerokości, stosunek obwodu do grubości, stosunek obwodu do szerokości $\frac{3}{4}$, stosunek długości do szerokości, stosunek długości do grubości, stosunek długości do szerokości $\frac{1}{4}$, stosunek długości do szerokości $\frac{3}{4}$, stosunek długości części chalazalnej do długości tarczki chalazalnej, stosunek długości części chalazalnej do szerokości tarczki chalazalnej oraz stosunek długości do długości części chalazalnej nasion.

Wyniki badań potwierdziły słuszność wyróżniania trzech podrodzajów *Veronica* – *Beccabunga*, *Pentasepalae* oraz *Stenocarpum*.

**OPTIMALIZACJA INNOWACYJNEGO MATERIAŁU SORPCYJNEGO BIOKER
Z WYKORZYSTANIEM KALCYTU**

Aleksandra Górecka^{1*}, Paweł Jarosiewicz²

1) Sekcja Ekohydrologii Studenckiego Koła Naukowego Biologów, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

2) Katedra Ekologii Stosowanej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: agorecka95@gmail.com

Negatywny wpływ człowieka na funkcjonowanie ekosystemów wodnych powoduje m.in. nadmierną eutrofizację, która może skutkować pojawianiem się toksycznych zakwitów sinicowych. Z szeregu zanieczyszczeń pochodzenia antropogenicznego, czynnikiem limitującym produktywność ekosystemów jest fosfor, zaś najbardziej reaktywną jego formą są fosforany (PO_3^{4-}). Źródłem fosforanów w wodach powierzchniowych są zarówno procesy naturalne takie jak rozkład materii organicznej, wietrzenie skał czy erozja gleby, jak również działalność człowieka, np. stosowanie nawozów bogatych w związki fosforu czy nieefektywne oczyszczanie ścieków komunalnych i przemysłowych. Określane przez Organizację Narodów Zjednoczonych jako Rozwiązania Bliskie Naturze, technologie wykorzystujące naturalnie funkcjonujące procesy mogą stanowić odpowiedź na wysokie stężenia fosforanów w systemach rzecznych. Ekohydrologicznym rozwiązaniem są np. bariery biogeochemiczne gdzie stosuje się materiały sorpcyjne takie jak skały wapienne. W 2018 roku opracowany został innowacyjny materiał sorpcyjny BIOKER, który stanowi połączenie lekkiego kruszywa ceramicznego z biopolimerem, w którym usieciowane są zmienne składniki np. skały wapienne. Jednym z jego zastosowań jest ekohydrologiczne oczyszczanie wód z zanieczyszczeń fosforanowych. Celem prowadzonych badań było zweryfikowanie czy zastosowanie kalcytu wpłynie na zwiększenie efektywności BIOKER w adsorbowaniu i strącaniu zanieczyszczeń fosforanowych.

W celu sprawdzenia zdolności sorpcyjnych kalcytu przeprowadzono testy typu batch z wykorzystaniem roztworu KH_2PO_4 o znanym początkowym stężeniu fosforu 1 mg/l. Efektywność sorpcji kalcytu wyniosła 0,2 mg na 1 g kalcytu. Przy wykorzystaniu kalcytu do optymalizacji materiału BIOKER uzyskano efektywność sorpcji na poziomie 0,05 mg na 1 g sorbentu. Pozytywne wyniki uzyskano także przy wzbogaceniu materiału BIOKER o kalcyt oraz inne materiały sorpcyjne: lantan (efektywność 0,14 mg na 1 g sorbentu), CaOH (efektywność 0,2 mg na 1 g sorbentu) a także przy zastosowaniu pH równego 10 (efektywność 0,14 mg na 1 g sorbentu).

Uzyskane wyniki wskazują na wysoki potencjał sorpcyjny kalcytu oraz możliwość optymalizacji materiału BIOKER.

**WPLYW SKŁADU GATUNKOWEGO DRZEWOSTANU I OBECNOŚCI LUK NA ODNOWIENIA
DĘBU SZYPUŁKOWEGO *QUERCUS ROBUR* L. I DĘBU CZERWONEGO *QUERCUS RUBRA* L.****W BORZE MIESZANYM ŚWIEŻYM****Sylwia Kobus^{1*}, Beata Wozniwoda¹**

1) Katedra Geobotaniki i Ekologii Roślin, Zakład Systematyki i Geografii Roślin,
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16,
90-237 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: sylwiakob@o2.pl

Coraz częstsze doniesienia na temat negatywnych skutków ekspansji gatunków introdukowanych wskazują na konieczność monitorowania dynamiki ich rozprzestrzeniania się. W grupie tej wyróżnia się północno-amerykański dąb czerwony, obecny w lasach Europy od ponad 200 lat. Gatunek ten odnawia się samoistnie i kolonizuje nowe powierzchnie. W tym samym czasie, w europejskich lasach notowany jest spadek udziału rodzimego dębu szypułkowego.

Celem badań było poznanie rozmiaru spontanicznych odnowień obu gatunków dębów w zbiorowisku boru mieszanego świeżego *Quercus roboris-Pinetum* oraz identyfikacja uwarunkowań siedliskowych, sprzyjających naturalnym odnowieniom gatunku rodzimego i wkraczaniu gatunku obcego. Badano m.in. zależność rozmieszczenia siewek i podrostów obu gatunków dębów od składu gatunkowego warstwy koron oraz od obecności luk w drzewostanie. Juwenilne okazy zinwentaryzowano w lipcu 2018 roku w obrębie 500 poligonów ułożonych w transekcie 100 m x 5 m. Ze względu na tworzenie przez dęby odrośli (potencjalnie rozwijających się w odrębne okazy drzew), w poligonach inwentaryzowano wszystkie ukorzenione pędy. Dla każdego poligonu zanotowano również dane na temat okapu.

Ogółem w transekcie odnotowano blisko 900 pędów (ok. 500 osobników) dębu szypułkowego i dwukrotnie mniej pędów (ok. 400 osobników) dębu czerwonego, co wskazywałoby na utrzymywanie przez gatunek rodzimy pozycji dominanta. Jednak wraz ze wzrostem wysokości (wieku) okazów juwenilnych, ich udział zmieniał się na korzyść gatunku introdukowanego. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że w borze mieszanym świeżym siewki i podrosty gatunku obcego charakteryzują się większą przeżywalnością niż dęby rodzime. W przyszłości może to prowadzić do przebudowy drzewostanów i przekształcenia boru mieszanego w zbiorowisko zdominowane przez gatunek obcy. Stwierdzono także, że przewaga sosny w warstwie koron (w drzewostanie) oraz obecność luk sprzyja odnowieniom obydwu gatunków dębów; pod koronami dębów szypułkowych odnowienia były mniej liczne.

Badania wykonano w ramach Studenckiego Grantu Badawczego UŁ 2018, edycja II.

**ANALIZA WYBRANYCH CECH GLEB, NA KTÓRYCH WYSTĘPUJĄ DWA ZAGROŻONE
GATUNKI: *FESTUCA AMETHYSTINA* L. ORAZ *FESTUCA TATRAE* (CZAKÓ) DEGEN.**

Magdalena Kuleta^{1*}, Wojciech Tołoczko¹

*1) Katedra Geobotaniki i Ekologii Roślin, Zakład Systematyki i Geografii Roślin,
Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Narutowicza 68,
90-136 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: magda.kuleta@o2.pl*

Festuca amethystina L. oraz *Festuca tatrae* (Czakó) Degen. to rzadkie i bardzo interesujące z naukowego punktu widzenia gatunki. *F. amethystina* występuje głównie na terenach górskich w środkowej i południowej Europie. Posiada ona także dość liczne stanowiska na nizinie, z których większość zlokalizowana jest w Polsce. Blisko z nią spokrewniona *F. tatrae* jest natomiast subendemitem Zachodnich Karpat. *Festuca amethystina* jest więc gatunkiem o stosunkowo szerokim zasięgu w porównaniu do *Festuca tatrae*.

Celem projektu było lepsze poznanie warunków siedliskowych w jakich rosną *Festuca amethystina* L. oraz *Festuca tatrae* (Czakó) Degen. Spośród wszystkich abiotycznych czynników, jakie mogą mieć wpływ na możliwość występowania tych gatunków, w ramach prezentowanego projektu zostały przeanalizowane wybrane cechy gleb. Gleba jest integralnym składnikiem wszystkich ekosystemów lądowych i uważana jest za jeden z najważniejszych ich komponentów, jej rodzaj ma istotny wpływ na rozwój roślin.

Analizie poddano próbki glebowe z 50 stanowisk. Pobrane gleby pochodziły z sześciu europejskich państw: Polski, Słowacji, Chorwacji, Rumunii, Niemiec i Austrii. W ramach badań dokonano analizy pod kątem ilościowej zawartości węgla organicznego, pH w wodzie oraz form przyswajalnych trzech pierwiastków chemicznych (P, K i Mg). Oznaczono również kationy zasadowe Na⁺, K⁺, Ca²⁺, Mg²⁺ oraz węgiel i azot na analizatorze elementarnym CHN.

Wykazano między innymi, że *F. tatrae* preferuje gleby zasadowe o pH od 7,2–7,4, natomiast *F. amethystina* ma szerszy zakres tolerancji ekologicznej. Odczyn próbek gleby, na których rosła *F. amethystina*, wahał się od 3,9 do 7,7. Przeprowadzona analiza chemiczna gleb wykazała istotne różnice między nisząmi ekologicznymi obu gatunków w przypadku większości analizowanych czynników.

**WYKORZYSTANIE METOD MOLEKULARNYCH W BADANIACH DOTYCZĄCYCH
BIODEGRADACJI HERBICYDÓW Z GRUPY FENOKSYKWASÓW**

Elżbieta Mierzejewska^{1*}, Magdalena Urbaniak^{1,2,3}

1) Katedra Ekologii Stosowanej, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

2) Europejskie regionalne Centrum Ekohydrologii PAN, ul. Tylina 3, 90-364 Łódź

3) Department of Biochemistry and Microbiology, University of Chemistry and Technology, Prague, Czech Republic

*e-mail autora do korespondencji: elzbieta.mierzejewska@unilodz.eu

Biodegradacja herbicydów fenoksykwasowych (HF) przez bakterie glebowe jest uwarunkowana obecnością, a następnie ekspresją genów funkcyjnych *tfdA*. Dioksygenazy kodowane przez geny *tfdA* należą do grupy enzymów RHDO (ang. *aromatic ring hydroxylation dioxygenases*). Nowoczesne techniki molekularne pozwoliły na identyfikację genów *tfdA* m.in. u bakterii *Achromobacter xylosoxidans*, *Delftia* sp., *Cupriavidus campinensis* BJ71 (β -proteobacteria).

Metoda PCR umożliwia zbadanie potencjału biodegradacyjnego mikroflory glebowej pod kątem usuwania HF ze środowiska glebowego. W opisywanych badaniach zoptymalizowano warunki analiz molekularnych fragmentu 16S rRNA oraz czterech genów *tfdA*: *tfdA*, *tfdA* α , *tfdA* klasy I i III w różnych glebach. Gen funkcyjny *tfdA* klasy III został zidentyfikowany w próbach pobranych z ugoru, gleby rolniczej oraz suchej łąki. Świadczy to o obecności w badanej glebie bakterii zdolnych do metabolizowania HF. Obecność genów funkcyjnych na obszarze łąki może być spowodowane zarówno horyzontalnym transferem ww. genów na plazmidzie pJP4, obecnością strukturalnie podobnych związków fenolowych w glebie oraz przemieszczaniem się zanieczyszczeń z pól uprawnych do ekosystemów naturalnych.

Analiza sekwencji całości bakteryjnego DNA wyizolowanego ze środowiska polega na sekwencjonowaniu i analizie metagenomów, na podstawie fragmentu 16S rRNA oraz wybranych genów funkcyjnych. Pozwala to na identyfikację szczepów zdolnych do rozkładu HF. Badania dotyczące wpływu wtórnych metabolitów roślinnych (WMR) na procesy biodegradacji HF, wykazały, iż próbki sztucznie wzbogacone o WMR charakteryzują się dwukrotnie większą detekcją genów *tfdA* w porównaniu do próbek bez dodatku WMR. W wariantcie zawierającym MCPA oraz WMR przeprowadzono sekwencjonowanie NGS i analizę metagenomową fragmentu 16S rRNA, gdzie wykorzystano startery flankujące region hiperzmienny V3-V4 genu 16S rRNA.. Badane fragmenty charakteryzował wysoki stopień homologii do bakterii: *Rhodospirillum rubrum* OX321, *Achromobacter dolens* BFHC1 5, *Burkholderia* sp. A5 oraz *Cupriavidus* sp. CI099, wykazując tym samym ich wysoki potencjał w procesach biodegradacji HF.

BIOSYNTeza PULCHERRIMINY I ANTAGONIZM DROŻDŻY *METSCHNIKOWIA* SPP.

Ewelina Pawlikowska^{1*}, Hubert Antolak¹, Dorota Kręgiel¹

1) Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Politechnika Łódzka, ul. Wólczańska 171/173, 90-924 Łódź

*e-mail autora do korespondencji: ewelina.pawlikowska@edu.p.lodz.pl

Wstęp: Pulcherrimina jest kompleksem kwasu pulcherriminowego z jonami żelaza (III) o czerwonym zabarwieniu. Z kolei kwas pulcherriminowy jest metabolitem wytwarzanym przez niektóre gatunki bakterii oraz grzybów, w tym drożdże należące do rodzaju *Metschnikowia*. Żelazo jest pierwiastkiem niezbędnym w wielu procesach życiowych. W środowisku ubogim w jony żelaza, konkurencję o ten pierwiastek wygrywają tylko te mikroorganizmy które produkują kwas pulcherriminowy, kompleksujący jony żelaza. Saprofityczne drożdże *Metschnikowia* spp. wiążąc Fe(III) stają się antagonistami w stosunku do innych drobnoustrojów, w tym patogenów roślin. Zatem *Metschnikowia* spp. mogą być skutecznym czynnikiem biokontroli, zastępującym kontrowersyjne sztuczne pestycydy i konserwanty.

Cel pracy: Określenie zdolności drożdży *Metschnikowia* spp. do syntezy kwasu pulcherriminowego i pulcherriminy oraz zbadanie ich aktywności antagonistycznej względem grzybów strzępkowych stanowiących typowe fitopatogeny.

Materiały i metody: Materiał biologiczny stanowiło 15 szczepów drożdży z gatunków *M. andauensis*, *M. pulcherrima* oraz *Metschnikowia sinensis*, które były hodowane w dwóch różnych pożywkach: (1) wzbogaconej (YPG) oraz (2) minimalnej (M₀). Obecność pulcherriminy w hodowlach drożdży potwierdzono analizując widmo protonowe pulcherriminy techniką spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego NMR. Zdolność drożdży do produkcji kwasu pulcherriminowego oznaczano metodą HPLC –MS, natomiast ilość wytwarzanej pulcherriminy metodą spektrofotometryczną. Antagonizm drożdży względem grzybów strzępkowych określono przy użyciu testów krzyżowych oraz prowadząc badania przechowalnicze owoców miękkich w temperaturze + 8°C.

Wyniki: Największą produktywnością pulcherriminy, charakteryzowały się szczepy *M. sinensis* D9 i D10 oraz *M. pulcherrima* NCYC2321 i NCYC747. Większą produktywność tego związku odnotowano w pożywce M₀. Aktywność antydrobnoustrojowa drożdży *Metschnikowia* spp. została potwierdzona zarówno w testach krzyżowych, jak i w próbach przechowalniczych, ale tylko w warunkach deficytu żelaza. Obecność drożdży na powierzchni owoców pozwoliła na zwiększenie czasu przechowywania owoców nawet o 3-4 tygodnie względem prób kontrolnych.

Wnioski: W hodowlach drożdży potwierdzono obecność pulcherriminy, ale produktywność była zależna od szczepu drożdży i warunków środowiskowych. Szczepy *Metschnikowia* spp. charakteryzowały się antagonizmem tylko w warunkach limiowanego poziomu Fe(III) w środowisku hodowlanym.

**RÓŻNORODNOŚĆ BIOLOGICZNA SKORUPIAKÓW DZIESIĘCIONOGICH (DECAPODA)
WYBRZEŻA GHANY (ZACHODNIA AFRYKA)**

Krzysztof Podwysocki^{1*}, Ferran Palero², Krzysztof Pabis¹, Magdalena Błażewicz¹

1) Katedra Zoologii Bezkręgowców i Hydrobiologii, Zakład Biologii Polarnej i Oceanobiologii, Instytut Ekologii i Ochrony Środowiska, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

2) Department: Marine Ecology, Centre d'Estudis Avancats de Blanes (CEAB-CSIC), Carrer d'Acce's a la Cala Sant Francesc 14, 17300, Blanes (Hiszpania)

**e-mail autora do korespondencji: krzysztof11pod@wp.pl*

Wstęp i cel pracy: Dziesięcionogi są jedną z najważniejszych grup skorupiaków bentosowych występujących na szelfie i stoku kontynentalnym Atlantyku. Wiedza o ich różnorodności i wzorcach rozmieszczenia zwłaszcza w rejonie Zachodniej Afryki jest znikoma. Celem niniejszych badań była ocena różnorodności dziesięcionogów w gradiencie głębokości Zatoki Gwinejskiej.

Materiał i metody: Próby zostały zebrane za pomocą czerpacza Van Veena wzdłuż 9 transektów rozmieszczonych wzdłuż wybrzeża Ghany. Na każdym transekcie wyznaczono sześć stacji (25, 50, 100, 250, 500, 1000 m). Materiał został oznaczony do poziomu morfogatunków. Analizy statystyczne wykonano w programach Statistica i PRIMER.

Wyniki: W badanym materiale stwierdzono 706 osobników, które zaklasyfikowano do 42 gatunków dziesięcionogów i 35 rodzin. Zaobserwowano, że średnie zagęszczenie (N), bogactwo gatunkowe (S), Wskaźnik Shannona (H) oraz frekwencja (F) maleją wraz ze wzrostem głębokości (25 m: N=10,1; S=3,2; H=0,8; F=80,0%; 1000 m: N=0,1; S=0,1; H=0,0; F=5,0%). Wykazano, że Astacidea, Brachyura, Caridea, Gebiidea, Stenopodidea występują przeważnie do głębokości 250 m, przedstawiciele Axiidea i Dendrobranchiata obserwowano w wodach poniżej 400 m, zaś przedstawiciele Anomura byli identyfikowani w całym zakresie badanych głębokości.

Wnioski: Spadek liczebności obserwowany w gradiencie głębokości jest zgodny z globalnym trendem obserwowanym na obrzeżach kontynentalnych, natomiast spadek różnorodności i bogactwa gatunkowego może się wiązać z obniżoną dostępnością pokarmu.

**WYSTĘPOWANIE POTENCJALNIE TOKSYCZNYCH GATUNKÓW SINIC Z RODZAJU
DOLICHOSPERMUM (RALFS EX BORNET & FLAHAULT) WACKLIN, HOFFMANN
& KOMÁREK W POLSCE**

Izabela Skrobek^{1*}, Paulina Nowicka-Krawczyk¹, Joanna Żelazna-Wieczorek¹

*1) Katedra Algologii i Mykologii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska,
Uniwersytet Łódzki, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź*

**e-mail autora do korespondencji: izabela.skrobek@unilodz.eu*

Jedną z konsekwencji oddziaływania człowieka na ekosystemy wodne jest eutrofizacja antropogeniczna, której skutkiem są zakwity glonów. Największą uwagę poświęca się zakwitom sinic (Cyanobacteria), ponieważ produkują one substancje toksyczne. Związki te są wytwarzane w komórkach jako produkty uboczne przemian biochemicznych. Zdolność do wytwarzania toksyn jest uwarunkowana genetycznie, jednak w rodzaju *Dolichospermum* występuje zjawisko potencjalnej toksyczności. Gatunki z tego rodzaju posiadają geny odpowiedzialne za wytwarzanie toksyn w stanie nieaktywnym, jednak w określonych warunkach są zdolne do uruchomienia procesu transkrypcji.

Rodzaj *Dolichospermum* został utworzony w 2009 roku przez Wacklin i współautorów. Gatunki, które pierwotnie klasyfikowano do rodzaju *Anabaena*, należały zarówno do form planktonowych oraz bentosowych. Na podstawie analizy filogenetycznej, wykazującej znaczące różnice między tymi formami, zdecydowano o przeniesieniu 42 taksonów żyjących w planktonie do rodzaju *Dolichospermum*.

Niniejsza praca stanowi przegląd dotychczasowych notowań taksonów z rodzaju *Dolichospermum* na terenie Polski. Ekosystemy, w których zidentyfikowano przedstawicieli z tego rodzaju to zarówno niewielkie zbiorniki wodne, rozmieszczone w różnych miejscach kraju, jak również większe ekosystemy, na przykład: Zalew Szczeciński, Zatoka Gdańska i Morze Bałtyckie. Tak duże zróżnicowanie ekosystemów, odmiennymi pod względem parametrów fizycznych i chemicznych, wskazuje na szerokie rozprzestrzenienie gatunków z rodzaju *Dolichospermum*. Notowana dotychczas w Polsce różnorodność taksonomiczna tego rodzaju jest niska. Powstaje zatem pytanie, jaka jest rzeczywista różnorodność taksonomiczna tego rodzaju w ekosystemach wodnych Polski? Istnieje przypuszczenie, iż różnorodność w obrębie rodzaju *Dolichospermum* jest znacznie większa i jednocześnie poszczególne taksony mogą różnić się potencjalną zdolnością do produkcji toksyn w różnych typach ekosystemów. Jednym z warunków potwierdzenia rozmieszczenia taksonów z rodzaju *Dolichospermum* jest przeprowadzenie ponownej weryfikacji taksonomicznej na podstawie najnowszych metod.

**WYKORZYSTANIE TESTU OSTRACODTOXKIT F W OCENIE TOKSYCZNOŚCI
MIESZANIN SPORZĄDZONYCH NA BAZIE OSADÓW DENNYCH ZBIORNIKA ROŻNÓW**

Magdalena Szara^{1*}, Agnieszka Baran¹

1) Katedra Chemii Rolnej i Środowiskowej, Wydział Rolniczo-Ekonomiczny,
Uniwersytet Rolniczy im. H. Kołłątaja w Krakowie, al. Mickiewicza 21, 31-120 Kraków

*e-mail autora do korespondencji: Magdalena.Szara@urk.edu.pl

Bagrowanie zbiorników wodnych prowadzi do uzyskania dużej ilości osadów dennych, które przy odpowiednich parametrach fizykochemicznych i ekotoksykologicznych można przyrodniczo zagospodarować np. poprzez wytworzenie mieszanin, wykorzystywanych do produkcji podłoży ogrodniczych lub poprawy właściwości gleb lub gruntów zdegradowanych.

Celem przeprowadzonych badań było określenie toksyczności mieszanin sporządzonych na bazie osadów dennych pobranych ze zbiornika zaporowego Rożnów (rz. Dunajec) oraz materiałów odpadowych (odpad pocelulozowy, popiół z biomasy, łuski z kawy, osad z uzdatniania wody). Toksyczność określono za pomocą biotestu Ostracodtoxkit F. Zbadano dwa parametry śmiertelności oraz inhibicję wzrostu skorupiaków *Heterocypris incongruens*.

Mieszaniny osadu dennego i łusek z kawy oraz osadu dennego i osadu z uzdatniania wody charakteryzowały się niską toksycznością w stosunku do badanego organizmu testowego.

Wykonanie baterii biotestów umożliwiło poznanie realnego zagrożenia ze strony zanieczyszczeń zawartych w mieszaninach sporządzonych na bazie osadów dennych.

Badania zostały sfinansowane z dotacji celowej na naukę przyznanej przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego. Nr projektu BM 2126.

INDEKS AUTORÓW

A

Adach Weronika 80
Adamiak Edyta 81
Arciszewska Joanna 82

B

Barszczewska Gabriela 83
Bekhter Anastasiia 135
Bekier Adrian 26
Białek Katarzyna 84
Bielec Filip 27
Błazińska Paulina 46
Borysiuk Klaudia 54
Brożek Klaudia 33
Bujak Joanna 85
Bukowski Karol 86
Burian Maria 55

C

Chlebicz Agnieszka 28
Chmurska Anna 87
Chrustek Agnieszka 88
Chuda Aleksandra 136
Chyb Amelia 129
Cieciura-Włoch Weronika 137
Cienkowska Alicja 89,90
Ciesielska Sylwia 56
Cybulski Mikołaj 89,90
Cytacka Sandra 91

D

Dędek Kamil 47
Duda Łukasz 57
Dunajska Agnieszka 138
Durślewicz Justyna 92
Dziedzic Angela 93
Dziewit Kacper 48

G

Gabryńczyk Anna 94
Godzik Barbara 21, 128
Górecka Aleksandra 139

H

Horoszczuk Aleksandra 58
Hryniewicz Katarzyna 18,25

J

Jachowicz Anita 34
Janik Edyta 95
Jankowiak Emilia 29
Jaworski Adam 19,45

K

Kaczmarska Milena 59
Kajdane Jakub 96
Karaś Kaja 97
Karczevska Jagoda 35
Kaźmierczak Marta 130
Kciuk Mateusz 98,112
Kędzierska Marta 99
Khattab Islam 49
Kik Kinga 100
Kłosiński Karol 73
Kobus Sylwia 140
Kocot Małgorzata 60
Komorowska Dominika 101
Kopa Patrycja 61
Kopytko Patrycja 102
Kowalewska Małgorzata 62
Kowalska Gabriela 50
Kubczak Małgorzata 103
Kuleta Magdalena 141

L

Liczbinski Przemysław 36
Lis Bernadetta 104

M

Maćkowiak Aleksandra 37
Madaj Rafał 131
Markowiak Paulina 30
Markowicz Joanna 74
Matulewicz Karolina 51
Męczarska Katarzyna 105

Michalska Ewa 132
Mielcarz-Skalska Lidia 133
Mierzejewska Elżbieta 142
Mikołajczyk Klaudia 63

N

Napora Paweł 106

O

Olszewska Marta 64

P

Pawlik Nina 108
Pawlikowska Ewelina 143
Piekarska Lidia 38
Piekłarz Katarzyna 75
Pietukhov Rostyslav 108
Pikus Ewa 134
Plucińska Aleksandra 39
Poczta Anastazja 76
Podwysocki Krzysztof 144

R

Reszka Edyta 17,23
Rolińska Katarzyna 65
Rolnik Agata 109
Rozpędek Wioletta 110
Różański Mateusz 40

S

Sarheed M. Mahmood 66
Siwecka Natalia 111
Skalski Bartosz 77
Skibiszewska Sandra 78
Skrobek Izabela 145
Skrzypek Maciej 98,112
Sobczak Maciej 113
Strulak Małgorzata 114
Surmiak Kinga 67

Szara Magdalena 146
Szczepocki Artur 115
Szelenberger Rafał 116
Szeliga Monika 20, 72
Szustka Aleksandra 117
Szymczak Kamil 52
Szymczak Marta 53

Ś

Ścieszka Sylwia 31

T

Tończyk Aleksandra 41

U

Ulanowska Magdalena 42

W

Wawrzynkiewicz Adam 118
Wigner Paulina 119
Wiktorczyk Natalia 43
Winczek Jakub 68
Witusińska Aleksandra 69
Włuka Anna 120
Wolska Mariola 32
Woźniak Agnieszka 121
Wójtowicz Weronika 122
Wróblewski Mateusz 123

Z

Zając Gabriela 124
Zhu Xin 70
Zyma Marharyta 79

Ż

Żygowska Justyna 126

Ź

Źródalna Zuzanna 125

REDAKTOR INICJUJĄCY
Beata Koźniewska

Wydrukowano z gotowych materiałów dostarczonych do Wydawnictwa UŁ

© Copyright by Authors, Łódź 2019
© Copyright for this edition by Uniwersytet Łódzki, Łódź 2019

Wydane przez Wydawnictwo Uniwersytetu Łódzkiego
Wydanie I. W.09247.19.0.I

Ark. druk. 9,375

ISBN 978-83-8142-575-9
e-ISBN 978-83-8142-576-6

Wydawnictwo Uniwersytetu Łódzkiego
90-131 Łódź, ul. Lindleya 8
www.wydawnictwo.uni.lodz.pl
e-mail: ksiegarnia@uni.lodz.pl
tel. (42) 665 58 63

