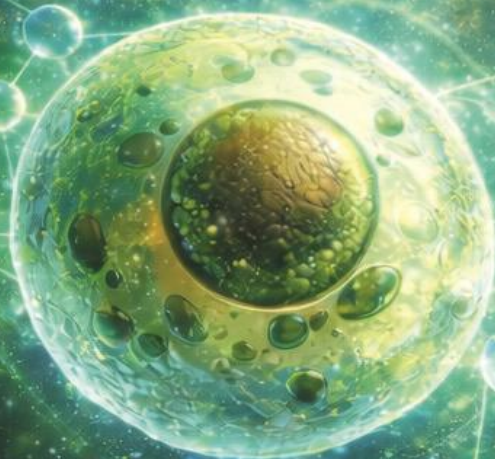




BIORESPONSE
2026

BIORESPONSE

OD CZĄSTECZKI DO SYSTEMU



23.09.2026

Rzeszów



Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego



Regionalna
Inicjatywa
Doskonałości



Ogólnopolska Konferencja Naukowa
„*BIORESPONSE – od cząsteczki do systemu*”
Rzeszów, 23 września 2026 r.

KSIĄŻKA ABSTRAKTÓW

SKŁAD I REDAKCJA KSIĄŻKI ABSTRAKTÓW:

dr hab. Renata Zadrag-Tęcza, prof. UR
dr inż. Roman Maślanka
dr Magdalena Kwolek-Mirek
dr Sabina Bednarska
mgr Julia Brewka

Niniejsza książka abstraktów została opracowana na podstawie materiałów nadesłanych
przez uczestników Ogólnopolskiej Konferencji Naukowej
„BIORESPONSE – od cząsteczki do systemu”.

Za treść zamieszczonych streszczeń odpowiadają ich autorzy.

Grafika na okładce: Roman Maślanka; Julia Brewka

Książka dostępna jako e-book

e-ISBN 978-83-8277-338-5

Publikacja jest dostępna na licencji Creative Commons
(CC BY-NC-ND 4.0 International)



Wydawnictwo Uniwersytetu Rzeszowskiego
ul. prof. Stanisława Pigonia 6, 35-959 Rzeszów
tel.: 17 872 13 69 (kolportaż), 17 872 14 26 (sekretariat)
email: wydawnictwo@ur.edu.pl
<https://wydawnictwo.ur.edu.pl>

KOMITET NAUKOWY:

dr hab. Renata Zadrag-Tęcza, prof. UR - **przewodnicząca**

prof. dr hab. Idalia Kasprzyk

prof. dr hab. Grzegorz Chrzanowski

dr hab. Roma Durak, prof. UR

dr hab. Tomasz Durak, prof. UR

dr hab. Małgorzata Kus-Liśkiewicz, prof. UR

dr hab. Mateusz Mołoń, prof. UR

dr Sabina Bednarska

dr Magdalena Kwolek-Mirek

dr inż. Roman Maślanka

KOMITET ORGANIZACYJNY:

dr hab. Renata Zadrag-Tęcza, prof. UR - **przewodnicząca**

dr inż. Roman Maślanka - **sekretarz**

dr hab. Mateusz Mołoń, prof. UR

dr Sabina Bednarska

dr Magdalena Kwolek-Mirek

mgr Julia Brewka

Doskonałe Podkarpacie – kompleksowe badania środowiska w Uniwersytecie Rzeszowskim na rzecz regionu

PATRONAT

Patronat naukowy



Polskie
Towarzystwo
Biochemiczne



FEBS
Junior PL

Patronat honorowy



JM Rektor
Uniwersytetu Rzeszowskiego
prof. dr hab. n. med. Adam Reich



PREZYDENT
MIASTA RZESZOWA

PARTNERZY



I.C.Lab[®]

MERCK

Genomed

WFOŚiGW
R Z E S Z Ó W

Doskonałe Podkarpacie – kompleksowe badania środowiska w Uniwersytecie Rzeszowskim na rzecz regionu

Program Konferencji BIORESPONSE - od cząsteczki do systemu 23 września 2026 r.		
8 ⁰⁰ - 12 ⁰⁰	Rejestracja (punkt rejestracyjny w budynku D9 w pobliżu portierni na parterze)	
9 ⁰⁰ - 9 ¹⁰	OFICJALNE OTWARCIE KONFERENCJI	
9 ¹⁰ - 9 ⁵⁰	dr hab. Anna Bielak- Żmijewska, prof. Instytutu	WYKŁAD PLENARNY ŚRODOWISKO WAŻNIEJSZE NIŻ GENY - EPIGENOM A TEMPO STARZENIA
9 ⁵⁰ - 12 ¹⁵ (w trakcie przerwy kawowej)	SESJA I - MOLEKULARNE I KOMÓRKOWE MECHANIZMY ODPOWIEDZI BIOLOGICZNYCH Prowadzący sesję: dr hab. Renata Zadrąg-Tęcza, prof. UR	
9 ⁵⁰ - 10 ¹⁵	dr hab. Ewa Maciaszczyk- Dziubińska, prof. UW	Molekularne mechanizmy odpowiedzi komórek eukariotycznych na stres wywołany arsenem i antymonem
10 ¹⁵ - 10 ⁴⁰	dr hab. Adrianna Skoneczna, prof. IBB	Czy skrócony okres życia replikacyjnego zawsze jest determinowany przez uszkodzony lub niestabilny genom?
10 ⁴⁰ - 11 ⁰⁰	Przerwa kawowa I	
11 ⁰⁰ - 11 ¹⁵	dr Magdalena Kwolek-Mirek	Strategie utrzymania komórkowej homeostazy redoks w odpowiedzi na zaburzoną generację NADPH
11 ¹⁵ - 11 ³⁰	dr hab. Małgorzata Adamiec	Rola chloroplastowych proteaz z rodziny S2P w kształtowaniu efektywności fotosyntetycznej Arabidopsis thaliana w warunkach stresów abiotycznych
11 ³⁰ - 11 ⁴⁵	dr n. med. Małgorzata Bodaszewska-Lubaś	Wpływ metforminy na wybrane składowe glikokaliksu śródbłonka naczyń w warunkach fizjologicznego przepływu
11 ⁴⁵ - 12 ⁰⁰	dr Dawid Wnuk	Nowe, przeciwnowotworowe właściwości wybranych chalkonów
12 ⁰⁰ - 12 ¹⁵	dr hab. Robert Sobkowiak, prof. UAM	Integracyjne modelowanie strukturalne kompleksów cytoszkieletowych Caenorhabditis elegans z wykorzystaniem alphafold-multimer i combfold - ONLINE
12 ¹⁵ - 13 ⁰⁰	LUNCH	
13 ⁰⁰ - 14 ⁴⁰	SESJA II - ODPOWIEDŹ ORGANIZMÓW NA ZMIENNE WARUNKI OTOCZENIA Prowadzący sesję: prof. dr hab. Grzegorz Chrzanowski	
13 ⁰⁰ - 13 ²⁵	dr hab. Małgorzata Wójcik, prof. UMCS	Rośliny na glebach zanieczyszczonych metalami – od odpowiedzi komórkowej do zrównoważonego zagospodarowania terenu
13 ²⁵ - 13 ⁴⁰	dr inż. Roman Maślanka	Wielopoziomowa odpowiedź adaptacyjna komórek drożdży na dostępność źródła węglu w środowisku
13 ⁴⁰ - 13 ⁵⁵	mgr Magdalena Wójcik- Kanach	Znaczenie monitoringu aerobiologicznego w nowoczesnej praktyce lekarskiej
13 ⁵⁵ - 14 ¹⁰	dr hab. Dorota Myszewska, prof. UJ	Ocena potencjału alergennego pyłku trzech gatunków brzozy rosnących w różnych warunkach środowiskowych - ONLINE
14 ¹⁰ - 14 ²⁵	dr hab. Dominika Włoch- Salamon, prof. UJ	Spoczynek komórkowy jako proces ekologiczno-ewolucyjny w badaniach na modelu drożdżowym - ONLINE
14 ²⁵ - 14 ³⁵	IC LAB	Multimodalna charakterystyka biofizyczna i komórkowa w ekotoksykologii: Jak technologie ICLab łączą analizę właściwości nanocząstek z dynamiką barier komórkowych
14 ⁴⁰ - 15 ⁰⁰	Przerwa kawowa II	
15 ⁰⁰ - 16 ¹⁰	SESJA III - ZMIANY ŚRODOWISKOWE I ICH KONSEKWENCJE Prowadzący sesję: prof. dr hab. Idalia Kasprzyk	
15 ⁰⁰ - 15 ²⁵	dr hab. Paweł Czarnota, prof. UR	Dynamika drzewostanów i gatunków lasotwórczych jako reakcja na zmiany środowiskowe w Gorczańskim Parku Narodowym (Beskidy Zachodnie) w latach 1992-2022
15 ²⁵ - 15 ⁴⁰	dr Magdalena Trojankiewicz	Genetyczne fundamenty odporności: Wykorzystanie markerów SSR w selekcji dębów (Quercus spp.) na potrzeby adaptacji lasów do zmian klimatycznych - ONLINE
15 ⁴⁰ - 15 ⁵⁵	dr Anna Zielińska	Środowiskowe uwarunkowania potencjalnego rozmieszczenia obcych i inwazyjnych gatunków pluskwiaków różnoskrzydłych (Hemiptera: Heteroptera) - ONLINE
15 ⁵⁵ - 16 ¹⁰	dr Longina Madej-Kiełbik	Biodegradowalna włókna z warstwą aktywną do zadań specjalnych - ONLINE
16 ¹⁰ - 17 ¹⁰	SESJA MŁODYCH NAUKOWCÓW FLASH-POSTER - Sesja pod patronatem FEBS Junior Poland Prowadzący sesję: dr inż. Roman Maślanka	
Prezentacja elektroniczna posteru połączona z 5 - minutowymi wystąpieniami ustnymi uczestników	dr inż. Ewa Wnuk	EGCG w modelu komórkowej toksyczności wanadu (V)
	mgr Igor Konieczny	Jad pszczele moduluje odpowiedź proteomiczną komórki gospodarza na zakażenie pseudowirusem SARS-CoV-2
	Aleksandra Stankiewicz	Wpływ obniżenia ekspresji dystrofiny na ekspresję markerów mielinizacji w pierwotnych ludzkich komórkach Schwanna
	Oliwia Maniawska	Ocena zmian morfologii kolców dendrytycznych w mózgu myszy po odwróceniu procedury oczyszczania optycznego metodą iDISCO
	mgr Wiktoria Grela	Destabilizacja chromatyny podczas stresu replikacyjnego i przedwczesnej kondensacji chromosomów w merystematycznych komórkach korzeni Vicia faba
	lic. Łukasz Florkowski	NOSH-A, wieloskładnikowy donor cząsteczek sygnałowych, indukuje systemiczną odporność nabytą ziemiaka względem Phytophthora infestans
	mgr Patrycja Dziurawicz	Fizjologiczne odpowiedzi porostów w przekształcającej się tundrze Svalbardu
	mgr Karolina Piecuch	Wielopoziomowa odpowiedź mszyc na czynnik biotyczny: wpływ Bacillus subtilis na profil enzymatyczny i zachowanie żywniciela
	mgr Alicja Fudali	Wpływ warunków świetlnych na uczenie kontekstowe u ryby (Poecilia reticulata) i owada wodnego (Notonecta glauca)
	mgr Arkadiusz Jastrzębski	Wilk i antropopresja: walidacja metody LC-MS/MS do oznaczania hormonów stresu
17 ¹⁰ - 17 ³⁰	mgr inż. Justyna Gawel	Cytotoksyczność pyłów zawieszonych jako wskaźnik jakości powietrza w województwie podkarpackim
17 ³⁰ - 17 ⁴⁰	Przerwa kawowa III z przekąskami	
17 ⁴⁰ - 18 ³⁰	SESJA POSTEROWA	
18 ³⁰ - 18 ⁴⁵	Działania organizacyjne (Podsumowanie oceny posterów i wystąpień)	
18 ⁴⁵ - 19 ⁰⁰	OFICJALNE ZAMKNIĘCIE KONFERENCJI wraz z wręczeniem nagród	

Wykłady zaproszonych prelegentów

dr hab. Anna Bielak-Żmijewska, prof. Instytutu

Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN; Warszawa



Profesor Anna Bielak-Żmijewska zajmuje się szeroko pojętą biogerontologią, skupiając się na poznaniu mechanizmów i znaczenia starzenia komórkowego w starzeniu organizmu oraz rozwoju chorób wieku podeszłego, a także na poszukiwaniu nowych znaczników starzenia. Obecne badania koncentrują się na poznaniu towarzyszących starzeniu zmian w strukturze chromatyny oraz składzie białek budujących pory jądrowe i wydajności transportu między jądrem a cytoplazmą.

ŚRODOWISKO WAŻNIEJSZE NIŻ GENY - EPIGENOM A TEMPO STARZENIA

Bielak-Żmijewska Anna

Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, ul. Pasteura 3, 02-093 Warszawa

Email: a.bielak@nencki.edu.pl

Od zawsze poszukiwano cudownego środka na długowieczność. Badania naukowe przez wiele lat koncentrowały się na poznaniu mechanizmów prowadzących do starzenia i odkrycia genów długowieczności. Jednakże mimo szeroko zakrojonych programów badawczych, nie udało się znaleźć genów odpowiedzialnych za dłuższe życie. Ale z czasem coraz więcej danych pokazywało, że to nie geny są kluczem do sukcesu. Obserwacje bliźniąt o takim samym tle genetycznym pokazały, że o długości i jakości życia decyduje bardziej środowisko, którego wpływ może stanowić nawet 70-90%. Za takie zjawisko w dużej mierze odpowiedzialna jest epigenetyka, czyli specyficzna regulacja ekspresji genów bez ingerencji w ich sekwencje. Z czasem okazało się, że my sami poprzez styl życia, mamy największy wpływ na to, jak szybko się starzejemy i jakie jest ryzyko rozwoju chorób związanych z wiekiem. Bazując na zmianach w metylacji DNA charakterystycznych dla poszczególnych grup wiekowych opracowano zegary epigenetyczne. Umożliwiają one oszacowanie wieku biologicznego, czyli realnych zmian we wzorze metylacji oraz określenie czy przebieg starzenia jest szybszy czy wolniejszy niż wskazywałby wiek metrykalny. Może to w porę pomóc znaleźć interwencję przeciwdziałającą przyspieszonemu starzeniu organizmu. Najnowsze zegary epigenetyczne potrafią wskazywać ryzyko wystąpienia pewnych chorób, a nawet przewidzieć długość życia. Ale starzenie zaczyna się w komórce. Z wiekiem w tkankach dochodzi do akumulacji starych komórek, które oddziałują na otaczające środowisko. Stara komórka nie dzieli się i zmienia się jej fizjologia, metabolizm oraz biochemia. Spektakularne zmiany zachodzą w jądrze komórkowym. Dotyczą one zarówno funkcjonowania otoczki jądrowej, architektury jądra, jak i struktury chromatyny, co jest ściśle związane ze zmienioną regulacją ekspresji genów. W starej komórce dochodzi do wielu różnorodnych zmian na poziomie epigenetycznym, co skutkuje globalnym rozluźnieniem chromatyny (zmniejszenie puli heterochromatyny konstytutywnej) przy jednoczesnym zmniejszeniu dostępności miejsc promotorowych pewnych genów. Pokazano, że u zwierząt usunięcie starych komórek poprawia jakość i długość życia. Zrozumienie tego, co dzieje się w komórce i poznanie mechanizmów odpowiedzialnych za wpływ starych komórek na starzenie organizmu oraz możliwość wpływania na regulację ekspresji genów poprzez modyfikacje epigenetyczne, może pomóc w zaproponowaniu skutecznych, i nie zawsze skomplikowanych we wdrożeniu, interwencji prowadzących do poprawy jakości życia w podeszłym wieku. Czy istnieje zatem źródło wiecznej młodości, a jeżeli tak, to jak je odnaleźć?

Finansowanie:

Badanie dotyczące zmian architektury jądra i regulacji struktury chromatyny podczas starzenia komórkowego są wspierane przez grant finansowany przez Narodowe Centrum Nauki, UMO-2022/45/B/NZ5/02063

dr hab. Ewa Maciaszczyk-Dziubińska, prof. UWr

*Zakład Genetyki i Fizjologii Komórki, Wydział Nauk Biologicznych,
Uniwersytet Wrocławski; Wrocław*



Profesor Ewa Maciaszczyk-Dziubińska prowadzi badania dotyczące molekularnych mechanizmów odpowiedzi komórek na stres metaloidowy, przede wszystkim wywołany arsenem i antymonem. Wykorzystując modele drożdżowe i roślinne, analizuje procesy detoksykacji, transportu błonowego, regulacji ekspresji genów oraz odpowiedzi na uszkodzenia DNA. Szczególnym obszarem zainteresowań są transportery ACR3, ich specyficzność substratowa i regulacja w warunkach stresu metaloidowego, a także czynniki wpływające na tolerancję komórek na toksyczne metaloidy. W pracy badawczej łączy podejścia z zakresu biologii molekularnej, genetyki i biologii komórki, co pozwala lepiej zrozumieć, w jaki sposób komórki rozpoznają, transportują i neutralizują związki arsenu oraz antymonu.

MOLEKULARNE MECHANIZMY ODPOWIEDZI KOMÓREK NA STRES WYWOŁANY ARSENIEM I ANTYMONEM

Maciaszczyk-Dziubińska Ewa, Wysocki Robert

Zakład Genetyki i Fizjologii Komórki, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski, ul. Kanonia 6/8,
50-138 Wrocław, Polska

Email: ewa.maciaszczyk-dziubinska@uwr.edu.pl

Arsen i antymon należą do toksycznych metaloidów, których obecność w środowisku stanowi zagrożenie dla organizmów żywych. Skuteczna odpowiedź biologiczna na te pierwiastki wymaga uruchomienia mechanizmów ograniczających ich pobieranie, umożliwiających detoksykację oraz aktywne usuwanie z komórek (Wysocki i in., 2023). Jednym z kluczowych elementów tego procesu są transportery błonowe z rodziny ACR3, zaangażowane w eksport As(III) oraz, w zależności od organizmu i wariantu białka, również Sb(III) (Maciaszczyk-Dziubinska i in., 2010).

W naszych badaniach analizujemy molekularne podstawy funkcjonowania transporterów ACR3 oraz regulacji genów odpowiedzi na stres metaloidowy. Wykorzystując modele drożdżowe i roślinne, badamy zależność między strukturą transportera, obecnością konserwowanych reszt cysteinowych, lokalizacją subkomórkową białka oraz zdolnością komórek do tolerowania arsenu i antymonu. Równolegle analizujemy mechanizmy transkrypcyjnej aktywacji genów detoksykacyjnych, ze szczególnym uwzględnieniem czynnika Yap8 oraz udziału kompleksów remodelujących chromatynę w regulacji ekspresji ACR3 (Maciaszczyk-Dziubinska i in., 2020).

Uzyskane wyniki wskazują, że odpowiedź komórki na arsen i antymon nie ogranicza się do pojedynczego mechanizmu detoksykacji, lecz obejmuje skoordynowane działanie systemów transportu błonowego, regulacji ekspresji genów oraz adaptacji komórkowej. Poznanie tych procesów pozwala lepiej zrozumieć, w jaki sposób komórki eukariotyczne rozpoznają toksyczne metaloidy, aktywują odpowiedź obronną i ograniczają ich szkodliwe działanie. Badania te mogą mieć znaczenie zarówno dla zrozumienia podstaw tolerancji komórek na stres środowiskowy, jak i dla identyfikacji mechanizmów warunkujących akumulację lub eliminację arsenu i antymonu w organizmach żywych.

Finansowanie:

Badania finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach projektów OPUS nr 2015/19/B/NZ1/00327, 2016/21/B/NZ2/01751, 2019/35/B/NZ3/00379 oraz projektu PRELUDIUM nr 2023/49/N/NZ3/00851.

Bibliografia:

- 1) Wysocki i in., *Cellular and Molecular Life Sciences*, 2023,30;80(11): 342.
- 2) Maciaszczyk-Dziubinska i in., *Biochimica et Biophysica Acta*, 2010, 1798: 2170–2175.
- 3) Maciaszczyk-Dziubinska i in., *Nucleic Acids Research*, 2020, 48: 5426–5441.

dr hab. Adrianna Skoneczna, prof. IBB PAN

*Pracownia Mechanizmów Stabilności Genetycznej, Instytut Biochemii i
Biofizyki Polskiej Akademii Nauk; Warszawa*



Profesor Adrianna Skoneczna jest profesorem IBB PAN, gdzie prowadzi Pracownię Mechanizmów Stabilności Genetycznej. Wykorzystując proste organizmy eukariotyczne, jakimi są drożdże, bada podstawowe procesy biologiczne, aby odkryć mechanizmy zapewniające wierną replikację, naprawę i segregację DNA, a także odpowiednią reakcję na stres, umożliwiając tym samym utrzymanie stabilnego genomu. Bada również mechanizmy, które z kolei prowadzą do niestabilności genetycznej oraz towarzyszą starzeniu się komórek, determinując długość ich życia.

CZY SKRÓCONY OKRES ŻYCIA REPLIKACYJNEGO ZAWSZE JEST DETERMINOWANY PRZEZ USZKODZONY LUB NIESTABILNY GENOM?

Skoneczna Adrianna¹, Enkhbaatar Tuguldur¹, Skoneczny Marek¹, Kaniak-Golik Aneta¹, Zadrąg-Tęcza Renata²

¹ Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk, Warszawa, Pawińskiego 5A;

² Zakład Biochemii i Biologii Komórki, Wydział Biologii, Ochrony Przyrody i Zrównoważonego Rozwoju, Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów, Zelwerowicza 4

Email: ada@ibb.waw.pl

Starzenie się dotyczy wszystkich organizmów i działa uniwersalnie na poziomie komórkowym, dlatego komórka drożdży może również służyć jako model tego procesu. Jednym z aspektów starzenia się, które można eksperymentalnie prześledzić, jest liczba podziałów, jakie przechodzi komórka przed starzeniem i śmiercią, czyli replikacyjny okres życia. Badania z wykorzystaniem drożdży pączkujących przyczyniły się do rozwiązania wielu ważnych dla badań nad starzeniem się zagadnień, oferując różnorodne uniwersalne teorie starzenia się. Najbardziej znane z nich wskazują na zwiększony poziom wolnych rodników wewnątrzkomórkowych, akumulację pozachromosomalnych kolistych rDNA, skracanie telomerów, dysfunkcję mitochondriów, utratę homeostazy pH wakuolarnego, stres proteotoksyczny i hipertrofię jako przyczyny starzenia się. W niniejszym badaniu postawiliśmy pytanie, czy niestabilność genomu może być podstawową przyczyną starzenia się, niezależnie od rozważanej teorii starzenia. Wykorzystując testy biochemiczne, cytometryczne i mikroskopowe, przeanalizowaliśmy stan DNA znanych szczepów z mutacjami prowadzącymi do zmian długości replikacyjnego okresu życia. Dane wykazały nieoczekiwane korelacje między niestabilnością określonych regionów genomu a dysfunkcją genów związanymi ze starzeniem się.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki. Umowa nr UMO-2024/55/B/NZ3/02668.

dr hab. Małgorzata Wójcik, prof. UMCS

*Katedra Fizjologii Roślin i Biofizyki, Instytut Nauk Biologicznych,
Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-
Skłodowskiej w Lublinie; Lublin*



Profesor Małgorzata Wójcik prowadzi badania dotyczące fizjologicznych, biochemicznych i anatomicznych mechanizmów tolerancji roślin wyższych na stresy abiotyczne, głównie w odniesieniu do metali ciężkich, w warunkach laboratoryjnych i naturalnych (polowych). Jej tematyka badawcza obejmuje również adaptacje roślin do zasiedlania środowisk zanieczyszczonych metalami, m.in. hałd odpadów metalonośnych. Prowadzone badania dotyczą także fitoremediacji i fitozagospodarowania terenów zanieczyszczonych, w tym z wykorzystaniem roślin przemysłowych oraz mikrobiologicznych i niemikrobiologicznych biostymulantów.

ROŚLINY NA GLEBACH ZANIECZYSZCZONYCH METALAMI – OD ODPOWIEDZI KOMÓRKOWEJ DO ZRÓWNOWAŻONEGO ZAGOSPODAROWANIA TERENU

Wójcik Małgorzata¹, Świstak Dawid¹, Jaros-Tsoj Karolina¹, Sugier Piotr², Czarnecka Joanna²,
Jaroszuk-Ścisiel Jolanta³, Vangronsveld Jaco¹

¹Katedra Fizjologii Roślin i Biofizyki, ²Katedra Botaniki, Mykologii i Ekologii, ³Katedra Mikrobiologii
Przemysłowej i Środowiskowej; Instytut Nauk Biologicznych, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej, ul.
Akademicka 19, 20-033 Lublin

Email: malgorzata.wojcik@mail.umcs.pl

Zanieczyszczenie gleb metalami stanowi jedno z najpoważniejszych wyzwań środowiskowych współczesnego rolnictwa i gospodarki przestrzennej. Obecność metali ogranicza możliwość bezpiecznej produkcji żywności, jednocześnie prowadząc do wyłączenia znacznych powierzchni gruntów z użytkowania rolniczego. Coraz większą uwagę poświęca się zatem strategiom umożliwiającym racjonalne zagospodarowanie takich terenów z wykorzystaniem roślin przemysłowych, które mogą jednocześnie pełnić funkcję produkcyjną i wspierać procesy fitoremediacji.

Podstawą opracowywania skutecznych metod wykorzystania gleb zanieczyszczonych jest zrozumienie mechanizmów odpowiedzi roślin na stres wywołany metalami. Obejmują one zmiany fizjologiczne, biochemiczne i molekularne związane m.in. z zaburzeniem homeostazy komórkowej, nasileniem stresu oksydacyjnego, aktywacją systemu antyoksydacyjnego oraz uruchomieniem mechanizmów detoksykacji i adaptacji. Coraz więcej danych wskazuje również, że odpowiedź ta może być korzystnie modulowana poprzez zastosowanie biostymulantów, zwiększających tolerancję roślin na stres oraz poprawiających ich wzrost i produktywność w warunkach zanieczyszczenia.

Celem wykładu jest przedstawienie mechanizmów biologicznej odpowiedzi roślin na obecność metali w glebie oraz możliwości wykorzystania tej wiedzy do projektowania skuteczniejszych strategii zagospodarowania terenów zanieczyszczonych. Na podstawie wyników badań własnych zostanie zaprezentowana rola roślin przemysłowych i biostymulantów w zwiększaniu efektywności fitoremediacji oraz możliwości bezpiecznego wykorzystania biomasy w gospodarce o obiegu zamkniętym. Głównym przesłaniem wykładu jest to, że zrozumienie mechanizmów odpowiedzi roślin na stres wywołany metalami stanowi podstawę opracowywania zrównoważonych rozwiązań łączących fizjologię roślin z praktyką ochrony i rekultywacji środowiska.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Unii Europejskiej z programu „Horyzont Europa” (projekt IASIS – www.iasis-soil.eu; nr umowy: 101157430) oraz z programu „Horyzont 2020” (projekt GOLD – www.gold-h2020.eu; nr umowy 101006873).

dr hab. inż. Paweł Czarnota, prof. UR

*Zakład Ekologii i Ochrony Środowiska, Wydział Technologiczno-
Przyrodniczy, Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów*



Profesor Paweł Czarnota jest profesorem Uniwersytetu Rzeszowskiego i długoletnim pracownikiem Gorczańskiego Parku Narodowego. Główne zainteresowania badawcze profesora dotyczą lichenologii, z naciskiem na taksonomię i ekologię porostów, ich bioindykacyjną rolę w ocenie naturalności i zmian w środowisku oraz interakcję porostów z innymi organizmami. Działalność profesora obejmuje zaangażowanie w projekty badawcze z zakresu ekologii roślin, dynamiki drzewostanów i gatunków lasotwórczych, presji roślinożerców na las, monitoringu dużych drapieżnych ssaków, waloryzacji obszarów chronionych. Ponadto profesor redaguje wydawnictwa naukowe i popularnonaukowe Gorczańskiego Parku Narodowego.

DYNAMIKA DRZEWOSTANÓW I GATUNKÓW LASOTWÓRCZYCH JAKO REAKCJA NA ZMIANY ŚRODOWISKOWE W GORCZAŃSKIM PARKU NARODOWYM (BESKIDY ZACHODNIE) W LATACH 1992-2022

Czarnota Paweł^{1,2}

¹Zakład Ekologii i Ochrony Środowiska, Wydział Technologiczno-Przyrodniczy, Uniwersytet Rzeszowski, ul. Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów; ²Gorczański Park Narodowy, Poręba Wielka 590, 34-735 Niedźwiedź

Email: pczarnota@ur.edu.pl

Ostatnie dziesięciolecia są okresem intensywnych, globalnych i lokalnych zmian w środowisku. W odniesieniu do poziomu populacyjnego i ekosystemowego najlepszym sposobem ich rejestracji i oceny skutków są długookresowe, cykliczne badania na stałych powierzchniach monitoringowych, kumulujące dane opisujące różnorakie, ożywione i nieożywione parametry środowiska. Badania tego typu zostały zainicjowane na terenie Gorczańskiego Parku Narodowego (GPN) w 1992 roku. Założone wówczas 433 powierzchnie badawcze w regularnej sieci 400 x 400 m stały się podstawowym poligonem oceny zmian środowiskowych przez pryzmat dynamiki gatunków lasotwórczych i drzewostanów dokonywanej co 5 lat (Chwistek 2025). Analizie opartej o względnie niezmiennie uwarunkowania siedliskowe wynikające z geologii, geomorfologii, hipsometrii poddane zostają zmienne parametry biotyczne, m.in. takie jak: liczba i dymensje gatunków lasotwórczych od siewek po dojrzałe osobniki, przyrost biomasy (Dyderski et al. 2023), presja jeleniowatych wyrażona liczbą i rodzajem uszkodzeń drzew (zgryzanie i spałowanie), śmiertelność świerka związana z naturalnymi zaburzeniami. Zmienne parametry klimatyczne stają się dodatkowymi predyktorami wyjaśniającymi dynamiczne procesy zachodzące w ekosystemach leśnych (Gazda i in. 2019). Wyniki dotyczące lat 1992-2022 wykazały podobne tendencje dynamiczne głównych gatunków lasotwórczych, w trzech dominujących zbiorowiskach leśnych, manifestujące się nieustannym regresem świerka, względną stabilizacją udziału buka i wzrostem znaczenia jodły w drzewostanach GPN, pomimo silnej presji zwierzyny kopytnej uszkadzającej ok. 80% młodego pokolenia tego ostatniego gatunku. Około 77% świerków budujących drzewostany GPN w 1997 roku obumarło do roku 2025, głównie z powodu gradacji kornika drukarza i huraganowych wiatrów. Po roku 2022 nastąpił odwrót tego spadkowego trendu i rozpoczął się proces zastępowalności pokoleń. W efekcie pionowy zasięg jodły i buka wzrósł o kilkadziesiąt metrów co koresponduje z zanikiem piętra klimatu chłodnego w Gorcach. Liczniejsze odnowienie, większy przyrost biomasy i niższa śmiertelność drzew związana była z wyższym topograficznym indeksem wilgotności (Dyderski i in. 2023).

Bibliografia:

- 1) Chwistek, 2025. Rejestracja zmian w ekosystemach leśnych. W: P. Czarnota (red.), *Przyrodnicza historia Gorców zapisana w Krajobrazie*: 98-103. Poręba Wielka-Opole, Gorczański Park Narodowy.
- 2) Dyderski i in., *Forest Ecology and Management*, 2023, 540: 121054.
- 3) Gazda i in., *Science of the Total Environment*, 2019, 653: 920-929.

Wystąpienia ustne

STRATEGIE UTRZYMANIA KOMÓRKOWEJ HOMEOSTAZY REDOKS W ODPOWIEDZI NA ZABURZONĄ GENERACJĘ NADPH

Kwolek-Mirek Magdalena, Maślanka Roman, Bednarska Sabina, Zadrąg-Tęcza Renata

Zakład Biochemii i Biologii Komórki, Wydział Biologii, Ochrony Przyrody i Zrównoważonego Rozwoju,
Uniwersytet Rzeszowski, ul. Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów

Email: mkwolek@ur.edu.pl

Utrzymanie komórkowej homeostazy redoks wymaga oprócz sprawnego systemu antyoksydacyjnego, ścisłego współdziałania komórkowych układów buforujących stan redoks tj. układu glutationowego (GSH/GSSG) oraz układu kofaktorów nikotynoamidoadeninowych zarówno NADPH/NADP⁺ jak i NAD⁺/NADH. Choć glutation pełni dominującą i dobrze poznaną rolę w utrzymaniu homeostazy redoks, coraz większe znaczenie przypisuje się również parze NADPH/NADP⁺, jako istotnemu elementowi tego systemu (Kwolek-Mirek i in., 2024; Kwolek-Mirek i in., 2019). Zredukowany NADPH odgrywa znaczącą rolę w utrzymaniu homeostazy redoks komórek, wspierając funkcjonowanie systemu glutationowego i tioredoksynowego, ale także dostarczając siły redukcyjnej niezbędnej dla procesów biosyntetycznych czy detoksykacji ksenobiotyków. W warunkach metabolizmu fermentacyjnego głównym źródłem cytozolowego NADPH jest oksydacyjna faza szlaku pentozofosforanowego (PPP), zależna od aktywności dehydrogenazy glukozy-6-fosforanowej (Zwf1p) oraz dehydrogenazy 6-fosfoglukonianowej (Gnd1p i Gnd2p), ale także aktywność cytozolowej dehydrogenazy aldehydowej Ald6p. Brak enzymów odpowiedzialnych za produkcję NADPH ma znaczący wpływ na komórki.

Celem przeprowadzonych badań było określenie kompensacyjnych strategii metabolicznych uruchamianych przez komórki drożdży *Saccharomyces cerevisiae* w odpowiedzi na zaburzenie generacji NADPH oraz analiza ich konsekwencji w warunkach fizjologicznych i stresowych.

Wyniki przeprowadzonych analiz wykazały, że komórki drożdży *S. cerevisiae* dysponują różnorodnymi drogami metabolicznymi pozwalającymi na utrzymanie homeostazy redoks i kompensowanie zaburzeń generacji NADPH w szlaku pentozofosforanowym. Jednak wybór konkretnej strategii kompensacyjnej nie pozostaje dla komórki obojętny i wpływa na jej sprawność fizjologiczną, modulując m.in. jej dynamikę wzrostu, zdolność regulacji wewnątrzkomórkowego pH, możliwości reprodukcyjne czy wrażliwość na stresory środowiskowe. Co więcej, strategia optymalna w warunkach fizjologicznych nie musi być równie efektywna w warunkach stresu prowadzącego do zaburzeń homeostazy, a w niektórych sytuacjach może wręcz prowadzić do niekorzystnych konsekwencji dla funkcjonowania komórki.

Finansowanie:

Badania zostały częściowo dofinansowane ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

Bibliografia:

- 1) Kwolek-Mirek i in., *International Journal of Molecular Sciences*, 2024, 25, 9296.
- 2) Kwolek-Mirek i in., *Journal of Cellular Biochemistry*, 2019, 120: 8521-8533.

**ROLA CHLOROPLASTOWYCH PROTEAZ Z RODZINY S2P
W KSZTAŁTOWANIU EFEKTYWNOŚCI FOTOSYNTETYCZNEJ *ARABIDOPSIS
THALIANA* W WARUNKACH STRESÓW ABIOTYCZNYCH**

Adamiec Małgorzata, Luciński Robert

Zakład Fizjologii Roślin, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań, Polska

Email: malgorzata.adamiec@amu.edu.pl

Chloroplasty są organellami kluczowymi dla wydajności fotosyntezy, a ich prawidłowe funkcjonowanie zależy od utrzymania homeostazy białkowej. Równowaga ta ulega zaburzeniu w warunkach stresów abiotycznych, takich jak wysokie natężenie światła, zasolenie, susza czy skrajne temperatury, prowadząc do fotoinhibicji, uszkodzeń kompleksów fotosyntetycznych oraz nadmiernego powstawania reaktywnych form tlenu (ROS). Istotną rolę w utrzymaniu jakości i przebudowie proteomu chloroplastowego odgrywają proteazy, w tym rodzina wewnątrzłonowych metaloproteaz S2P (Site-2 Proteases). Białka te uczestniczą w proteolitycznym przetwarzaniu białek błonowych, wpływając na ich obrót, stabilność i funkcje sygnałowe, między innymi poprzez regulowaną proteolizę, umożliwiającą kontrolę ekspresji genów.

U *Arabidopsis thaliana* rodzina S2P obejmuje pięć aktywnych proteolitycznie białek oraz pseudoproteazę EGY3. Cztery aktywne homologi wraz z EGY3 są zlokalizowane w chloroplastach, gdzie uczestniczą w utrzymaniu sprawności aparatu fotosyntetycznego i odpowiedzi na stres środowiskowy. Dotychczasowe badania wykazały, że białka EGY1, EGY2 i S2P2 uczestniczą w utrzymaniu prawidłowej struktury i funkcjonowania fotosystemu II (PSII). Są zaangażowane w regulację poziomu akumulacji wybranych białek kompleksów PSII, stabilizację superkompleksów PSII–LHCII oraz ochronę aparatu fotosyntetycznego przed uszkodzeniami wywołanymi wysokim natężeniem światła. Z kolei pseudoproteaza EGY3, mimo braku aktywności katalitycznej, odgrywa rolę regulatorową w szlakach fotoprotekcji i sygnalizacji retrogradowej zależnej od ROS, integrując odpowiedź chloroplastów na stres oksydacyjny, solny i termiczny.

Zgromadzone dotychczas dane wskazują, że chloroplastowe białka rodziny S2P tworzą ważny element systemu kontrolującego homeostazę białkową, efektywność fotosyntezy oraz aklimatyzację roślin do niekorzystnych warunków środowiska. Jednocześnie molekularne mechanizmy ich działania oraz zakres funkcjonalnych zależności pomiędzy poszczególnymi członkami rodziny pozostają w wielu aspektach niewyjaśnione.

WPŁYW METFORMINY NA WYBRANE SKŁADOWE GLIKOKALIKSU ŚRÓDBŁONKA NACZYŃ W WARUNKACH FIZJOLOGICZNEGO PRZEPŁYWU

Bodaszevska-Lubaś Małgorzata

Zakład Fizjologii Medycznej, Katedra Nauk Biomedycznych, Wydział Nauk o Zdrowiu, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Kraków, Polska

e-mail: malgorzata.bodaszevska@uj.edu.pl

Wstęp: Metformina, będąca lekiem pierwszego wyboru w terapii cukrzycy typu 2, wykazuje działanie pleiotropowe w organizmie, wykraczające poza regulację gospodarki glukozowej. Lek wpływa na funkcję śródbłonna, zapobiega stresowi oksydacyjnemu, rozwojowi stanu zapalnego i procesom starzenia, a dodatkowo może wpływać na strukturę glikokaliksu śródbłonkowego (ang. endothelial glycocalyx, eGCX). eGCX jest dynamiczną, strukturą pokrywającą komórki śródbłonna w świetle naczyń, zbudowaną z proteoglikanów, glikozaminoglikanów oraz glikoprotein O- i N-glikozylowanych. Jednym z istotnych składników glikokaliksu jest glipikan-1 (GPC1), błonowy proteoglikan zawierający łańcuchy siarczanu heparanu, pełniący ważną rolę w mechanotransdukcji i utrzymaniu homeostazy naczyniowej. Celem pracy była ocena wpływu metforminy oraz naprężeń ścinających na ekspresję wybranych składników eGCX, ze szczególnym uwzględnieniem glipikanu-1, a także zmian w profilu N-glikanów komórek EA.hy926.

Metody: Cytotoksyczność metforminy oceniano wobec komórek hybrydowej linii śródbłonna naczyń ludzkich EA.hy926 w różnych stężeniach i czasach inkubacji. Metformina nie wykazywała działania cytotoksycznego, ale powodowała zmiany morfologiczne komórek. Do dalszych badań wybrano stężenie 1 mmol/ml, przy którym obserwowane zmiany fenotypowe były minimalne. Komórki traktowane metforminą poddawano działaniu przepływu odpowiadającego fizjologicznemu przysciennemu naprężeniu ścinającemu i porównywano z odpowiednimi hodowlami kontrolnymi. Zmiany ekspresji poszczególnych składowych eGCX pod wpływem badanych czynników oraz morfologii komórek analizowano odpowiednio przy użyciu barwienia immunofluorescencyjnego oraz histologicznego. Profile N-glikanów analizowano metodą MALDI-TOF-MS. Ekspresję genów białek zaangażowanych w szlaki glikozylacji oceniano metodą RT-qPCR.

Wyniki: Metformina indukowała zmiany morfologii komórek EA.hy926 oraz modulowała składowe eGCX. Zarówno metformina, jak i naprężenia ścinające, w zależności od czasu ekspozycji, wpływały na ekspresję genów GPC1 (glipikanu-1) oraz EXT1 (egzostozyny-1), glikozylotransferazy odpowiedzialnej za syntezę i wydłużanie łańcuchów siarczanu heparanu. Zaobserwowano zmiany w ekspresji genów odpowiedzialnych za syntezę N-glikanów, co wiązało się z przebudową profili N-glikanowych komórek traktowanych względem kontroli. Uzyskane wyniki wskazują, że oba czynniki powodują przebudowę i wpływają na skład eGCX.

Wnioski: Metformina i fizjologiczne naprężenia ścinające mogą współdziałać w przebudowie eGCX śródbłonna poprzez wpływ na ekspresję glipikanu-1, egzostozyny-1 oraz modulację profilu N-glikanów. Zmiana ekspresji GPC1 może sugerować, że przebudowa glikokaliksu stanowi dodatkowy mechanizm naczynioprotekcyjnego działania metforminy. Uzyskane wyniki podkreślają znaczenie remodelingu glikanów w odpowiedzi śródbłonna na bodźce farmakologiczne i mechaniczne.

Finansowanie:

Projekt został sfinansowany ze środków programu Inicjatywa Doskonałości – Uniwersytet Jagielloński (nr U1C/P04/NO/01.03, kierownik projektu: MBL)

NOWE, PRZECIWZWŁÓKNIENIOWE WŁAŚCIWOŚCI WYBRANYCH CHALKONÓW

Wnuk Dawid¹, Tymetska Svitlana^{2,3}, Paw Milena¹

¹ Zakład Biologii Komórki, Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński,
ul. Gronostajowa 7, 30-387 Kraków;

² Instytut Fizyki im. Mariana Smoluchowskiego, Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej,
Uniwersytet Jagielloński, ul. Łojasiewicza 11, 30-348 Kraków;

³ Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych, Uniwersytet Jagielloński, ul. Łojasiewicza 11,
30-348 Kraków

Email: dawid.wnuk@uj.edu.pl

Włóknienie tkanek stanowi wspólny element patogenezы wielu przewlekłych chorób i jest związane z nadmierną aktywacją fibroblastów, ich fenotypowym przejściem do miofibroblastów (FMT) oraz zwiększoną syntezą i odkładaniem składników macierzy zewnątrzkomórkowej (ECM). Jednym z kluczowych mediatorów tego procesu jest transformujący czynnik wzrostu $\beta 1$ (TGF- $\beta 1$). Pomimo rosnącej wiedzy dotyczącej molekularnych mechanizmów włóknienia możliwości jego farmakologicznego hamowania pozostają ograniczone. Chalkony stanowią grupę naturalnych związków polifenolowych o szerokim spektrum aktywności biologicznej, jednak ich potencjał w bezpośredniej regulacji FMT pozostaje niewystarczająco poznany. Celem badań była ocena nowych właściwości przeciwzwłóknieniowych wybranych chalkonów: izolikwirytygeniny, likochalkonu A, buteiny oraz flawokawainy A.

Badania przeprowadzono z wykorzystaniem ludzkich fibroblastów oskrzelowych od astmatyków oraz ludzkich fibroblastów skórnych w komórkowym modelu włóknienia opartym na FMT indukowanym przez TGF- $\beta 1$. Oceniano wpływ badanych chalkonów na rozwój fenotypu miofibroblastycznego oraz ekspresję markerów związanych z aktywacją fibroblastów i przebudową ECM, w tym m.in. α -aktyny mięśni gładkich (α -SMA), fibronektyny, kolagenu. Analizy prowadzono z zastosowaniem metod ilościowej oceny ekspresji i syntezy białek oraz mikroskopii fluorescencyjnej.

Uzyskane wyniki wykazały, że wszystkie analizowane chalkony modulowały odpowiedź fibroblastów na stymulację TGF- $\beta 1$, ograniczając wybrane cechy fenotypu miofibroblastycznego. Izolikwirytygenina, likochalkon A, buteina oraz flawokawaina A zmniejszały ekspresję markerów związanych z aktywacją fibroblastów, przy czym zakres obserwowanego efektu zależał od stężenia badanego związku i zastosowanych warunków eksperymentalnych. Szczególnie istotna była zdolność części badanych chalkonów nie tylko do hamowania indukcji FMT, lecz również do ograniczania cech wcześniej rozwiniętego fenotypu miofibroblastycznego tzw. „odróżnicowania”.

Uzyskane wyniki wskazują, że chalkony stanowią obiecującą grupę związków o bezpośrednim działaniu modulującym aktywację fibroblastów. Ich zdolność zarówno do ograniczania rozwoju fenotypu prozwłóknieniowego, jak i potencjalnego odwracania utrwalonych zmian komórkowych wskazuje na możliwość wykorzystania tej grupy związków jako punktu wyjścia do opracowania nowych strategii farmakologicznego ograniczania włóknienia tkanek.

INTEGRACYJNE MODELOWANIE STRUKTURALNE KOMPLEKSÓW CYTOSZKIELETOWYCH *CAENORHABDITIS ELEGANS* Z WYKORZYSTANIEM ALPHAFOLD-MULTIMER I COMBFOLD

Sobkowiak Robert¹, Rucińska-Sobkowiak Renata²

¹Zakład Biologii Komórki, Wydział Biologii, Uniwersytet im Adama Mickiewicza w Poznaniu, ul. Uniwersytetu
Poznańskiego 6, 61-614 Poznań;

²Laboratorium Izotopowe, Wydział Biologii, Uniwersytet im Adama Mickiewicza w Poznaniu, ul.
Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań.

Email: robsob@amu.edu.pl

Zdolność komórek do odpowiedzi na zmienne warunki środowiskowe — bodźce mechaniczne, stres oksydacyjny czy zmiany chemiczne jest w dużej mierze uwarunkowana plastycznością strukturalną cytoszkieletu. Wielobiałkowe kompleksy cytoszkieletowe stanowią molekularną podstawę tej adaptacyjności, pośrednicząc w percepcji i transdukcji sygnałów środowiskowych na poziomie komórkowym. Pomimo kluczowej roli tych kompleksów w odpowiedzi biologicznej, ich przestrzenna organizacja pozostaje w dużej mierze nieznana. Celem pracy było zrekonstruowanie trójwymiarowej organizacji kluczowych kompleksów cytoszkieletowych u organizmu modelowego *Caenorhabditis elegans* poprzez integrację danych proteomicznych z modelowaniem strukturalnym. Wykorzystując model integracyjny, przeanalizowano ponad 260 potencjalnych oddziaływań binarnych między białkami cytoszkieletowymi, wytypowanymi na podstawie rozdziału elektroforetycznego w warunkach natywnych z detekcją metodą spektrometrii mas (AP-MS). Względną ilość białek oszacowano metodą emPAI (Ishihama i in., 2005), co umożliwiło określenie przybliżonej stechiometrii podjednostek w badanych kompleksach. Predykcje struktury kompleksów binarnych przeprowadzono za pomocą algorytmu AlphaFold-Multimer (Jumper i in., 2021; Evans i in., 2022) uruchomionego na klastrze obliczeniowym HPC. Po rygorystycznym filtrowaniu jakościowym opartym na metrykach pLDDT i ipTM oraz integracji z danymi sieci interakcji (STRING, WormBase), uzyskane modele binarne posłużyły jako ograniczenia przestrzenne w programie CombFold (Ben Shor i Schneidman-Duhovny, 2024) do hierarchicznego składania większych modułów cytoszkieletowych, złożonych z 8–20 podjednostek. Wyniki wykazały wysoką komplementarność modeli z danymi eksperymentalnymi i pozwoliły na identyfikację kluczowych domen kontaktowych m.in. w kompleksie spektrynowym i maszynerii ubikwitynozależnej, dostarczając nowych mechanistycznych podstaw dla zrozumienia plastyczności strukturalnej cytoszkieletu *C. elegans*.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków statutowych Zakładu Biologii Komórki UAM.

Bibliografia:

- 1) Ishihama i in., *Mol. Cell. Proteomics*, 2005, 4(9): 1265–1272.
- 2) Jumper i in., *Nature*, 2021, 596(7873): 583–589.
- 3) Ben Shor i Schneidman-Duhovny, *Nat. Methods*, 2024, 21(3): 477–487.

WIELOPOZIOMOWA ODPOWIEDŹ ADAPTACYJNA KOMÓREK DROŹDŹY NA DOSTĘPNOŚĆ ŹRÓDŁA WĘGLA W ŚRODOWISKU

Maślanka Roman, Kwolek-Mirek Magdalena, Bednarska Sabina, Zadrag-Tęcza Renata

Zakład Biochemii i Biologii Komórki, Wydział Biologii, Ochrony Przyrody i Zrównoważonego Rozwoju,
Uniwersytet Rzeszowski, ul. Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów

Email: rmaslanka@ur.edu.pl

Większość zmian z jakimi organizmy stykają się w swoim otoczeniu, nie wywołuje wyraźnej odpowiedzi stresowej, typowej dla ekspozycji na toksyczne ksenobiotyki. Funkcjonowanie organizmów wymaga ich ciągłej adaptacji na zmiany w dostępności substancji odżywczych. Dostępność i rodzaj źródła węgla w środowisku są istotne dla prawidłowego funkcjonowania komórek, co szczególnie dobrze widać w badaniach wykorzystujących model drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, w których odpowiedź komórki na zmiany środowiskowe jest jednocześnie odpowiedzią całego organizmu. Glukoza, będąc podstawowym substratem energetycznym komórki, a także zapewniając szkielet węglowy wykorzystywany w komórkowych procesach biosyntetycznych, może odgrywać kluczową rolę w regulacji metabolizmu i parametrów fizjologicznych komórek, w tym w utrzymaniu ich możliwości proliferacyjnych (Maslanka i Zadrag-Tecza, 2020; Maslanka i Zadrag-Tecza, 2019).

Celem przeprowadzonych badań była analiza procesów i mechanizmów, za pomocą których komórki dostosowują się do zmian w dostępności źródeł węgla w środowisku, oraz konsekwencji tych dostosowań. W tym celu komórki drożdży hodowano w warunkach o różnym stężeniu glukozy w podłożu lub w obecności fruktozy jako alternatywnej heksozy.

Wyniki przeprowadzonych badań wskazały, że zarówno poziom glukozy, jak i subtelne różnice w strukturze i metabolizmie heksoz wpływają na metabolizm energetyczny, procesy biochemiczne oraz możliwości biosyntetyczne komórek, prowadząc do zmian w ich funkcjonowaniu, które mają istotne znaczenie fizjologiczne. Dostosowanie do dostępności źródła węgla nie jest wynikiem zmian w pojedynczych procesach komórkowych ani ekspresji pojedynczych genów, ale opiera się na systemowej odpowiedzi komórki obejmującej regulację centralnego metabolizmu węgla, zmiany w transkrypcji oraz modyfikację możliwości biosyntetycznych i degradacyjnych komórki. Ta skoordynowana i wielopoziomowa odpowiedź wpływa na szereg parametrów fizjologicznych komórek, skutkując ostatecznie zmianami w ich potencjale reprodukcyjnym. W warunkach restrykcji kalorycznej uruchamiane są procesy adaptacyjne sprzyjające przeżywalności, podczas gdy nadmiar glukozy ogranicza potencjał reprodukcyjny komórek drożdży.

Finansowanie:

Badania zostały częściowo dofinansowane ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

Bibliografia:

- 1) Maslanka i Zadrag-Tecza, *International Journal of Molecular Sciences*, 2020, 21(19): 7313.
- 2) Maslanka i Zadrag-Tecza, *Journal of Cellular Physiology*, 2019, 234(10): 17622–17638.

ZNACZENIE MONITORINGU AEROBIOLOGICZNEGO W NOWOCZESNEJ PRAKTYCE LEKARSKIEJ

Wójcik-Kanach Magdalena¹, Biela-Mazur Jadwiga², Fornal Rafał^{3,4}, Pyzia Łukasz^{3,4}, Regiec Aleksandra², Błażowski Łukasz³, Kasprzyk Idalia¹

¹ Laboratorium Monitoringu Powietrza, Katedra Biotechnologii Analitycznej, Wydział Biotechnologii, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów, Polska

² Klinika Alergologii i Pneumonologii, Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc Oddział Terenowy im. Jana i Ireny Rudników w Rabce-Zdroju, Rabka-Zdrój, Polska

³ Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów, Polska

⁴ Oddział Dziecięcy, Wojewódzki Szpital Podkarpacki im. Jana Pawła II w Krośnie, Krosno, Polska

Email: mwojcik@ur.edu.pl

Cząstki organizmów żywych dryfujące w powietrzu to głównie ziarna pyłku roślin i zarodniki grzybów. Jako nośniki białek alergennych stanowią ważny aspekt w rozwoju chorób alergicznych u ludzi. Zarodniki grzybów, choć stanowią znaczną część bioaerozolu powietrznego, to ich znaczenie alergologiczne jest nadal słabo poznane. Z ponad 140 000 opisanych gatunków grzybów zaledwie 31 uznano za źródła alergenów, podczas gdy aż 112 może mieć potencjał alergizujący. Celem kwerendy literatury, przeprowadzonej zgodnie z wytycznymi PRISMA, było zidentyfikowanie potencjału alergennego zarodników grzybów występujących w powietrzu oraz ocena możliwości wykorzystania monitoringu aerobiologicznego w praktyce klinicznej. Doniesienia naukowe wskazują, że najczęściej badanymi zarodnikami grzybów w powietrzu są *Alternaria* i *Cladosporium*, oraz *Penicillium* i *Aspergillus* wewnątrz budynków. Ich alergeny indukują nadwrażliwość IgE-zależną, ale mogą również wywoływać złożone odpowiedzi immunologiczne. Są one przyczyną lub istotnym czynnikiem rozwoju alergicznego nieżytu nosa, astmy alergicznej, aspergilozy oskrzelowo-płucnej (ABPA). Wpływ pozostałych zarodników, licznie występujących w powietrzu, na stan zdrowia i tempo rozwoju chorób alergicznych ludzi jest nadal słabo opisany. Badania aeromikologów dają podstawy do opracowania potencjału alergennego coraz większej liczby taksonów. Kalendarze występowania zarodników w powietrzu, uwzględniające warunki środowiskowe i geograficzne, oraz modele prognostyczne oparte na danych meteorologicznych mogą i znajdują zastosowanie w praktyce lekarskiej. Brak lub sporadyczne dowody o nadwrażliwości na białka grzybowe podkreślają potrzebę intensyfikacji badań medycznych prowadzonych we współpracy z aeromikologami.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

OCENA POTENCJAŁU ALERGENNEGO PYŁKU TRZECH GATUNKÓW BRZOZY ROSNĄCYCH W RÓŻNYCH WARUNKACH ŚRODOWISKOWYCH

Myszkowska Dorota¹, Bulanda Małgorzata¹, Czarnobilska Maria², Dyga Wojciech¹, Piotrowicz Katarzyna³, Przedpeńska-Wąsowicz Ewa⁴, Czarnobilska Ewa¹

¹ Zakład Alergologii Klinicznej i Środowiskowej, Wydział Lekarski, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, 31-503 Kraków, ul. Botaniczna 3;

² Centrum Alergologii, Szpital Uniwersytecki w Krakowie, 31-503 Kraków, ul. Botaniczna 3;

³ Zakład Klimatologii, Instytut Geografii i Gospodarki Przestrzennej, Wydział Geografii i Geologii, Gronostajowa 7, 30-387 Kraków;

⁴ Natural Science Institute of Iceland, Borgir við Norðurslóð, 600 Akureyri, Iceland

Email: dorota.myszkowska@uj.edu.pl

Odpowiedź immunologiczna na alergeny pyłkowe może być modyfikowana przez potencjał alergenny pyłku wynikający z odmiennych warunków środowiskowych, w tym mechanizmów obronnych roślin. Należy do nich produkcja białek stresu, w tym z rodziny Bet v1, występujących w pyłku brzozy. Celem badań była ocena stopnia nasilenia odpowiedzi alergicznej na pyłek trzech gatunków brzozy, rosnących w środowiskach o zróżnicowanym zanieczyszczeniu powietrza, na terenie Islandii (pył wulkaniczny) i Polski (zanieczyszczenia antropogeniczne).

Próbki pyłku pobrano z ośmiu stanowisk na terenie Islandii i Polski, z okazów *Betula pubescens* i *Betula nana* oraz *Betula pendula*. Wykonano Test Aktywacji Bazofilów (BAT) z zastosowaniem cytometrii przepływowej (Bühlmann Laboratories AG) w próbkach krwi pełnej u osób włączonych do badania (grupa badana to 20 osób z objawami alergii wziewnej, potwierdzonym istotnym klinicznie uczuleniem na pyłek brzozy i przed kwalifikacją do immunoterapii swoistej alergenem; grupa kontrolna to 10 osób bez alergii wziewnej). Analizę wyników przeprowadzono stosując permutacyjną analizę wariancji wielowymiarowej (PERMANOVA).

W grupie kontrolnej wyniki BAT różniły się istotnie pomiędzy badanymi próbkami pyłku (PERMANOVA, $p < 0,001$), natomiast w grupie alergików takich różnic nie stwierdzono ($p = 0,085$). W grupie badanej najniższe wartości w teście BAT uzyskano dla próbki *B. pubescens* z terenu Krakowa, natomiast najwyższe poza ekstraktem komercyjnym, dla próbki *B. nana* z rezerwatu Linje, Polska północna. Nieoczekiwanym wynikiem była wysoka wartość testu BAT dla próbki z Linje również w grupie kontrolnej.

Uzyskane wyniki sugerują, że pomimo przewidywanego wpływu warunków środowiskowych na właściwości alergenne pyłku, efekt ten nie przekładał się na istotne zróżnicowanie wyników BAT w grupie pacjentów z alergią. Jednocześnie zaobserwowana wysoka aktywacja bazofilów w grupie kontrolnej dla próbki *Betula nana* z rezerwatu Linje wskazuje na potrzebę dalszych badań nad składem alergenowym i właściwościami biologicznymi pyłku pochodzącego z różnych środowisk.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane z budżetu UJ CM, z N41/DBS/000336, uzyskano zgodę Komisji Bioetycznej UJ nr 1072.6120.121.2025 z dn. 15.10.2025.

SPOCZYNEK KOMÓRKOWY JAKO PROCES EKOLOGICZNO- EWOLUCYJNY W BADANIACH NA MODELU DROŻDŻOWYM

Włoch-Salamon Dominika, Rabani Fatemeh, Tomala Katarzyna, Smug Bogna

Instytut Nauk o Środowisku, Uniwersytet Jagielloński, Gronostajowa 7, 30-387 Kraków

Email: dominika.wloch-salamon@uj.edu.pl

Przetrwanie populacji w warunkach nieprzewidywalnych fluktuacji środowiska, jest jednym z centralnych pytań biologii ewolucyjnej. Podczas gdy plastyczność fenotypowa pozwala nadążać za przewidywalnymi zmianami, strategia rozkładania ryzyka (bet-hedging) rozprasza ryzyko pomiędzy różne fenotypy wtedy, gdy przyszłości nie da się przewidzieć. Wykorzystując jednokomórkowego grzyba *Saccharomyces cerevisiae*, badamy ten strategiczny kompromis ewolucyjny poprzez przejścia do stanu spoczynku (G0) i wyjścia z niego — niemal uniwersalnej, lecz słabo poznanej osi różnicowania fenotypowego. Nasze wcześniejsze prace pokazały, że heterogenność w głodzonych populacjach drożdży zachowuje się jak strategia rozkładania ryzyka — jest dziedziczna, podlega ewolucji i faworyzuje różne fenotypy w zależności od czasu trwania i złożoności stresu środowiskowego. Obecnie badamy, jak zróżnicowanie jest zorganizowane wewnątrz samego stanu spoczynku, wyróżniając frakcje szybko- oraz wolno/głęboko-sporzynkowe, które wyraźnie różnią się transkryptomem, metabolizmem i kinetyką powrotu do wzrostu — alternatywne „zakłady” na osi przeżycie–odrost, rozchodzące się wraz z historią ewolucyjną populacji. Wskazuje to, że spoczynek nie jest pojedynczym stanem końcowym, lecz kontinuum wyewoluowanych strategii — najlepiej rozumianym nie jako statyczny stan, ale jako rozciągnięty w czasie proces, którego wartość adaptacyjna ujawnia się dopiero w skali zmiennych środowisk i czasu ewolucyjnego. Ujęcie „ontologii procesu” łączy mechanizmy różnicowania fenotypowego z ekologiczno-ewolucyjną dynamiką na poziomie populacji, stanowiąc — obok plastyczności — jej odpowiednik oparty na rozkładaniu ryzyka w złożonych, nieprzewidywalnych warunkach.

GENETYCZNE FUNDAMENTY ODPORNOŚCI: WYKORZYSTANIE MARKERÓW SSR W SELEKCJI DĘBÓW (*QUERCUS SPP.*) NA POTRZEBY ADAPTACJI LASÓW DO ZMIAN KLIMATYCZNYCH

Trojankiewicz Magdalena

Katedra Genetyki, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Kazimierza Wielkiego,
ul. Chodkiewicza 30, 85-064 Bydgoszcz

Email: trojankiewicz@ukw.edu.pl

W warunkach postępujących zmian klimatycznych kluczowym elementem ochrony ekosystemów leśnych jest zachowanie ich plastyczności adaptacyjnej. Celem pracy była ocena długoterminowej dynamiki wzrostu oraz zmian struktury genetycznej dębu szypułkowego (*Quercus robur* L.) w doświadczeniu rodowo-proweniencyjnym w Nadleśnictwie Oleszyce (6 proveniencji, 60 rodów). Badania prowadzono w fazie juvenilnej (1812 drzew) oraz po 31 latach (rok 2026, 860 drzew), analizując profil genetyczny przy użyciu 16 markerów mikrosatelitarnych (nSSR) i nawiązując do wcześniejszych prac na tej powierzchni (Jęczewski, 2011; Burczyk i in., 2018).

Analiza cech ilościowych wykazała przesunięcie ontogenetyczne. Proveniencja Młynary II, charakteryzująca się najniższymi parametrami we wczesnej fazie, osiągnęła najwyższy średni przyrost pierśnicy w latach 2013–2026 (+76,3 mm) oraz najwyższą pierśnicę końcową (142,7 mm), co wskazuje na ograniczenia tzw. wczesnych testów. Porównanie wartości wyników parametru równowagi genetycznej Hardy’ego-Weinberga ujawniło proces mikroewolucyjnej samokorekty populacji – silne odchylenia juvenilne uległy eliminacji w dojrzałym drzewostanie. Wykazano dodatnią korelację ($r = 0,180$) między heterozygotycznością rodu a długookresowym przyrostem pierśnicy, co świadczy o eliminacji homozygot dotkniętych depresją wsobną. Połączenie markerów SSR z długoterminowymi doświadczeniami rodowo-proweniencyjnymi umożliwia wytypowanie materiału o najwyższym potencjale adaptacyjnym. Doświadczenie w Oleszyce stanowi wzorcowe, genetycznie bezpieczne źródło nasion o maksymalnej różnorodności allelicznej, niezbędnej dla trwałości lasów w zmienionym klimacie.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków MNiSW grant nr N N309 320136 „Możliwości wykorzystania markerów molekularnych DNA do weryfikacji parametrów genetycznych doświadczeń rodowych na przykładzie doświadczenia rodowego *Quercus robur*” kierownik grantu dr Magdalena Trojankiewicz

Bibliografia:

- 1) Burczyk i in., *Dendrobiology*, 2018, 79: 1-9.
- 2) Jęczewski, 2011. *Badania zmienności cech ilościowych w doświadczeniu rodowym Quercus robur L. w Nadleśnictwie Oleszyce* [Praca magisterska, Katedra Genetyki UKW]. Promotor dr M.Trojankiewicz

ŚRODOWISKOWE UWARUNKOWANIA POTENCJALNEGO ROZMIESZCZENIA OBCYCH I INWAZYJNYCH GATUNKÓW PLUSKWIAKÓW RÓŻNOSKRZYDŁYCH (HEMIPTERA: HETEROPTERA)

Zielińska Anna, Lis Jerzy A.

Instytut Biologii, Wydział Przyrodniczo-Techniczny, Uniwersytet Opolski, ul. Oleska 22, 45-052 Opole

Email: anna.zielinska2@uni.opole.pl

Inwazje biologiczne mogą prowadzić do zaburzeń funkcjonowania ekosystemów oraz powodować istotne straty gospodarcze. Możliwość trwałego zasiedlenia nowego obszaru zależy jednak nie tylko od dróg introdukcji, lecz także od zgodności lokalnych warunków środowiskowych z wymaganiami gatunku. Dotychczasowe badania wykorzystujące modelowanie niszy ekologicznej inwazyjnych pluskwiaków różnoskrzydłych koncentrowały się przede wszystkim na pojedynczych, gospodarczo istotnych taksonach. Nadal brakuje natomiast analiz porównawczych obejmujących szerszy zakres gatunków.

Celem badań było określenie potencjalnego rozmieszczenia 40 gatunków Heteroptera obcych dla Europy lub obcych w jej obrębie oraz identyfikacja czynników środowiskowych związanych z wysoką przydatnością siedliska. Zgromadzono dane o 174 704 stanowiskach, pochodzące z publikacji naukowych, zweryfikowanych baz danych oraz obserwacji własnych. Po redukcji autokorelacji przestrzennej do modelowania wykorzystano 28 931 lokalizacji. Analizy przeprowadzono metodą maksymalnej entropii, stosując odrębnie kalibrowane modele oraz warstwy korygujące dla poszczególnych gatunków. Uwzględniono zmienne bioklimatyczne, miesięczne wartości temperatury, opadów i nasłonecznienia, wysokość nad poziomem morza, strefy klimatyczne oraz typy gleb.

Bardzo wysoką przydatność siedliska na rozległych obszarach Europy wykazano dla 17 gatunków, w tym *Halyomorpha halys*, *Leptoglossus occidentalis*, *Nezara viridula*, *Corythucha arcuata* i *Oxycarenus lavaterae*. W Polsce najwyższe wartości przydatności siedliska osiągało 15 gatunków, przy czym dla wielu z nich obszary szczególnie sprzyjające koncentrowały się w zachodniej i południowej części kraju oraz na Pobrzeżach Południowobałtyckich. Dla 36 spośród 40 analizowanych gatunków istotnym predyktorem była temperatura miesięcy późnojesiennych lub zimowych.

Powtarzalność tego wzorca wśród zróżnicowanych ekologicznie i taksonomicznie gatunków wskazuje, że warunki zimowe stanowią jeden z głównych filtrów środowiskowych ograniczających ich utrwalanie się na nowych obszarach. Łagodnienie zim może zatem sprzyjać dalszej ekspansji części badanych taksonów ku północnej i północno-wschodniej Europie. Opracowane mapy mogą wspierać monitoring fitosanitarny i faunistyczny poprzez wskazywanie obszarów wymagających intensywniejszych kontroli, wczesnego wykrywania gatunków obcych oraz ponownej weryfikacji izolowanych stwierdzeń.

Bibliografia:

- 1) Zielińska i Lis, *Monographs of the Upper Silesian Museum*, 2025, 27: 1–140.

BIODEGRADOWALNA WŁÓKNINA Z WARSTWĄ AKTYWNĄ DO ZADAŃ SPECJALNYCH

Madej-Kiełbik Longina, Gzyra – Jagieła Karolina, Jóźwik-Pruska Jagoda

Łukasiewicz-Łódzki Instytut Technologiczny, ul. M. Skłodowskiej – Curie 19/27, 90-570 Łódź

Email: longina.madej-kiełbik@lit.lukasiewicz.gov.pl

Rosnąca produkcja konwencjonalnych tworzyw sztucznych, która według prognoz do 2050 roku przekroczy 500 milionów ton rocznie, stanowi poważne zagrożenie dla ekosystemów ze względu na akumulację mikroplastiku i nieefektywne systemy utylizacji opierające się na składowaniu i spalaniu. Obiecującą alternatywę stanowią biodegradowalne polimery pochodzenia naturalnego, które w procesie rozkładu mikrobiologicznego konwertują do bezpiecznych dla środowiska związków: wody i dwutlenku węgla. Wykorzystanie odnawialnych zasobów pozwala na zamknięcie obiegu materii oraz redukcję globalnego śladu węglowego poprzez ograniczenie emisji gazów cieplarnianych i oszczędność surowców kopalnych.

Celem niniejszej pracy było wytworzenie innowacyjnej, biodegradowalnej włókniny oraz włókniny funkcjonalizowanej bioaktywną warstwą powierzchniową, a także ocena ich potencjału przeciwdrobnoustrojowego. Jako kluczowy komponent warstwy aktywnej zastosowano chitozan – naturalny polimer z grupy polisacharydów, znany ze swoich właściwości biokompatybilnych i filmotwórczych.

W ramach badań oceniono: aktywność mikrobiologiczną, biogodność oraz biodegradowalność wytworzonego materiału w środowisku kompostu. Analizy mikrobiologiczne wykazały, że czysta włóknina bazowa pozbawiona jest natywnych właściwości biotycznych. Z kolei aplikacja warstwy chitozanowej nadała kompozytowi silne działanie przeciwbakteryjne, wykazując wysoką efektywność w zwalczaniu patogenów *Staphylococcus aureus* oraz *Escherichia coli*. Opracowana biodegradowalna włóknina o właściwościach bioaktywnych stanowi wysoce obiecujący materiał do zadań specjalnych, m.in. w przemyśle opakowaniowym, medycynie czy rolnictwie, łącząc zaawansowaną funkcjonalność z dbałością o środowisko.

Postery

z uwzględnieniem wystąpień typu flash-poster

OTWARTE PYTANIA W ROZWIJAJĄCEJ SIĘ DZIEDZINIE GAZOKRYNOLOGII

Anbalagan Savani

Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Wydział Biologii,
Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Email: savanb@amu.edu.pl

Fizjologia, interakcje i role organizmów w ich lokalnych i ekologicznych niszach są ograniczone przez ich środowisko. Gazy, takie jak tlen, są głównymi czynnikami środowiskowymi, które mogą działać jako metaboliczne i enzymatyczne substraty, a także jako cząsteczki sygnałowe (Aono, 2017). W przeciwieństwie do ludzkiego receptora tlenu azotu (NO) czy roślinnych receptorów etylenu, nadal nie ma konsensusu co do tożsamości ludzkich receptorów tlenowych opartych na białkach. Aby zjednoczyć badaczy zajmujących się sygnalizacją opartą na różnych cząsteczkach gazowych, zaproponowałem ujednolicone terminy „sygnalizacja gazokrynnna” i „gazoreceptor” (Anbalagan, 2025a). W tym wystąpieniu wyjaśnię uzasadnienie hipotezy gazokrynnnej, która głosi, że wszystkie komórki wymagają sygnalizacji gazokrynnnej (Anbalagan, 2025b). Przedstawię fragmentaryczne, ale solidne podstawy rozwijającej się dyscypliny gazokrynnologii, omawiając niektóre z najważniejszych otwartych pytań w tej dziedzinie, w kontekście szybko zmieniającego się środowiska.

Bibliografia:

- 1) Aono, *Royal Society of Chemistry*, 2017.
- 2) Anbalagan, *Acta Biochim Pol.* 2025a, 72:15546.
- 3) Anbalagan, *Acta Biochim Pol.* 2025b, 72:15465.

ODPOWIEDŹ BIOLOGICZNA KOMÓREK ANDROGENONIEZALEŻNEGO RAKA PROSTATY NA DŁUGOTRWAŁĄ EKSPOZYCJĘ NA RELAKSYNĘ-2

Baczyńska Amelia, Wiertek-Płoszaj Natasza, Broszkiewicz Weronika, Domińska Kamila

Zakład Endokrynologii Porównawczej, Oddział Nauk Biomedycznych Wydziału Lekarskiego, Uniwersytet Medyczny w Łodzi, Żeligowskiego 7/9, 90-752, Łódź

Email: amelia.baczynska@stud.umed.lodz.pl

Rak prostaty jest jednym z najczęściej występujących nowotworów złośliwych u mężczyzn. W zaawansowanych stadiach choroby komórki raka prostaty mogą nabywać cechy androgenoniezależności, zmieniając swoją odpowiedź na czynniki regulujące ich przeżycie i funkcjonowanie. Jednym z czynników mogących modulować właściwości komórek raka prostaty jest relaksyna-2 (RLN2) – hormon peptydowy, którego obecność wykazano w tkance prostaty. W raku prostaty obserwowano zmiany ekspresji RLN2 w porównaniu z tkanką prawidłową, co wskazuje na potencjalny udział tego hormonu w regulacji funkcjonowania komórek nowotworowych (Neschadim i in., 2015; Feng i in., 2010).

Celem pracy była ocena wpływu relaksyny-2 na komórki linii DU145, stanowiące model androgenoniezależnego raka prostaty. W przeciwieństwie do większości dotychczasowych badań, koncentrujących się na krótkotrwałym działaniu RLN2, w niniejszej pracy oceniono skutki długotrwałej ekspozycji komórek na ten hormon peptydowy, trwającej 3 i 9 dni. Zastosowano dwa stężenia RLN2 (0,1 nM i 1 nM), co umożliwiło ocenę potencjalnej zależności pomiędzy dawką hormonu, a odpowiedzią komórek DU145. Wpływ RLN2 na komórki oceniano z wykorzystaniem testów MTT i Alamar Blue, pozwalającym na określenie aktywności metabolicznej komórek, oraz barwienia fioletem krystalicznym, umożliwiającym ocenę względnej liczby komórek pozostających w hodowli. Odnotowano zwiększenie sygnału w teście MTT, wskazujące na wzrost zdolności komórek do redukcji MTT. Jednocześnie zaobserwowano zmniejszenie biomasy komórkowej ocenianej metodą barwienia fioletem krystalicznym oraz obniżeniu sygnału w teście Alamar Blue, odzwierciedlającym zmniejszenie zdolności komórek do redukcji resazuryiny. Obserwowane różnice pomiędzy testami MTT i Alamar Blue wskazują na złożony wpływ RLN2 na aktywność komórek androgenoniezależnego raka prostaty i podkreślają znaczenie stosowania wieloparametrycznej oceny odpowiedzi komórkowej (Thanasupawat i in., 2019).

Finansowanie:

Praca została sfinansowana z grantu Uniwersytetu Medycznego w Łodzi nr 503/0-078-04/503-01-001

Bibliografia:

- 1) Neschadim i in., *International Journal of Cancer*, 2015, 137(10): 2287-95.
- 2) Feng i in., *Endocrine-Related Cancer*, 2010, 17(4): 1021-33.
- 3) Thanasupawat i in., *Molecular and Cellular Endocrinology*, 2019, 487: 85-93.

AKTYWNOŚĆ DEHYDROGENAZY ALKOHOLOWEJ W KOMÓRKACH DROŻDŻY Z ZABURZONYM POTENCJAŁEM REDOKS GLUTATIONU

Bednarska Sabina, Kopciuch Magdalena, Janeczko Agnieszka, Przywara Michał, Maślanka Roman,
Kwolek-Mirek Magdalena

Zakład Biochemii i Biologii Komórki, Wydział Biologii, Ochrony Przyrody i Zrównoważonego Rozwoju,
Uniwersytet Rzeszowski, ul. Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów

Email: sbednarska@ur.edu.pl, mk127735@stud.ur.edu.pl

Funkcjonowanie układu glutationowego w komórkach zależy przede wszystkim od redukcji utlenionej formy glutationu GSSG do postaci zredukowanej GSH przez reduktazę glutationową (GR) oraz syntezy GSH *de novo*. Komórki drożdży *Saccharomyces cerevisiae* pozbawione genu kodującego reduktazę glutationową (*GLR1*) wykazują znacznie wyższą zawartość GSSG, a tym samym znacznie obniżony stosunek stężeń zredukowanego i utlenionego glutationu oraz zwiększoną ekspresję genu *GSH1* i aktywność γ -glutamylcysteinylo-syntetazy jako mechanizm kompensacyjny (Janeczko i in. 2023). Takie zaburzenia wewnątrzkomórkowej homeostazy redoks mogą skutkować brakiem skutecznej odpowiedzi komórek szczepu $\Delta glr1$ w reakcji na niektóre czynniki stresowe m.in. ekspozycję na czynniki elektrofilowe. Brak reduktazy glutationowej i spowodowane nim zaburzenie potencjału redoks glutationu wpływają również na stan redoks białek zawierających grupy tiolowe. Całkowita zawartość grup tiolowych białek i glutationu w komórkach szczepu $\Delta glr1$ jest obniżona w porównaniu ze szczepem dzikim (Janeczko i in. 2023).

Celem tej pracy było określenie aktywności dehydrogenazy alkoholowej (ADH), białka zależnego od grup tiolowych i niezwiązanego bezpośrednio z utrzymaniem potencjału redoks. Dehydrogenazy alkoholowe są enzymami katalizującymi odwracalną redukcję aldehydu octowego do etanolu z NADH z kofaktorem. Uzyskane wyniki oznaczenia aktywności dehydrogenazy alkoholowej w różnych fazach wzrostu komórek drożdży – fazie późnologicznej (16 h hodowli, metabolizm fermentacyjny) oraz stacjonarnej (24 h hodowli, metabolizm oddechowy), pokazują znaczące różnice w aktywności tego enzymu pomiędzy szczepem pozbawionym reduktazy glutationowej i szczepem dzikim w oznaczeniu z użyciem etanolu i NAD⁺ jako substratów, natomiast znacznie mniejsze w oznaczeniu z użyciem aldehydu octowego i NADH jako substratów. Zaobserwowane różnice nie wynikały z ilości wyprodukowanego białka enzymatycznego oznaczonego techniką western blot, a jedynie z jego różnej aktywności. Wyznaczono również parametry kinetyczne ADH w reakcji z etanolem i NAD⁺ jako substratami, które również różniły się znacząco, ok. dwukrotnie zwiększona była stała Michaelisa dla szczepu $\Delta glr1$ w fazie późnologicznej. Pula kofaktorów pirydynowych wykorzystywanych do reakcji dehydrogenaz różniła się w szczepie $\Delta glr1$, szczególnie znacząco zawartością NADH, co może wynikać ze zmniejszonej aktywności ADH. Ratio poszczególnych par kofaktorów jest znacznie zmniejszone w mutancie $\Delta glr1$. Uzyskane wyniki wskazują, że ADH w szczepie $\Delta glr1$ nie jest w pełni aktywna, co może mieć związek z zaburzeniem potencjału redoks glutationu w tym szczepie.

Finansowanie:

Badania zostały częściowo dofinansowane ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

Bibliografia:

- 1) Janeczko i in., *Fungal Genetics and Biology*, 2023, 167, 103810

EKSPANSJA *AMBROSIA ARTEMISIIFOLIA* L. NA PODKARPACIU – NOWE STANOWISKA = NOWE RYZYKO ALERGICZNE?

Brewka Julia¹, Rybak Mateusz², Kasprzyk Idalia¹

¹ Katedra Biotechnologii Analitycznej, Wydział Biotechnologii, Uniwersytet Rzeszowski, ul. Aleksandra
Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów

² Badacz niezależny

Email: jbrewka@ur.edu.pl

Ambrosia artemisiifolia L. (ambrozja bylicolistna) jest jednorocznym, anemofilnym gatunkiem inwazyjnym o wysokim potencjale alergizującym. Wartości stężeń pyłku związanych z występowaniem objawów klinicznych różnią się między badaniami i populacjami; reakcje u osób uczulonych opisywano już przy 5–20 ziarnach/m³, natomiast w polskich analizach aerobiologicznych ≥ 10 ziaren/m³ uznawano za wysokie stężenie. Ma to szczególne znaczenie w południowo-wschodniej Polsce, gdzie Rzeszów należał do stanowisk o największej średniej liczbie dni ze stężeniem ≥ 10 ziaren/m³, dotychczas wiązany głównie z transportem dalekiego zasięgu z południa i wschodu Europy (Stępalska i in., 2020). Celem pracy było udokumentowanie nowych stanowisk *A. artemisiifolia* w województwie podkarpackim, wskazanie prawdopodobnych antropogenicznych dróg introdukcji oraz ocena ich znaczenia jako lokalnych źródeł ekspozycji alergennej. W latach 2024–2026 stwierdzono nowe stanowiska w Rzeszowie i okolicach, w Domaradzu, w rejonie Woli Komborskiej i Komborni, w Bolestraszcach, w Żurawicy oraz w Czudcu. Większość populacji liczyła do kilkunastu osobników, często rozmieszczonych liniowo wzdłuż dróg. W Rzeszowie wszystkie obserwowane stanowiska znajdowały się bezpośrednio przy karmnikach dla ptaków, gdzie notowano młode siewki, co wskazuje na możliwość introdukcji diaspor wraz z zanieczyszczonymi mieszkankami nasion. Żywotne nasiona *A. artemisiifolia* wykrywano w Europie w komercyjnej karmie dla ptaków mimo obowiązujących limitów zanieczyszczenia (Monty i in., 2022). Znaczenie nowych populacji lokalnych może być większe, niż sugeruje ich niewielka liczebność, ponieważ emisja miejscowa nakłada się na regionalne tło pyłkowe. Analogiczny proces opisano w Krakowie, gdzie stwierdzeniu nowych stanowisk towarzyszył wzrost sezonowego indeksu pyłkowego (SPIn) i liczby dni z wysokimi stężeniami, wskazując na rosnący udział źródeł lokalnych w ekspozycji mieszkańców (Górecki i in., 2026). Rosnąca liczba stanowisk *A. artemisiifolia* na Podkarpaciu może zatem prowadzić do przejścia od ekspozycji zdominowanej przez transport dalekiego zasięgu do ekspozycji łączącej napływ regionalny z lokalną emisją pyłku, zwiększając częstość i czas występowania stężeń istotnych klinicznie.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Ministra Nauki (RP) w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

Bibliografia:

- 1) Stępalska i in., *Science of the Total Environment*, 2020, 736: 139615.
- 2) Górecki i in., *Aerobiologia*, 2026, 42: 7.
- 3) Monty i in., *Biotechnologie, Agronomie, Société et Environnement*, 2022, 26(S): 275–278.

**WPLYW NANOCZĄSTEK ŻELAZA I KOBALTU ORAZ OLEJKÓW ETERYCZNYCH SZALWII
LEKARSKIEJ (*SALVIA OFFICINALIS* L.) I LAWENDY WĄSKOLISTNEJ (*LAVANDULA
ANGUSTIFOLIA* L.) NA DROŹDŻE *CANDIDA ALBICANS* I *CANDIDA GLABRATA***

Panek Julia¹, Kubat Iwona¹, Pązik Robert², Tomaszewska Anna², Cichoński Jan¹,
Pieszko Weronika¹, Chrzanowski Grzegorz¹

¹Katedra Biotechnologii Molekularnej, Wydział Biotechnologii, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski,
ul. Zelwerowicza 8B, 35-601 Rzeszów;

²Zakład Biotechnologii Biomateriałów i Nanomateriałów Funkcjonalnych, Wydział Biotechnologii, Collegium
Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, ul. prof. Stanisława Pigonia 1, 35-310 Rzeszów

Email: gchrzanowski@ur.edu.pl

Mikroorganizmy, zasiedlając różnorodne środowiska oraz oddziałując z organizmem żywiciela, wytworzyły biochemiczne mechanizmy ułatwiające im przeżycie i transmisję, często w niesprzyjających warunkach. Ponadto, mechanizmy te przyczyniają się do ich znacznej szkodliwości w stosunku do roślin, zwierząt, a zwłaszcza człowieka. Badania ostatnich lat wskazują, że niektóre szczepy z rodzaju *Candida* stanowią patogeny inwazyjne, przyczyniające się do poważnych infekcji, zwłaszcza w warunkach szpitalnych. Światowa Organizacja Zdrowia opracowała w 2022 roku raport (WHO 2022), który po raz pierwszy dokonał klasyfikacji patogenów grzybiczych. Drożdże *Candida albicans* zaliczone zostały do pierwszej grupy inwazyjności patogenów, razem z *Candida auris*. Z kolei, *Candida glabrata* zaklasyfikowana została do grupy o wysokiej patogenności. Ponadto, Abe i in. (2024) dodaje, że infekcje grzybicze, wywołane przez *C. albicans* i *C. glabrata* przyczyniają się do śmiertelności porównywalnej z gruźlicą czy malarią.

Dlatego też, uwzględniając rosnącą świadomość społeczną oraz poszukiwanie substancji naturalnych efektywnie oddziałujących na mikroorganizmy patogenne, celem pracy było zbadanie właściwości wybranych nanocząstek magnetycznych (kobaltu, CoFe_2O_4 i żelaza, Fe_3O_4) oraz olejków eterycznych izolowanych z szalwii lekarskiej (*Salvia officinalis* L.) i lawendy wąskolistnej (*Lavandula angustifolia* L.) metodą hydrodestylacji w stosunku do *C. albicans* oraz *C. glabrata*.

Uzyskane wyniki dowiodły, że testowane olejki hamowały proliferację komórek drożdży z rodzaju *Candida*, jak również charakteryzowały się wysoką toksycznością w stosunku do tych patogenów. Z kolei, analiza oddziaływania nanocząstek magnetycznych na drożdże *C. albicans* i *C. glabrata* wykazała, że nanocząstki słabiej wpływały na komórki testowanych drożdży niż olejki eteryczne, a ponadto uzyskanie wysokiego efektu toksycznego przez nanocząstki żelaza wymagało zastosowania wysokiego ich stężenia.

Finansowanie:

Badania dofinansowano ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

Bibliografia:

- 1) Abe i in., *Journal of Medical Mycology*, 2024, 65: 67–74.
- 2) WHO, 2022. WHO fungal priority pathogens list to guide research, development and public health action.

MARCHANTIA POLYMORPHA JAKO ORGANIZM MODELOWY DO BADANIA KOMÓRKOWYCH I MOLEKULARNYCH ODPOWIEDZI NA STRES INDUKOWANY TOKSYCZNYMI METALOIDAMI

Dombka Julia, Wysocki Robert, Maciaszczyk-Dziubińska Ewa

Zakład Genetyki i Fizjologii Komórki, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski,
50-328 Wrocław

Email: 351566@uwr.edu.pl

Wprowadzenie i cel badań: Arsenit i antymonit są toksycznymi metaloidami powszechnie występującymi w wodzie i żywności, stanowiącymi poważne zagrożenie zarówno dla środowiska, jak i dla zdrowia człowieka. Badanie molekularnych mechanizmów detoksykacji metaloidów za pośrednictwem roślinnych transporterów ACR3 ma kluczowe znaczenie dla opracowania strategii ograniczających zanieczyszczenie środowiska. W niniejszym badaniu przeanalizowaliśmy tolerancję oraz odpowiedź komórkową wątrobowca *Marchantia polymorpha* na stres wywołany arsenitem i antymonitem, aby ocenić jego potencjał jako organizmu modelowego w badaniach nad detoksykacją metaloidów.

Metody: Wykorzystując testy akumulacji metaloidów, analizy fenotypowe oraz analizy ekspresji (qPCR i Western blotting), zbadaliśmy funkcjonalną rolę MpACR3, ortologa ACR3 u *M. polymorpha*.

Wyniki: Analiza mutacyjna wykazała, że pojedyncza substytucja aminokwasu w C-końcowej domenie cytozolowej MpACR3 prowadziła do zmniejszenia akumulacji antymonu w porównaniu z białkiem typu dzikiego, co pośrednio wskazuje na zwiększoną aktywność eksportową białka. Wyniki te sugerują zmianę specyficzności substratowej transportera, ponieważ MpACR3 typu dzikiego preferencyjnie pośredniczy w tolerancji na arsenit.

Wnioski: Chociaż konieczne są dalsze badania w celu oceny możliwości wykorzystania tych obserwacji na większą skalę, uzyskane wyniki stanowią molekularną podstawę do inżynierii linii *M. polymorpha* zoptymalizowanych pod kątem ukierunkowanej fitoremediacji środowisk zanieczyszczonych metaloidami.

FIZJOLOGICZNE ODPOWIEDZI POROSTÓW W PRZEKSZTAŁCAJĄCEJ SIĘ TUNDRZE SVALBARDU

Dziurówicz Patrycja^{1, 2}, Fałowska Patrycja^{1, 2}, Waszkiewicz Karolina^{1, 2}, Węgrzyn Michał²

¹Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych, Uniwersytet Jagielloński, ul. prof. St. Łojasiewicza 11, 30-348 Kraków

² Instytut Botaniki, Wydział Biologii, Uniwersytet Jagielloński, ul. Gronostajowa 3, 30-387

Email: patrycja.dziurowicz@uj.edu.pl

Arktyka należy do regionów najszybciej reagujących na zmiany klimatu. Na Svalbardzie ocieplenie nasila zazielenianie tundry, czyli wzrost produktywności, biomasy lub pokrycia roślinności (Karlsen i in., 2024). Rozwój zwartej roślinności naczyniowej może ograniczać dopływ promieniowania przy gruncie, zwiększać akumulację ściółki oraz zmieniać mikroklimat warstwy kryptogamicznej (Aartsma i in., 2021). Porosty są symbiotycznymi układami tworzonymi przez grzyba (mykobionta) i partnera fotosyntetycznego – glon lub sinicę (fotobionta). Jako organizmy poikilohydryczne zależą od dostępności wody, światła i temperatury. Odpowiedź porostu może obejmować zarówno związki fotoprotekcyjne mykobionta, jak i regulację pigmentów fotobionta (Dziurówicz i in., 2025). Nie wiadomo, czy oba komponenty reagują na środowisko spójnie, czy częściowo niezależnie. Celem badań było porównanie zawartości kwasu usninowego i profili pigmentowych *Cladonia mitis* oraz *Foveolaria nivalis* wzdłuż gradientów środowiskowych Svalbardu.

Badania objęły 16 stanowisk w Adventfjorden i Hornsundzie. Strukturę roślinności, właściwości gleby, temperaturę powierzchni gruntu i światło połączono z wynikami UHPLC–MS/MS, mikroskopią, analizą głównych składowych i modelami mieszanymi. Adventfjorden i Hornsund różniły się pod względem dostępności światła, zawartości węgla organicznego w glebie, pH oraz stosunku pokrycia roślin naczyniowych do porostów naziemnych. Różnice między regionami wyjaśniały jednak tylko 18,1% całkowitej zmienności środowiskowej, co wskazuje na znaczne zróżnicowanie stanowisk również w obrębie każdego regionu.

Zawartość kwasu usninowego była około dwukrotnie wyższa w Adventfjorden u obu gatunków, bez interakcji gatunek × obszar. *F. nivalis* miała grubą korę górną ze zwartą warstwą kryształów kwasu usninowego, natomiast *Cl. mitis* – cieńszą korę i rozproszone kryształy. Profile pigmentowe reagowały gatunkowo swoiście: zmiany chlorofili i karotenoidów wzdłuż gradientów wystąpiły głównie u *Cl. mitis*. Łączna odpowiedź była większa u tego gatunku w 98,95% iteracji bootstrapu. Kwas usninowy odzwierciedlał zatem wspólną odpowiedź środowiskową, a profile pigmentowe ujawniały odmienne strategie fotobionta. Integracja obu grup wskaźników umożliwia pełniejszą ocenę fizjologicznych reakcji porostów na przekształcanie arktycznej tundry.

Bibliografia:

- 1) Karlsen i in., *Science of The Total Environment*, 2024, 1, 945: 174130.
- 2) Aartsma i in., *Biogeosciences*, 2021, 18(5): 1577-1599.
- 3) Dziurówicz i in., *Ecological Indicators*, 2025, 178: 113959.

NOSH-A, WIELOSKŁADNIKOWY DONOR CZĄSTECZEK SYGNAŁOWYCH, INDUKUJE SYSTEMICZNĄ ODPORNOŚĆ NABYTĄ ZIEMNIAKA WZGLĘDEM *PHYTOPHTHORA INFESTANS*

Florkowski Łukasz¹, Gajewska Joanna¹, Gohari Gholamreza², Vassilis Fotopoulos²,
Arasimowicz-Jelonek Magdalena¹

¹Zakład Ekofizjologii Roślin, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu,
ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań;

² Department of Agricultural Sciences, Biotechnology and Food Science, Cyprus University of Technology
Limassol, Archiepiskopou Kyprianou 30, Limassol 3036, Cypr

Email: lukflo3@st.amu.edu.pl

Rosnące zapotrzebowanie na zrównoważone metody ochrony roślin napędza poszukiwania nowych związków zdolnych do zwiększania odporności roślin względem patogenicznych mikroorganizmów. W ramach prowadzonych aktualnie badań zweryfikowano wpływ związku NOSH-A – donora tlenu azotu (NO), siarkowodoru (H₂S) i kwasu salicylowego (SA) – na indukcję systemicznej odporności nabytej (SAR) u ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.) względem *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary – lęgniowca wywołującego zarazę ziemniaka. Celem badań było zatem określenie, czy NOSH-A może skutecznie uruchamiać systemiczne reakcje obronne u roślin, w których istotną rolę odgrywają wszystkie trzy cząsteczki uwalniane przez ten donor.

Do doświadczeń wykorzystano rośliny ziemniaka odmiany Bintje, skrajnie podatnej na infekcję *P. infestans*. Dolne liście roślin opryskiwano roztworem NOSH-A, pozostawiano na 48 godzin w celu ukonstytuowania *primingu*, po czym zarówno liście traktowane, jak i dystalne izolowano i inokulowano zawiesiną zarodników *P. infestans*; materiał pobierano po 6, 24, 48 i 72 godzinach po inokulacji (*hpi*). Skuteczność indukcji SAR oceniano na podstawie poziomu ekspresji genów markerowych *PR1*, *PR2*, *PR3* oraz *NPR1*. Rozwój patogenu *in planta* monitorowano poprzez analizę ekspresji genu *PiTEF* oraz fenotypową ocenę objawów chorobowych na inokulowanych liściach. Ponadto, ze względu na kluczową rolę NO w sygnalizacji odpornościowej roślin, oznaczono jego zawartość w tkankach liści przy użyciu urządzenia Chemiluminescence Nitric Oxide Analyzer.

Wstępne wyniki wskazują, że traktowanie NOSH-A ogranicza rozwój patogenu oraz zwiększa ekspresję genów markerowych związanych z SAR. Ponadto *priming* indukowany przez NOSH-A prowadził do zwiększenia poziomu NO, natomiast w 24 *hpi* jego poziom ulegał istotnemu obniżeniu, co podkreśla rolę unikatowych wzorców kinetyki generowania NO w sygnalizacji prowadzącej do skutecznej immunizacji roślin. Uzyskane do tej pory wyniki wskazują na wysoki potencjał wieloskładnikowych donorów gazoprzebiegów jako innowacyjnych induktorów SAR i obiecujących narzędzi do opracowania nowych, zrównoważonych strategii ochrony roślin. Podkreślają również potrzebę dalszych badań nad skoordynowaną rolą NO, H₂S i SA w regulacji odpowiedzi odpornościowej roślin.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków projektu "Inicjatywa Doskonałości - Uczelnia Badawcza", nr wniosku: 201/34/UAM/0143

WPŁYW WARUNKÓW ŚWIETLNYCH NA UCZENIE KONTEKSTOWE U RYBY (*POECILIA RETICULATA*) I OWADA WODNEGO (*NOTONECTA GLAUCA*)

Fudali Alicja, Koperski Paweł

Zakład Hydrobiologii, Instytut Ekologii, Uniwersytet Warszawski, Centrum Nauk Biologiczno-Chemicznych,
Żwirki i Wigury 101, 02-089 Warszawa, Polska

Email: a.fudali@uw.edu.pl

Światło jest jednym z kluczowych czynników środowiskowych wpływających na aktywność, żerowanie i podejmowanie decyzji przez zwierzęta. Jego natężenie naturalnie zmienia się w czasie i przestrzeni, jednak coraz częściej warunki te są zaburzane przez sztuczne oświetlenie. Może to zmieniać nie tylko codzienną aktywność zwierząt, ale również sposób, w jaki odbierają i wykorzystują informacje z otoczenia. Celem badania było porównanie uczenia kontekstowego u dwóch odległych ewolucyjnie gatunków wodnych - gupika *Poecilia reticulata* i pluskolca *Notonecta glauca* - oraz sprawdzenie czy warunki świetlne i różnice między osobnikami wpływają na przebieg uczenia.

Badaniami objęto 21 osobników *N. glauca* i 27 osobników *P. reticulata*. Każdy osobnik uczestniczył w 20 próbach w akwarium w kształcie litery T, prowadzonych naprzemiennie przy wysokim i niskim natężeniu światła. Lokalizacja nagrody pokarmowej była związana z połączeniem warunków świetlnych i barwy znacznika. Rejestrowano czas do rozpoczęcia poszukiwania pokarmu, czas wejścia do właściwego ramienia labiryntu, spędzony w miejscu nagradzanym oraz aktywność eksploracyjną.

Oba gatunki nauczyły się wykorzystywać informacje o otoczeniu: wraz z kolejnymi próbami szybciej docierały do właściwego ramienia i dłużej pozostawały w miejscu, w którym znajdowała się nagroda. Wpływ światła był jednak różny u obu gatunków. U *P. reticulata* czas do rozpoczęcia żerowania zmniejszał się wyraźniej przy wysokim natężeniu światła niż przy niskim oświetleniu. U *N. glauca* natomiast poprawa wyników uczenia zachodziła niezależnie od warunków świetlnych. Jest to szczególnie interesujące, ponieważ *N. glauca* jest drapieżnikiem w dużym stopniu wykorzystującym wzrok podczas polowania. Brak wyraźnego wpływu natężenia światła może wskazywać, że gatunek ten dobrze radzi sobie w szerokim zakresie warunków oświetlenia lub podczas rozwiązywania zadania korzysta także z innych informacji sensorycznych.

U obu gatunków zaobserwowaliśmy również różnice międzyosobnicze. U *N. glauca* wszystkie osobniki zaklasyfikowane jako śmiałe należały do szybko uczących się, jednak wszystkie były samcami, zatem nie możemy jednoznacznie rozdzielić wpływu osobowości i płci. Wśród bardziej ostrożnych osobników obserwowaliśmy zarówno szybkie, jak i wolne tempo uczenia. U *P. reticulata* związek między osobowością osobnika a szybkością uczenia był mniej wyraźny.

Wyniki wskazują, że zdolność uczenia kontekstowego może być podobna u obu gatunków, natomiast znaczenie warunków świetlnych dla przebiegu uczenia może się między nimi różnić. Wyniki te mogą pomóc w ocenie wpływu zmian środowiska świetlnego na zachowanie organizmów wodnych.

WIELKOŚĆ KOMÓRKI A ORGANIZACJA WAKUOLI U DROŻDŻY HODOWANYCH W WARUNKACH RÓŻNEJ DOSTĘPNOŚCI GLUKOZY

Folta Justyna, Zadrąg-Tęcza Renata

Zakład Biochemii i Biologii Komórki, Wydział Biologii, Ochrony Przyrody i Zrównoważonego Rozwoju,
Uniwersytet Rzeszowski, Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów, Polska

Email: jf122272@stud.ur.edu.pl

Zachowanie odpowiedniego rozmiaru komórki jest szczególnie istotne, ze względu na powiązanie tego parametru z wieloma procesami, wśród których można wymienić transport oraz podział komórkowy. Regulacja zachodzi na wielu poziomach i pod wpływem wielu czynników, wśród których istotną rolę odgrywają czynniki metaboliczne, kształtowane przez dostępność źródeł węgla w środowisku. Przy ograniczeniu dostępności składników odżywczych, komórki osiągają mniejsze rozmiary w porównaniu z tymi hodowanymi w warunkach nadmiaru kalorii (Maślanka i in. 2017). Wraz ze zmianą rozmiaru komórki skalowane są wielkości organelli oraz procesy biochemiczne, jednak przy nadmiernym wzroście takie regulacje mogą być niewystarczające, czego skutkiem jest rozcieńczenie cytoplazmy prowadzące do szeregu dysfunkcji i ograniczenia sprawności fizjologicznej, a tym samym zdolności proliferacyjnych komórek (Zadrąg-Tęcza i in., 2009; Marguerat i in., 2012). Odpowiedzią na te ograniczenia jest zmiana wewnątrzkomórkowa dotycząca przede wszystkim systemu wakuolarnego komórki.

Celem niniejszej pracy było ustalenie, czy zmiany wielkości komórki, dostępności glukozy w środowisku hodowlanym i sposobu jej metabolizowania wpływają na parametry morfologiczne oraz organizację wakuoli w komórkach. Wykorzystując komórki drożdży *Saccharomyces cerevisiae* szczepu dzikiego oraz komórki szczepu o niefunkcjonalnych mitochondriach (rho0), przeprowadzono analizę stosunku jądrowo-cytoplazmatycznego, organizacji systemu wakuolarnego, sprawności fizjologicznej wakuoli oraz akumulacji granul lipidowych. Wyniki wykazały, że organizacja systemu wakuolarnego stanowi adaptacyjną odpowiedź komórki na zmiany wielkości. Wraz ze zwiększającymi się rozmiarami komórki wzrasta zarówno liczba wakuoli, jak i łączna powierzchnia przez nie zajmowana, natomiast dostępność glukozy w znaczącym stopniu wpływa jedynie na wielkość tych organelli. Rozmiar komórki, stężenie glukozy w środowisku oraz typ metaboliczny wpływają również na zakwaszenie wakuoli i liczbę granul lipidowych stanowiących materiał zapasowy. Uzyskane dane mogą pomóc w zrozumieniu mechanizmów pozwalających komórkom o zwiększonych rozmiarach utrzymać sprawność fizjologiczną oraz aktywność proliferacyjną.

Bibliografia:

- 1) Maślanka i in., *FEMS Yeast Research*, 2017, 17(8).
- 2) Marguerat i in., *Cell*, 2012, 151(3): 671-683.
- 3) Zadrąg-Tęcza i in., *Biogerontology*, 2009, 10(4): 481-488.

CYTOTOKSYCZNOŚĆ PYŁÓW ZAWIESZONYCH JAKO WSKAŹNIK JAKOŚCI POWIETRZA W WOJEWÓDZTWIE PODKARPACKIM

Kus-Liśkiewicz Małgorzata¹, Broda Martyna¹, Sikorowicz Aleksandra¹, Gawęł Justyna¹, Jagusztyn Bartosz¹, Puchalska Anna²

¹ Wydział Biotechnologii, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, ul. Pigonia 1, 35-310 Rzeszów, Polska

² Główny Inspektorat Ochrony Środowiska, ul. Langiewicza 28, 35-101 Rzeszów, Polska

Email: justynaga@dokt.ur.edu.pl

Pyły zawieszone (PM) stanowią jedno z głównych zanieczyszczeń powietrza i mogą negatywnie wpływać na zdrowie człowieka. Udowodniono, że cząstki PM_{2.5} i PM₁₀ mogą przedostawać się do organizmu przez układ oddechowy i pokarmowy, a także osadzać się na skórze. W związku z tym samo oznaczanie ich stężenia w powietrzu nie jest wystarczające do pełnej oceny potencjalnego ryzyka dla zdrowia. Niezbędne jest również badanie ich wpływu biologicznego, w szczególności oddziaływania na funkcjonowanie i przeżywalność komórek.

Celem niniejszego badania była ocena cytotoksyczności pyłów zawieszonych PM_{2.5} i PM₁₀ pobranych z pięciu miast województwa podkarpackiego, reprezentujących obszary miejskie, przemysłowe oraz uzdrowiskowe. Ponieważ sposób ekstrakcji może wpływać na skład chemiczny, a w konsekwencji na toksyczność uzyskanych ekstraktów, zastosowano dwa uzupełniające się podejścia ekstrakcyjne. Z pobranych próbek pyłu wyizolowano frakcje rozpuszczalne w wodzie oraz frakcje organiczne, które następnie poddano analizie - ze szczególnym uwzględnieniem ich wpływu na żywotność komórek oraz indukcję apoptozy.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1

Bibliografia:

- 1) Wang i in., *International Journal of Medical Sciences*, 2021, 18(4): 1024-1029.
- 2) Yan i in., *Toxics*, 2024, 12(1): 21.
- 3) Thangavel i in., *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2022, 19(12): 7511.

KREDOWY BIO-RESPONSE RODZAJU *HELIUS*: GWAŁTOWNA RADIACJA ADAPTACYJNA MUCHÓWEK JAKO ODPOWIEDŹ NA EKSPANSJĘ ANGIOSPERMAE

Paskal Górecki, Iwona Kania-Kłosok

¹Wydział Biologii, Ochrony Przyrody i Zrównoważonego Rozwoju,
Zakład Paleobiologii i Entomologii Uniwersytetu Rzeszowskiego
ul. Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów, Polska

Email: pgorecki@ur.edu.pl

Okres kredowy, czas zmięczenia dinozaurów, zaznaczył się w historii Ziemi głębokimi przekształceniami ekosystemów lądowych, napędzanymi ekspansją roślin okrytonasiennych (Angiospermae). Ta ewolucyjna reorganizacja flory doprowadziła do powstania nowych nisz ekologicznych oraz do gwałtownej radiacji adaptacyjnej wielu grup owadów, w tym muchówek z rodzaju *Helius* (Diptera, Limoniidae). Najnowsze odkrycia dowodzą, że owady te, współcześnie ściśle powiązane z roślinami kwiatowymi, już na początku kredy przystosowały się do nowego spektrum pokarmowego. Mniej lub bardziej wydłużona część aparatu gębowego tzw. rostrum służy dziś muchówkom z rodzaju *Helius* najprawdopodobniej do pozyskiwania nektaru. Już u najstarszych przedstawicieli rodzaju *Helius*, np. *Helius ewa* Krzemiński, Kania and Azar, 2014 czy *Helius lebanensis* Kania, Krzemiński and Azar, 2013, gatunków opisanych na podstawie inkluzji we wczesnokredowym bursztynie libańskim (barrem, ok. 130 Ma) rostrum było wyraźnie wydłużone. Sygaczowate z rodzaju *Helius* musiały wówczas przejść gwałtowną radiację adaptacyjną. Wśród eoceńskich przedstawicieli rodzaju spotykamy dużą różnorodność form biologicznych z wyraźną przewagą gatunków o znacznie wydłużonym rostrum (Kania, 2014). Odkrycia gatunków z kredowego bursztynu hiszpańskiego (Alb, 105 Ma) (np. *Helius turolensis* Kania-Kłosok, Krzemiński and Arillo, 2021), potwierdzają stopniowe utrwalanie się i dywersyfikację tych cech morfologicznych, a rodzaj *Helius* stanowi modelowy przykład mezozoicznej koewolucji owadów i roślin.

Bibliografia:

- 1) Krzemiński, Kania and Azar, *Cretaceous Research*, 2014, 48: 96–101.
- 2) Kania, Krzemiński and Azar, *Insect System. Evolut.*, 2013, 44: 231–238.
- 3) Kania, *Zootaxa*, 2014, 3814(3): 333–352.
- 4) Kania-Kłosok, Krzemiński and Arillo, *Scientific Reports*, 2021, 11:12851.

DESTABILIZACJA CHROMATYNY PODCZAS STRESU REPLIKACYJNEGO I PRZEDWCZESNEJ KONDENSACJI CHROMOSOMÓW W MERYSTEMATYCZNYCH KOMÓRKACH KORZENI *VICIA FABA*

Grela Wiktoria^{1,2,3}, Rybaczek Dorota²

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

² Uniwersytet Łódzki, Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Przyrodniczych, ul. Banacha 12/16, 90-237 Łódź

³ Uniwersytet Łódzki, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Studenckie Koło Naukowe Biologów, Sekcja Biologii Komórki HOMUNCULUS

Email: wiktoria.grela@edu.uni.lodz.pl, dorota.rybaczek@biol.uni.lodz.pl

Niestabilność chromosomowa (CIN) odzwierciedla zmiany w strukturze i/lub liczbie chromosomów w odpowiedzi na nieprawidłowości związane z replikacją DNA, procesem kondensacji chromatyny oraz przebiegiem segregacji chromosomów w mitozie. Konsekwencją CIN są m.in. pęknięcia DNA i fragmentacja chromosomów, powstawanie mostów chromosomowych i mikrojąder. W komórkach roślinnych CIN może dodatkowo wiązać się ze zmianami poziomu ploidalności i wynikającymi z nich zaburzeniami równowagi genomowej.

W kontekście indukcji CIN szczególne znaczenie ma stres replikacyjny oraz wymuszenie przedwcześnie kondensacji chromosomów (PCC) w warunkach niezakończonych replikacji DNA. W niniejszej pracy wykorzystano komórki merystematyczne korzeni *Vicia faba* jako model do analizy zależności pomiędzy stresem replikacyjnym, PCC i indukcją CIN.

Stres replikacyjny indukowano wpływem hydroksymocznika (HU), natomiast PCC wywoływano poprzez zastosowanie kofeiny (CF). W wybranych wariantach doświadczenia dodatkowo stosowano EDTA lub BAPTA w celu modulowania dostępności jonów Ca^{2+} i Mg^{2+} . Komórki merystematyczne analizowano po barwieniu metodą Feulgena z wykorzystaniem mikroskopii świetlnej oraz metod obrazowania (m.in. analiza obrazu w programie ImageJ). Oceniano indeks mitotyczny, częstość aberracji mitotycznych, udział poszczególnych fenotypów PCC (G2-PCC vs. S-PCC – ze szczególnym uwzględnieniem frakcji chromosomów maksymalnie pofragmentowanych typu PALCC) oraz przestrzenne rozmieszczenie i gęstość chromatyny.

Uzyskane wyniki wskazują, że stres replikacyjny nie tylko zaburza przebieg cyklu komórkowego, ale również prowadzi do głębokich zmian w organizacji chromatyny, które stają się szczególnie widoczne po wymuszeniu PCC. Dodatkowe zaburzenie dostępności jonów Ca^{2+} i Mg^{2+} nasilało nieprawidłowości strukturalne, wskazując na znaczący udział utrzymania homeostazy jonowej w prawidłowej organizacji chromatyny i stabilności chromosomów. Otrzymane wyniki wskazują, że połączenie stresu replikacyjnego i zniesienia kontroli przejścia S–M stanowi skuteczny model do badania mechanizmów prowadzących od zaburzeń organizacji chromatyny do niestabilności genomu.

BAKTERIE PROBIOTYCZNE W BIOSYNTEZIE WYBRANYCH NANOCZĄSTEK METALI

Januś Ewa¹, Święciło Agata², Krzepińko Anna³

¹Katedra Hodowli i Ochrony Zasobów Genetycznych Bydła, Wydział Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin

²Katedra Biologii Środowiskowej, Wydział Agrobioinżynierii, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Leszczyńskiego 7, 20-069 Lublin

³Katedra Biotechnologii, Mikrobiologii i Żywnienia Człowieka, Wydział Nauk o Żywności i Biotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Skromna 8, 20-704 Lublin

Email: ewa.janus@up.edu.pl, agata.swiecilo@up.edu.pl

Biosynteza nanocząstek metali z wykorzystaniem mikroorganizmów stanowi obiecującą alternatywę dla metod chemicznych i fizycznych. Szczególne zainteresowanie budzą bakterie probiotyczne, zwłaszcza bakterie kwasu mlekowego (LAB), zdolne do redukcji jonów metali oraz stabilizacji powstających nanostruktur (Bahrulolum i in., 2021). Celem pracy było przedstawienie aktualnego stanu wiedzy dotyczącego udziału bakterii probiotycznych w biosyntezie nanocząstek metali i tlenków metali oraz omówienie możliwości ich praktycznego wykorzystania.

Biosynteza może zachodzić zarówno wewnątrz- jak i zewnątrzkomórkowo z udziałem całych komórek bakteryjnych, ekstraktów komórkowych lub bezkomórkowych płynów pochodzących. Enzymy oraz metabolity bakteryjne pełnią funkcje reduktorów i stabilizatorów, umożliwiając otrzymywanie nanocząstek o zróżnicowanych rozmiarach i właściwościach biologicznych (Iravani i Varma, 2020). Wśród najczęściej syntetyzowanych materiałów znajdują się nanocząstki srebra, złota, selenu, tlenków cynku, tytanu oraz miedzi. Wykazano, że gatunki takie jak *Lactiplantibacillus plantarum*, *Lactobacillus fermentum* czy *Bifidobacterium bifidum* uczestniczą w ich wytwarzaniu. Dodatkową zaletą biologicznej syntezy jest możliwość funkcjonalizacji powierzchni nanocząstek składnikami pochodzenia bakteryjnego, w tym białkami i bakteriocynami, co zwiększa ich stabilność, biokompatybilność oraz aktywność przeciwdrobnoustrojową (Iravani i Varma, 2020; Bahrulolum i in., 2021).

Nanocząstki otrzymywane z udziałem bakterii probiotycznych znajdują potencjalne zastosowanie w medycynie, technologii żywności i ochronie środowiska. Mogą być wykorzystywane jako nośniki substancji biologicznie czynnych, składniki materiałów przeciwdrobnoustrojowych i aktywnych opakowań żywności oraz czynniki wspomagające usuwanie zanieczyszczeń. Wyniki badań wskazują, że bakterie probiotyczne stanowią cenne i bezpieczne narzędzie zielonej syntezy nanomateriałów o wysokim potencjale aplikacyjnym, a jednocześnie wykazują korzystny profil bezpieczeństwa wynikający z ich szerokiego zastosowania w żywności i suplementacji (Vera-Santander i in., 2023).

Bibliografia:

- 1) Bahrulolum i in., *Journal of Nanobiotechnology*, 2021, 19: 1-26.
- 2) Iravani I Varma, *ACS Sustainable Chemistry & Engineering*, 2020, 8(14): 5395-5409.
- 3) Vera-Santander i in., *Molecules*, 2023, 28(3): 1230.

MECHANIZMY ODPORNOŚCI ROŚLIN UPRAWNYCH NA STRES OKSYDACYJNY INDUKOWANY CZYNNIKAMI ŚRODOWISKOWYMI

Jańczak-Pieniążek Marta

Katedra Produkcji Roślinnej, Wydział Technologiczno-Przyrodniczy, Uniwersytet Rzeszowski,
ul. Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów

Email: mjanczak@ur.edu.pl

Współczesna produkcja roślinna coraz częściej narażona jest na występowanie niekorzystnych warunków środowiskowych, takich jak susza, wysokie i niskie temperatury, zanieczyszczenie gleb metalami ciężkimi, zasolenie oraz ograniczona dostępność składników pokarmowych. Czynniki te prowadzą do powstawania stresu oksydacyjnego, związanego z nadmierną produkcją reaktywnych form tlenu (ROS), które mogą negatywnie wpływać na procesy fizjologiczne zachodzące w roślinach, ograniczać wzrost oraz powodować spadek wielkości i jakości plonu (Xie i in., 2019).

W posterze przedstawiono aktualny stan wiedzy dotyczący mechanizmów odporności roślin na stres oksydacyjny oraz możliwości zwiększenia tolerancji roślin uprawnych na niekorzystne warunki środowiskowe. Rośliny uprawne dysponują naturalnymi mechanizmami obronnymi ograniczającymi skutki stresu oksydacyjnego. Obejmują one zarówno enzymatyczny system antyoksydacyjny, z udziałem dysmutazy nadadtlenkowej (SOD), katalazy (CAT) oraz peroksydaz, jak i nieenzymatyczny system antyoksydacyjny, którego głównymi składnikami są kwas askorbinowy, glutation, karotenoidy oraz związki fenolowe. Efektywność tych mechanizmów warunkuje zdolność roślin do adaptacji do niekorzystnych warunków środowiskowych oraz utrzymania produktywności (Rao i in., 2025).

Analiza dostępnych źródeł literatury wskazuje, że podnoszenie odporności roślin uprawnych na stres oksydacyjny jest obecnie jednym z ważnych wyzwań współczesnego rolnictwa. Istotną rolę odgrywa hodowla i dobór odmian charakteryzujących się większą tolerancją na niekorzystne warunki, zarówno w przypadku zbóż, jak i innych gatunków uprawnych. Uzupełnieniem tych działań są praktyki agrotechniczne oraz stosowanie środków wspomagających naturalne mechanizmy odporności roślin, w tym biostymulatorów i preparatów poprawiających kondycję roślin w warunkach stresu (Jańczak-Pieniążek, 2023).

Lepsze poznanie mechanizmów odpowiedzialnych za odporność roślin na stres oksydacyjny może przyczynić się do zwiększenia stabilności plonowania oraz rozwoju zrównoważonej produkcji roślinnej.

Bibliografia:

- 1) Xie i in., *BioMed Research International*, 2019, 9732325.
- 2) Rao i in., *Horticulturae*, 2025, 11, 477.
- 3) Jańczak-Pieniążek, *Sustainability*, 2023, 15 (14), 11075.

WILK I ANTROPOPRESJA: WALIDACJA METODY LC-MS/MS DO OZNACZANIA HORMONÓW STRESU

Jastrzębski Arkadiusz¹, Ożga-Wybranowska Kinga¹, Łopucki Rafał¹, Nowak Sabina^{2,3},
Mysłajek Robert^{2,3}, Sadok Ilona⁴

¹Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Medyczny, Katolicki
Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1J, 20-708 Lublin

²Zakład Ekologii i Ewolucji Zwierząt, Instytut Ekologii, Wydział Biologii, Uniwersytet Warszawski,
ul. I. Miecznikowa 1, 02-096 Warszawa

³Stowarzyszenie Dla Natury „Wilk”, ul. Cynkowa 4, 34-324 Twardorzeczka

⁴Katedra Chemii Biomedycznej i Analitycznej, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Medyczny, Katolicki
Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1J, 20-708 Lublin

Email: arkadiusz.jastrzebski@kul.pl

Długoterminowa ekspozycja na stresory środowiskowe i antropogeniczne stanowi istotne wyzwanie dla dobrostanu populacji dużych drapieżników we współczesnym krajobrazie przekształconym przez człowieka. U wilka szarego (*Canis lupus*), gatunku socjalnego i ściśle terytorialnego, o kluczowym znaczeniu ekologicznym, wiarygodne i nieinwazyjne narzędzia oceny fizjologicznej odpowiedzi na stres mogą być pomocne do monitorowania wpływu różnorodnych czynników, takich jak np. degradacja i fragmentacja siedlisk, częstotliwość kontaktów z człowiekiem, status socjalny osobników oraz kondycja zdrowotna. Glukokortykoidy, w tym kortyzol, są szeroko stosowanymi biomarkerami aktywności osi podwzgórze-przysadka-nadnercza (HPA), a ich oznaczanie w sierści umożliwia ocenę zintegrowanej w czasie odpowiedzi fizjologicznej na warunki środowiskowe. W dotychczasowych badaniach dotyczących wilków stężenie kortyzolu w sierści oznaczano najczęściej za pomocą testów immunoenzymatycznych ELISA. Metody te są stosunkowo łatwe w użyciu, jednak ich swoistość może być ograniczana przez reaktywność krzyżową przeciwciał, a pojedynczy test umożliwia zazwyczaj oznaczenie tylko jednego analitu (Pereira i in., 2022). W niniejszym badaniu zvalidowano metodę UHPLC-ESI-MS/MS do jednoczesnego oznaczania kortyzolu i jego metabolitu (kortyzonu) w próbkach sierści dziko żyjących wilków oraz oceniono korelację pomiędzy wynikami oznaczeń kortyzolu uzyskanymi metodami spektrometrii mas i ELISA. Opracowana metoda może stanowić wartościowe narzędzie w badaniach ekologicznych i ekofizjologicznych, wspierając ocenę wpływu czynników środowiskowych oraz antropogenicznych na dobrostan wilków, zwłaszcza w populacjach rozszerzających zasięg na siedliska potencjalnie suboptymalne (Jastrzębski i in., 2026).

Finansowanie:

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki (nr grantu 2024/55/B/NZ9/02690).

Bibliografia:

- 1) Pereira i in., *Scientific Report*, 2022, 12, 5697.
- 2) Jastrzębski i in., *Molecules*, 2026, 31(14): 2420.

ROLA BIOINDYKATORÓW W BADANIACH BIODEGRADACJI

Józwik-Pruska Jagoda¹, Szalczyńska Magdalena¹, Milczarek Anna¹, Gzyra-Jagięła Karolina¹

¹Sieć Badawcza Łukasiewicz-Łódzki Instytut Technologiczny, ul. Skłodowskiej-Curie 19/27, 90-570 Łódź

Email: jagoda.jozwik-pruska@lit.lukasiewicz.gov.pl

Wzrost konsumpcji dóbr i materiałów, będący konsekwencją dynamicznych zmian społeczno-gospodarczych, prowadzi do zwiększonej ilości odpadów, m.in. z tworzyw sztucznych, materiałów kompozytowych i biomateriałów, co wymaga rozwijania skutecznych metod oceny ich oddziaływania na środowisko oraz potencjału biodegradacyjnego. Klasyczne metody analityczne, oparte na pomiarze zmian masy, właściwości mechanicznych czy emisji dwutlenku węgla, dostarczają cennych informacji o przebiegu procesów rozkładu, jednak często nie uwzględniają biologicznego aspektu przemian zachodzących w ekosystemach. W tym kontekście szczególnego znaczenia nabierają bioindykatory, czyli organizmy lub zespoły organizmów wykorzystywane do oceny jakości środowiska i monitorowania procesów biologicznych (Samadi i in., 2022).

Bioindykatory stanowią istotne narzędzie w badaniach biodegradacji, ponieważ pozwalają na ocenę zmian zachodzących w mikrobiocenozach oraz określenie wpływu degradowanych materiałów na organizmy żywe. Współczesne badania coraz częściej wykorzystują zintegrowane podejście obejmujące zarówno metody chemiczne i fizyczne, jak i testy biologiczne. Zastosowanie bioindykatorów pozwala nie tylko na ocenę tempa biodegradacji, lecz także na weryfikację, czy proces ten prowadzi do powstania produktów bezpiecznych dla środowiska. Szczególnie istotne jest to w przypadku biodegradowalnych tworzyw polimerowych, dla których deklarowana zdolność do rozkładu nie zawsze przekłada się na pełną mineralizację w rzeczywistych warunkach środowiskowych (Piekarska i in., 2025).

Wykorzystanie bioindykatorów przyczynia się do lepszego zrozumienia mechanizmów biodegradacji oraz umożliwia bardziej kompleksową ocenę nowych materiałów pod kątem ich zgodności z założeniami gospodarki o obiegu zamkniętym. Integracja badań biologicznych z zaawansowanymi metodami analitycznymi stanowi obecnie jeden z kluczowych kierunków rozwoju oceny biodegradowalności materiałów, wspierając projektowanie rozwiązań bardziej przyjaznych środowisku oraz ograniczających negatywne skutki akumulacji odpadów w ekosystemach (Pierkarska i in., 2025; Roy i in., 2022).

Przedstawiona praca koncentruje się na wykorzystaniu dwóch powszechnie stosowanych bioindykatorów środowiskowych, tj. dafni (*Daphnia magna*) oraz glonów mikroskopowych, w ocenie procesów biodegradacji materiałów codziennego użytku. Organizmy te są szeroko wykorzystywane w badaniach ekotoksykologicznych ze względu na wysoką wrażliwość na zmiany jakości środowiska oraz obecność substancji uwalnianych podczas rozkładu materiałów.

Bibliografia:

- 1) A. Samadi i in., *Environmental Toxicology* 2022, 37(11): 2615-2638.
- 2) K. Piekarska i in., *Ecohydrology & Hydrobiology* 2026, 26(1).
- 3) A. Roy i in., *Environmental Science and Pollution Research* 2022, 29: 40373-40838.

OSADY ŚCIEKOWE JAKO ELEMENT BIOODPOWIEDZI SYSTEMÓW KOMUNALNYCH NA WYZWANIA ŚRODOWISKOWE

Jurczyk Łukasz, Podolak Agnieszka, Koc-Jurczyk Justyna

Wydział Technologiczno-Przyrodniczy, Uniwersytet Rzeszowski

Email: ljurczyk@ur.edu.pl

Osady ściekowe stanowią nieodłączny produkt procesów oczyszczania ścieków, a ich ilość wzrasta wraz z rozwojem infrastruktury komunalnej i zwiększaniem efektywności usuwania zanieczyszczeń. Współczesna gospodarka osadowa odchodzi od postrzegania osadów wyłącznie jako odpadu, wskazując na ich znaczący potencjał jako źródła materii organicznej, składników nawozowych oraz energii odnawialnej. Szczególne znaczenie ma odzysk zasobów zawartych w osadach, wpisujący się w założenia gospodarki o obiegu zamkniętym oraz zrównoważonego wykorzystania surowców.

Celem pracy była analiza jakościowa i ilościowa osadów ściekowych powstających w miejskiej oczyszczalni ścieków oraz ocena możliwości ich wykorzystania przyrodniczego i energetycznego. Analiza obejmowała okres 5 lat, oceniono skład osadów, zawartość substancji organicznej, biogenów i metali ciężkich, a także sposoby ich zagospodarowania oraz wykorzystania powstającego podczas fermentacji metanowej biogazu.

W badanym okresie osady charakteryzowały się wysoką zawartością substancji organicznej, osiągającą około 50-65% suchej masy, oraz znaczną zawartością fosforu, którego stężenie przekraczało 4% s.m. Jednocześnie nie stwierdzono przekroczeń dopuszczalnych stężeń metali ciężkich, co potwierdziło możliwość wykorzystania osadów do celów przyrodniczych i rekultywacyjnych. Zastosowane procesy fermentacji metanowej umożliwiały stabilizację osadów oraz produkcję biogazu wykorzystywanego do wytwarzania energii elektrycznej i ciepłej. Energia pozyskiwana z biogazu pokrywała średnio 57% zapotrzebowania energetycznego oczyszczalni, wskazując na istotny potencjał energetyczny osadów ściekowych.

Uzyskane wyniki potwierdzają, że właściwie przetworzone osady ściekowe mogą pełnić funkcję wartościowego surowca środowiskowego. Zawarta w nich materia organiczna i składniki biogenne mogą być wykorzystywane do poprawy właściwości gleb oraz rekultywacji terenów zdegradowanych, natomiast procesy biologiczne zachodzące podczas fermentacji beztlenowej umożliwiają odzysk energii i ograniczenie emisji związanych z eksploatacją oczyszczalni. Takie podejście pozwala jednocześnie minimalizować ilość odpadów kierowanych do unieszkodliwiania. Przedstawione rezultaty wskazują, że osady ściekowe mogą być istotnym elementem bioodpowiedzi systemów środowiskowych na presję antropogeniczną, stanowiąc przykład efektywnego odzysku materii, biogenów i energii oraz wspierając transformację gospodarki komunalnej w kierunku modelu cyrkularnego.

Finansowanie:

Dofinansowano ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

WPLYW ANTYMONU NA FUNKCJONOWANIE KOMÓRKI DROŻDŻOWEJ

Kałuża Szymon

Zakład Genetyki i Fizjologii Komórki, Wydział Nauk Biologicznych, Uniwersytet Wrocławski, 51-328
Wrocław, ul. Kanonia 6/8

Email: 340387@student.uwr.edu.pl

Zanieczyszczenie środowiska metalami ciężkimi i metaloidami to problem, który może dotyczyć znacznej części populacji. Niestety, w obecnym momencie nie znamy dokładnych mechanizmów toksyczności metaloidów, takich jak antymon. Dokładniejsze zrozumienie procesów zachodzących w komórce w odpowiedzi na stres komórkowy spowodowany metalami i metaloidami może umożliwić lepsze zrozumienie problemu, a także wspomóc przeprowadzanie bioremediacji w regionach skażonych tymi związkami. W moich badaniach próbuję zbadać wpływ braku genów na oporność drożdży *S. cerevisiae* na stres spowodowany obecnością antymonu. Gatunek modelowy *S. cerevisiae* został wybrany do przeprowadzenia badań ze względu na jego wykorzystanie w bioremediacji oraz ze względu na krótki cykl komórkowy i szybkie tempo wzrostu. W badaniach skupiam się na obserwacjach fenotypowych z wykorzystaniem metody spot testów na różnych stężeniach antymonu, a także porównaniu tempa wzrostu drożdży z wykorzystaniem krzywych wzrostu. Obecne wyniki wskazują na to, że czynnik transkrypcyjny HAC1 jest zaangażowany w odpowiedź komórkową na stres antymonowy, a także że antymon III- i V-wartościowy mogą posiadać odmienne mechanizmy toksyczności.

BAKTERIOFAGI JAKO BIOINDYKATORY MIKROBIOLOGICZNEGO ZANIECZYSZCZENIA ŚRODOWISKA WODNEGO

Kędzierska Magdalena, Mazur Jakub, Kus-Liśkiewicz Małgorzata, Potocki Leszek

Wydział Biotechnologii, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, Pigoń 1, 35-310 Rzeszów

Email: mk131566@stud.ur.edu.pl, lpotocki@ur.edu.pl

Monitorowanie zanieczyszczeń mikrobiologicznych w wodach powierzchniowych opiera się głównie na tradycyjnych wskaźnikach bakteryjnych, które często okazują się niewystarczające ze względu na szybką inaktywację oraz brak możliwości odróżnienia zanieczyszczeń świeżych od dawnych.

W niniejszym badaniu oceniono przydatność bakteriofagów somatycznych (z użyciem szczepów gospodarzy *E. coli* ATCC 13706 i CN13) oraz F-specyficznych bakteriofagów RNA (z użyciem szczepu *E. coli* F-amp) jako stabilnych, alternatywnych wskaźników zanieczyszczeń antropogenicznych w rzece Wisłok w Rzeszowie. Próbkę wody pobierano od lipca do września 2025 roku z trzech stanowisk odzwierciedlających różny poziom presji antropogenicznej.

Otrzymane wyniki wykazały fluktuacje przestrzenne i czasowe w skażeniu mikrobiologicznym. Najwyższy poziom zanieczyszczenia mikrobiologicznego odnotowano w lipcu, wykazując wyraźny trend kumulacyjny wzdłuż biegu rzeki. Liczebność bakteriofagów somatycznych (średnio 2340 PFU/100 ml) oraz F-specyficznych (średnio 110 PFU/100 ml) osiągnęła jednocześnie maksimum poniżej oczyszczalni ścieków, co potwierdziło dopływ świeżych zanieczyszczeń kałowych. W sierpniu podwyższona temperatura wody zmieniła dynamikę mikrobiologiczną w kierunku starszych, rozproszonych zanieczyszczeń na stanowiskach w górnym biegu rzeki. We wrześniu zmiany hydrologiczne doprowadziły do całkowitego zaniku fagów F-specyficznych na wszystkich stanowiskach, pozostawiając jedynie reszkowe tło fagów somatycznych, co wskazywało na wygasanie presji antropogenicznej.

Na poziomie fenotypowym wyizolowane fagi charakteryzowały się wysoką heterogenicznością, tworząc łysinki o średnicy do 9 mm ze strefami „halo”, szeroką tolerancją termiczną oraz aktywnością lityczną w zakresie pH 4-10. Co istotne, fagi F-specyficzne wykazywały wyższą wrażliwość na ekstremalne pH (<3 oraz >11) niż fagi somatyczne, co warunkuje ich odmienną przeżywalność w środowisku i pozwala na precyzyjną ocenę świeżości zrzutów ścieków.

Integracja detekcji bakteriofagów somatycznych i F-specyficznych pozwala na śledzenie zmian w ekosystemie wodnym od poziomu cech fizjologicznych cząstek wirusowych po odpowiedź całego systemu rzeczno, stanowiąc czułe, niskonakładowe narzędzie do nadzoru epidemiologicznego i zarządzania ekosystemami wodnymi.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

OCENA WPŁYWU EKSTRAKTU Z CZYSTKA (*CISTUS SP.*) ORAZ DOKSORUBICYNY NA KOMÓRKI HELA

Kielar Patrycja¹, Och Ewelina²

¹Katedra Anatomii Prawidłowej i Klinicznej, Wydział Medyczny, Uniwersytet Rzeszowski,
ul. Leszka Czarnego 4, 35-6015 Rzeszów

²Wydział Biologii, Ochrony Przyrody i Zrównoważonego Rozwoju, Uniwersytet Rzeszowski,
ul. Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów

Email: pkielar@ur.edu.pl

Tradycyjna medycyna słynie z wykorzystywania naparów, ekstraktów i olejków roślinnych, w tym z liści czystka (*Cistus sp.*). Napary te często stosowane są w leczeniu stanów zapalnych, infekcji dróg oddechowych, czy także zaburzeń układu pokarmowego (Kielar i in., 2025). Rośliny z rodzaju *Cistus sp.* są źródłem licznych związków, wykazujących potencjalne działanie antyoksydacyjne, cytotoksyczne i przeciwnowotworowe (Papaefthimiou i in., 2014). Doksorubicyna jest powszechnie stosowanym lekiem przeciwnowotworowym, którego działanie związane jest m.in. z indukcją stresu oksydacyjnego, ale również z uszkodzeniami DNA. Połączenie ekstraktów roślinnych z klasycznymi lekami przeciwnowotworowymi może wpływać na skuteczność terapii.

Celem badania była ocena wpływu ekstraktu z czystka oraz doksorubicyny, stosowanych indywidualnie oraz w połączeniu, na żywotność komórek, cykl komórkowy oraz poziom stresu oksydacyjnego w komórkach linii HeLa.

Badania przeprowadzono na ludzkiej linii komórkowej raka szyjki macicy HeLa. Komórki inkubowano z ekstraktem z *Cistus sp.* oraz doksorubicyną, pojedynczo oraz w kombinacji. W przypadku ekspozycji skojarzonej komórki inkubowane jednocześnie z badanymi czynnikami przez 24 godziny. Przeprowadzono również eksperymenty z sekwencyjną ekspozycją na poszczególne substancje: w pierwszym wariancie komórki poddano 24-godzinnej inkubacji z ekstraktem *Cistus sp.*, a następnie przez kolejne 24 godziny z doksorubicyną. W drugim wariancie kolejność ekspozycji odwrócono. Wpływ badanych substancji na żywotność komórek oceniono za pomocą testów MTT oraz Neutral Red (NR), dodatkowo wykonano analizę uwalniania dehydrogenazy mleczanowej w teście LDH. Wpływ na rozkład populacji komórek w poszczególnych fazach cyklu komórkowego oraz poziom reaktywnych form tlenu (ROS) oceniono metodami cytometrycznymi z wykorzystaniem zestawów Muse® Cell Cycle Kit oraz Muse® Oxidative Stress Kit. Dodatkowo poziom ROS zmierzono z zastosowaniem testu H₂DCF. Zastosowane metody umożliwiły ocenę odpowiedzi komórek HeLa na działanie ekstraktu z czystka oraz doksorubicyny. Porównanie poszczególnych wariantów ekspozycji pozwoliło określić różnice pomiędzy działaniem ekstraktu i doksorubicyny stosowanych indywidualnie oraz ich działaniem w połączeniu. Kompleksowa analiza cytotoksyczności, cyklu komórkowego oraz stresu oksydacyjnego pozwala na określenie potencjalnych mechanizmów działania ekstraktu z czystka oraz jego możliwych interakcji z doksorubicyną.

Bibliografia:

- 1) Kielar i in., *International Journal of Molecular Sciences*, 2025, 3;26(13): 6400.
- 2) Papaefthimiou i in., *Frontiers in Chemistry*, 2014, 2, 35.

JAD PSZCZELI MODULUJE ODPOWIEDŹ PROTEOMICZNĄ KOMÓRKI GOSPODARZA NA ZAKAŻENIE PSEUDOWIRUSEM SARS-CoV-2

Konieczny Igor¹, Matuszewska-Mach Eliza², Matysiak Jan², Rzetecka-Mańka Natalia²,
Warowicka Alicja¹

¹Zakład Wirusologii Molekularnej, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Poznań, Polska;

²Katedra Chemii Nieorganicznej i Analitycznej, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań, Polska

Email: igokon1@amu.edu.pl

Jad pszczele (*Apis mellifera*) oraz peptydy jadu pszczelego wykazują właściwości immunomodulujące i przeciwdrobnoustrojowe, jednak molekularne mechanizmy ich działania przeciwwirusowego nadal są słabo poznane. Celem badań była ocena wpływu jadu pszczelego oraz jego bioaktywnych peptydów - apaminy i tertiapiny, na infekcję SARS-CoV-2 oraz charakterystyka zmian proteomicznych towarzyszących odpowiedzi komórkowej.

Do badań wykorzystano linię komórkową HEK293-hACE2 z nadekspresją receptora ACE2 oraz pseudocząstki wirusowe SARS-CoV-2 z genem reporterowym. Po ocenie cytotoksyczności oraz aktywności przeciwwirusowej wykonano jakościową analizę proteomiczną metodą nanoLC-MALDI-TOF/TOF MS/MS. Zidentyfikowane białka poddano analizom Gene Ontology oraz analizie sieci interakcji białko-białko.

Wykazano, że wszystkie badane związki ograniczały infekcyjność SARS-CoV-2, przy czym najsilniejsze działanie zaobserwowano dla jadu pszczelego. Analiza proteomiczna wykazała, że obniżonej infekcyjności towarzyszą zmiany w odpowiedzi immunologicznej, organizacji cytoszkieletu, procesach translacji czy utrzymaniu integralności komórki. Analiza funkcjonalna wskazała na modulację szlaków sygnalizacyjnych związanych z interferonem, szlaków JAK/STAT, Wnt czy integrzyn. Przeprowadzona analiza porównawcza pozwoliła również na identyfikację odmiennych profili odpowiedzi komórkowej indukowanej przez jad pszczele, apaminę i tertiapinę.

Uzyskane wyniki wskazują, że aktywność przeciwwirusowa jadu pszczelego i jego peptydów wiąże się z wielokierunkową modulacją odpowiedzi komórki gospodarza, obejmującą procesy immunologiczne, strukturalne i metaboliczne. Dane proteomiczne dostarczają nowych informacji na temat mechanizmów odpowiedzi komórki na bioaktywne związki naturalne oraz wskazują potencjalne cele dla projektowania leków przeciwwirusowych.

MONITORING ZAWARTOŚCI METALI CIĘŻKICH W PYLE PM₁₀ JAKO ELEMENT OCENY JAKOŚCI POWIETRZA POŁUDNIOWO-WSCHODNIEJ POLSKI

Książek-Trela Paulina, Szpyrka Ewa

Wydział Biotechnologii, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, Pigonia 1, 35-310 Rzeszów

Email: pksiazek@ur.edu.pl

Monitoring zawartości zanieczyszczeń chemicznych w powietrzu stanowi istotny element oceny aktualnego stanu środowiska przyrodniczego oraz identyfikacji przestrzennych i sezonowych zmian jego jakości (1). W Polsce ocena jakości powietrza obejmuje oznaczanie w pyłe PM₁₀ ołowiu (Pb), arsenu (As), kadmu (Cd) i niklu (Ni). Dla Pb ustanowiono średnioroczny poziom dopuszczalny wynoszący 0,5 µg/m³, natomiast dla As, Cd i Ni określono średnioroczne poziomy docelowe wynoszące odpowiednio 6, 5 i 20 ng/m³ (2). Celem badań była ocena zróżnicowania przestrzennego i sezonowego zawartości As, Pb, Cd i Ni w pyłe PM₁₀ w czterech lokalizacjach południowo-wschodniej Polski: Iwoniczu, Rymanowie, Przemyśle i Dębicy.

Analizie poddano próbki pyłu PM₁₀ pobrane w sezonie grzewczym 2025-2026, w okresie od października do stycznia, udostępnione przez Główny Inspektorat Ochrony Środowiska. Zebrane filtry poddano mineralizacji kwasowej z użyciem mikrofalowego systemu mineralizacji M3 (PreeKem Scientific Instruments, Chiny). Analizę ilościową metali przeprowadzono z użyciem spektrometrii mas z plazmą wzbudzoną indukcyjnie (ICP-MS) 7850 ICP-MS (Agilent Technologies, USA).

Analizy wykazały wyraźne zróżnicowanie przestrzenne stężeń metali w pyłe PM₁₀ pomiędzy analizowanymi lokalizacjami. Najniższe poziomy większości analizowanych pierwiastków obserwowano w Iwoniczu i Rymanowie, natomiast wyższe wartości, szczególnie w odniesieniu do Pb i As, stwierdzono w Przemyśle i Dębicy. Przemyśl wyróżniał się ponadto pod względem podwyższonej zawartości Ni, wskazując na odmienną charakterystykę przestrzenną tego pierwiastka. W przypadku Cd zróżnicowanie pomiędzy lokalizacjami było mniej wyraźne.

Uzyskane wyniki wskazują na istotne zróżnicowanie przestrzenne zawartości metali ciężkich w pyłe PM₁₀ pomiędzy analizowanymi lokalizacjami oraz wyraźną zmienność sezonową wybranych pierwiastków, co wskazuje na potrzebę kontynuacji monitoringu składu pierwiastkowego PM₁₀.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

Bibliografia:

- 1) World Health Organization (2021). WHO global air quality guidelines: particulate matter (PM_{2,5} and PM₁₀), ozone, nitrogen dioxide, sulfur dioxide and carbon monoxide. Geneva: World Health Organization.
- 2) Minister Klimatu i Środowiska (2024). Obwieszczenie Ministra Klimatu i Środowiska z dnia 6 maja 2024 r. w sprawie ogłoszenia jednolitego tekstu rozporządzenia Ministra Klimatu i Środowiska w sprawie dokonywania oceny poziomów substancji w powietrzu. Dz.U. 2024 poz. 870.

WPLYW MASY CIAŁA MATKI PRZED I W TRAKCIE CIĄŻY NA SKŁAD MIKROBIOTY SMÓŁKI NOWORODKÓW

Kulus Gabriela¹, Durda-Masny Magdalena¹, Ciomborowska-Basheer Joanna^{1,2}, Grundmann Norbert³, Szymankiewicz-Bręborowicz Marta⁴, Englert-Golon Monika⁵, Mazela Jan⁴, Morańska Katarzyna¹, Makałowska Izabela¹, Makałowski Wojciech³, Szwed Anita¹

¹Instytut Biologii i Ewolucji Człowieka, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

²Laboratorium Dydaktyki i Ochrony Przyrody, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

³Instytut Bioinformatyki, Wydział Medycyny, Uniwersytet w Münster, Niemcy

⁴Katedra Neonatologii, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

⁵Katedra Ginekologii, Położnictwa i Ginekologii Onkologicznej, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

Email: katkul11@st.amu.edu.pl

Mikrobiota jelitowa odgrywa istotną rolę w regulacji metabolizmu, dojrzewaniu układu odpornościowego oraz utrzymaniu homeostazy organizmu. Coraz więcej badań sugeruje, że warunki środowiskowe działające na organizm matki, w tym jej stan metaboliczny i przebieg ciąży, mogą wpływać na kształtowanie mikrobioty dziecka już od momentu narodzin.

Celem pracy była analiza związku między masą ciała matki przed ciążą oraz przyrostem masy ciała w trakcie ciąży a składem mikrobioty smółki noworodków.

Analizie poddano próbki smółki pochodzące od 60 par matka-dziecko. Skład mikrobioty określono metodą sekwencjonowania genu 16S rRNA z wykorzystaniem platformy MinION (Oxford Nanopore Technologies). Dane analizowano z wykorzystaniem potoku analitycznego MetaG oraz platformy MicrobiomeAnalyst. Różnice w składzie mikrobioty oceniano na podstawie analiz liczebności taksonów, zmienności alfa i beta oraz metod DESeq2, LEfSe i Random Forest.

Alfa-różnorodność mikrobioty smółki oceniana indeksem Shannon nie różniła się pomiędzy analizowanymi grupami. Jedynie indeksy Chao1 i ACE wykazywały słabą tendencję do różnic, sugerującą możliwe zróżnicowanie bogactwa taksonomicznego mikrobioty szacowanego na podstawie taksonów występujących z małą liczebnością. Pomimo braku różnic w ogólnej strukturze mikrobioty wykazano różnice w liczebności wybranych taksonów bakterii, m. in. rodzajów *Enterobacter*, *Klebsiella* i *Haemophilus*, pomiędzy kategoriami BMI matek przed ciążą oraz grupami wyodrębnionymi na podstawie przyrostu masy ciała matek w czasie ciąży.

Uzyskane wyniki sugerują, że BMI matki przed ciążą oraz przyrost masy ciała matki w czasie ciąży mogą być związane z obecnością wybranych taksonów w mikrobiocie smółki noworodków, mimo braku różnic w jej ogólnej strukturze. Obserwacje te wymagają potwierdzenia w badaniach obejmujących większe kohorty oraz kolejne etapy rozwoju mikrobioty niemowląt.

Finansowanie:

MINIATURA 4 (2020/04 /X/NZ7/00308), Narodowe Centrum Nauki.

OCENA WPŁYWU UTLENIONEJ FRAKCJI LIPOPROTEIN O NISKIEJ GĘSTOŚCI NA PARAMETRY MIGRACJI KOMÓREK ŚRÓDBŁONKA JAKO ELEMENT KOMÓRKOWEJ ODPOWIEDZI NA STAN ZAPALNY

Kwiatkowska Julia

Katedra Inżynierii Biomedycznej, Wydział Podstawowych Problemów Techniki, Politechnika Wrocławska,
Wybrzeże Wyspiańskiego 27, 50-370 Wrocław, Polska

Email: juliakwiatkowska12345@gmail.com

Śródbłonek naczyniowy odgrywa nadrzędną rolę w utrzymaniu homeostazy naczyń krwionośnych, regulacji odpowiedzi zapalnej oraz procesach regeneracyjnych. Jednym z podstawowych mechanizmów warunkujących zachowanie integralności ściany naczynia jest migracja komórek śródbłonna. Jej zaburzenia należą do najwcześniejszych objawów dysfunkcji śródbłonna i uczestniczą w rozwoju miażdżycy oraz innych chorób układu sercowo-naczyniowego. Szczególne znaczenie w tych procesach przypisuje się utlenionej frakcji lipoprotein o niskiej gęstości (oxLDL), która poprzez indukcję stresu oksydacyjnego i aktywację szlaków prozapalnych modyfikuje funkcje komórek śródbłonna.

Celem badania była ilościowa ocena wpływu oxLDL na parametry migracji komórek śródbłonna HUVEC w warunkach *in vitro*. Komórki poddano ekspozycji na oxLDL w stężeniu 50 µg/ml, a ich migrację monitorowano przez 12 godzin metodą mikroskopii poklatkowej z wykorzystaniem systemu Celloger Nano. Do analizy danych zastosowano autorski schemat analizy obrazów, obejmujący śledzenie trajektorii komórek w programie *ImageJ* oraz ilościową analizę parametrów migracji z wykorzystaniem *Chemotaxis and Migration Tool*. Na podstawie uzyskanych danych wyznaczono między innymi prędkość migracji, dystans skumulowany, dystans euklidesowy oraz kierunkowość ruchu komórek.

Analiza statystyczna wykazała, że ekspozycja na oxLDL istotnie zwiększyła prędkość migracji komórek śródbłonna z $0,58 \pm 0,08$ µm/min do $1,34 \pm 0,21$ µm/min, a dystans skumulowany wzrósł z $420,54 \pm 57,94$ µm do $963,75 \pm 154,05$ µm. Jednocześnie zaobserwowano obniżenie kierunkowości migracji z $0,18 \pm 0,09$ do $0,10 \pm 0,07$, co wskazuje na utratę koordynacji ruchu i mniej efektywną organizację trajektorii komórkowych. Wyniki sugerują, że oxLDL nasila ruchliwość komórek śródbłonna, indukując przede wszystkim odpowiedź chemokinetyczną, jednak odbywa się to kosztem precyzji i ukierunkowania migracji.

Uzyskane wyniki wskazują, że bodziec prozapalny wywołany przez oxLDL istotnie moduluje odpowiedź biologiczną komórek śródbłonna na poziomie komórkowym. Zaburzenie organizacji migracji może ograniczać zdolność śródbłonna do skutecznej regeneracji uszkodzonej ściany naczynia i stanowić jeden z mechanizmów prowadzących do rozwoju dysfunkcji śródbłonna oraz progresji miażdżycy. Badania dostarczają nowych danych dotyczących komórkowych mechanizmów odpowiedzi na stan zapalny i mogą stanowić podstawę do opracowania strategii wspomagających regenerację naczyń oraz ograniczających rozwój chorób sercowo-naczyniowych.

OD ROŚLINNYCH METABOLITÓW WTÓRNYCH DO TERAPII ONKOLOGICZNEJ - POTENCJAŁ NATURALNYCH ZWIĄZKÓW W MODULACJI PROCESÓW NOWOTWORZENIA

Kwitkowska Kornelia

Kierunek lekarski, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów, Polska

Email: nela@kwitkowska.pl

Rak piersi stanowi jeden z najczęściej rozpoznawanych nowotworów złośliwych u kobiet, a jego heterogenność i złożone mechanizmy progresji skłaniają do poszukiwania nowych związków o potencjale przeciwnowotworowym. Szczególną uwagę przyciągają roślinne metabolity wtórne, zdolne do modyfikowania procesów molekularnych i komórkowych zaangażowanych w rozwój nowotworów. Celem pracy była analiza potencjału wybranych substancji pochodzenia roślinnego w modulacji rozwoju i progresji raka piersi.

Dokonano przeglądu trzech aktualnych badań przedklinicznych dotyczących działania witanolidów wyizolowanych z *Tubocapsicum anomalum*, sulforafanu z inuliną oraz witaferyny A. Wyniki badań wykazały zróżnicowane mechanizmy działania przeciwnowotworowego. Witanolidy hamowały wzrost potrójnie ujemnego raka piersi poprzez indukcję apoptozy oraz ferroptozy, związaną ze wzrostem poziomu lipidowych ROS i Fe^{2+} oraz modulacją szlaku p53–ASCT2–SLC7A11 i białka GPX4. Połączenie sulforafanu z inuliną hamowało wzrost guza, wydłużało czas do jego pojawienia się oraz zmniejszało jego masę. Towarzyszyły temu supresja szlaku PI3K/AKT/mTOR, indukcja programowanej śmierci komórki oraz zmiany epigenetyczne. Witaferyna A hamowała różnicowanie osteoklastów indukowane przez komórki raka piersi, zmniejszając ekspresję IL-6, IL-8, RANKL oraz czynników transkrypcyjnych dodatnio regulujących osteoklastogenezę, wskazując na jej potencjalną rolę w ograniczaniu przerzutów raka piersi do kości.

Uzyskane wyniki pokazują, że związki pochodzenia roślinnego mogą modulować różne procesy molekularne i komórkowe związane z rozwojem i progresją raka piersi, co uzasadnia dalsze badania nad ich potencjalnym zastosowaniem w terapii onkologicznej.

Bibliografia:

- 1) Huang i in., *Molecules* 2024, 29, 1838.
- 2) Wu i in., *Nutrients* 2025, 17, 2023.
- 3) Hahm i in., *Molecular Carcinogenesis*, 2023, 62(7): 1051-1061.

**ZNACZENIE CHLOROPLASTOWEJ PROTEAZY WEWNĄTRZBŁONOWEJ
S2P2 DLA FUNKCJONOWANIA APARATU FOTOSYNTETYCZNEGO
Arabidopsis thaliana W WARUNKACH STRESU WYSOKIEGO NATĘŻENIA
ŚWIATŁA**

Luciński Robert, Ciesielska Maria, Adamiec Małgorzata

Zakład Fizjologii Roślin, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu,
ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Email: rtl@amu.edu.pl

S2P2 jest białkiem o aktywności proteolitycznej, zlokalizowanym w obrębie chloroplastów i zaliczanym do rodziny cynkowych, wewnątrz błonowych proteaz miejsca drugiego (S2P). Proteazom wewnątrz błonowym powszechnie przypisuje się udział w procesie tzw. regulacyjnej proteolizy wewnątrz błonowej (RIP), podczas którego dochodzi do uwalniania z błon biologicznych białkowych czynników transkrypcyjnych, co może prowadzić do zmian w profilu ekspresji genów. Spośród roślinnych proteaz z rodziny S2P, w przypadku *Arabidopsis thaliana*, większość zlokalizowana jest na terenie chloroplastów. Poza proteazą S2P2 do tej rodziny proteaz zalicza się również: EGY1, EGY2, AraSP oraz białko EGY3, które uznawane jest za tzw. pseudoproteazę. Dotychczasowe badania nad znaczeniem tych proteaz dla funkcjonowania i kompozycji aparatu fotosyntetycznego wykazały, że zarówno proteazy EGY1, EGY2, jak również S2P2 odgrywają istotną rolę w kształtowaniu i utrzymaniu prawidłowych proporcji pomiędzy polipeptydami budującymi główne kompleksy fotosyntetyczne błon tylakoidowych, w szczególności fotosystemu II oraz fotosystemu I. Ponadto mutanty *A. thaliana* pozbawione białek poszczególnych proteaz wewnątrz błonowych wykazywały zwiększoną wrażliwość na fotoinhibicję.

Spośród wymienionych powyżej proteaz z rodziny S2P obecnych w chloroplastach, S2P2 jest najstąbiej poznaną. Nasze wcześniejsze prace wykazały, że proteaza ta zlokalizowana jest w obrębie błon tylakoidowych chloroplastów i współuczestniczy w utrzymaniu prawidłowej ilości niektórych białek rdzenia fotosystemu II.

Zasadniczym celem prezentowanych badań było sprawdzenie, czy i w jaki sposób obecność proteazy S2P2 wpływa na funkcjonowanie aparatu fotosyntetycznego *A. thaliana* w warunkach stresu spowodowanego wysokim natężeniem światła. Doświadczenia przeprowadzono z wykorzystaniem dwóch linii mutantów insercyjnych, pozbawionych białka S2P2, oraz linii WT *A. thaliana*. W pierwszej kolejności przeanalizowano zmiany poziomu mRNA genu *S2P2* w roślinach WT, zachodzące pod wpływem wysokiego natężenia światła. Następnie porównano zmiany w ilościach wybranych polipeptydów budujących fotosystem II w roślinach mutantów i roślin WT oraz przeanalizowano podstawowe wartości fluorescencji chlorofilu *a*. Wyniki przeprowadzonych doświadczeń wskazują, że proteaza S2P2, podobnie jak EGY1 i EGY2, w istotny sposób wpływa zarówno na relacje stechiometryczne białek budujących fotosystem II, jak również na funkcjonowanie aparatu fotosyntetycznego *A. thaliana* w warunkach wysokiego natężenia światła.

CZY LIT WPŁYWA NA NEUROHORMONALNĄ KONTROLĘ ŻYWIENIA? OCENA ZACHOWAŃ ŻYWIENIOWYCH I EKSPRESJI GENU SNPF U MĄCZNIKA MŁYNARKA *TENEBRIO MOLITOR*

Majdanik Hanna, Lubawy Jan, Słocińska Małgorzata

Zakład Fizjologii i Biologii Rozwoju Zwierząt, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza
w Poznaniu, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6 · 61-614 Poznań

Email: hanna.maj17@gmail.com

Sole litu od ponad sześciu dekad stanowią podstawę farmakoterapii choroby afektywnej dwubiegunowej, wykazując wysoką skuteczność w stabilizacji nastroju oraz zapobieganiu nawrotom epizodów maniакаlnych i depresyjnych. Pomimo udowodnionej skuteczności klinicznej litu, jego roli w modulacji neuroprzekaznictwa, neuroplastyczności oraz konserwatywnych ewolucyjnie szlaków sygnałowych, molekularne mechanizmy jego działania nie zostały dotąd w pełni wyjaśnione (Malhi i Outhred, 2016). W tej dziedzinie badań doskonały organizm modelowy stanowią owady ze względu na wysoki stopień ewolucyjnej konserwatywności szlaków neurohormonalnych, strukturę układu nerwowego oraz możliwość prowadzenia badań bez ograniczeń etycznych.

Celem przeprowadzonych badań była ocena wpływu suplementacji węglanem litu na aktywność pokarmową oraz neurohormonalną regulację łaknienia u mączniaka młynarka (*Tenebrio molitor*), ze szczególnym uwzględnieniem krótkiego neuropeptydu F (sNPF) – funkcjonalnego odpowiednika ssaczego NPY (Cholewiński i in., 2024; Bestea i in., 2022). Larwy owadów poddano 7-dniowej ekspozycji na węglan litu, który podawano wraz z pokarmem (stężenia 0,01% i 0,1%) oraz diecie kontrolnej. Po tym czasie wykonano mikrochirurgiczną izolację brzusznych łańcuszków nerwowych (VNC), z których wyizolowano RNA, a następnie przeanalizowano poziom ekspresji genu sNPF z wykorzystaniem techniki RT-qPCR (gen referencyjny RPL13a). Równocześnie przeprowadzono obserwacje zachowań żywieniowych i parametrów wzrostowych larw w trakcie 30-dniowej ekspozycji na węglan litu w pokarmie. Wstępne obserwacje fenotypowe wskazują na brak istotnych zmian w całkowitej, ostatecznie osiągniętej masie ciała oraz tempie rozwoju, ujawniając jednak przejściowe, wyraźne modyfikacje w reaktywności żywieniowej i aktywności motorycznej larw poddawanych działaniu litu.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „IDUB - Inicjatywa Doskonałości - Uczelnia Badawcza” nr 212 Study@research. Umowa nr UMC/2026/07/00193.

Bibliografia:

- 1) Bestea i in., *iScience*, 2022, 25(1), 103619.
- 2) Cholewiński i in., *Journal of Zhejiang University-SCIENCE B (Biomedicine & Biotechnology)*, 2024, 25(5): 389–409.
- 3) Malhi i Outhred, *CNS Drugs*, 2016, 30(10): 931–949.

OCENA ZMIAN MORFOLOGII KOLCÓW DENDRYTYCZNYCH W MÓZGU MYSZY PO ODWRÓCENIU PROCEDURY OCZYSZCZANIA OPTYCZNEGO METODĄ iDISCO

Maniawska Oliwia, Sobień Magdalena, Barański Marcin, Kaczmarek Leszek, Stefaniuk Marzena

Pracownia Neurobiologii, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN BRAINCITY, ul. Pasteura 3,
02-093 Warszawa

Email: oliwiamaniawska@gmail.com

Metody optycznego oczyszczania tkanek (ang. optical tissue clearing) umożliwiają obrazowanie struktur biologicznych z zachowaniem ich trójwymiarowej organizacji przestrzennej oraz informacji anatomicznej i molekularnej. Ich działanie opiera się na modyfikacji właściwości optycznych tkanki poprzez wyrównanie współczynnika załamania światła. W połączeniu z mikroskopią opartą na arkuszu światła metody te umożliwiają analizę całych narządów oraz rozległych struktur tkankowych. iDISCO jest metodą optycznego oczyszczania tkanek wykorzystującą stopniową dehydratację z zastosowaniem rozpuszczalników organicznych, umożliwiającą obrazowanie struktur w przestrzennej organizacji oraz ich analizę z wykorzystaniem znakowania fluorescencyjnego. Ze względu na warunki chemiczne stosowane podczas procedury, istotnym zagadnieniem pozostaje ocena wpływu oczyszczania na zachowanie delikatnych struktur komórkowych oraz możliwość dalszego wykorzystania materiału do analiz mikrostrukturalnych.

Celem pracy była ocena zachowania morfologii kolców dendrytycznych w mózgu myszy po odwróceniu procedury iDISCO oraz określenie możliwości wykorzystania materiału po zakończeniu procesu oczyszczania do dalszych analiz. W tym celu wykorzystano mózgi dorosłych myszy Thy1-GFP. Morfologię kolców dendrytycznych oceniano przed rozpoczęciem oczyszczania oraz po jego odwróceniu. Próbkę poddano procedurze iDISCO, a następnie obrazowaniu z wykorzystaniem mikroskopii opartej na arkuszu światła. Po zakończeniu obrazowania przeprowadzono stopniową rehydratację tkanki oraz ponowną analizę morfologii kolców dendrytycznych.

Uzyskane wyniki wskazały na brak istotnych statystycznie różnic w większości ocenianych parametrów morfologicznych kolców dendrytycznych pomiędzy analizą wykonaną przed rozpoczęciem procedury oraz po jej odwróceniu. Wyniki sugerują, że odwrócenie procesu oczyszczania optycznego metodą iDISCO pozwala na zachowanie większości analizowanych cech morfologicznych kolców dendrytycznych pozwalając na ponowne wykorzystanie materiału po procesie oczyszczania do dalszych analiz histologicznych.

ASKORBINIANY JAKO ZWIĄZKI ANTYBAKTERYJNE ODPORNE NA KLASYCZNE MECHANIZMY ANTYBIOTYKOOPORNOŚCI

Mazur Jakub^{1,2}

¹ZORIA Biotech Prosta Spółka Akcyjna, Kraków, Polska

²Wydział Biotechnologii, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, Rzeszów, Polska

Email: jm131577@stud.ur.edu.pl

Ze względu na rosnące obciążenie sektora ochrony zdrowia wynikające z rozprzestrzeniania się szczepów wielolekoopornych (MDR) oraz wysokie koszty opracowywania nowych leków, rośnie zainteresowanie wykorzystaniem substancji typu GRAS w kontroli zakażeń. Związki te posiadają odmienne mechanizmy działania, co pozwala przypuszczać, że klasyczne profile oporności antybiotykowej nie zapewniają wobec nich ochrony.

W ramach badań *in vitro* poddano ewaluacji potencjał bójczy kwasu askorbinowego oraz jego soli wobec wybranych szczepów MDR gatunków z grupy ESKAPE. Wyznaczono wartości progowe niezbędne do zahamowania wzrostu monokultur, weryfikując dotychczasowe doniesienia literaturowe.

Badania potwierdziły silne właściwości antybakteryjne askorbinianów niezależnie od profilu lekooporności badanych szczepów. Kluczową obserwacją była jednak weryfikacja efektywnych dawek bójczych, które w zrealizowanym modelu badawczym znacząco odbiegają od wartości przyjmowanych za konsensus w najważniejszych pracach z tej dziedziny. Wyniki te rzucają nowe światło na potencjał aplikacyjny witaminy C.

Bibliografia:

- 1) Rahim i in., *BMC Microbiology*, 2025, 25, 212.
- 2) Hassuna i in., *BMC Microbiology*, 2023, 112.

ZRÓŻNICOWANIE KLONALNE I PROFIL GENÓW OPORNOŚCI WIELOLEKOWEJ *KLEBSIELLA* SP. JAKO ODZWIERCIEDLENIE ADAPTACJI DO PRESJI ŚRODOWISKOWEJ

Osiadły Kacper, Potocki Leszek

Wydział Biotechnologii, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, Pigoń 1, 35-310 Rzeszów

Email: mk131566@stud.ur.edu.pl, lpotocki@ur.edu.pl

Klebsiella pneumoniae to powszechny patogen oportunistyczny, stanowiący rosnące zagrożenie dla zdrowia publicznego ze względu na rozprzestrzenianie się szczepów hiperwirulentnych (hvKP) oraz wielolekoopornych (MDR). Zdolność adaptacyjna oraz klonalna tego gatunku sprzyjają szybkiej selekcji oporności na kolejne generacje antybiotyków.

W niniejszym badaniu oceniono zróżnicowanie genetyczne oraz profil oporności wielolekowej klinicznych izolatów *Klebsiella* spp. Zastosowano techniki fingerprintingu DNA (BOX-PCR i (GTG)₅-PCR) oraz screening PCR wybranych genów oporności i wirulencji.

Analiza molekularna wykazała szerokie rozpowszechnienie genów kodujących białka pompy *efflux*, hemolizyny oraz β -laktamazy *bla*_{SHV}. Odnotowano również wysoką częstotliwość występowania genu karbapenemazy *bla*_{KPC}, warunkującego oporność na antybiotyki ostatniej szansy, co wynikało ze specyfiki analizowanej, preselekcjonowanej grupy izolatów klinicznych.

Genotypowanie ujawniło wysokie ogólne zróżnicowanie klonalne - większość szczepów wywodziła się z wielu odrębnych linii ewolucyjnych. Jednakże w profilowaniu (GTG)₅-PCR wykazano wysoki stopień pokrewieństwa genetycznego wśród szczepów OXA-48- oraz NDM-dodatnich. Istotne rozbieżności w wynikach uzyskanych metodami BOX-PCR i (GTG)₅-PCR wskazują na ograniczoną moc dyskryminacyjną tych klasycznych technik w odniesieniu do badanej grupy. W konsekwencji metody te mogą być niewystarczające do wysokorozdzielczego śledzenia i różnicowania wielolekoopornych szczepów klinicznych w systemie ochrony zdrowia.

OPRACOWANIE BIOPREPARATU WSPIERAJĄCEGO BEZPIECZEŃSTWO MIKROBIOLOGICZNE PLACÓW ZABAW Z WYKORZYSTANIEM NATURALNYCH SKŁADNIKÓW ROŚLINNYCH

Oźga-Wybranowska Kinga^{1,2}, Gruchoła Amelia¹, Śliwka Patrycja¹, Parashchak Iryna¹,
Jastrzębski Arkadiusz^{1,2}, Łopucki Rafał², Sadok Ilona³

¹Koło Naukowe Biotechnologii KUL, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Lublin, Polska

²Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II Lublin, ul Konstantynów 1 I

³Katedra Chemii Biomedycznej i Analitycznej, Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Lublin, ul Konstantynów 1 I

Opiekun naukowy: Ilona Sadok, Rafał Łopucki

Email: kinga.ozga-wybranowska@kul.pl

Place zabaw stanowią ważny element przestrzeni publicznej, jednak mogą również pełnić rolę rezerwuaru potencjalnie chorobotwórczych oraz antybiotykoopornych bakterii. W naszych wcześniejszych badaniach wykazano obecność *Escherichia coli* i *Staphylococcus aureus* na elementach wyposażenia placów zabaw, w tym szczepów opornych na antybiotyki, co wskazało na potrzebę opracowania skutecznych i bezpiecznych metod ograniczania częstości występowania tych potencjalnie chorobotwórczych drobnoustrojów (Łopucki i in., 2026). Odpowiedzią na zidentyfikowany problem było opracowanie biopreparatu o właściwościach bakteriobójczych, wykorzystującego naturalne składniki pochodzenia roślinnego.

Celem projektu było nie tylko uzyskanie preparatu skutecznego wobec potencjalnie patogennych bakterii, ale również jego weryfikacja w rzeczywistych warunkach użytkowania placów zabaw. Skuteczność biopreparatu została oceniona zarówno w warunkach laboratoryjnych, jak i środowiskowych (terenowych), na elementach wyposażenia placów zabaw. Takie podejście umożliwiło ocenę jego praktycznej przydatności na powierzchniach często dotykanych przez dzieci. Opracowane rozwiązanie może stanowić bezpieczną, łatwo dostępną i przyjazną środowisku alternatywę dla konwencjonalnych środków dezynfekcyjnych, wspierając poprawę bezpieczeństwa mikrobiologicznego w przestrzeni publicznej.

Finansowanie:

Badania zostały sfinansowane ze środków budżetu państwa, przyznanych przez Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego w ramach Programu „Studenckie koła naukowe tworzą innowacje UM. nr SKN/SN/630602/2025.

Bibliografia:

1) Łopucki i in., *Scientific Reports*, 2026, 16: 19416.

WIELOPOZIOMOWA ODPOWIEDŹ MSZYC NA CZYNNIK BIOTYCZNY: WPŁYW *BACILLUS SUBTILIS* NA PROFIL ENZYMATYCZNY I ZACHOWANIE ŻYWICIELA

Piecuch Karolina¹, Durak Tomasz¹, Michalik Anna², Durak Roma¹

¹Uniwersytet Rzeszowski, Wydział Biologii, Ochrony Przyrody i Zrównoważonego Rozwoju, ul. Pigonia 1,
35-310 Rzeszów, Polska

²Uniwersytet Jagielloński, Wydział Biologii, Instytut Zoologii i Badań Biomedycznych, Zakład Biologii
Rozwoju i Morfologii Bezkręgowców, ul. Gronostajowa 9, 30-387 Kraków, Polska

Email: karolinapi@dokt.ur.edu.pl

Mszycy to owady, znane przede wszystkim z roli wektorów groźnych wirusów roślinnych. Podczas gdy konwencjonalne metody zwalczania mszyc opierają się w dużej mierze na chemicznych środkach owadobójczych, zrównoważona kontrola biologiczna z wykorzystaniem bakterii z rodzaju *Bacillus* stanowi bardzo obiecującą alternatywę. Celem niniejszych badań była ocena wielopoziomowej odpowiedzi mszyc na ekspozycję na bakterie *Bacillus subtilis*, ze szczególnym uwzględnieniem zmian w przeżywalności, mechanizmach obrony biochemicznej oraz wzorcach żerowania.

Eksperymenty wykonano na gatunku modelowym mszyc *Acyrtosiphon pisum*. Badania dotyczące przeżywalności polegały na monitorowaniu mszyc przez dziesięć dni po zakażeniu, przy użyciu trzech różnych stężeń pięciu izolatów *B. subtilis*. Ocena przeżywalności wykazała, że kontakt z bakteriami istotnie skraca długość życia owadów. Choć trzy konkretne izolaty wykazały najwyższą skuteczność, stopień śmiertelności nie korelował bezpośrednio ze stężeniem zawiesiny. Na poziomie komórkowym zbadano reakcje stresu fizjologicznego wywołanego infekcją poprzez ocenę aktywności enzymów przeciwutleniających (SOD, CAT, POD). Analiza wykazała podwyższoną produkcję SOD i CAT, co wskazuje na szybki rozwój stresu oksydacyjnego, już w ciągu kilku godzin po ekspozycji. Oceniono także wpływ trzech najbardziej skutecznych szczepów na zachowanie mszyc podczas nakłuwania tkanek i pobierania pokarmu przez 8 godzin z wykorzystaniem techniki Electrical Penetration Graph (EPG). Uzyskane zapisy wykazały znaczne zaburzenia procesu żerowania, prowadzące do wyraźnego skrócenia całkowitego czasu pobierania pokarmu z rośliny żywicielskiej.

Wyniki pokazują, że *Bacillus subtilis* osłabia mszyce poprzez zakłócanie ich żerowania oraz wywoływanie silnego stresu oksydacyjnego, powodując znaczące zwiększenie ich śmiertelności.

Finansowanie:

Projekt finansowany przez Narodowe Centrum Nauki, grant nr Opus 24 2022/47/B/NZ9/03472.

MIKROBIOLOGICZNA ODPOWIEDŹ OSADU CZYNNEGO NA OBCIĄŻENIE ZWIĄZKAMI ORGANICZNYMI I BIOGENNYMI W KOMUNALNEJ OCZYSZCZALNI ŚCIEKÓW

Podolak Agnieszka, Koc-Jurczyk Justyna, Jurczyk Łukasz

Uniwersytet Rzeszowski, Wydział Technologiczno-Przyrodniczy

Email: apodolak@ur.edu.pl

Współczesne oczyszczalnie ścieków są złożonymi ekosystemami technologicznymi, w których o skuteczności usuwania zanieczyszczeń decyduje aktywność i stabilność mikroorganizmów tworzących osad czynny. Mikroorganizmy te pełnią kluczową rolę w biodegradacji materii organicznej oraz przemianach azotu i fosforu, stanowiąc podstawowy element biologicznej odpowiedzi systemu na zmienne warunki środowiskowe i obciążenie ściekami. Zrozumienie mechanizmów funkcjonowania osadu czynnego ma istotne znaczenie dla zwiększania efektywności oczyszczania oraz ograniczania antropopresji na ekosystemy wodne. Analizowano funkcjonowanie wielostrefowego bioreaktora wykorzystującego osad czynny jako aktywną biologicznie matrycę mikroorganizmów odpowiedzialnych za usuwanie zanieczyszczeń. Szczególną uwagę zwrócono na zdolność społeczności mikrobiologicznych do podtrzymywania procesów biodegradacji, nityfikacji, denityfikacji oraz biologicznego usuwania fosforu w warunkach długotrwałej presji środowiskowej.

Uzyskane wyniki potwierdziły wysoką odporność biologiczną i zdolność adaptacyjną zespołów mikroorganizmów tworzących osad czynny. Pomimo zmiennego obciążenia ścieków osiągnięto bardzo wysoką efektywność redukcji BZT₅ na poziomie 98-99% oraz ChZT wynoszącą 94-95%. Procesy mikrobiologiczne odpowiedzialne za przemiany azotu charakteryzowały się skutecznością usuwania azotu amonowego na poziomie 98-99%, natomiast efektywność redukcji azotu ogólnego osiągała 77-82%. Biologiczne oraz wspomagane chemicznie usuwanie fosforu pozwoliło uzyskać redukcję tego pierwiastka na poziomie 86-92%. Jednocześnie skuteczność eliminacji zawiesiny ogólnej wynosiła 93-97%, potwierdzając prawidłowe funkcjonowanie układu osadu czynnego.

Efektywność biologicznego oczyszczania ścieków jest bezpośrednio determinowana aktywnością oraz zdolnością adaptacyjną mikroorganizmów osadu czynnego. Społeczności mikrobiologiczne pełnią rolę biologicznych regulatorów procesów przemian materii, warunkując stabilność usuwania związków organicznych i biogenów pomimo zmiennych warunków środowiskowych. Zrozumienie mechanizmów odpowiedzi mikroorganizmów na czynniki stresowe stanowi klucz do dalszej optymalizacji technologii oczyszczania ścieków oraz zwiększania odporności systemów biotechnologicznych na presję antropogeniczną. W obliczu rosnących wyzwań środowiskowych mikroorganizmy należy postrzegać nie tylko jako wykonawców procesów oczyszczania, lecz także jako czułe bioindykatory zmian zachodzących w ekosystemach oraz fundament nowoczesnych strategii ochrony środowiska i gospodarki obiegu zamkniętego.

Finansowanie:

Dofinansowano ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

BAKTERIOFAGI KAPSUŁKOWANE W ALGINIANIE WAPNIA JAKO STRATEGIA KONTROLI BIOLOGICZNEJ WOBEC PRESJI LEKOOPORNYCH SZCZEPÓW *ESCHERICHIA COLI*

Potocki Leszek¹, Baran Aleksandra¹, Oklejewicz Bernadetta¹, Worek Mariusz², Martynowski Dariusz³, Pawlik Krzysztof³

¹Wydział Biotechnologii, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, Pigoń 1, 35-310 Rzeszów;

²Zakład Mikrobiologii, Instytut Nauk Medycznych, Wydział Medyczny, Al. W. Kopisto 2a, 35-959 Rzeszów;

³Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej im. Ludwika Hirsztelda Polskiej Akademii Nauk, ul. Rudolfa Weigla 12, 53-114 Wrocław

Email: lpotocki@ur.edu.pl

Narastająca lekooporność *Escherichia coli*, wywołana adaptacją bakterii na poziomie molekularnym, komórkowym i populacyjnym, wymusza poszukiwanie alternatywnych strategii kontroli patogenów. Bakteriofagi to naturalni regulatorzy populacji bakteryjnych i obiecujące narzędzia precyzyjnej eliminacji drobnoustrojów w warunkach klinicznych i w środowisku naturalnym.

Celem badań była izolacja i charakterystyka biologiczna trzech litycznych colifagów (vB_Eco-B1.1, vB_Eco-B1.2 i vB_Eco-B1.3), wyizolowanych ze ścieków komunalnych, oraz ocena ich przydatności terapeutycznej i bioremediacyjnej, ze szczególnym uwzględnieniem kapsułkowania w alginianie wapnia wzbogaconym o CaCO₃. Analiza genomowa wirusów wykazała obecność dsDNA o wielkości 167,8 kb; 51,3 kb i 50,4 kb. Badania TEM pozwoliły zaklasyfikować izolaty do dawnych rodzin fagów ogoniastych *Myoviridae* i *Siphoviridae* (obecnej klasy *Caudoviricetes*). Brak genów integrazy w genomach fagów w połączeniu z krótkim (10 min) okresem latencji i wysokim plonem fagowym (do 140 PFU/komórkę) potwierdził ich lityczny cykl rozwojowy. Wyizolowane fagi wykazywały ponadto aktywność lityczną wobec *Shigella sonnei* i *Klebsiella aerogenes*.

Badane fagi skutecznie redukowały biofilmy szczepów ESBL *E. coli* oraz izolatów środowiskowych (również przy stężeniu 1%), zachowując stabilność infekcyjną w szerokim zakresie pH i temperatury oraz w symulowanych sokach żołądkowych i jelitowych. W warunkach sztucznie skażonej mikrobiologicznie wody nieimmobilizowane fagi zredukowały liczebność środowiskowych izolatów *E. coli* o 2,31 log (MOI 100), natomiast fagi w kapsułkach alginianowych uzyskały redukcję na poziomie 0,7 log, co wskazuje na potencjał tej formy w kontrolowanym uwalnianiu bakteriofagów.

Wyniki uzyskane na poziomie molekularnym, komórkowym, organizmowym i ekosystemowym wskazują, że wyizolowane fagi oraz ich immobilizacja w alginianie wapnia stanowią obiecującą alternatywę dla antybiotykoterapii oraz wartościowe narzędzie w bioremediacji środowiska.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków projektu Podkarpackiego Centrum Innowacji, współfinansowanego przez Europejski Fundusz Rozwoju Regionalnego w ramach Osi Priorytetowej nr I „Konkurencyjna i innowacyjna gospodarka” Regionalnego Programu Operacyjnego Województwa Podkarpackiego na lata 2014–2020 (Nabór I, Konkurs nr 1/2019), a także ze środków Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości” (Umowa nr RID/SP/0010/2024/1).

WPŁYW HIPERTERMII NA FUNKCJONOWANIE KOMÓREK JAJNIKA ŚWINI DOMOWEJ (*SUS SCROFA DOMESTICA*)

Rutkowski Patryk¹, Nynca Anna (promotor)²

Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie,
ul. Michała Oczapowskiego 1A, 10-719 Olsztyn

Email: rutkowski2002222@gmail.com

Hipertermia jest jednym z czynników stresu środowiskowego mogących zaburzać funkcjonowanie komórek jajnika poprzez indukcję stresu oksydacyjnego, uszkodzenia lipidów błonowych oraz aktywację szlaków śmierci komórkowej.

Celem pracy była ocena wpływu podwyższonej temperatury na żywotność komórek jajnikowych świni domowej (*Sus scrofa domestica*; linia komórkowa AVG-16) oraz na poziom peroksydacji lipidów, ze szczególnym uwzględnieniem możliwego udziału procesów związanych z ferroptozą. Komórki linii AVG-16 hodowano w warunkach *in vitro* i poddawano działaniu hipertermii w temperaturze 40°C. W doświadczeniu uwzględniono również grupę kontrolną oraz grupę traktowaną erastyną, zastosowaną jako kontrola pozytywna indukcji zmian charakterystycznych dla ferroptozy. Żywotność komórek oceniano metodą cytometrii przepływowej z wykorzystaniem jodku propidyny (PI), natomiast poziom peroksydacji lipidów zmierzono przy użyciu sondy fluorescencyjnej BODIPY 581/591 C11 na podstawie stosunku median fluorescencji FITC-A/PE-A. Wykazano, że hipertermia istotnie zwiększała żywotność komórek AVG-16 w porównaniu z grupą kontrolną, podczas gdy erastyna powodowała jej istotne obniżenie. Jednocześnie zarówno hipertermia, jak i erastyna prowadziły do istotnego wzrostu wartości stosunku median FITC-A/PE-A względem kontroli, co wskazuje na nasilenie peroksydacji lipidów. Nie stwierdzono istotnej statystycznie korelacji pomiędzy żywotnością komórek a poziomem peroksydacji lipidów.

Uzyskane wyniki wskazują, że hipertermia zaburza homeostazę oksydacyjno-redukcyjną komórek AVG-16 i nasila peroksydację lipidów, jednak w zastosowanych warunkach eksperymentalnych nie prowadzi do obniżenia ich żywotności. Może to sugerować aktywację mechanizmów adaptacyjnych ograniczających negatywne skutki stresu cieplnego. Zaobserwowany wzrost peroksydacji lipidów może wskazywać na udział procesów związanych z ferroptozą, jednak jednoznaczne potwierdzenie tego mechanizmu wymaga przeprowadzenia dalszych badań z wykorzystaniem specyficznych markerów molekularnych.

Finansowanie:

Badania nie były finansowane ze źródeł zewnętrznych. Praca została zrealizowana w ramach badań do pracy dyplomowej.

Bibliografia:

- 1) Dixon S.J. i in., Cell 2012, 149(5): 1060-1072.
- 2) Hansen P.J., Philos. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci. 2009, 364(1534): 3341-3350.
- 3) Stockwell B.R. i in., Cell 2017, 171(2): 273-285.

EKSTREMALNE ŚRODOWISKO – EKSTREMALNA SELEKCJA. INTEGRATYWNE PODEJŚCIE DO IDENTYFIKACJI OKRZEMEK Z NATURALNYCH WYPIŁYWÓW ROPY NAFTOWEJ

Rybak Mateusz^{1,3}, Peszek Łukasz², Górecka Ewa³, Zadrąg-Tęcza Renata⁴, Levkov Zlatko⁵

¹Wydział Biotechnologii, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski;

²Zakład Agroekologii i Użytkowania Lasu, Wydział Technologiczno-Przyrodniczy, Uniwersytet Rzeszowski;

³Instytut Nauk o Morzu i Środowisku, Uniwersytet Szczeciński;

⁴Wydział Biologii, Ochrony Przyrody i Zrównoważonego Rozwoju, Uniwersytet Rzeszowski;

⁵Instytut Biologii, Wydział Nauk Przyrodniczych, Uniwersytet im. Świętych Cyryla i Metodego w Skopje, Republika Macedonii Północnej

Email: matrybak91@gmail.com

Naturalne wypływy ropy naftowej stanowią ekstremalne i słabo poznane środowiska, charakteryzujące się podwyższonymi stężeniami węglowodorów, które w wysokich stężeniach mogą być toksyczne dla mikroorganizmów. Okrzemki zasiedlające tego typu środowiska pozostają szczególnie słabo poznaną grupą. Celem badań była identyfikacja i charakterystyka okrzemek występujących w naturalnie zanieczyszczonych ropą naftową wypływach w polskich Karpatach oraz ocena przydatności integratywnego podejścia morfologiczno-molekularnego do ich identyfikacji.

W tym celu okrzemki (w formie monogatunkowych hodowli) badano z wykorzystaniem mikroskopii świetlnej i skaningowej mikroskopii elektronowej, uzupełnionych o obserwacje żywych komórek za pomocą mikroskopii fluorescencyjnej. Identyfikację gatunkową wsparto analizami molekularnymi opartymi na sekwencjach *rbcl* oraz *SSU*. W efekcie zidentyfikowano dwa gatunki. Jeden z nich, *Halumphora lukasiewiczii* sp. nov., reprezentuje gatunek nowy dla nauki. Jego wysoka liczebność oraz zdolność do skutecznego namnażania w hodowli umożliwiły szczegółową analizę zarówno morfologii okrywy krzemionkowej, jak i żywych komórek, zapewniając wyjątkowo kompleksową dokumentację tego gatunku. Drugim gatunkiem była *Navicula salinarum*, dobrze znany takson, którego cechy morfologiczne były zgodne z opublikowanymi opisami. Jednak ze względu na jego występowanie w ekstremalnym i nietypowym środowisku zanieczyszczonym ropą naftową, identyfikację gatunkową zweryfikowano w oparciu o markery: *rbcl* i *SSU* w celu wykluczenia potencjalnej różnorodności kryptycznej.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

POTENCJALNY UDZIAŁ PEPTYDÓW PODOBNYCH DO TACHYKININ W REGULACJI AKTYWNOŚCI UKŁADU ROZRODCZEGO SAMCÓW CHRZĄSZCZA *TENEbrio MOLITOR*

Salamonik Olga, Konopińska Natalia, Bylewska Natalia, Urbański Arkadiusz

Zakład Fizjologii i Biologii Rozwoju Zwierząt, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań

Email: olgsal1@st.amu.edu.pl

Owady odgrywają kluczową rolę w ekosystemach i gospodarce. Uczestniczą m.in. w zapylaniu roślin, ale również przynoszą szkody materialne. Postępujące zmiany klimatyczne oraz rosnące zapotrzebowanie populacji ludzkiej na żywność wymagają opracowania zrównoważonych metod ochrony roślin i optymalizacji hodowli gatunków użytkowych, takich jak mącznik młynarek (*Tenebrio molitor*). Duże nadzieje w kontroli populacji i sterowaniu fizjologią owadów pokłada się w wykorzystaniu neuropeptydów (Konopińska i in., 2026a). Peptydy podobne do tachykinin (ang. *tachykinin-related peptides*, TRPs) stanowią jedną z największych rodzin neuropeptydów u owadów. Uczestniczą one m.in. w regulacji aktywności kurczliwej mięśni, regulują pobieranie pokarmu oraz aktywność układu odpornościowego owadów (Konopińska i in., 2026b). Nasze ostatnie badania wykazały gonadomodulującą rolę TRP u samic *T. molitor* (Konopińska i in., 2026c). Jednak funkcja ta nie została dotąd potwierdzona u samców owadów. Z tego powodu głównym założeniem badań było przeprowadzenie wstępnych analiz dotyczących zmian poziomu ekspresji genów kodujących prekursor (*TmTRP*) i receptor (*TmTRPR*) dla TRP w mózgu oraz jądrach dojrzewających samców *T. molitor*.

Materiał badawczy pobierany był codziennie w ciągu pierwszych siedmiu dni od linienia imaginalnego samców *T. molitor*. Dodatkowo próbki pobrano od 14-dniowych osobników znajdujących się w piku reprodukcyjnym. Względny poziom ekspresji genów *TmTRP* oraz *TmTRPR* został oszacowany z wykorzystaniem metody RT-qPCR.

Uzyskane wyniki pozwoliły na opracowanie wzorca ekspresji badanych genów w mózgu jak i jądrach samców *T. molitor*. Co ciekawe, gen *TmTRP* ulega wzmożonej ekspresji w trzecim dniu w mózgu samców, tuż przed osiągnięciem pełnej dojrzałości płciowej (4. dzień). Z kolei w tym samym czasie można zaobserwować nadekspresję genu *TmTRPR* w jądrach badanych osobników. Dodatkowo, analiza korelacyjna uzyskanych wyników wskazuje na istnienie statystycznie istotnych zależności pomiędzy poziomami ekspresji badanych genów. Otrzymane rezultaty jasno wskazują na związek sygnalizacji TRP z aktywnością układu rozrodczego samców *T. molitor*. Jednakże istnieje potrzeba dalszych badań nad tym tematem w celu pełnego potwierdzenia obserwowanych zależności.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach programu OPUS 21 (2021/41/B/NZ9/01054) oraz projektu Study@Research (212/64/UAM/0022) finansowanego w ramach programu Inicjatywa Doskonałości – Uczelnia Badawcza.

Bibliografia:

- 1) Konopińska i in., *Biological Research*, 2026a, 59(1), 6.
- 2) Konopińska i in., *Journal of Stored Products Research*, 2026b, 116, 102966.
- 3) Konopińska i in., *Frontiers in Immunology*, 2026c, vol. 17-2026.

CHARAKTERYSTYKA CHEMICZNA GLEB PARKÓW MIEJSKICH RZESZOWA Z WYKORZYSTANIEM SPEKTROMETRII ICP-MS

Górka Anna, Sanecka Maria

Zakład Biotechnologii Analitycznej, Wydział Biotechnologii, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski,
ul. prof. Stanisława Pigonia 1, Rzeszów, Polska

Email: msanecka@ur.edu.pl

Parki miejskie to nie tylko miejsca wypoczynku dla mieszkańców, ale także obszary, których gleby odgrywają kluczową rolę w kształtowaniu jakości środowiska przyrodniczego na obszarach zurbanizowanych. Stan chemiczny gleb miejskich ma bezpośredni wpływ na kondycję roślinności oraz jakość środowiska na terenach zieleni, dlatego niezbędna jest ich systematyczna ocena (De Feudis i in., 2026). Celem niniejszych badań była szczegółowa charakterystyka składu chemicznego gleb w centralnych częściach parków miejskich Rzeszowa, z zastosowaniem spektrometrii mas z plazmą sprzężoną indukcyjnie (ICP-MS). Metoda ta umożliwiła równoczesne oznaczenie szerokiego spektrum pierwiastków, co pozwoliło na uzyskanie kompleksowego obrazu chemizmu badanych gleb. Uzyskane profile pierwiastkowe dostarczają informacji o naturalnym zróżnicowaniu geochemicznym gleb w obrębie poszczególnych parków oraz o potencjalnym wpływie czynników antropogenicznych na ich skład. Prezentowane wyniki stanowią cenne dane wyjściowe dla długofalowego monitoringu jakości gleb w parkach miejskich. Podobne badania prowadzone są w innych ośrodkach naukowych – jak wykazano między innymi w analizach gleb parków miejskich w południowej Polsce, gdzie stwierdzono zróżnicowaną zawartość metali potencjalnie toksycznych w zależności od lokalizacji i użytkowania terenu (Rahmonov i in., 2024). Potwierdza to zasadność prowadzenia tego typu analiz również na terenie Rzeszowa.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”.
Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

Bibliografia:

- 1) De Feudis i in., *Soil Use and Management*, 2026, 42(1): e70200.
- 2) Rahmonov i in., *Forests*, 2024, 15(6).

OCENA CYTOTOKSYCZNOŚCI EKSTRAKTÓW Z HYMENOCARDIA ACIDA I NAUCLEA LATIFOLIA W LINIACH KOMÓRKOWYCH NSC-34 I HELA

Skrzyńska Jolanta^{*}, Wesołowska Lidia^{*}, Chowański Szymon, Marciniak Paweł

Zakład Fizjologii i Biologii Rozwoju Zwierząt, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań

^{*}autorzy wnieśli równorzędny wkład w tę pracę

Email: jolskr@st.amu.edu.pl, lidwes@st.amu.edu.pl

Rosnąca lekooporność nowotworów oraz ograniczenia obecnych terapii przeciwnowotworowych wskazują na potrzebę poszukiwania nowych związków bioaktywnych pochodzenia naturalnego. Rośliny wykorzystywane w tradycyjnej medycynie afrykańskiej, takie jak *Hymenocardia acida* i *Nauclea latifolia*, stanowią potencjalne źródło takich substancji, jednak ich właściwości przeciwnowotworowe wymagają dalszej oceny.

Celem badań było określenie cytotoksyczności ekstraktów z liści i kory *H. acida* oraz liści *N. latifolia* z wykorzystaniem dwóch modeli komórkowych o charakterze nowotworowym: ludzkiej linii HeLa oraz neuronalnej linii NSC-34. Linia HeLa jest często wykorzystywana w badaniach biologii nowotworów. Linia NSC-34 jest hybrydowym modelem komórkowym, fuzją mysich komórek neuroblastomy z embrionalnymi motoneuronami rdzenia kręgowego myszy, wykazującym cechy charakterystyczne dla neuronów ruchowych, takie jak obecność wypustek komórkowych.

Uzyskane wyniki wskazały, że cytotoksyczne działanie badanych ekstraktów było zależne zarówno od zastosowanego stężenia (0,00001%–1,25%), jak i czasu ekspozycji (2 oraz 24 godziny). Wraz ze wzrostem stężenia i wydłużeniem czasu inkubacji obserwowano stopniowy spadek przeżywalności komórek. W obu liniach zaobserwowano nasilające się zmiany morfologiczne – obkurczenie komórek, świadczące o indukcji odpowiedzi cytotoksycznej. W linii komórkowej NSC-34, zarówno po 2-, jak i 24-godzinnej ekspozycji na badane ekstrakty, zaobserwowano utratę wypustek komórkowych, zmniejszenie rozmiarów oraz zmianę kształtu perikarionów. Nie zaobserwowano zmiany adhezji. Nasilenie obserwowanych zmian morfologicznych było wyraźnie większe po 24 godzinach ekspozycji na badane ekstrakty, co wskazuje na zależność efektu toksycznego od czasu ekspozycji.

Analiza odpowiedzi dwóch modeli komórkowych – HeLa oraz NSC-34 – wykazała zróżnicowaną wrażliwość na badane ekstrakty. Efekt cytotoksyczności jest wprost proporcjonalny do dawki ekstraktów oraz czasu ekspozycji. Poszczególne ekstrakty charakteryzowały się odmiennym potencjałem cytotoksycznym. Najsilniejsze działanie wykazał ekstrakt z kory *Hymenocardia acida*, następnie ekstrakt z liści *Hymenocardia acida*. Najłagodniejszy efekt cytotoksyczny wykazywał ekstrakt z liści *Nauclea latifolia*.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane w ramach 201. Konkursu IDUB Study@research – XII edycja

WPLYW OBNIŻENIA EKSPRESJI DYSTROFINY NA EKSPRESJĘ MARKERÓW MIELINIZACJI W PIERWOTNYCH LUDZKICH KOMÓRKACH SCHWANNA

Stankiewicz Aleksandra, Kościelniak-Wawro Paulina, Konieczny Patryk

Instytut Biologii i Ewolucji Człowieka, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu,
ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614, Poznań

Email: alesta49@st.amu.edu.pl

Dystrofia mięśniowa Duchenne’a (DMD) jest ciężką, postępującą chorobą nerwowo-mięśniową, wywołaną mutacjami w genie *DMD* kodującym białko dystrofinę. Dystrofina stanowi kluczowy składnik kompleksu DAPC (dystrophin-associated protein complex), który łączy wewnątrzkomórkowy cytoszkielet z macierzą zewnątrzkomórkową, stabilizując błonę komórkową i uczestnicząc w przekazywaniu sygnałów. Utrata dystrofiny prowadzi do postępującej degeneracji mięśni szkieletowych i sercowych, co skutkuje przedwczesnym zgonem w wyniku niewydolności krążeniowo-oddechowej. Chociaż rola dystrofiny w mięśniach szkieletowych została dobrze poznana, jej funkcja w obwodowym układzie nerwowym pozostaje słabo scharakteryzowana. Wiadomo jednak, że w błonie komórek Schwanna obecny jest kompleks białek związanych z dystrofiną, co może wskazywać na jego udział w regulacji mielinizacji nerwów obwodowych.

Celem pracy jest określenie wpływu dystrofiny na proces różnicowania pierwotnych komórek Schwanna (sNF02.2) poddanych ograniczonej ekspresji genu *DMD* z zastosowaniem podejścia genetycznego typu loss-of-function. Komórki zostaną poddane różnicowaniu za pomocą cAMP oraz kwasu askorbinowego. Ekspresja markerów mielinizacji, takich jak KROX20 (EGR2) oraz MPZ, zostanie przeanalizowana na poziomie mRNA metodą RT-qPCR oraz na poziomie białka metodą Western blot. Oczekuje się, że zmniejszenie ekspresji dystrofiny wpłynie na przebieg różnicowania komórek Schwanna oraz zaburzy ekspresję kluczowych regulatorów mielinizacji. Uzyskane wyniki mogą przyczynić się do lepszego zrozumienia neurologicznego komponentu DMD oraz wskazać nowe kierunki badań nad strategiami terapeutycznymi.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków programu „Inicjatywa Doskonałości – Uczelnia Badawcza” (ID-UB) w ramach Konkursu „212 Study@Research”, finansowanego przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego.

Bibliografia:

- 1) Arreguin i in., *Disease Models & Mechanisms*, 2024, 17(4): dmm050115.
- 2) Bacallao i Monje, *PLoS One*, 2015, 10(2), e0116948.

WPLYW WARUNKÓW GLEBOWYCH NA STAN ZACHOWANIA POPULACJI SZACHOWNICY KOSTKOWATEJ *Fritillaria meleagris* L

Stępień Radosław¹, Iciak Natalia¹, Foks Anna¹, Gułkiewicz Tomasz¹, Jemoła Julia¹, Krupa Kamil¹, Giełbaga Kinga¹, Strzała Kinga¹, Krzeczowska Maja¹, Lisiak Patrycja¹, Lepucki Szymon¹, Ziemiński Dominik¹, Makuch-Pietraś Iwona²

¹Studenckie Koło Naukowe Przyrodników Uniwersytetu Rzeszowskiego, ul. Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów, Polska; ²Katedra Ochrony Przyrody i Ekologii Krajobrazu, Wydział Technologiczno-Przyrodniczy Uniwersytet Rzeszowski, ul. Zelwerowicza 4, 35-601 Rzeszów, Polska

Email: ni135636@stud.ur.edu.pl; rs137184@stud.ur.edu.pl

Szachownica kostkowata *Fritillaria meleagris* L. jest to gatunek bardzo rzadki, występujący na zróżnicowanych stanowiskach pod względem warunków glebowych i wodnych, z naciskiem na kośne łąki zmiennowilgotne. Ziołorośla i trzcinowiska według badań autorów z lat wcześniejszych, należą do stanowisk o mniejszym zagęszczeniu populacji. Celem badań było określenie preferowanych parametrów glebowych dla szachownicy kostkowatej *Fritillaria meleagris* L. na trzech naturalnych stanowiskach w Polsce, której populacja jest monitorowana stale przez Koło Naukowe Przyrodników Uniwersytetu Rzeszowskiego. Próbkę pobrano w kwietniu 2025 w dwóch rezerwach przyrody "Szachownica w Krównikach", "Szachownica kostkowata w Stubnie" oraz na stanowisku w Zaleskiej Woli.

Metodyka obejmowała pobranie próbek z przekroju warstwy powierzchniowej przy pomocy szpadla z głębokości do 20 centymetrów. Po 5 próbek na każde stanowisko. Badania gleb zostały wykonane w oparciu o podstawowe metody stosowane w laboratoriach gleboznawczych. Oznaczono: zawartość węgla organicznego, węglanu wapnia, odczyn, skład granulometryczny, kwasowość hydrolityczną, sumę kationów zasadowych oraz zawartość form przyswajalnych P, K i Mg.

Uzyskane wyniki poddano analizie statystycznej, określając istotne różnice pomiędzy poszczególnymi stanowiskami dla badanych właściwości gleb. Umożliwiło to wstępne określenie warunków glebowych stanowisk, na których występuje szachownica kostkowata. Badane stanowiska reprezentowały gleby o bardzo zróżnicowanym składzie oraz właściwościach pomiędzy poszczególnymi stanowiskami, często z różnicami istotnymi statystycznie. Najwyższe zagęszczenie tego gatunku występowało zarówno na glebie pylastej (Krówniki-łąka), jak i na glebie piaszczystej (Stubno), a najmniejsze w Zaleskiej Woli, gdzie występował piasek luźny. Preferencje siedliskowe szachownicy kostkowatej dotyczą przede wszystkim warunków wodnych podłoża, co można łączyć z większą zawartością frakcji ilastej czy też próchnicy, czego przykładem było stanowisko w Stubnie. Należy zwrócić uwagę, że to stanowisko charakteryzuje również wysoka kwasowość hydrolityczna i niskie wartości pH (gatunek ten preferuje odczyn lekko kwaśny do obojętnego), co pogarsza przyswajanie składników mineralnych. Przykładem może być stanowisko Krówniki-łąka o optymalnych warunkach siedliskowych, a przeciwnieństwem stanowisko w Zaleskiej Woli.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Rektora UR w ramach dofinansowania pojedynczego działania naukowego SKN pt. „Ocena warunków siedliskowych szachownicy kostkowatej *Fritillaria meleagris* L. w Polsce”.

ANALIZA PORÓWNAWCZA WZROSTU ROŚLIN W WARUNKACH HIPERGRAWITACJI INDUKOWANEJ WIROWANIEM ORAZ SYMULOWANEJ ZMIENIONEJ GRAWITACJI

Sułkowski Albert, Harasymczuk Agata

Akademia Górniczo-Hutnicza im. Stanisława Staszica w Krakowie, Wydział Technologii Kosmicznych

Email: amsulkowski@gmail.com

Celem projektu jest zbadanie wpływu zmienionych warunków grawitacyjnych na wzrost i morfologię roślin. Badania obejmują dwa etapy: ekspozycję na hipergrawitację z wykorzystaniem wirówki oraz symulację zmienionej grawitacji przy użyciu Random Positioning Machine (RPM).

W pierwszym etapie siewki jarmużu (*Brassica oleracea* var. *sabellica*) hodowano przez 7 dni w warunkach 1G (kontrola), 2G i 5G, przy cyklu świetlnym 12:12. Analizowano kiełkowanie oraz długość korzeni i części nadziemnych, wykorzystując analizę obrazów. Zaobserwowano zależne od poziomu grawitacji zmiany w rozwoju siewek, obejmujące zarówno wzrost części nadziemnych, jak i systemu korzeniowego.

W drugim etapie rośliny poddawane są działaniu RPM przy różnych prędkościach obrotowych, prowadzących do ciągłej zmiany kierunku wektora grawitacji. Analizowana jest odpowiedź roślin na ograniczenie stałego bodźca grawitacyjnego, ze szczególnym uwzględnieniem kierunku wzrostu i zmian morfologicznych.

Uzyskane wyniki pozwalają na ocenę wpływu zmienionej grawitacji na rozwój roślin oraz mogą przyczynić się do lepszego poznania możliwości ich wykorzystania w systemach produkcji żywności podczas przyszłych misji kosmicznych.

ODDZIAŁYWANIA BŁONOWE I PROFILE CYTOTOKSYCZNE KSANTOHUMOLI POCHODZĄCYCH Z CHMIELU WZGLĘDEM KOMÓREK NOWOTWOROWYCH I ERYTROCYTÓW

Stompor-Gorący Monika^{1,2}, Żrebiec Dawid³, Włoch Aleksandra⁴, Nasulewicz-Goldeman Anna⁵

¹Laboratorium Chemii Organicznej, Wydział Medyczny, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, Warzywna 1a, 35-310 Rzeszów; ²Zakład Patofizjologii Człowieka, Wydział Medyczny, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski, Kopisto 2a, 35-315 Rzeszów; ³SKN „Kryształ”, Laboratorium Chemii Organicznej, Wydział Medyczny, Collegium Medicum, Uniwersytet Rzeszowski; ⁴Katedra Fizyki i Biofizyki, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Norwida 25, 50-375 Wrocław, Polska; ⁵Laboratorium Doświadczalnej Terapii Przeciwnowotworowej, Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej im. Ludwika Hirszfelda Polskiej Akademii Nauk, ul. Weigla 12, 53-114 Wrocław, Polska

Email: monika.stompor@gmail.com

Ksantohumol (XH) oraz jego pochodne reprezentują obiecującą grupę prenylowanych chalkonów o wysokim potencjale terapeutycznym i szerokim profilu farmakologicznym (Stompor-Gorący i in., 2024; Chmiel i in. 2026). Jednak mechanizm ich oddziaływania z błonami lipidowymi oraz zależności między strukturą cząsteczek a ich aktywnością biologiczną wciąż pozostają niedostatecznie wyjaśnione.

Celem pracy było określenie wpływu ksantohumolu C (XHC) oraz jego półsyntetycznych pochodnych 1",2"-dihydroksantohumolu C (DHXHC) i 1",2"-dihydroksantohumolu K (DHXHK) na właściwości fizykochemiczne modelowych błon lipidowych, a także ich aktywność antyproliferacyjną, proapoptotyczną i hemolityczną w odniesieniu do ksantohumolu (XH). Badania antyproliferacyjne wykonano metodą SRB. Poziom indukcji apoptozy oceniono cytometrycznie metodą barwienia aneksyną V sprzężoną z izotiocyanianem fluoresceiny (Annexin V-FITC). Aktywność hemolityczną wyznaczono na ludzkich erytrocytach. Oddziaływania z modelowymi błonami lipidowymi badano metodami spektroskopii fluorescencyjnej z użyciem sond DPH (anizotropia) oraz Laurdan (uogólniona polaryzacja, GP). Wszystkie badane substancje wykazały dobrą lub umiarkowaną aktywność antyproliferacyjną, zależną od badanej linii komórkowej. Najsilniejszy efekt proapoptotyczny w odniesieniu do komórek raka z komórek Merkla odnotowano dla XHC. Wyniki uzyskane dla modelowych błon liposomowych, odzwierciedlających skład błon komórek nowotworowych, wykazały, że związki o płaskiej strukturze (XHC, DHXHC) są zdolne do wywoływania istotnych zaburzeń w upakowaniu grup głowowych lipidów oraz usztywniania rdzenia lipidowego. Z kolei DHXHK nie powoduje zaburzeń struktury błony w stopniu korelującym z efektem cytotoksycznym (Stompor-Gorący i in., 2026).

Finansowanie:

Badania zostały sfinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki w ramach grantu Sonata 16 pt.: „Otrzymywanie i ocena aktywności biologicznej nowych biotynylowanych analogów flawonoidów chmielu”. Umowa nr UMO-2020/39/D/NZ9/02023.

Bibliografia:

- 1) Stompor-Gorący i in., *International Journal of Molecular Sciences*, 2024, 25(20), 11015, 1-15.
- 2) Chmiel i in., *Pharmaceuticals*, 2026, 19(5) 687, 1-16.
- 3) Stompor-Gorący i in., *Chemico-Biological Interactions*, 2026, 435, 112168, 1-10.

PORÓWNANIE OBECNOŚCI MIKROPLASTIKU W ODCIĄGACH JEŻA WSCHODNIEGO *ERINACEUS ROUMANICUS* I JEŻA ZACHODNIEGO *E. EUROPEUS*

Szopa Jakub, Szkobodzińska Weronika

Zakład Zoologii Systematycznej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu,
ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Email: jakszo4@st.amu.edu.pl; werszk5@st.amu.edu.pl

Mikroplastik jest wszechobecnym zanieczyszczeniem środowiska, którego obecność wykazano w organizmach wielu grup zwierząt, w tym ssaków. Wykryto go w odciegach jeża zachodniego *Erinaceus europaeus* oraz u, stanowiącej istotny składnik jego diety, dżdżownicy *Lumbricus terrestris*. Dotychczas nie prowadzono jednak badań dotyczących jeża wschodniego *Erinaceus roumanicus*, mimo że pokrewieństwo obu gatunków sugeruje podobne ryzyko narażenia na mikroplastik (Huerta Lwanga et al. 2017; Thrift et al. 2022). Zanieczyszczenia te mogą wywoływać zmiany behawioralne, zaburzenia funkcjonowania narządów i układów, stany zapalne, stres oksydacyjny oraz zahamowanie wzrostu (da Silva Brito et al. 2022).

Celem pracy było porównanie zawartości mikroplastiku w odciegach jeża zachodniego i jeża wschodniego. Wykorzystując próbki odciegów zebrane na terenie Poznania i okolic, w strefie sympatrycznego występowania obu gatunków, przeanalizowano obecność mikroplastiku oraz różnice międzygatunkowe. Próbkę były konserwowane w etanolu, filtrowane, a cząstki mikroplastiku identyfikowane metodą gorącej igły (hot needle test). Wyniki analiz zostały przedstawione jako liczba cząstek mikroplastiku na próbkę odciegów i pozwalają ocenić, czy gatunki różnią się poziomem narażenia na mikroplastik.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane środków projektu ID-UB w ramach konkursu Study@Research nr 201/34/UAM/0119.

Bibliografia:

- 1) da Silva Brito i in., *Particle and Fibre Toxicology* 2022, 19, 28.
- 2) Huerta Lwanga E i in, *Scientific Reports* 2017, 7, 14071.
- 3) Thrift i in., *The Science of The Total Environment* 2022, 842(2):156679

DEKOLORYZACJA ROZTWORÓW SYNTETYCZNYCH BARWNIKÓW ANTRACHINONOWYCH PRZEZ KOMÓRKI DROŻDŻY *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

Święciło Agata, Bednarz Joanna

Katedra Mikrobiologii Środowiskowej, Wydział Agrobioinżynierii, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Email: agata.swiecilo@up.edu.pl

Barwniki syntetyczne są szeroko stosowane w wielu gałęziach przemysłu, takich jak tekstylny, kosmetyczny, farmaceutyczny i spożywczy. Jednymi z częściej wykorzystywanych barwników w produkcji tekstyliów są barwniki na bazie antrachinonów. Barwniki te stosuje się do barwienia głównie włókien białkowych i celulozowych. Skutkiem ich powszechnego wykorzystania w przemyśle tekstylnym jest zanieczyszczenie środowiska, głównie wód, osadów i gleby odciekami z procesu barwienia oraz produktami ich degradacji. Do grupy barwników antrachinonowych należą Remazol Brilliant Blue R (RBBR) oraz Acid Green 25 (AG 25). Oba barwniki, pomimo tego, że różnią się masą cząsteczkową i strukturą chemiczną, zawierają antrachinonowe grupy chromoforowe oraz grupy sulfonowe, które nadają im właściwości barwne i umożliwiają rozpuszczenie w wodzie. Drożdże *S. cerevisiae* są często wykorzystywane w badaniach ekotoksykologicznych oraz remediacji środowisk skażonych barwnikami syntetycznymi (Rybczyńska-Tkaczyk i in., 2018). Wprawdzie natywne szczepy drożdży *S. cerevisiae* nie mają zdolności do degradacji barwników antrachinonowych, ale mogą je dekoloryzować na drodze adsorpcji do żywej lub martwej biomasy. Celem przeprowadzonych badań była ocena toksyczności roztworów barwników RBBR i AG 25 w stosunku do szczepów dzikich (SP4, BY4741) i zmutowanych drożdży *S. cerevisiae* (SP4*rho*-, DSCD1-1C(*sod1Δ*), DCT4-1A (*cta1ctt1Δ*), EG110 (*sod2Δ*)) oraz zdolności do ich dekoloryzacji na drodze biosorpcji. Wykorzystując test kroplowy, nie wykazano toksyczności żadnego z barwników zastosowanych w zakresie stężeń od 100 do 4000 mg/L. Drożdże różniły się jednak zdolnością do biosorpcji tych barwników. Zjawisko to badano, oceniając barwę kolonii na pożywkach z barwnikami w stężeniu 100 mg/L. Silne właściwości biosorpcyjne wykazywały komórki szczepów EG110 oraz BY4741, natomiast w obrębie szczepów izogenicznych do SP4 takie cechy wykazywała tylko nieliczna subpopulacja stanowiąca od 5 do około 10% wszystkich komórek. Cecha ta była stabilna (utrzymywała się przez 3 pasáže od izolacji z płytek za wzrostem kolonijnym). Komórki mutanta oddechowego SP4*rho*- nie adsorbowały w ogóle tych barwników. Zjawisko szczepowo-zależnej oraz wewnątrzszczepowej superadsorpcji barwników antrachinonowych może być wykorzystane do opracowywania bardziej wydajnych i bezpiecznych technik stabilizacji tego typu zanieczyszczeń w środowiskach.

Bibliografia:

- 1) Rybczyńska-Tkaczyk i in., *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2018, 147: 776-787.

**WPŁYW STRESU TEMPERATUROWEGO NA EKSPRESJĘ GENÓW
KODUJĄCYCH NEUROPEPTYDY CAPA U CHRZĄSZCZA
*TENEbrio MOLITOR L.***

Tomaszewski Jan, Lubawy Jan

Zakład Fizjologii i Biologii Rozwoju Zwierząt, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii,
Uniwersytet im. Adama Mickiewicza Poznań, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Email: jantom3@st.amu.edu.pl

Owady jako organizmy zdolne do zasiedlania szerokiego zakresu środowisk różniących się warunkami temperaturowymi, wykształciły wiele mechanizmów umożliwiających przeżycie w niesprzyjającym otoczeniu. W warunkach wysokiej temperatury owady wystawione są na działanie warunków stresowych skutkujących zaburzeniami w gospodarce wodnej i jonowej, zmianami metabolizmu oraz stresem oksydacyjnym. Neuropeptydy CAPA są związkami endokrynnymi odgrywającymi znaczącą rolę w odpowiedzi na owe warunki poprzez uczestnictwo w procesach regulacji gospodarki wodno-jonowej, oraz koordynacji odpowiedzi na stres oksydacyjny. Ich występowanie udowodniono u szeregu owadów, w tym u mącznika młynarka (*Tenebrio molitor* L.).

Celem pracy jest analiza wpływu stresu cieplnego na ekspresję mRNA kodującego neuropeptydy CAPA oraz białko szoku cieplnego (Hsp-70) u larw *T. molitor* oraz ocena wpływu syntetycznego peptydu CAPA na przeżywalność owadów w warunkach podwyższonej temperatury. Larwy poddawano stresowi termicznemu (39°C) przez jedną godzinę, po czym izolowano RNA z ośrodkowego układu nerwowego (mózg i brzuszny łańcuszek nerwowy). Następnie z wykorzystaniem metody RT-qPCR zmierzono poziom ekspresji genu kodującego neuropeptyd CAPA u owadów poddanych stresowi w porównaniu z grupą kontrolną.

Uzyskane wyniki wykazały tkankowo zależną odpowiedź ekspresji CAPA na stres cieplny. W brzuszny łańcuszek nerwowy ekspresja CAPA była istotnie obniżona u larw eksponowanych na wysoką temperaturę. W mózgu zaobserwowano natomiast tendencję do wzrostu ekspresji CAPA, jednak różnica ta nie osiągnęła poziomu istotności statystycznej.

Uzyskane dane sugerują, że układ CAPA może uczestniczyć w odpowiedzi larw *T. molitor* na stres cieplny w sposób zależny od części ośrodkowego układu nerwowego, co wskazuje na jego potencjalną rolę w neuroendokrynną regulacji adaptacji owadów do wysokiej temperatury.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków uzyskanych w konkursie Study@research w ramach projektu 'Inicjatywa Doskonałości - Uczelnia Badawcza' (212/64/UAM/0048 - Jan Tomaszewski).

NOWE LOKALIZACJE GATUNKÓW KRYPTYCZNYCH WĄTROBOWCA *ANEURA PINGUIS* L.

Bączkiewicz Alina, Węgrzyn Ewa, Buczkowska Katarzyna

Zakład Genetyki, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6,
61-614 Poznań, Polska

Email: e.wegrzyn@amu.edu.pl

Plechowaty wątrobowiec *Aneura pinguis* L. jest gatunkiem kosmopolitycznym, występującym w Europie, Azji, Ameryce Północnej i Południowej, Afryce i Australii. W Polsce znajdowany jest na Pomorzu, Pojezierzu Suwalskim oraz w Tatrach, Bieszczadach, Pieninach i Beskidach. Stanowi istotną część flory wątrobowców i jako gatunek pionierski spełnia ważną rolę w ekosystemach, w których występuje. Badania DNA ujawniły, że *A. pinguis* w rzeczywistości nie jest pojedynczym gatunkiem, a kompleksem wielu gatunków kryptycznych, które tymczasowo oznaczono systemem literowym od A do J. Wyniki wskazują, że do chwili obecnej cztery gatunki kryptyczne (D, G, H, I) zostały wykryte wyłącznie w Europie, z których trzy tylko w Polsce (G, H i I) a gatunek J tylko w Japonii. Pozostałe gatunki występują zarówno w Europie jak i na innych kontynentach.

Wykryte gatunki kryptyczne w obrębie *A. pinguis* różnią się nie tylko pod względem zasięgu geograficznego, ale także preferencjami ekologicznymi. Gatunki A, D, E, J preferują siedliska o charakterze zasadowym, rosną na humusie znajdującym się na skałach wapiennych, przy czym gatunek E na skałach znajdujących się w wodzie płynącej lub na skałach z ciekącą wodą. Pozostałe gatunki (B, C, F, G, H i I) występują na terenach o charakterze kwaśnym, jednakże wykazując zróżnicowane preferencje. Na przykład gatunek B i F jest spotykany przede wszystkim na glebach gliniastych z domieszką kwaśnego humusu, C na podmokłej glebie, na brzegach rzek, strumieni górskich, brzegach jezior oligotroficznym, natomiast G, H i I są związane z torfowiskami wysokimi i zatorfionymi brzegami jezior. Wskazuje to, że specjacja kryptyczna u *A. pinguis* wynika przede wszystkim z adaptacji do siedliska. Niniejszy plakat przedstawia najnowsze dane dotyczące występowania *A. pinguis* w Polsce i na świecie uwzględniające zarówno podział na gatunki kryptyczne, jak i nie uwzględniające tego podziału.

EGCG W MODELU KOMÓRKOWEJ TOKSYCZNOŚCI WANADU (V)

Wnuk Ewa, Zwolak Iwona

Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Medyczny,
Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1J, 20-708 Lublin

Email: ewa.wnuk@kul.pl

Metale ciężkie stanowią istotny czynnik wpływający na zdrowie człowieka. Długotrwała ekspozycja na metale, takie jak wanad (V), prowadzi do zaburzenia homeostazy oksydacyjnej poprzez nasilenie produkcji reaktywnych form tlenu (RFT) oraz osłabienie aktywności endogennych mechanizmów antyoksydacyjnych. Dodatkowo V wykazuje niekorzystny wpływ na serce, nerki, przewód pokarmowy i ośrodkowy układ nerwowy (Soares i in., 2008). Z tego względu poszukiwane są związki o potencjale ochronnym, zdolne do ograniczania toksycznych skutków ekspozycji na V.

Jednym z takich związków jest galusan epigallokatechiny (EGCG) – główny polifenol zielonej herbaty, wykazujący właściwości antyoksydacyjne, przeciwzapalne i przeciwnowotworowe. Wyniki badań *in vitro* i *in vivo* wskazują, że EGCG może łagodzić toksyczne działanie metali ciężkich poprzez ograniczenie produkcji RFT, redukcję stresu oksydacyjnego, zwiększenie przeżywalności komórek oraz zmniejszenie intensywności apoptozy (Ayyalasomayajula i in., 2019). Dotychczasowe doniesienia sugerują, że EGCG stanowi obiecujący czynnik wspomagający ochronę organizmu przed skutkami ekspozycji na metale ciężkie, jednak konieczne są dalsze badania w celu pełnego wyjaśnienia mechanizmów jego działania oraz oceny potencjału terapeutycznego.

Celem analiz było sprawdzenie właściwości ochronnych EGCG w stosunku do komórek narażonych na działanie V. Badania przeprowadzone zostały w warunkach hodowli *in vitro* na komórkach CHO-K1. Zbadano żywotność komórek, poziom RFT, aktywność kaspazy 3 oraz wykonano analizę apoptozy. Wyniki wykazały, że przy zastosowanych stężeniach, EGCG nie tylko nie wykazywało właściwości ochronnych wobec komórek narażonych na V, ale nawet potęgowało jego toksyczny efekt. Biorąc pod uwagę bardzo ograniczoną liczbę doniesień o wpływie EGCG na toksyczny efekt metali ciężkich (w szczególności V) w komórkach, konieczne są dalsze analizy, które pozwolą wyjaśnić zachodzące w komórkach pod wpływem obu czynników zjawiska.

Finansowanie:

Badania zostały dofinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki (NCN) w ramach Programu Miniatura 6. Nr grantu 2022/06/X/NZ7/00123.

Bibliografia:

- 1) Soares i in., *Comparative Biochemistry and Physiology Part C: Toxicology & Pharmacology*, 2008, 147: 168–178.
- 2) Ayyalasomayajula i in., *Journal of Biochemical and Molecular Toxicology*, 2019, 22 (11): 1-9.

ROZWÓJ BIOELEKTROCHEMICZNEGO SYSTEMU OPARTEGO NA KULTURACH SCOBY DO ZRÓWNOWAŻONEGO GENEROWANIA ENERGII W ŚRODOWISKACH ZAMKNIĘTYCH

Wrona Oliwia, Harasymczuk Agata, Sękara Stanisław, Kopyto Aleksander, Marczak-Grzesik Marta, Sułkowski Albert, Krzywdzik Krzysztof

Wydział Technologii Kosmicznych, Akademia Górniczo-Hutnicza

Email: owrona@student.agh.edu.pl

Zrównoważone systemy energetyczne dla środowisk zamkniętych wymagają innowacyjnych, niskoemisyjnych rozwiązań. Badania skupiają się na rozwoju bioelektrochemicznego ogniwa paliwowego opartego na symbiotycznej kulturze bakterii i drożdży (SCOBY, kombucza). Zaletą pracy jest ewaluacja układu względem próby zerowej (aktywność samej kombuczy), nawiązująca do wstępnych badań nad bioogniwami w przestrzeni kosmicznej [1]. Pozwoliło to wiarygodnie ocenić wpływ wprowadzonych materiałów elektrodowych na wydajność.

W eksperymencie prowadzonym w temperaturze 20 °C zastosowano anodę cynkową oraz katody o zróżnicowanej morfologii: płaską grafitową i gąbkę niklową. Parametry początkowe odniesiono do pomiarów kontrolnych na izolatorach (woda destylowana, woda z cukrem), które wykazały znacząco niższe lub zerowe natężenie prądu. Główna faza badań udowodniła, że odpowiedni dobór materiału elektrody i dystansu międzyelektrodowego (z optymalną wartością 10 mm) kluczowo wpływa na pracę ogniwa. Najwyższe parametry szczytowe prądu (ponad 24 mA przy napięciu bliskim 1,2 V) zanotowano w układzie z płaskim grafitem. Z kolei analiza krzywych polaryzacji w warunkach minimalnego oporu wykazała przewagę gąbki niklowej, która generowała przeszło dwukrotnie wyższy prąd niż wariant z grafitem płaskim.

Wyniki potwierdzają, że modyfikacja przestrzenna elektrod pozwala na skuteczną optymalizację wydajności prądowej układu. Ponieważ uwalniane z anody jony cynku mogą wykazywać działanie toksyczne na mikroorganizmy, obecnie prowadzone są dalsze badania nad długoterminową przeżywalnością kultur SCOBY w tych warunkach. Wysoka odporność drobnoustrojów uczyni testowany system obiecującym komponentem dla zrównoważonych technologii biosensorycznych i systemów podtrzymywania życia (life-support). Tego typu biodegradowalne ogniwa działające w obiegu zamkniętym posiadają ogromny potencjał aplikacyjny dla przyszłych, długotrwałych misji kosmicznych, stając się istotnym elementem projektowania samowystarczalnych habitatów na potrzeby załogowej eksploracji Marsa.

Finansowanie:

Badania zrealizowane przy wsparciu z grantu TURBOGRANT ORLEN.

Bibliografia:

- 1) Marczak-Grzesik, M.; Kołodziejczyk, A. M. Biofuel Cells in Space Technologies: Review with Initial Experimental Results. Preprints 2025, 2025101326.

PIROGRONIAN SODU JAKO ANTYOKSYDANT OGRANICZAJĄCY CYTOTOKSYCZNOŚĆ WANADU W KOMÓRKACH CHO-K1 ORAZ NIH/3T3

Zwolak Iwona, Wnuk Ewa

Katedra Biomedycyny i Badań Środowiskowych, Instytut Nauk Biologicznych, Wydział Medyczny, Katolicki
Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1J, 20-708 Lublin

Email: iwona.zwolak@kul.pl

Spalanie paliw kopalnych oraz rosnące wykorzystanie wanadu w przemyśle prowadzą do zwiększonego uwalniania tego pierwiastka do środowiska, co nasila potencjalne zagrożenia zdrowotne — zwłaszcza w kontekście jego obecności w pyłach PM_{2.5}. Wykazano, że zawodowa ekspozycja pracowników przemysłowych na pył pięciotlenku wanadu wywołuje zarówno działanie drażniące, jak i toksyczne na drogi oddechowe. Co istotne, toksyczność wanadu została potwierdzona również w badaniach epidemiologicznych, które wskazują na istotny związek między narażeniem środowiskowym na ten metal a wyższym ryzykiem chorób układu oddechowego, zaburzeń sercowo-naczyniowych, neurologicznych oraz niekorzystnym wpływem na przebieg ciąży (Zwolak 2020). Ponieważ stres oksydacyjny odgrywa kluczową rolę w rozwoju skutków zatrucia wanadem, naturalne antyoksydanty są postrzegane jako obiecujące wsparcie terapeutyczne w łagodzeniu toksycznych efektów tego metalu.

Celem pracy była analiza wpływu pirogronianu sodu – α -ketokwasu o właściwościach antyoksydacyjnych – na działanie toksyczne wanadu w komórkach zwierzęcych *in vitro*. Oceniano parametry związane z indukcją cytotoxyczności podstawowej, stresem oksydacyjnym oraz apoptozą, wykorzystując jako model badawczy hodowlę komórek jajnika chomika chińskiego (linia CHO-K1) oraz mysich fibroblastów (NIH/3T3). W przeprowadzonych eksperymentach komórki *in vitro* poddano ekspozycji na toksyczne stężenie wanadu (siarczany wanadylu, VOSO_4) w obecności pirogronianu sodu przez 24–48 godzin. Wyniki potwierdziły cytotoxyczny wpływ wanadu na badane komórki, co wykazano zarówno w analizie morfologii (mikroskopia kontrastu fazowego), jak i w teście z resazuryną. Pirogronian istotnie łagodził te zmiany – dzięki działaniu antyoksydacyjnemu hamował spadek poziomu glutationu (GSH) oraz obniżał poziom mitochondrialnych ROS. Wanad powodował niewielki wzrost apoptozy w komórkach CHO-K1, jednak efekt ten nie ulegał zmianie w obecności pirogronianu sodu. Jednocześnie pirogronian zmniejszał liczbę komórek nekrotycznych, zarówno w porównaniu z kontrolą, jak i z hodowlą inkubowaną wyłącznie z wanadem (Zwolak i in., 2025). Z przeprowadzonych badań wynika, że pirogronian sodu jako przeciwutleniacz w istotny sposób może przeciwdziałać cytotoxyczności wywołanej przez wanad w hodowlach komórek zwierzęcych.

Bibliografia:

- 1) Zwolak, *Oxidative Medicine and Cellular Longevity*, 2020, article ID 1490316.
- 2) Zwolak i in., *Scientific Reports*, 2025, 15:24006.

INDEKS AUTORÓW:

Adamiec Małgorzata, 20, 58	Durda-Masny Magdalena, 55
Anbalagan Savani, 32	Dyga Wojciech, 26
Arasimowicz-Jelonek Magdalena, 39	Dziurawicz Patrycja, 38
Baczyńska Amelia, 33	Englert-Golon Monika, 55
Baran Aleksandra, 66	Enkhbaatar Tuguldur, 13
Barański Marcin, 60	Fałowska Patrycja, 38
Bączkiewicz Alina, 79	Florkowski Łukasz, 39
Bednarska Sabina, 19, 24, 34	Folta Justyna, 41
Bednarz Joanna, 77	Foks Anna, 73
Bielak-Żmijewska Anna, 9	Fornal Rafał, 25
Biela-Mazur Jadwiga, 25	Fudali Alicja, 40
Błazowski Łukasz, 25	Gajewska Joanna, 39
Bodaszewska-Lubaś Małgorzata, 21	Gaweł Justyna, 42
Brewka Julia, 35	Giełbaga Kinga, 73
Broda Martyna, 42	Gohari Gholamreza, 39
Broszkiewicz Weronika, 33	Górecka Ewa, 68
Buczkowska Katarzyna, 79	Górecki Paskal, 43
Bulanda Małgorzata, 26	Górka Anna, 70
Bylewska Natalia, 69	Grela Wiktoria, 44
Chowański Szymon, 71	Gruchoła Amelia, 63
Chrzanowski Grzegorz, 36	Grundmann Norbert, 55
Cichoński Jan, 36	Guliewicz Tomasz, 73
Ciesielska Maria, 58	Gzyra-Jagiela Karolina, 30, 48
Ciomborowska-Basheer Joanna, 55	Harasymczuk Agata, 74, 81
Czarnecka Joanna, 15	Iciak Natalia, 73
Czarnobilska Ewa, 26	Jagusztyn Bartosz, 42
Czarnobilska Maria, 26	Janeczko Agnieszka, 34
Czarnota Paweł, 17	Januś Ewa, 45
Dombka Julia, 37	Jańczak-Pieniążek Marta, 46
Domińska Kamila, 33	Jaros-Tsoj Karolina, 15
Durak Roma, 64	Jaroszek-Ścisł Jolanta, 15
Durak Tomasz, 64	Jastrzębski Arkadiusz, 47, 63

Doskonałe Podkarpacie – kompleksowe badania środowiska w Uniwersytecie Rzeszowskim na rzecz regionu

Jemoła Julia, 73	Lubawy Jan, 59, 78
Jóźwik -Pruska Jagoda, 30, 48	Luciński Robert, 20, 58
Jurczyk Łukasz, 49, 65	Łopucki Rafał, 47, 63
Kaczmarek Leszek, 60	Maciaszczyk-Dziubińska Ewa, 11, 37
Kałuża Szymon, 50	Madej-Kielbik Longina, 30
Kaniak-Golik Aneta, 13	Majdanik Hanna, 59
Kania-Kłosok Iwona, 43	Makałowska Izabela, 55
Kasprzyk Idalia, 25, 35	Makałowski Wojciech, 55
Kędzierska Magdalena, 51	Makuch-Pietraś Iwona, 73
Kielar Patrycja, 52	Maniawska Oliwia, 60
Koc-Jurczyk Justyna, 49, 65	Marciniak Paweł, 71
Konieczny Igor, 53	Marczak-Grzesik Marta, 81
Konieczny Patryk, 72	Martynowski Dariusz, 66
Konopińska Natalia, 69	Maślanka Roman, 19, 24, 34
Kopciuch Magdalena, 34	Matuszewska-Mach Eliza, 53
Koperski Paweł, 40	Matysiak Jan, 53
Kopyto Aleksander, 81	Mazela Jan, 55
Kościelniak-Wawro Paulina, 72	Mazur Jakub, 51, 61
Krupa Kamil, 73	Michalik Anna, 64
Krzeczowska Maja, 73	Milczarek Anna, 48
Krzepiło Anna, 45	Morańska Katarzyna, 55
Krzywdzik Krzysztof, 81	Mysłajek Robert, 47
Książek-Trela Paulina, 54	Myszkowska Dorota, 26
Kubat Iwona, 36	Nasulewicz-Goldeman Anna, 75
Kulus Gabriela, 55	Nowak Sabina, 47
Kus-Liśkiewicz Małgorzata, 42, 51	Nynca Anna, 67
Kwiatkowska Julia, 56	Och Ewelina, 52
Kwitkowska Kornelia, 57	Oklejewicz Bernadetta, 66
Kwolek-Mirek Magdalena, 19, 24, 34	Osiadły Kacper, 62
Lepucki Szymon, 73	Ożga-Wybranowska Kinga, 47, 63
Levkov Zlatko, 68	Panek Julia, 36
Lis Jerzy A., 29	Parashchak Iryna, 63
Lisiak Patrycja, 73	Paw Milena, 22

Doskonałe Podkarpacie – kompleksowe badania środowiska w Uniwersytecie Rzeszowskim na rzecz regionu

Pawlik Krzysztof, 66	Stępień Radosław, 73
Pązik Robert, 36	Stompor-Gorący Monika, 75
Peszek Łukasz, 68	Strzała Kinga, 73
Piecuch Karolina, 64	Sugier Piotr, 15
Pieszko Weronika, 36	Sułkowski Albert, 74, 81
Piotrowicz Katarzyna, 26	Szalczyńska Magdalena, 48
Podolak Agnieszka, 49, 65	Szkobodzińska Weronika, 76
Potocki Leszek, 51, 62, 66	Szopa Jakub, 76
Przedpeńska-Wąsowicz Ewa, 26	Szpyrka Ewa, 54
Przywara Michał, 34	Szwed Anita, 55
Puchalska Anna, 42	Szymankiewicz-Bręborowicz Marta, 55
Pyzia Łukasz, 25	Śliwka Patrycja, 63
Rabani Fatemeh, 27	Święciło Agata, 45, 77
Regiec Aleksandra, 25	Świstak Dawid, 15
Rucińska-Sobkowiak Renata, 23	Tomala Katarzyna, 27
Rutkowski Patryk, 67	Tomaszewska Anna, 36
Rybaczek Dorota, 44	Tomaszewski Jan, 78
Rybak Mateusz, 35, 68	Trojankiewicz Magdalena, 28
Rzetecka-Mańka Natalia, 53	Tymetska Svitlana, 22
Sadok Ilona, 47, 63	Urbański Arkadiusz, 69
Salamonik Olga, 69	Vangronsveld Jaco, 15
Sanecka Maria, 70	Vassilis Fotopoulos, 39
Sękara Stanisław, 81	Warowicka Alicja, 53
Sikorowicz Aleksandra, 42	Waszkiewicz Karolina, 38
Skoneczna Adrianna, 13	Wesołowska Lidia, 71
Skoneczny Marek, 13	Węgrzyn Ewa, 79
Skrzyńska Jolanta, 71	Węgrzyn Michał, 38
Słocińska Małgorzata, 59	Wiertek-Płoszaj Natasza, 33
Smug Bogna, 27	Włoch Aleksandra, 75
Sobień Magdalena, 60	Włoch-Salamon Dominika, 27
Sobkowiak Robert, 23	Wnuk Dawid, 22
Stankiewicz Aleksandra, 72	Wnuk Ewa, 80, 82
Stefaniuk Marzena, 60	Worek Mariusz, 66

Doskonałe Podkarpacie – kompleksowe badania środowiska w Uniwersytecie Rzeszowskim na rzecz regionu

Wójcik Małgorzata, 15

Wójcik-Kanach Magdalena, 25

Wrona Oliwia, 81

Wysocki Robert, 11, 37

Zadrag-Tęcza Renata, 13, 19, 24, 41, 68

Zielińska Anna, 29

Ziemiński Dominik, 73

Zwolak Iwona, 80, 82

Żrebiec Dawid, 75

Regionalna inicjatywa doskonałości

Plan Doskonałe Podkarpacie - kompleksowe badania środowiska w Uniwersytecie Rzeszowskim na rzecz regionu

Dofinansowano ze środków Ministra Nauki w ramach Programu „Regionalna inicjatywa doskonałości”. Umowa nr RID/SP/0010/2024/1.

e-ISBN 978-83-8277-338-5

