



**VII Warsztaty Naukowe
Instytutu Biologii Eksperymentalnej
Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu**

VII Warsztaty Naukowe Instytutu Biologii Eksperymentalnej Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Wydział Biologii, Poznań 14 czerwca 2024

Komitet Naukowy

Przewodnicząca: prof. UAM dr hab. Agnieszka Bagniewska-Zadworna
Członkowie: prof. dr hab. Magdalena Arasimowicz-Jelonek
prof. UAM dr hab. Ewa Chudzińska
prof. dr hab. Małgorzata Garnczarska
prof. UAM dr hab. Ryszard Koczura
prof. UAM dr hab. Andrzej Lesicki
prof. UAM dr hab. Robert Nawrot
prof. UAM dr hab. Małgorzata Słocińska

Komitet Organizacyjny

Członkowie: mgr Katarzyna Jackowska
dr Karolina Kułak
dr Nicoletta Makowska-Zawierucha
dr Martyna Węglewska

Zdjęcie okładkowe: Storczyk kukawka (*Orchis militaris* L.)
Autor: prof. UAM dr hab. Tomasz P. Wyka

Redakcja, korekta, skład książki streszczeń: dr Karolina Kułak



UNIwersYTET
IM. ADAMA MICKIEWICZA
W POZNANIU





Wpływ nikotyny na amplitudę i częstotliwość generowania potencjałów elektrycznych przez neurony świerszcza domowego (*Acheta domesticus*)

KLAUDIA BABIERACKA¹, RENATA RUCIŃSKA-SOBKOWIAK², ROBERT SOBKOWIAK¹

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

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

Nikotyna wpływa na aktywność neuronów poprzez receptory nikotynowe. W świecie zwierząt receptory tego typu są szeroko rozpowszechnione. Szczególnie wrażliwe na nikotynę są receptory owadzie. Celem badań było sprawdzenie czy różne dawki nikotyny mogą działać przeciwstawnie na aktywność bioelektryczną neuronów świerszczy. Eksperymenty prowadzono na świerszczach domowych (*Acheta domesticus*). Świerszcze znieczulano niską temperaturą, a następnie umieszczano w układzie nerwowym owada dwie elektrody – jedną w terminalnym zwoju brzuszonym, a drugą zwoju piersiowym T3. Potencjały czynnościowe prowokowano dmuchając co 10 s na przydatki odwłokowe owada, co w naturalnych warunkach wyzwała odruch ucieczki. Zmiany potencjałów elektrycznych generowanych przez układ nerwowy świerszcza w warunkach kontrolnych i bezpośrednio po podaniu różnych stężeń nikotyny rejestrowano przy użyciu wzmacniacza własnej konstrukcji i zapisywano w formacie plików dźwiękowych (*.wav). Do analizy otrzymanych danych wykorzystano programy komputerowe Audacity i RStudio. Zaobserwowano niewielki wpływ nikotyny na amplitudę rejestrowanych sygnałów. Badania wykazały, że nikotyna może znacząco zmieniać częstotliwość generowanych potencjałów czynnościowych przez neurony w porównaniu do warunków kontrolnych. Co ciekawe dla charakterystycznych częstotliwości można wyróżnić stężenia nikotyny, których działanie jest przeciwstawne. Otrzymane wyniki są zgodne z wcześniej uzyskanymi danymi z badań na poziomie behawioralnym, subkomórkowym i molekularnym, które dowodzą, że nikotyna może wykazywać działanie antynomiczne.



Bakteryjne lityczne monooksygenazy polisacharydowe (LPMO) wywierają negatywny wpływ na larwy *Spodoptera exigua*

JAKUB BARANEK¹, FILIP WOJTKOWIAK¹, KINGA BELIŃSKA¹, PAULINA WOJTKOWIAK¹, ANDRZEJ ZIELEZIŃSKI²

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

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Zakład Biologii Obliczeniowej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Lityczne monooksygenazy polisacharydowe (ang. *Lytic Polysaccharide Monoxygenases*; LPMOs) to niedawno odkryte enzymy typu redoks, szeroko rozpowszechnione wśród rozmaitych grup taksonomicznych, w tym bakterii, grzybów i wirusów. Białka LPMO mogą lokalnie utleniać cząsteczki węglowodanów i rozrywać wiązania glikozydowe występujące w tych biopolimerach, umożliwiając dalszy efektywny rozkład opornych polisacharydów, takich jak chityna czy celuloza. Choć białka LPMO były do tej pory analizowane głównie pod kątem ich roli w konwersji biomasy to podejrzewa się także inne biologiczne funkcje tych enzymów.

W niniejszej pracy wstępnie oceniony został wpływ czterech różnych enzymów typu LPMO, charakterystycznych dla bakterii z gatunku *Bacillus thuringiensis* i *Serratia marcescens*, na larwy *Spodoptera exigua* – gatunku owadów, powodującego ogromne straty w rolnictwie na świecie. Białka LPMO wyselekcjonowane zostały na podstawie wyraźnych różnic w strukturze cząsteczki i architekturze domen białkowych. Testowane enzymy bakteryjne zostały podane owadom drogą żołądkową. Pomiar przeprowadzone siedem dni od ekspozycji owadów na badane czynniki wskazały upośledzenie wzrostu larw w porównaniu do kontroli.

Uzyskane wyniki sugerują, że enzymy LPMO mogą odgrywać rolę w chorobotwórczości entomopatogennych bakterii wobec owadów. Potencjalnie, białka te mogą zostać wykorzystywane w przyszłych strategiach kontroli szkodników jako nowa generacja bioinsektycydów.

Czy jest możliwe, że neuropeptydy owadów mogą wpływać na fizjologię komórek ssaczy?

SZYMON CHOWAŃSKI, MARCIN CHOLEWIŃSKI, MONIKA SZYMCZAK-CENDLAK, KAROLINA WALKOWIAK-NOWICKA, PAWEŁ MARCINIAK

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

Neuropeptydy są cząsteczkami sygnałowymi regulującymi kluczowe procesy fizjologiczne u różnych grup zwierząt. Działają jako neuroprzekaźniki, neuromodulatory i neurohormony. Modułują aktywność tkanek nerwowych i nienerwowych w złożony sposób, na dwa główne sposoby: zmieniając właściwości bioelektryczne błony komórkowej oraz zmieniając stężenie przekaźników drugiego rzędu. Niektóre właściwości neuropeptydów można określić w oparciu o homologie z ich ssaczymi odpowiednikami.

Aby sprawdzić wpływ neuropeptydów na parametry elektrofizjologiczne komórek ssaczy - kardiomiocytów i neuronów dokonano pomiarów wartości amplitudy i czasu trwania zewnątrzkomórkowego potencjału czynnościowego (ang. *Extracellular Active Potential*, EAP), z wykorzystaniem chipów do wielokanałowej rejestracji sygnałów (MEA-system) po aplikacji wybranych syntetycznych neuropeptydów.

W eksperymentach zastosowano neuropeptydy owadów o wcześniej ustalonej aktywności miotropowej (proktolina, kardioaktywny peptyd skorupiaków – CCAP, miosupresyna – MS) oraz neuropeptydy ssacze (neuropeptyd FF – NPFF oraz peptyd z rodziny z RFamidu - RFRP1). Dodatkowo wykonano pomiar częstotliwości skurczów kardiomiocytów z wykorzystaniem techniki wideomikroskopii. Oceniono także cytotoksyczność peptydów w stosunku do linii komórek ssaczy wywodzących się z komórek raka szyjki macicy (HeLa). Badane neuropeptydy wpływały na wartość badanych parametrów z różną efektywnością w sposób zależny od dawki. Wykazano, że wśród testowanych peptydów CCAP w największym stopniu zmieniał częstotliwość impulsów, podczas gdy RFRP1 znacząco modulował amplitudę impulsów. Uzyskane wyniki sugerują, że neuropeptydy owadów mogą znacząco wpływać na funkcjonowanie komórek ssaków.

Badania finansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki, projekt 2021/41/B/NZ3/00221.



Miedź – sprzymierzeniec czy wróg *Phytophthora infestans*?

JOANNA GAJEWSKA¹, EWA SOBIESZCZUK-NOWICKA², JOLANTA FLORYSZAK-WIECZOREK³,
MAGDALENA ARASIMOWICZ-JELONEK¹

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Fizjologii Roślin, Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

³Uniwersytet Przyrodniczy, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Katedra Fizjologii Roślin, Wołyńska 35, 60-637 Poznań

Miedź (Cu) będąca metalem ciężkim, zaliczana do pierwiastków niezbędnych, jest komponentem powszechnie stosowanych środków ochrony roślin, co przyczynia się do jej nadmiernej akumulacji w glebie. W związku z powyższym, celem badań było rozpoznanie zależnych od Cu zmian na poziomie komórkowym i molekularnym, które potencjalnie mogłyby się przyczynić do adaptacji *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary do środowiska zanieczyszczonego tym metalem, jak i modyfikować przebieg zarazy ziemniaka. Badania przeprowadzono na dwóch izolatach *P. infestans*, tj., awirulentnym (avr) i wirulentnym (vr) względem odmiany ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.) Bzura. Patogen wzrastał w warunkach *in vitro* w obecności jonów Cu w stężeniach 5 i 10 mg/L.

W pierwszym etapie określono wpływ Cu na integralność błon komórkowych patogenu oraz formowanie reaktywnych form tlenu i azotu (RFT/RFA). Oba stężenia Cu prowadziły do zwiększonej peroksydacji lipidów u avr/vr *P. infestans*. Analizy poziomu RFT wykazały u izolatu avr 2-krotny wzrost akumulacji anionorodnika ponadtlenkowego i 4-krotny wzrost formowania nadtlenku wodoru w odpowiedzi na Cu w stężeniu 5 mg/L. U izolatu vr wzmożone formowanie odnotowano jedynie w przypadku nadtlenku wodoru. Z kolei, analizy poziomu RFA wykazały u obu izolatów zależne od stężenia Cu zwiększone generowanie tlenu azotu i nadtlenoazotynu. Następnie, analizy aktywności enzymów antyoksydacyjnych wykazały u izolatu vr w odpowiedzi na Cu 10 mg/L 2-krotny wzrost aktywności dysmutazy ponadtlenkowej i reduktazy S-nitrozoglutationu.

Podsumowując, jony Cu prowadzą do indukcji stresu nitro-oksydacyjnego oraz aktywacji systemu zmiatającego RFT/RFA u *P. infestans*, przy czym obserwowane zmiany były zależne od stopnia wirulencji patogenu.

Badania sfinansowano z projektu Narodowego Centrum Nauki – nr UMO-2021/41/N/NZ9/01525.



Epigenetyczna regulacja procesu starzenia liści jęczmienia

MAGDA GRABSZTUNOWICZ¹, ELŻBIETA RUDY¹, UMESH KUMAR TANWAR^{1,2}, ZOFIA SZLACHTOWSKA¹, MAGDALENA ARASIMOWICZ-JELONEK³, EWA SOBIESZCZUK-NOWICKA¹

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

²Instytut Genetyki Roślin PAN, Zakład Genomiki Roślin Strączkowych, ul. Strzeszyńska 4, 60-479 Poznań

³Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Starzenie rozwojowe liścia (ang. *Developmental Leaf Senescence*, DLS) jest procesem nieodwracalnym, po którym następuje śmierć komórki. Indukowane np. ciemnością starzenie liści (ang. *Dark-Induced Leaf Senescence*, DILS) jest procesem odwracalnym i umożliwiającym przystosowanie do zmieniających się warunków środowiska. W wyniku narażenia na działanie niekorzystnych zmian rośliny wykształciły mechanizmy, które umożliwiają im przetrwanie. Jednym z nich jest przekierowanie metabolizmu na drogę starzenia w celu optymalizacji alokacji zasobów.

Celem naszych badań jest udowodnienie regulacji sprawności indukowanego procesu starzenia przez maszynę epigenetyczną. Epigenetyczna regulacja ekspresji genów w odpowiedzi na czynniki stresowe, a także specyfika tej regulacji u roślin innych niż modelowe pozostaje zagadnieniem nierozpoznanym.

Analizy *in silico* pozwoliły na pierwszą identyfikację i charakterystykę 117 genów zaangażowanych w procesy epigenetyczne w jęczmieniu. Wśród zidentyfikowanych znajdują się geny odpowiedzialne za metylację DNA, tj. 12 genów *DNMT* kodujących metylotransferazy DNA i 3 geny *DME* kodujące demetylasy DNA, geny odpowiadające za potranslacyjne modyfikacje histonów, tj. 7 genów acetyltransferaz histonowych *HAT*, 17 genów deacetylaz histonowych *HDAC*, 26 genów metylotransferaz histonowych *HMT* i 14 genów demetylaz histonowych *HDM*, a także geny kodujące kompleksy remodelujące zależne od ATP (38 genów). Oceniliśmy również ekspresję tych genów w metabolizmie zależnym od starzenia liścia. Analizie RNAseq poddaliśmy próby po DILS i DLS. W celu porównania profili ekspresji zidentyfikowanych genów w obu typach starzenia przeprowadziliśmy analizę głównych składowych. Analiza ta wykazała, że ekspresja interesujących nas genów w starzeniu rozwojowym jest zbliżona do ekspresji tych genów w kontroli, natomiast ekspresja genów w starzeniu indukowanym charakteryzuje się odmiennym profilem. Na tej podstawie sugerujemy obecność regulowanego epigenetycznie przełącznika molekularnego pomiędzy zdolnością komórek do przeżycia, a ich śmiercią.

Dodatkowo doświadczenia Westernblot wskazały wzrost metylacji białek histonowych typu H3K4me3 and H3K9me2 zarówno w trakcie starzenia DILS jak i DLS, podczas gdy poziom acetylacji H3K9ac znacząco obniżał się w trakcie DILS i pozostawał bez zmian w trakcie DLS.

Prezentowane badania stanowią pierwszy wgląd w maszynę epigenetyczną jęczmienia i jej udział w procesie fizjologicznym.

Badania finansowano z projektu SONATA BIS Narodowego Centrum Nauki nr UMO-2018/30/E/NZ9/00827

Geny wirulencji i geny oporności na antybiotyki w powietrzu w budynkach użyteczności publicznej

KLAUDIA KORTUS, MARTYNA KRYGER, ANNA MAĆKOWSKA, RYSZARD KOCZURA, JOANNA MOKRACKA

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Mikrobiologii, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Obecność bakterii chorobotwórczych w powietrzu stanowi potencjalne zagrożenie dla zdrowia. Szczególne ryzyko stanowią patogeny alarmowe, które charakteryzują się dużą opornością na antybiotyki i mogą powodować zagrażające życiu zakażenia. Celem badań było oznaczenie obecności i liczby kopii genów oporności i wirulencji w metagenomowym DNA powietrza pobranego wewnątrz budynków użyteczności publicznej.

Powietrze pobierano dwukrotnie z wnętrza dwóch szkół średnich, dwóch wydziałów uniwersyteckich, prywatnej przychodni lekarskiej i apteki. Badania oparto na hodowli bakterii oraz analizie metagenomu powietrza. Do hodowli bakterii zastosowano odpowiednie podłoża selekcyjno-różnicujące oraz podłoża z dodatkiem antybiotyków. Geny integrazy integronów oraz warunkujące oporność na antybiotyki oznaczano metodą PCR. Do ilościowego oznaczenia liczby kopii genów wirulencji i oporności na antybiotyki w metagenomowym DNA wykorzystano technikę qPCR oraz dPCR.

Metodami hodowlanymi wykryto potencjalnie chorobotwórcze gronkowce, enterokoki oraz pałeczki *Escherichia coli* i *Pseudomonas* sp. W metagenomie stwierdzono obecność genu *secA* specyficznego dla *Staphylococcus aureus* ($1,6 \times 10^3$ do $6,9 \times 10^4$ kopii/m³), *groES* dla *Enterococcus faecalis* ($7,0 \times 10^1$ do $9,5 \times 10^3$ kopii/m³), *yaiO* dla *E. coli* ($3,5 \times 10^2$ do $4,8 \times 10^4$ kopii/m³) i *regA* dla *Pseudomonas* sp. ($1,0 \times 10^3$ do $3,8 \times 10^4$ kopii/m³).

Wśród bakterii opornych na antybiotyki wykryto szczepy *Staphylococcus* spp. odporne na metycylinę (0 do $1,8 \times 10^1$ cfu/m³), natomiast liczba kopii genu *mecA*, warunkującego tę oporność wynosiła od $2,8 \times 10^3$ do $8,6 \times 10^3$ kopii/m³. Z powietrza wyhodowano wielooporne bakterie z integronami klasy 1 w liczbie od $1,3 \times 10^1$ cfu/m³ do $6,6 \times 10^1$ cfu/m³, podczas gdy liczba kopii genu integrazy w metagenomie mieściła się w przedziale od $6,6 \times 10^5$ do $5,7 \times 10^6$ /m³. Spośród genów kodujących β-laktamazy, w metagenomie powietrza odnotowano gen *bla_{SHV}* w ilości $1,0 \times 10^4$ do $7,5 \times 10^4$ kopii/m³.

Wyniki badań wykazały, że powietrze w budynkach użyteczności publicznej może być drogą rozprzestrzeniania się bakterii oportunistycznie chorobotwórczych i antybiotykoopornych.

Badania finansowane przez Narodowe Centrum Nauki w ramach projektu 2021/41/B/NZ9/01138.

Deubikwinaza USP7 stabilizuje aktywność transkrypcyjną KLF1 (Krüppel-like factor 1)

KLAUDIA KULCZYŃSKA-FIGURNY^{1,2}, ANNA WITUCKA¹, MIROŚLAWA SIATECKA¹

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, Instytut Biologii Doświadczalnej, Zakład Genetyki, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

²Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego, Katedra i Zakład Biochemii i Biologii Molekularnej, ul. Święcickiego 6, 60-781 Poznań

KLF1 jest czynnikiem transkrypcyjnym odpowiedzialnym za globalną aktywację genów biorących udział w proliferacji i różnicowaniu erytrocytów. KLF1 pełniąc swoją funkcję oddziałuje z kompleksem przebudowy chromatyny SWI/SNF, białkiem opiekuńczym HIRA i składnikami maszyny transkrypcyjnej: białkiem p62 będącym podjednostką TFIIH i TAF9. Ponadto liczne potranslacyjne modyfikacje KLF1 zapewniają alternatywne platformy interakcji z różnymi białkami umożliwiającymi precyzyjne funkcjonowanie czynnika transkrypcyjnego na poszczególnych etapach rozwoju czerwonych krwinek.

Celem naszych badań jest znalezienie nowych oddziaływań białko-białko, w których bierze udział KLF1, a także jego mutanty prowadzące do rzadkich anemii. Wykorzystując utworzone przy pomocy transdukcji lentiwirusowej stabilne linie komórkowe K562 z indukowalną ekspresją różnych wariantów Flag-KLF1, a następnie analizy spektrometrii mas – zidentyfikowano białka będące potencjalnymi partnerami do oddziaływań z KLF1.

Wśród nich zidentyfikowano białko USP7 (ang. *Ubiquitin Specific Peptidase 7*) należące do deubikwitynaz, czyli proteaz specyficznych dla usuwania ubikwityny. Z wcześniejszych badań wiadomo, że KLF1 ulega ubikwitynacji w ten sposób regulując poziom białka w komórce. Ubikwitynacja jest procesem bardzo dynamicznym i odwracalnym, odpowiedzialnym za znakowanie białek przeznaczonych do degradacji w proteasomie. Do tej pory nie poznano enzymu zaangażowanego w proces deubikwitynacji KLF1. USP7 mógłby spełniać taką funkcję wpływając na stabilizację KLF1.

Nasze badania wykazały bezpośrednie oddziaływania między KLF1 a USP7. Zlokalizowanie miejsca oddziaływań zostało zawężone do konkretnych domen w obu białkach. W przypadku KLF1 jest to domena N-końcowa bogata w prolinę, natomiast ze strony USP7 za oddziaływanie odpowiadają domeny: N-końcowa TRAF i dwie domeny Ubl (pierwsza i druga) na C-końcu.

Funkcjonalne znaczenie stabilizacji KLF1 zostało udowodnione *in vivo* poprzez analizy poziomu transkrypcji lucyferazowych genów reporterowych zawierających promotory genów docelowych dla KLF1 np. dla β -gobiny. Dodanie do badanego układu deubikwitynazy USP7 w prowadziło do podwyższenia aktywności transkrypcyjnej KLF1.

Prezentowane badania pozwoliły na zidentyfikowanie ważnego białka oddziałującego bezpośrednio z KLF1. USP7 stabilizuje KLF1, a przez to podnosi poziom aktywności transkrypcyjnej tego czynnika.



Znaczenie proteazy EGY2 dla prawidłowego funkcjonowania chloroplastów w warunkach stresu świetlnego

ROBERT LUCIŃSKI¹, JĘDRZEJ DOBROGOJSKI², TAKAO ISHIKAWA³, MAŁGORZATA ADAMIEC¹

¹Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Fizjologii Roślin, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Polska.

²Uniwersytet Przyrodniczy, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii, Zakład Biochemii i Biotechnologii, Poznań, Polska.

³Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, Instytut Mikrobiologii, Zakład Biologii Środowiskowej i Biotechnologii, Warszawa, Poznań.

Egy2 to wewnątrz błonowa proteaza chloroplastowa należąca do rodziny S2P. Proteazy wewnątrz błonowe odgrywają kluczową rolę w procesie polegającym na uwolnieniu, poprzez cięcie proteolityczne, zakotwiczonych w błonie czynników transkrypcyjnych, co ostatecznie wpływa na ekspresję genów. Do tej pory nie udało się zidentyfikować substratów dla proteazy Egy2, wiadomo jednak, że jej brak w błonach tylakoidowych *Arabidopsis thaliana* wiąże się, między innymi, ze zwiększoną wrażliwością roślin na fotoinhibicję. Obecne badania rzucają światło na znaczenie Egy2 dla prawidłowego funkcjonowania aparatu fotosyntetycznego *A. thaliana*, w krótkotrwałym stresie świetlnym. Wykazano, że w mutantach *egy2 A. thaliana* pod wpływem stresu świetlnego następuje wolniejszy spadek poziomu akumulacji PsbA, podczas gdy tempo redukcji puli białek PsbC i PsbD jest przyspieszone. Obserwowane zmiany w stechiometrii polipeptydów rdzeniowych fotosystemu II korelują ze zmniejszoną maksymalną wydajnością kwantową fotosystemu II i zwiększonym niefotochemicznym wygaszaniem energii świetlnej, co wskazuje na większą wrażliwość na fotoinhibicję i nasilenie procesów fotoprotekcyjnych. Badania wykazały również, że prawdopodobnym substratem dla proteazy Egy2, jest białko pTAC16. Fizyczna interakcja między Egy2 i pTAC16, w połączeniu ze zwiększoną pulą białka pTAC16 w błonach tylakoidowych mutantów *egy2* w warunkach stresu świetlnego, sugeruje udział tej proteazy w uwalnianiu pTAC16 z błony, co ostatecznie wpływa na zmiany poziomu akumulacji białek PsbA, PsbC i PsbD.

Wyniki te rzucają światło na mechanizmy, za pomocą których Egy2 bierze udział w utrzymaniu prawidłowej funkcjonalności fotosystemu II i regulacji ekspresji genów chloroplastowych w odpowiedzi na stres świetlny.

Zróżnicowanie genetyczne i struktura populacji zagrożonego chrząszcza saproksylicznego *Lucanus cervus* w pofragmentowanym krajobrazie

IWONA MELOSIK¹, ANETTA LEWANDOWSKA-WOSIK¹, URSZULA SOBCZYŃSKA², MIROSLAWA DABERT², MARIUSZ MLECZAK³, EDWARD BARANIAK⁴

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

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

³Zespół Edukacyjny w Gościkowie, 66-200 Świebodzin, Gościkowo 9

⁴Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Środowiska, Zakład Zoologii Systematycznej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Choć chrząszcze saproksyliczne, czyli te, które w pewnym momencie swojego cyklu życia zależą od martwego lub rozkładającego się drewna, odgrywają kluczową rolę w ekosystemach, do tej pory przeprowadzono niewiele badań genetycznych ich populacji. Celem tej pracy było zbadanie wpływu fragmentacji siedlisk na różnorodność i strukturę genetyczną jelonka rogacza, gatunku krytycznie zagrożonego. Ze względu na ograniczoną mobilność tego chrząszcza oraz postępującą fragmentację jego siedlisk, oczekiwano wyraźnego zróżnicowania genetycznego między badanymi populacjami oraz niskiej różnorodności genetycznej będących efektem dryfu genetycznego.

Przebadano 150 osobników z trzech miejsc w zachodniej Polsce: dwóch stanowisk leśnych i alei dębowej. Analiza 19 markerów mikrosatelitarnych DNA wykazała stosunkowo wysoką różnorodność genetyczną ($HE: 0,49-0,51$) oraz brak śladów chowu wsobnego i statystycznie istotnych różnic w stopniu pokrewieństwa między osobnikami z różnych lokalizacji. Różne testy, w tym analiza powiązań sąsiedzkich, współrzędnych głównych, indeksów zróżnicowania (G'_{ST} , $D_{(lost)}$, F_{ST}), oraz częstości alleli rzadkich/prywatnych, wskazały na niewielkie zróżnicowanie genetyczne między dwoma stanowiskami leśnymi, ale istotne różnice między nimi a aleją dębową.

Niewielkie zróżnicowanie genetyczne między osobnikami *L. cervus* z badanych lokalizacji może wynikać z krótkiego czasu od momentu izolacji siedlisk (*lag time*), ale też nieograniczonego przepływu genów (model *stepping stone*), a także z ograniczeń związanych z użytymi markerami lub próbkowaniem. Dane genetyczne sugerują, że osobniki z dwóch miejsc leśnych mogą być traktowane jako jedna jednostka zarządzania. Nieinwazyjna metoda pobierania próbek, zastosowana w tej pracy, okazała się wystarczająca do badań genetycznych.

Identyfikacja i charakterystyka nowego peptydu przeciwdrobnoustrojowego (CM-AMP1) z *Chelidonium majus*

ROBERT NAWROT¹, PATRIC W. SADECKI², LESLIE M. HICKS²

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Wirusologii Molekularnej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

²University of North Carolina at Chapel Hill, Department of Chemistry, 125 South Rd, Chapel Hill, NC 27514, USA

Glistnik jaskółcze ziele (*Chelidonium majus* L.) jest wieloletnią rośliną zielną z rodziny makowatych (Papaveraceae) rosnącą zarówno w Europie, części Azji, jak i w Ameryce Północnej. Należy do roślin zawierających lateks (sok mleczny), szeroko wykorzystywanych ze względu na swoje właściwości przeciwnowotworowe, przeciwwirusowe i przeciwdrobnoustrojowe. Celem projektu była identyfikacja nowych roślinnych peptydów AMP (ang. *antimicrobial peptides*) z ekstraktów *C. majus* za pomocą analizy PepSAVI-MS (statystycznie kierowanych bioaktywnych peptydów metodą spektrometrii mas). Izolacja z materiału roślinnego obejmowała jego ekstrakcję, filtrację, sterylizację, dializę i frakcjonowanie (SCX, RPLC) w celu przygotowania bibliotek peptydów. Uzyskane frakcje badano pod kątem bioaktywności wobec szczepu *E. coli* ATCC 25922. Aktywne frakcje poddano analizie LC-ESI-MS/MS przy użyciu ZenoTOF 7600 (Sciex). W wyniku tych działań zidentyfikowano nowy peptyd przeciwdrobnoustrojowy z *C. majus* o m.c.z. 2923,3 Da, składający się z 25 AA, nazwany CM-AMP1. Kolejne etapy obejmowały scharakteryzowanie peptydu za pomocą różnych podejść spektrometrii mas. Zastosowano komplementarne typy fragmentacji CID i EAD, aby uzyskać pełne pokrycie sekwencji peptydu o pełnej długości. Kolejne analizy wykazały, że obecność trzech wiązań dwusiarczkowych w natywnym peptydzie nadaje stabilność proteolityczną, a działanie przeciwdrobnoustrojowe znacznie spada po alkirowaniu reszt cysteiny. Przygotowano syntetyczne warianty CM-AMP1 i wykorzystano je do potwierdzenia aktywności sekwencji pełnej długości peptydu i motywu rdzeniowego cząsteczki. Wyniki analiz wskazują, iż sekwencja CM-AMP1 jest wysoce unikalna, z bardzo małym podobieństwem sekwencji do bazy białkowej NCBI nr, a obecny w cząsteczce wysoce zasadowy motyw odgrywa główną rolę w działaniu przeciwdrobnoustrojowym i zdolności peptydu do przedostawania się przez błonę.

Badania sfinansowano w ramach stypendium Fundacji Kościuszkowskiej na rok akademicki 2022/2023 i środków projektowych dr L. M. Hicks, UNC Chapel Hill, NC, USA.

Modyfikacja RNA N⁶-metyladenozyny jako ważny element organizacji procesu starzenia liścia

ELŻBIETA RUDY¹, MAGDA GRABSZTUNOWICZ¹, UMESH KUMAR TANWAR¹, MAGDALENA ARASIMOWICZ-JELONEK², EWA SOBIESZCZUK-NOWICKA¹

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Fizjologii Roślin, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Indukowane starzenie liści to proces, którym manipulowanie, umożliwia otrzymanie zbóż o określonych cechach użytkowych. Model starzenia liści jęczmienia indukowanego ciemnością (DILS) pozwala na badanie tego procesu u młodych siewek. Dotychczasowe analizy wykazały udział aktywnych modyfikacji RNA w modelu DILS w przeciwieństwie do starzenia rozwojowego, które jest procesem nieodwracalnym. Jedną z najlepiej poznanych, a zarazem odwracalnych modyfikacji RNA jest N⁶-metyladenozyna (m⁶A). Efekt modyfikacji m⁶A wynika z dynamicznego współdziałania trzech klas enzymów, nazywanych maszynierią enzymatyczną: metylotransferaz RNA (ang. *writers*), demetylaz RNA (ang. *erasers*) i białek oddziałujących ze zmodyfikowanym RNA (ang. *readers*).

Głównym celem badań jest zbadanie funkcji modyfikacji m⁶A podczas procesu indukowanego starzenia liścia i jego odwracalności.

W genomie jęczmienia zostało zidentyfikowanych 31 genów kodujących maszynierię enzymatyczną m⁶A, a następnie przeprowadzono analizy poziomu ekspresji za pomocą qRT-PCR. Istotne zmiany poziomu ekspresji podczas DILS wystąpiły w przypadku genów *HvMTC*, *HvALKBH1*, *HvALKBH9* i *HvECT8*, co wskazuje na rolę tych genów w regulacji poziomu m⁶A podczas starzenia liścia. W kolejnym etapie projektu, zostaną wskazane geny naznaczone modyfikacją m⁶A RNA podczas indukowanego starzenia. Efektem projektu będzie nowa wiedza dotycząca epitranskryptomicznej regulacji procesu indukowanego starzenia umożliwiająca opracowanie przyjaznych dla środowiska technologii, poprawiających wydajność upraw zbóż.

Prace sfinansowane z grantu Preludium Narodowego Centrum Nauki (2022/45/N/NZ9/00519).

Wpływ furfuralu, 2-undekanonu, (E)-2-dekanalu i (E,E)-2-4-dekadienu – czyli wtórnych metabolitów roślin, na profil białek ciała tłuszczowego chrząszcza *Tenebrio molitor* L.

MARIA BOCHEŃSKA, KAMIL WIŚNIEWSKI, SZYMON CHOWAŃSKI, KAROLINA
WALKOWIAK-NOWICKA

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

Wtórne metabolity roślinne (ang. *Secondary Plant Metabolites*, SPMs) to grupa związków wytwarzanych przez tkanki i organy roślin wyższych. Pełnią one u roślin zróżnicowane funkcje np. będąc cząsteczkami sygnałowymi przyciągają owady zapylające, hamują rozwój bakterii czy wirusów i uczestniczą w allelopatii. Ponadto związki te wpływają m.in. na wzrost i procesy rozwojowe roślin oraz biorą udział w odpowiedzi obronnej wykazując m.in. właściwości toksyczne i odstrasżające względem roślinożerców.

Biorąc pod uwagę szereg właściwości wtórnych metabolitów roślinnych, m.in. opisane wcześniej właściwości odstrasżające względem owadów, do badań wybrano cztery wtórne metabolity roślinne – furfural, (E,E)-2-4-dekadienol, 2-undekanon oraz (E)-2-dekanol. W ramach przeprowadzonych badań zbadano ich wpływ na profil białkowy ciała tłuszczowego samic chrząszcza *Tenebrio molitor*, aplikując badane związki w dwóch stężeniach 10^{-7} i 10^{-5} M. Wykorzystany w badaniach gatunek owada jest powszechnie uważany za gatunek szkodliwy, m.in. z racji żerowania w otrębach, zbożu czy mące.

Przeprowadzone analizy wykazały, że testowane związki wpływają na profil białkowy ciała tłuszczowego. Zaobserwowano zmiany w intensywności prążków odpowiadających białkom o niższej masie (15, 22, 37, 45 kDa) oraz białek o większej masie tj. 100, 200 i 250 kDa. Uzyskane wyniki badań wskazują, że testowane związki wpływają na proces syntezy białek ciała tłuszczowego samic chrząszcza *T. molitor*, choć kierunek ich działania nie jest jednoznaczny.



Niedoszacowana różnorodność gatunkowa wątrobowców z rodzaju *Calypogeia*

KATARZYNA BUCZKOWSKA¹, ALINA BĄCZKIEWICZ¹, PATRYCJA GONERA², GALIN GOSPODINOV¹

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

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Zakład Bioenergetyki, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Rodzaj *Calypogeia*, przedstawiciel wątrobowców liściastych, występuje na całym świecie, głównie w klimacie subtropikalnym i tropikalnym. W Europie występuje 9 gatunków: *C. arguta*, *C. azurea*, *C. azorica*, *C. fissa*, *C. integristipula*, *C. muelleriana*, *C. neesiana*, *C. sphagnicola*, *C. suecica*. Ograniczona liczba dobrych cech diagnostycznych, wynikająca z bardzo prostej budowy morfologicznej i dużej plastyczności fenotypowej gametofitu jest poważnym wyzwaniem dla taksonomów. Badania molekularne wątrobowców wykazują, że wiele gatunków opisywanych wyłącznie na podstawie cech morfologicznych to w rzeczywistości kompleksy gatunkowe złożone z kilku gatunków kryptycznych lub półkryptycznych. Nasze badania rodzaju *Calypogeia* wykazały obecność odmiennych genetycznie roślin, wśród obecnie znanych i akceptowanych gatunków, które z pewnością reprezentują nierozpoznane wcześniej taksony. Takie taksony wykryliśmy m. in. w *C. azurea*, *C. fissa* i *C. suecica*.

Materiał badawczy obejmował wszystkie gatunki występujące w Europie. Okazy pochodziły z Europy, Ameryki Północnej i Dalekiego Wschodu, ogółem 480 prób. Analizowano pięć regionów DNA: cztery loci chloroplastowe (*rbcL*, *trnL*, *trnG* i *trnH-psbA*) oraz jądrowy region ITS2. Za pomocą cytometrii przepływowej określono wielkość genomu jądrowego badanych genotypów. Wykazaliśmy, że *C. azurea* w obecnym ujęciu taksonomicznym obejmuje cztery gatunki występujące w różnych regionach geograficznych. W obrębie *C. suecica* wykazano obecność trzech taksonów: dwa mają szersze rozmieszczenie geograficzne (ten sam haplotyp występuje w Europie i na Dalekim Wschodzie), trzeci występuje wyłącznie na Dalekim Wschodzie. *Calypogeia fissa* w Europie jest gatunkiem składającym się z trzech genetycznie odrębnych taksonów (najprawdopodobniej gatunków), które różnią się genetycznie od roślin północnoamerykańskich.



Analiza porównawcza sekwencji mikrosatelitarnych w genomach chloroplastowych wybranych gatunków z rodzaju *Dracaena*

KONRAD CELIŃSKI¹, LUIZA WOLSKA¹, JOANNA SIKORA¹, JUSTYNA WILAND-SZYMAŃSKA²

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

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Środowiska, Zakład Botaniki Systematycznej i Środowiskowej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Mikrosatelity – czyli proste powtórzenia sekwencji (ang. *simple sequence repeats*, SSR) to bardzo ważne regiony DNA, które odgrywają kluczową rolę m.in. w ewolucji genomu i ekspresji genów. Jako markery molekularne są szeroko stosowane w profilowaniu DNA, analizie powiązań genetycznych i/lub pokrewieństwa czy w identyfikacji kryminalistycznej. Wysoki polimorfizm genetyczny tych markerów umożliwia stosowanie ich także w badaniach różnorodności genetycznej gatunków zagrożonych.

Rodzaj *Dracaena* L. *sensu stricte* (Asparagaceae) skupia około 116 gatunków rozmieszczonych w Afryce, Azji, Australii i Ameryce Środkowej. Wiele z nich to popularne rośliny ozdobne, np. *Dracaena fragrans* (L.) Ker Gawl., inne natomiast wykorzystywane są w celach leczniczych i kulturowych, m.in. *Dracaena cinnabari* Balf.f. Niektóre gatunki dracen są obecnie zagrożone, m.in. przez nadmierną eksploatację naturalnych populacji i obserwowane zmiany klimatyczne. Opracowanie programów ich ochrony wymaga wcześniejszej inwentaryzacji zasobów genowych.

Głównym celem pracy była analiza rozmieszczenia i różnorodności sekwencji mikrosatelitarnych w genomach chloroplastowych wybranych gatunków z rodzaju *Dracaena* pod kątem opracowania zestawu markerów SSR do ich monitorowania i ochrony.



Cytotoksyczne działanie glikoalkaloidów na komórki nowotworowe HeLa

MARCIN CHOLEWIŃSKI, SZYMON CHOWAŃSKI, MONIKA SZYMCZAK-CENDLAK, KAROLINA WALKOWIAK-NOWICKA, PAWEŁ MARCINIAK

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

Glikoalkaloidy są naturalnymi związkami występującymi w roślinach z rodziny *Solanaceae*, do której należą m.in. ziemniaki, pomidory i bakłażany. Ich produkcja ma na celu obronę roślin przed działaniem szkodników i patogenów. Związki te w odpowiednich stężeniach są trujące dla organizmów żywych oraz mogą hamować wzrost komórek nowotworowych i przyczyniać się do ich śmierci.

Celem badań było sprawdzenie cytotoksycznych właściwości związków glikoalkaloidowych w stosunku do linii komórek ssaczych wywodzących się z komórek raka szyjki macicy (HeLa). Komórki nowotworowe traktowano dwoma glikoalkaloidami: solaniną i chakoniną oraz ich mieszaniną w stosunkach: 1:1, 1:3 oraz 3:1. Zarówno solaninę, chakoninę jak i ich mieszaniny podawano w stężeniach: 10 μM , 20 μM i 40 μM . Cytotoksyczność oznaczano za pomocą dwóch testów kolorymetrycznych, w kilku punktach czasowych – 4 h oraz 24 h od podania związków. Wykonano również barwienie obrazujące jądra komórkowe, cytoszkielet oraz aktywne kaspazy, mające na celu uwidocznienie postępującej apoptozy komórek nowotworowych.

Zaobserwowano znaczące działanie toksyczne podawanych glikoalkaloidów oraz ich mieszanin w stosunku do komórek HeLa. Najsilniejsze działanie cytotoksyczne obserwowano 4 h po aplikacji chakoniny, solaniny oraz ich mieszanin w stężeniu 40 μM . Po 24 h toksyczność glikoalkaloidów nasiliła się również po traktowaniu chakoniną w stężeniach 10 μM i 20 μM , a także mieszanin glikoalkaloidów we wszystkich testowanych stężeniach.

Badania współfinansowane ze środków Narodowego Centrum Nauki, projekt 2021/41/B/NZ3/00221.



Wpływ chloroplastowej proteazy wewnątrzblonowej S2P2 na skład i funkcjonowanie fotosystemu II u *Arabidopsis thaliana*

MARIA CIESIELSKA, MAŁGORZATA ADAMIEC, ROBERT LUCIŃSKI

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

Proteaza S2P2 jest kodowanym przez genom jądrowy białkiem, zaliczanym do rodziny zawierających cynk, wewnątrzblonowych proteaz miejsca drugiego (S2P). W komórkach *Arabidopsis thaliana* większość proteaz S2P zlokalizowana jest w chloroplastach, gdzie odgrywają istotną rolę związaną z rozwojem i funkcjonowaniem tych organelli, wpływając, między innymi, na relacje stechiometryczne białek budujących kompleksy fotosyntetyczne błon tylakoidowych oraz wrażliwość roślin na warunki fotoinhibicyjne. Proteaza S2P2 jest najslabiej zbadaną spośród chloroplastowych proteaz S2P. Do tej pory nie została poznana jej dokładna lokalizacja w obrębie organelli, nie wiadomo również nic na temat jej możliwych funkcji fizjologicznych.

Celem pracy było dostarczenie dokładniejszych informacji dotyczących wewnątrzchloroplastowej lokalizacji S2P2 oraz zbadanie znaczenia tej proteazy dla utrzymania prawidłowego funkcjonowania i składu białkowego kompleksów fotosyntetycznych. Lokalizacja S2P2 ustalona została w oparciu o techniki frakcjonowania organelli oraz western-blot z wykorzystaniem przeciwciał anty-S2P2. Do badań nad fizjologiczną rolą S2P2 wykorzystano dwie linie mutantów insercyjnych, pozbawionych białka S2P2. Uzyskane wyniki wskazują, że brak proteazy S2P2 w chloroplastach *A. thaliana*, prowadzi do spadku ilości białek PsbA, PsbD oraz PsbC, jak również Lhcb1 i Lhcb2 oraz Lhcb4 i Lhcb5. Zmiany te wiążą się ze zwiększoną wrażliwością mutantów *s2p2* na fotoinhibicję. Proteaza S2P2 jest zatem kolejnym białkiem tylakoidowym, które odgrywa istotną rolę w prawidłowym funkcjonowaniu chloroplastów, wpływając na ilości kluczowych polipeptydów budujących główne kompleksy fotosyntetyczne *A. thaliana*.



Wpływ składu, kształtu, rozmiaru oraz sposobu otrzymywania nanoplastiku na kielki pszenicy *Triticum aestivum*

ANNA EKNER-GRZYB¹, JULIA MELA¹, KAROLINA KAMIENIK¹, JAGNA CHMIELOWSKA-BAK², TOMASZ GRZYB³, MIGUEL OLIVEIRA⁴, ISABEL LOPES⁴, CÁTIA VENÂNCIO⁴

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

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614, Polska

³Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Chemii, Zakład Ziem Rzadkich, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 8, 61-614, Polska

⁴Aveiro University, Department of Biology & Centre for Environmental and Marine Studies (CESAM), Campus Universitário de Santiago, 3810-193, Portugal

Powszechnie używany plastik, dociera do najdalszych zakątków świata i może stanowić znaczne zagrożenie dla organizmów żywych, w tym ludzi. Kiedy plastik trafia do środowiska, większe jego fragmenty ulegają rozpadowi na mniejsze cząstki, takie jak nano- i mikroplastik. Nanoplastik (NPL) cechuje się innymi właściwościami, niż jego większe odpowiedniki z powodu innego stosunku powierzchni do objętości. Ponadto, ze względu na małe rozmiary, NPL może łatwiej przenikać przez różne bariery środowiskowe oraz wnikać do wnętrza komórek i tkanek.

Mimo znacznego postępu w badaniach nad NPL, ilość uzyskanych danych jest wciąż niewystarczająca. Wcześniejsze eksperymenty wykazały, że NPL może być pobierany przez rośliny i niekorzystnie wpływać na ich wzrost i rozwój. Oddziaływanie nanocząstek zależy od wielu czynników, między innymi od ich budowy. Dlatego głównym celem prezentowanych badań jest sprawdzenie, czy i jak zmienia się tempo wzrostu i kiełkowania, żywotność komórek oraz stres oksydacyjny kielków pszenicy *Triticum aestivum*, w zależności od inkubacji z różnymi rodzajami NPL. Analizie porównawczej poddawane są nanocząstki plastiku różniące się składem (polistyren i politereftalan etylenu), kształtem, rozmiarem oraz sposobem otrzymywania (synteza i mielenie).



Nitroxyl as a new regulator of hypoxia response in *Arabidopsis*

YUFENG GUAN¹, JOLANTA FLORYSZAK-WIECZOREK², EWA SOBIESZCZUK-NOWICKA³, SEBASTIAN A. SUAREZ¹, SJON HARTMAN^{4,5}, MAGDALENA ARASIMOWICZ-JELONEK¹

¹Adam Mickiewicz University in Poznań, Faculty of Biology, Department of Plant Ecophysiology, Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Poland

²University of Life Sciences, Department of Plant Physiology, Wołyńska 35, 60-637 Poznań, Poland

³Adam Mickiewicz University in Poznań, Faculty of Biology, Department of Plant Physiology, Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Poland

⁴University of Freiburg, Faculty of Biology, Plant Environmental Signalling and Development, D-79104 Freiburg, Germany

⁵University of Freiburg, CIBSS—Centre for Integrative Biological Signalling Studies, D-79104 Freiburg, Germany

Although nitric oxide (NO) is well recognized as a signaling molecule engaged in plant development and stress responses, functional information on its single electron reduced and protonated homolog-nitroxyl (HNO) must still be provided. The triatomic molecule possesses unique chemical properties that facilitate its migration within a cellular environment, potentially serving a signaling function. Our previous study demonstrated that HNO is endogenously formed in *Arabidopsis* cells, and hypoxia conditions can promote the molecule formation. However, the functional implication of HNO in the plant responses to hypoxia stress remains unknown.

To get insight into how HNO regulates *Arabidopsis* response to hypoxia, firstly, real-time electrochemical detection was used to quantify HNO in *Arabidopsis* leaves during the stress and the subsequent recovery phase. The results showed that hypoxia provoked *ca.* 25% increase in HNO formation, while the HNO level dropped sharply in the recovery phase. Subsequently, the spatiotemporal and tissue-specific effects of HNO and other NO redox forms on the expression of the critical element activating a set of hypoxia-related genes, hypoxia-responsive promoter elements (HRPE), was determined. HRPE-GUS reporter transgenic *Arabidopsis* lines were pretreated with donors of HNO and NO redox forms, and the results indicated that HNO reduced HRPE-GUS activity in leaves, suggesting that HNO might act as a negative regulator of HRPE expression under low oxygen conditions. Finally, to clarify the role of HNO and other NO redox forms in hypoxia stress tolerance, roots of wild-type *Arabidopsis* were pretreated with the selected reactive nitrogen species donors followed by exposure to stress conditions. We found that HNO donors significantly improved the survival ratio of root tips under hypoxia.

In summary, our findings indicated complex NO-mediated signaling in *Arabidopsis* under low oxygen conditions, in which HNO plays an essential regulatory role in hypoxia-related gene expression.

This research was funded by National Science Centre – project no. UMO-2017/26/E/NZ4/00226.

Zmiany w równowadze redoks i ich „anty-starzeniowy” potencjał na przykładzie starzenia indukowanego ciemnością w liściach jęczmienia

WIKTORIA KLECZKOWSKA¹, EWELINA PALUCH-LUBAWA¹, SEBASTIAN A. SUAREZ²,
MAGDALENA ARASIMOWICZ-JELONEK², EWA SOBIESZCZUK-NOWICKA¹

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Fizjologii Roślin, Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Polska

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Polska

Aby ustalić, czy komórkowy stan redoks procesu indukowanego starzenia liścia jęczmienia wpływa na poziom tlenu azotu (NO), monitorowaliśmy tę cząsteczkę sygnałową w czasie 10-dniowej inkubacji w ciemności.

Model starzenia indukowanego ciemnością (ang. *Dark-Induced Leaf Senescence*, DILS) został wykorzystany jako model zaburzeń homeostazy redoks i nadprodukcji reaktywnych form tlenu. Starzenie promowało środowisko oksydacyjne, które obniżało produkcję NO. Mierząc parametry redoks, w tym parę glutationową (stosunek GSH/GSSG), stwierdziliśmy, że starzenie zaburza równowagę redoks w komórce i promuje akumulację nadtlenu wodoru począwszy od trzeciego dnia DILS. Elektrodetekcja NO w ekstraktach z liści jęczmienia inkubowanych w ciemności ujawniła znaczny spadek sygnału NO od dnia 3 do dnia 10. Prowadzenie eksperymentu w warunkach obniżonego stężenia tlenu (warunki redukujące) oraz pod wpływem donora NO odwracało program DILS. Przywracało pulę NO, zwiększało zawartość chlorofilu, który wpływał na maksymalną wydajność kwantową fotosystemu II i stosunek GSH/GSSG.

Podsumowując, znacząca zmiana równowagi redoks sprzyjająca zmniejszeniu emisji NO jest ważnym elementem organizacji procesu starzenia liścia. Natomiast przeprogramowanie metaboliczne tego procesu poprzez zmianę statusu redoks komórki z oksydacyjnego na redukcyjny bądź utrzymywanie stałego poziomu emisji NO przy użyciu donora ma charakter anty-starzeniowy.

Badania finansowane ze środków Inicjatywa Doskonałości – Uczelnia Badawcza w ramach programu Study@Research (076/34/UAM/0086)



Nowa supergrupa *Wolbachia* u *Triaeris stenaspis* (Araneae: Oonopidae)

EDYTA KONECKA¹, PAWEŁ SZYMKOWIAK²

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

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Środowiska, Zakład Taksonomii i Ekologii Zwierząt, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Bakterie z rodzaju *Wolbachia* i *Cardinium* to wewnątrzkomórkowe symbionty bezkręgowców. Zwane są „manipulatorami płci” ponieważ mogą przyczyniać się do zmiany proporcji liczby samców i samic w populacji zakażonego bezkręgowca, np. indukując partenogenezę. *Wolbachia* i *Cardinium* należą do mikroorganizmów „niehodowalnych”. W ich identyfikacji i charakterystyce użyteczne są techniki biologii molekularnej. Analiza filogenetyczna szczepów *Wolbachia* oparta na sekwencjach genów podstawowego metabolizmu pozwoliła na wyodrębnienie 21 supergrup bakterii (A–W).

Wśród pająków występują gatunki rozmnażające się bez udziału samców. Przykładem jest partenogenetyczny *Triaeris stenaspis* (Araneae: Oonopidae). W ramach współpracy Zakładu Mikrobiologii i Zakładu Taksonomii i Ekologii Zwierząt, podjęto zagadnienie występowania *Wolbachia* i *Cardinium* u *T. stenaspis* zebranego w Palmiarni Poznańskiej. Identyfikację, charakterystykę i analizę filogenetyczną bakterii przeprowadzono w oparciu o sekwencje genu *16S rRNA* oraz genów kodujących syntezę białek podstawowego metabolizmu komórki.

Po raz pierwszy wykryto *Wolbachia* u *T. stenaspis*. Analiza filogenetyczna oparta na dodanych sekwencjach genów podstawowego metabolizmu bakterii: *16S rRNA*, *coxA*, *fbpA*, *ftsZ*, *gatB* i *hcpA* wykazała przynależność symbionta u *T. stenaspis* do nowej supergrupy X *Wolbachia*. W genie *16S rRNA* i *ftsZ* mikroorganizmu stwierdzono unikatowe dla supergrupy X sekwencje DNA: odpowiednio 5'-TCATATC-3' i 5'-GACTTCG-3'. Nie wykryto *Cardinium* u pająka.

Otrzymane wyniki wskazują na wstępowanie unikatowego szczepu *Wolbachia* u *T. stenaspis* oraz potencjalny udział bakterii w indukcji partenogenezy. Zachęcają także do dalszych badań dotyczących potwierdzenia roli „manipulatora płci” *Wolbachia* u *T. stenaspis*.



Właściwości biologiczne alkaloidów protoberberynowych

IGOR KONIECZNY, ANNA GOŹDZICKA-JÓZEFIAK, ALICJA WAROWICKA

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

Alkaloidy protoberberynowe to związki roślinne o silnej aktywności biologicznej i potencjalnym zastosowaniu terapeutycznym ze względu na właściwości przeciwwirusowe, przeciwbakteryjne, przeciwnowotworowe oraz przeciwzapalne. Należące do tej grupy alkaloidów – berberyna, dihydroberberyna, koptyzyna, stylopina zostały zidentyfikowane w soku mlecznym *Chelidonium majus* i wykazano ich działanie antyproliferacyjne. Molekularne mechanizmy działania tych związków, szczególnie ich wpływ na stymulację układu odpornościowego i reakcję przeciwzapalną, nie są jednak dobrze poznane. Ponadto, w zbyt wysokich dawkach alkaloidy mogą wykazywać działanie toksyczne.

Celem badań było sprawdzenie wpływu alkaloidów protoberberynowych na żywotność makrofagów mysich (linia komórkowa RAW 264.3) oraz określenie odpowiednich stężeń tych związków do dalszych badań nad właściwościami przeciwzapalnymi i stymulującymi układ odpornościowy. Na obecnym etapie, do badań wykorzystano dwa związki typu protoberberyny: dihydroberberynę (dhBBR) oraz koptyzynę (COP). Oba związki testowano w wybranym zakresie stężeń. Do oceny cytotoksyczności został wykorzystany test kolorymetryczny WST-1.

Uzyskane wyniki pozwalają na ocenę poziomu cytotoksyczności badanych alkaloidów dhBBR oraz COP. Kolejnym etapem projektu jest sprawdzenie wpływu dhBBR oraz COP na aktywność cyklooksygenaz (COX-1 i COX-2) oraz na stymulację makrofagów mysich linii RAW 264.3 do syntezy związków o charakterze przeciwzapalnym.

Badania finansowane i realizowane w ramach projektu konkursowego Study@Research (nr wniosku: 134/34/UAM/0046).



Allatotropiny/oreksyny jako przykład ewolucyjnie konserwatywnych właściwości immunomodulujących neuropeptydów

NATALIA KONOPIŃSKA¹, RADOSŁAW GMYREK¹, NATALIA BYLEWSKA¹, SARA TCHÓRZEWSKA¹, GRZEGORZ NOWICKI², JAN LUBAWY¹, KAROLINA WALKOWIAK-NOWICKA¹, ARKADIUSZ URBAŃSKI¹

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Fizjologii i Biologii Rozwoju Zwierząt, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Polska

²genXone S.A., Złotniki, Kobaltowa 6, Polska

Ośrodkowy układ nerwowy (OUN) odgrywa kluczową rolę w integracji sygnałów u zwierząt, umożliwiając koordynację różnych procesów życiowych w celu utrzymania homeostazy. Najnowsze badania wyraźnie wskazują, że również aktywność układu odpornościowego może być modulowana przez OUN m.in. za pośrednictwem układu neuroendokrynowego. Jedną z rodzin neuropeptydów, które u kręgowców uczestniczą w tym procesie, są oreksyny (OX). Ze względu na homologię strukturalną receptorów oreksyny i allatotropiny oraz podobieństwo funkcjonalne między tymi dwiema rodzinami neuropeptydów, głównym celem naszych badań było przeprowadzenie kompleksowej analizy wpływu allatotropiny (AT) na odpowiedź immunologiczną owadów, na przykładzie chrząszcza *Tenebrio molitor*. Uzyskane wyniki jasno wskazują na udział AT w regulacji mechanizmów odpornościowych owadów. W szczególności zostało to potwierdzone poprzez analizę zmian poziomu ekspresji genów kodujących prekursor i receptor dla AT podczas aktywacji układu odpornościowego *T. molitor*. Ponadto aplikacja Tenmo-AT powodowała modulację wybranych parametrów immunologicznych badanego chrząszcza. Dodatkowo po raz pierwszy u owadów potwierdziliśmy rolę cytokin w regulacji sygnalizacji neuropeptydowej poprzez określenie wpływu iniekcji białka podobnego do Spätzle na ekspresję genów kodujących prekursor i receptor AT. Wszystkie te wyniki stanowią ważny krok w zrozumieniu ewolucyjnych podstaw hormonalnej regulacji odpowiedzi immunologicznej.



Wąskie naczynia ksylemu w liściach zimozielonych jako element odporności na mróz

ANDRZEJ J. KOWALSKI, TOMASZ P. WYKA

Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Botaniki Ogólnej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

W strefie klimatu umiarkowanego chłodnego jedynie nieliczne gatunki okrytozalążkowych roślin drzewiastych wykształcają zimotrwałe liście. Organy te, ze względu na silne uwodnienie, są szczególnie wrażliwe na uszkodzenia mrozowe. Jednym z mechanizmów uszkodzeń jest wydzielanie się pęcherzyków powietrza (embolizmów) w naczyniach ksylemu wywołane cyklami zamarzania i rozmarzania wody, które prowadzi do utraty przewodności hydraulicznej. Podatność naczyń na trwałą embolizację wywołaną mrozem jest proporcjonalna do ich średnicy, wobec czego sformułowano hipotezę, że naczynia w liściach zimotrwałych są węższe w porównaniu z naczyniami liści opadających na zimę.

W celu jej weryfikacji w trzech ogrodach botanicznych zlokalizowanych w Polsce niżowej zebrano próby liści z 21 gatunków zimozielonych i 47 gatunków zrzucających liście na zimę, reprezentujących szerokie spektrum taksonomiczne i różnorodne pochodzenia geograficzne. Wykorzystując obrazy przekrojów anatomicznych ogonków dokonano porównania średnic 10, 20 i 30 najszerszych naczyń z ogonków liściowych między oboma typami liści. Wyniki analizowano w odniesieniu do długości liścia (tzn. odległości od przekroju ogonka do wierzchołka liścia), którą, z uwagi na uniwersalną kowariancję pomiędzy średnicą naczyń a długością szlaku przewodzenia wody, traktowano jako zmienną towarzyszącą.

Liście zimozielone były krótsze niż liście opadające na zimę. Jednak przy statystycznie porównywalnych długościach liści, naczynia liści zimozielonych były istotnie węższe, zgodnie z postawioną hipotezą. Przykładowo, w liściach o długości 20 cm modelowana średnica 10 największych naczyń wynosiła w przypadku gatunków zimozielonych 28.2 μm , a u gatunków o liściach opadających na zimę 32.4 μm .

Zmniejszenie średnicy naczyń w ogonkach może być interpretowane jako strukturalne przystosowanie do utrzymania funkcji hydraulicznych liści poddanych stresowi ujemnych temperatur. Ponadto, „wymuszone” w ten sposób przez dobór naturalny zmniejszenie średnic naczyń może być przyczyną obserwowanego w skali geograficznej zjawiska zmniejszania się powierzchni liści zimozielonych wraz ze spadkiem średniej temperatury rocznej.



Izolacja i analiza modyfikacji potranslacyjnych białek histonowych niesporczaków z rodzaju *Paramacrobotus* sp.

MICHALINA KRAKOWIAK^{1,2}, MILENA PATAN³, ŁUKASZ KACZMAREK², ROBERT NAWROT¹

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Wirusologii Molekularnej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Środowiska, Zakład Taksonomii i Ekologii Zwierząt, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

³Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Środowiska, Zakład Morfologii Zwierząt, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Niesporczaki (Tardigrada) to grupa drobnych bezkręgowców zamieszkujących różnorodne ziemskie ekosystemy. Zwierzęta te są znane ze swej zdolności do kryptobiozy, która charakteryzuje się znaczną redukcją metabolizmu. Jednym z typów kryptobiozy jest anhydrobioza, która występuje przy braku, w środowisku, wody w stanie ciekłym. Stan ten pozwala niesporczakom na przetrwanie także innych ekstremalnych warunków, np. wysokich dawek promieniowania, wysokich i niskich temperatur, a nawet warunków panujących w próżni kosmicznej. Mimo, że anhydrobioza niesporczaków jest szeroko badana na poziomie proteomu i transkryptomu, wiedza o molekularnych mechanizmach tego zjawiska powinna zostać poszerzona także o aspekt epigenetyczny. Jedyne informacje dotyczące białek związanych z epigenomem opisują obecność genów metylotransferazy DNA w genomie niesporczaków. Zmiany epigenetyczne mogą jednak odgrywać ważną rolę w odpowiedzi na stres środowiskowy, tak jak to opisano u nicienia *Caenorhabditis elegans*. U niesporczaków opisano jak dotąd białka histonowe, jednakże brakuje informacji o ich zmianach potranslacyjnych, które mogą być związane ze stresem wywołanym przez skrajne odwodnienie. W prezentowanych badaniach opracowano protokół izolacji białek histonowych z dwóch gatunków niesporczaków – *Paramacrobotus experimentalis* i *Paramacrobotus gadabouti*. Białka te zostały następnie poddane analizie z wykorzystaniem chromatografii cieczowej sprzężonej ze spektrometrią mas w celu identyfikacji modyfikacji potranslacyjnych i określenia, czy modyfikacje te są związane z przebyciem anhydrobiozy przez niesporczaki.

Badanie sfinansowano ze środków ID-UB, nr projektu 115/13/UAM/0055.

Zmiany w anatomii i ultrastrukturze blaszki liściowej *Acer platanoides* L. rosnącego na szlamach pokopalnianych. Możliwość wykorzystania tego gatunku drzewa do fitoremediacji

MAGDALENA KRZESŁOWSKA¹, MIROSŁAW MLECZEK², ALEKSANDER LUBOŃSKI³, KAROLINA WEREŻA¹, ADAM WOŹNY¹, PIOTR GOLIŃSKI², SŁAWOMIR SAMARDAKIEWICZ³

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Botaniki Ogólnej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

²Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Chemii, ul. Wojska Polskiego 75, 60-625 Poznań

³Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Wydziałowa Pracownia Mikroskopii Elektronowej i Konfokalnej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Zmiany w architekturze liścia mogą być wskaźnikiem potencjału danego gatunku rośliny do fitoremediacji zanieczyszczonego obszaru, np. składowanych szlamów pokopalnianych, jak również poziomu toksyczności podłoża. Wyniki niniejszych badań pokazały po raz pierwszy charakter oraz skalę zmian w anatomii i ultrastrukturze liści klonu, rosnącego na szlamach pokopalnianych, pochodzących z kopalni miedzi w Lubiniu. Podłoże to było ekstremalnie zanieczyszczone przez As, a także inne pierwiastki toksyczne, m.in. Pb, Cd, Hg, Al, Cu, Zn, Tl.

Odnotowane zmiany w architekturze liścia obejmowały głównie: 1) znaczny wzrost grubości epidermy górnej; 2) zmniejszenie grubości miękiszu palisadowego; 3) silne upakowanie komórek w tkankach obu miękiszów; 4) pojawienie się 2-3 warstw komórek budujących miękisz palisadowy, w przeciwieństwie do jednej warstwy w kontroli; 5) zmniejszenie wielkości komórek w miękiszu palisadowym; 6) występowanie zgrubień ściany komórkowej; 7) symptomy przyspieszonego starzenia się objawiające się zaburzeniem ultrastruktury chloroplastów i jądra komórkowego. Należy jednak zauważyć, że część chloroplastów nie wykazywała symptomów starzenia, a protoplasty były wypełnione organellami o niezmięnionej strukturze. Co istotne, po trzech miesiącach wzrostu na tak silnie zanieczyszczonym podłożu, rośliny wciąż były żywe.

Otrzymane wyniki pokazały, że klon jest obiecującym gatunkiem do fitoremediacji. Niemniej, zaburzona morfologia roślin, znacząco mniejsza liczba i rozmiar liści, zaburzenia w anatomii i ultrastrukturze liści, szczególnie symptomy przyspieszonego starzenia komórek, wskazują na bardzo wysoką toksyczność szlamów pokopalnianych, zastosowanych w niniejszych doświadczeniach. Dlatego uważamy, że fitoremediacja takiego podłoża, szczególnie z zastosowaniem klonu, wymagałaby wcześniejszego nawożenia – co jest aktualnie rekomendowane.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki, grant nr 2014/15/B/NZ9/02172.

Identyfikacja nowych interakcji białkowych z czynnikiem transkrypcyjnym KLF1 (Krüppel-like factor 1)

KLAUDIA KULCZYŃSKA-FIGURNY^{1,2}, ANNA WITUCKA¹, MIROŚLAWA SIATECKA¹

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

²Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego, Katedra i Zakład Biochemii i Biologii Molekularnej, ul. Święcickiego 6, 60-781 Poznań

KLF1 (Krüppel-like factor 1) jest niezbędnym czynnikiem transkrypcyjnym zaangażowanym w niemal wszystkie etapy erytropoezy. KLF1 promuje przejście mieloidalnych komórek progenitorowych w kierunku rozwoju linii erytroidalnej, z jednoczesnym hamowaniem szlaku megakariopoezy. Jego ekspresja jest tkankowo specyficzna i ogranicza się do narządów krwiotwórczych. Rozpoczyna się w woreczku żółtkowym, następnie w wątrobie i szpiku kostnym płodu. KLF1 pełni rolę globalnego regulatora rozwoju i integralności erytroidów. Reguluje wiele procesów, w tym syntezę hemu, pozyskiwanie żelaza, elastyczność błony krwinek czerwonych i cytoszkieletu, cykl komórkowy i apoptozę.

KLF1 zbudowany jest z dwóch domen: domeny transaktywacyjnej i domeny wiążącej DNA, którą tworzą trzy palce cynkowe C2H2. W obrębie palców cynkowych zlokalizowano dwie dominujące mutacje odpowiedzialne za powstawanie ciężkich niedokrwistości. Są to mutacje dotyczące tego samego aminokwasu zaangażowanego w oddziaływania z DNA. Mutacja E325K powoduje wrodzoną niedokrwistość dyserytropoetyczną typu IV, natomiast zmiana E do D neonatalną anemię połączoną ze sferocytozą.

Mechanizmy będące molekularnym wytłumaczeniem tych chorób nie są do końca poznane, dlatego istotne jest zidentyfikowanie nowych białkowych partnerów oddziałujących z KLF1. Oddziaływania te mogą potencjalnie przyczynić się do wyjaśnienia tych zagadnień.

W celu zidentyfikowania nowych kandydatów oddziałujących z KLF1 wykorzystaliśmy dwa podejścia eksperymentalne: 1) *in vivo*- utworzone zostały przy pomocy transdukcji lentiwirusowej stabilne linie komórkowe K562 z indukowalną ekspresją różnych pełnej długości wariantów Flag-KLF1; 2) *in vitro* – oczyszczone domeny palców cynkowych KLF1 (WT i dwa mutanty) zostały wykorzystane do eksperymentu pull-down z białkowymi ekstraktami erytroidalnej linii K562. W obu podejściach uzyskane po immunoprecypitacji białka zostały poddane analizie spektrometrii mas.

Po zastosowaniu algorytmu Mascot i różnicowego porównania z kontrolą ujemną wygenerowano listę 205 białek specyficznych dla KLF1. Do dalszych analiz wybraliśmy 10 białek, które poddajemy indywidualnym testom na oddziaływanie z KLF1. Do tej pory potwierdziliśmy bezpośrednie oddziaływanie z KLF1 kilku z nich, min. elongina C, kinaza Aurora A, USP7 (ang. *Ubiquitin Specific Peptidase 7*) należące do deubikwitynaz (wystąpienie ustne dr Klaudia Kulczyńska-Figurny).

CLE – małe peptydy o potencjalnie wielkiej roli w rozwoju roślin

KAROLINA KUŁAK, AGNIESZKA BAGNIEWSKA-ZADWORNA

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Botaniki Ogólnej, 61-614 Poznań, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6

CLE (*CLAVATA3/EMBRYO SURROUNDING REGION-RELATED*) stanowią dużą rodzinę genów kodujących małe peptydy, pełniące istotne w rozwoju roślin funkcje sygnałowe. Do tej pory geny te zidentyfikowano dla wielu gatunków roślin, w tym u gatunków modelowych: *Arabidopsis thaliana* (rzodkiewnik pospolity) i *Populus trichocarpa* (topola kalifornijska). Pomimo dużej liczby zidentyfikowanych peptydów *CLE*, ich funkcje w dużej mierze pozostają niejasne. W przypadku *P. trichocarpa* zidentyfikowano początkowo 24, a później 50 genów *CLE*. Jednak od tego czasu opublikowana została uaktualniona wersja genomu topoli, stąd konieczna jest weryfikacja wcześniejszych danych. Celem wykonanych badań była zatem aktualizacja danych dotyczących genów *CLE* w *P. trichocarpa*, ich analiza porównawcza z zestawem genów *CLE* w *A. thaliana* oraz selekcja genów potencjalnie zaangażowanych w rozwój floemu.

W aktualnej wersji genomu *P. trichocarpa* (opublikowany w 2022 r.) zidentyfikowano 52 geny kodujące peptydy *CLE*. W porównaniu do wcześniejszych analiz, wyznaczone zostały trzy nowe geny *CLE*. Ponadto jeden z wcześniej zidentyfikowanych genów nie występuje w danych pochodzących z najnowszego sekwencjonowania genomu topoli. Analiza filogenetyczna sekwencji peptydowych dwóch badanych organizmów modelowych wykazała, że część genów *CLE* rzodkiewnika jest specyficzna dla tego gatunku, a część z nich posiada więcej niż jeden potencjalny ortolog w genomie topoli. Występowanie kilku genów, odpowiadających funkcjonalnie jednemu w *Arabidopsis*, prawdopodobnie spowodowane jest duplikacją fragmentów genomu topoli. Analiza położenia genów *CLE* na chromosomach pozwoliła wyznaczyć fragment genomu zawierający pięć genów *CLE*, który mógł ulec takiemu zdarzeniu w trakcie ewolucji *P. trichocarpa*.

Dane literaturowe wskazują, że dla kilku peptydów *CLE* u *Arabidopsis* (*CLE6*, *CLE10*, *CLE19*, *CLE41* i *CLE44*) wykazano istotną rolę w różnicowaniu floemu. Zastosowanie techniki sekwencjonowania RNA pojedynczych komórek (ang. *single-cell RNA sequencing*) pozwoliło na selekcję genów *CLE*, których dotąd nie łączono z rozwojem floemu w korzeniach *Arabidopsis*, ale ich ekspresja jest specyficzna dla komórek tej tkanki przewodzącej. Analiza ta była przesłanką dla wyboru genów do prowadzonych przez nas analiz, zmierzających do określenia funkcji wyselekcjonowanych peptydów *CLE*. W tym celu wykonano także sekwencjonowanie scRNA-seq korzeni topoli, a analiza uzyskanych danych, umożliwiając selekcję specyficznych genów *CLE* dla komórek floemu *P. trichocarpa*, będzie nie tylko podstawą badań porównawczych ich ekspresji w rozwoju floemu dwóch gatunków modelowych, ale także określenia ich potencjalnych funkcji.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki, projekt nr 2020/39/B/NZ3/00018.



Holistyczna ocena kondycji sadzonek lipy drobnolistnej: analiza morfometryczna roślin i sieci współwystępowania grzybów glebowych

JAKUB KUNCEWICZ, MAKSYMILIAN CHMIELEWSKI, WŁADYSŁAW POLCYN

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

Prezentujemy parametry morfometryczne różnicujące kondycję sadzonek oraz towarzyszące im sieci współwystępowania w mykobiomach ryzosfery.

Dysfunkcje fenologiczne dzieliły sadzonki na trzy grupy, które różniły się parametrami morfometrycznymi. Metoda analizy obrazów RGB koron (program PSI Morphoanalyzer) pozwoliły wyróżnić następujące indeksy: sum of branch length, number of leaves, leaf density, compactness, horizontal area, vertical area, eccentricity, selected color definitions. Sieci współwystępowania grzybów glebowych były generowane na podstawie danych metagenomicznych z użyciem narzędzia NetCoMi oraz analizowane za pomocą biblioteki NetworkX w języku Python. Uzyskaliśmy kombinacje parametrów grafowych różnicujące architektury charakterystyczne dla 3 grup gatunków: number of species, clustering coefficient, modularity oraz edge density.

Finansowane ze środków na działalność statutową Zakładu Fizjologii Roślin UAM oraz programu „ADVANCEDBestStudentGRANT” 075/39/ID-UB/0015



Seed priming modulates pattern of polyamine accumulation and ethylene biosynthesis during *Brassica napus* germination under salt stress

KATARZYNA LECHOWSKA¹, ŁUKASZ WOJTYLA¹, MURIEL QUINET², SZYMON KUBALA³, STANLEY LUTTS², MAŁGORZATA GARNCZARSKA¹

¹Adam Mickiewicz University in Poznań, Faculty of Biology, Institute of Experimental Biology, Department of Plant Physiology, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Poland;

² Université Catholique de Louvain, Earth and Life Institute–Agronomy (ELI-A), Groupe de Recherche en Physiologie Végétale (GRPv), Croix du Sud 45, boîte L7.07.13, B-1348 Louvain-la-Neuve, Belgium;

³Polish Academy of Science, Institute of Biochemistry and Biophysics, ul. Pawińskiego 5A, 02-106 Warszawa, Poland

Seed priming is reported as an efficient and low-cost approach to increase crop yield, which could not only promote seed germination and improve plant growth state but also increase abiotic stress tolerance. Salinity represents one of the most significant abiotic stresses that alters multiple processes in plants. The accumulation of polyamines (PAs) in response to salt stress is one of the most remarkable plant metabolic responses. Endogenous polyamines and ethylene biosynthesis in relation to germination of osmoprimed *Brassica napus* seeds under salt stress were examined. Free, conjugated and bound polyamines were analyzed, and the most remarkable differences between the corresponding osmoprimed and unprimed seeds were visible in the free (spermine) and conjugated (putrescine, spermidine) fractions. The arginine decarboxylase pathway seems to be responsible for the accumulation of PAs in primed seeds. The obvious impact of seed priming on tyramine accumulation was also demonstrated. Moreover, the level of ethylene increased considerably in seedlings issued from primed seeds exposed to salt stress. It can be concluded that the polyamines are involved in creating the beneficial effect of osmopriming on germination and early growth of *Brassica napus* seedlings under saline conditions through moderate changes in their biosynthesis and accumulation.



Asymetria fluktuacyjna obserwowana u *Drosophila melanogaster* i *D. suzukii* jako konsekwencja narażenia na nikotynę i neonicotynoid

ANETTA LEWANDOWSKA-WOSIK, EWA CHUDZIŃSKA, OLIWIA KALEMBA

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Genetyki, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Zgodnie z licznymi doniesieniami, zwiększony poziom stresu środowiskowego (np. stosowanie antybiotyków i insektycydów) znajduje odzwierciedlenie w podwyższonym wskaźniku asymetrii fluktuacyjnej (ang. *Fluctuating Asymmetry*, FA) w populacjach owadów z rodzaju *Drosophila*. Wiele badań wskazuje też, że istnieją różnice w odpowiedzi tych owadów na kontakt z różnymi czynnikami zewnętrznymi i substancjami toksycznymi w zależności od płci. Asymetria fluktuacyjna jest przypadkowym odchyleniem od idealnej dwustronnej symetrii organizmów. To jeden ze wskaźników stresu środowiskowego i genetycznego, gdyż pod wpływem stresorów może dojść do niestabilności rozwojowej, co znajduje odzwierciedlenie w zaburzeniach symetrii dwustronnej. Brak symetrii ma istotny wpływ na sukces rozrodczy samców, co stanowi ważną informację o charakterze aplikacyjnym, zwiększa bowiem skuteczność działania insektycydów. Wykorzystaliśmy analizę FA do sprawdzenia, czy poddanie *Drosophila melanogaster* (organizm modelowy) oraz *D. suzukii* (inwazyjny szkodnik owoców jagodowych) przewlekłemu narażeniu na subletalne dawki nikotyny i neonicotynoidu acetamipryd, spowoduje odchylenie od symetrii dotyczące wybranych cech morfologii skrzydeł. Owady hodowano na pożywkach zawierających nikotynę w stężeniu 0,005 mg/ml i 0,02 mg/ml oraz insektycyd acetamipryd w dawkach 0,125 µg/ml i 0,875 µg/ml – od jaj poprzez stadia larwalne, poczwarki i imago do piątego dnia. W programie „Olympus cellSens Entry” mierzono po siedem żyłek skrzydła lewego i prawego (a-f), a następnie obliczano współczynnik FA. Otrzymane dane analizowano statystycznie z zastosowaniem programu Statistica. Narażenie na zastosowane insektycydy wpłynęło niekorzystnie zarówno na rozwój owadów jak i ich przeżywalność. Wykryto istotne statystycznie różnice między poziomami FA w zależności od płci dla obu badanych gatunków.

Rola peptydów podobnych do tachykinin w odpowiedzi na stres niskiej temperatury u *Tenebrio molitor* L.

JAN LUBAWY¹, OLGA BLAETH², NATALIA KONOPIŃSKA¹, EWELINA PALUCH-LUBAWA³,
ARKADIUSZ URBAŃSKI¹

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Fizjologii i Biologii Rozwoju Zwierząt, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Polska

²Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, Centrum Badań Podstawowych i Translacyjnych w Zakresie Biologii i Nauk Biomedycznych, Pracownia Plastyczności Nerwowo-Mięśniowej, ul. Ludwika Pasteura 3, 02-093 Warszawa

³Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Fizjologii Roślin, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Polska

W procesie zwanym integracją neuroendokrynną układ nerwowy i hormonalny współdziałają ze sobą, regulując szereg procesów fizjologicznych i utrzymując ogólnoustrojową homeostazę w warunkach normalnych jak i stresowych, takich jak stres temperaturowy. Jednym z najważniejszych typów cząsteczek w układzie nerwowym wszystkich zwierząt są neuropeptydy, które regulują procesy fizjologiczne. W oparciu o najnowsze doniesienia literaturowe prawdopodobnie kluczową rolę w odpowiedzi na stres środowiskowy pełnią neuropeptydy z rodziny peptydów podobnych do tachykinin (TRP). W badaniach analizowaliśmy poziom ekspresji genu kodującego prekursor TRP w mózgu i brzuszonym łańcuszku nerwowym (VNC) *Tenebrio molitor* w warunkach stresu zimna (-5°C). Następnie określiliśmy wpływ iniekcji Tenmo-TRP-7 lub wyciszenia genu kodującego prekursor oraz receptor TRP na przeżywalność *T. molitor* po stresie zimna, a także na podstawowe parametry odpowiedzi na stres chłodu takie jak punkt przechłodzenia (ang. *Supercooling Point*, SCP) czy czas potrzebny na wybudzenie ze „śpiączki lodowej” (ang. *Chill Coma Recovery Time*, CCRT).

Stres zimna znacząco obniża poziom ekspresji *Tenmo-TRP* w VNC, jednak nie wpływa na jego poziom w mózgu badanego owada. Iniekcja TRP powoduje obniżenie zdolności owadów do przetrwania stresu zimna, poprzez zwiększenie czasu CCRT, natomiast wyciszenie genu kodującego jego receptor zwiększa tolerancję na stres zimna *T. molitor*. Zarówno iniekcja jak i wyciszenie TRP i jego receptora z istotny sposób wpływa na przeżywalność owadów, zwłaszcza w warunkach stresu zimna. Wyniki te pokazują, że neuropeptydy TRP odgrywają kluczową rolę w reakcji owadów na stres temperaturowy.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki, grant nr UMO 2019/35/D/NZ4/02731.



Charakterystyka plazmidomów w gradientach środowiskowych o zróżnicowanym stopniu antropopresji w Arktyce

NICOLETTA MAKOWSKA-ZAWIERUCHA¹, ARTUR TRZEBNY²

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

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

Pozornie „sterylne” i szybko zmieniające się regiony polarne oferują obserwację zarówno wpływu rosnącej aktywności człowieka, jak i postępujących zmian klimatu na rozprzestrzenianie się oporności na antybiotyki. Obecnie stosowane analizy metagenomiczne nie uwzględniają udziału elementów mobilnych, takich jak plazmidy, które odgrywają kluczową rolę w kształtowaniu puli genów rezystomu środowiskowego.

Celem badań była charakterystyka plazmidomów wyizolowanych z rdzeni lodowych i sąsiadujących środowisk wodnych, a także ze ścieków oczyszczonych i nieoczyszczonych w archipelagu Svalbard. Plazmidomy sekwencjonowano z wykorzystaniem systemu Illumina NovaSeq 6000. Zbadano występowanie i różnorodność genów oporności na antybiotyki (ARGs – ang. *Antibiotic Resistance Genes*) oraz innych genów odpowiedzi na stres, które mogą być współselekcjonowane lub współtransportowane na plazmidach, w tym geny oporności na biocydy (BRGs – ang. *Biocide Resistance Genes*), oporności na metale (MRGs – ang. *Metal Resistance Genes*), geny wirulencji (VGs – ang. *Virulence Genes*) oraz integrony i ich kasy genowe.

Zidentyfikowano łącznie 67 ARGs, 41 MRGs, 3 BRGs i 26 VGs. Stwierdzono istotne różnice w częstości występowania ARGs na plazmidach pomiędzy środowiskiem lodowcowym a wodnym. W ściekach i fiordach dominowały MRGs i ARGs, które wykazywały silną korelację, wskazującą na współwystępowanie na plazmidach. Natomiast w rdzeniach lodowych dominowały VGs i BRGs, co sugeruje, że lód lodowcowy może być magazynem patogennych szczepów. Ponadto ARGs nie występowały w kasetach integronów przenoszonych przez plazmidy innych środowisk niż ścieki surowe, co wskazuje na unikalne cechy adaptacyjne społeczności mikroorganizmów ekstremalnych środowisk Arktyki.

Uzyskane wyniki wykazały istotną rolę plazmidomów w kształtowaniu rezystomu środowiskowego regionu polarnego. Zwiększająca się aktywność człowieka, postępujące zmiany klimatu i związane z tym topnienie kriosfery przyczyniają się do uwolnienia i rozprzestrzeniania się genów odpowiedzi na stres, w tym ARGs i VGs występujących na plazmidach z regionu Arktyki do globalnej puli rezystomu wodnego.

Badania finansowane w ramach projektu NCN nr UMO 2020/36/C/NZ9/00221.



Zobaczyć zanim zniknie: analiza procesów degradacyjnych w elementach sitowych podczas floemogenezy

KORNEL M. MICHALAK¹, NATALIA WOJCIECHOWSKA¹, JULIA MINICKA², AGNIESZKA BAGNIEWSKA-ZADWORNA¹

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Botaniki Ogólnej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

²Instytut Ochrony Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Wirusologii i Bakteriologii, ul. Władysława Węgorka 20, 60-318 Poznań

Zasadniczym procesem degradacyjnym w komórkach roślinnych jest autofagia, pełniąca główną rolę podczas programowanej śmierci komórki (PCD; ang. *Programmed Cell Death*). Ważną funkcją tego procesu jest również usuwanie zbędnych lub uszkodzonych białek, a nawet całych organelli w komórkach, bez ich uśmiercania. Autofagia selektywna zapewnia utrzymanie homeostazy oraz bierze udział w biogenezie wakuoli. Co więcej, elementy cytoplazmy przeznaczone do degradacji na drodze autofagii, po enzymatycznym rozkładzie, dostarczają materiały budulcowe, które mogą zostać ponownie wykorzystane. Mechanizmy PCD zależnej od autofagii są odpowiedzialne za rozwój elementów trachealnych, które dopiero martwe są przystosowane do transportu wody. Ostatnie badania wykazały natomiast, że autofagia selektywna to kluczowy proces podczas różnicowania elementów sitowych, które w pełnej dojrzałości, mimo cytoplazmy oubożonym składzie i braku jądra, pozostają żywe. Po przeprowadzeniu szczegółowych analiz ultrastrukturalnych korzeni pionierskich *Populus trichocarpa* przypuszczamy jednak, że istnieje znacznie więcej procesów degradacyjnych specyficznych dla poszczególnych organelli. W porównaniu do dobrze poznanej autofagii, brakuje konkretnych danych dotyczących innych mechanizmów usuwania wybranych elementów cytoplazmy. Po rozpoczęciu szlaku eliminacji, równie ważne jest to, co kontroluje ten proces, jak i to, co go zatrzymuje. Dotychczas jednak mechanizm ten pozostaje niewyjaśniony. Charakterystyka takich procesów w elementach sitowych pozwoli na identyfikację czynników decydujących o tym, jak dochodzi do wysoce selektywnej degradacji niektórych tylko składników cytoplazmatycznych. Zidentyfikowane różne ścieżki selektywnej degradacji, nie tylko te związane z autofagią, wymagają jednak dalszej weryfikacji, co wyznacza nowe perspektywy naukowe.

Badania zostały sfinansowane z projektu NCN nr 2020/39/B/NZ3/00018.



Katabolizm putrescyny jako łącznik metaboliczny w remobilizacji azotu w procesie indukowanego starzenia liści

EWELINA PALUCH-LUBAWA¹, WIKTORIA KLECKOWSKA¹, KINGA POPŁAWSKA¹, MAGDALENA ARASIMOWICZ-JELONEK², EWA SOBIESZCZUK-NOWICKA¹

¹Uniwersytet Adam Mickiewicz, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Fizjologii Roślin, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Polska

²Uniwersytet Adam Mickiewicz, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Polska

Proces starzenia jest regulowany poprzez działanie endogennych sygnałów, wśród których wskazuje się m.in. poliaminy (PA). Poliaminy są biogennymi aminami o niskiej masie cząsteczkowej, biorącymi udział w wielu procesach fizjologicznych. Metabolizm glutaminianu, ornityny (Orn), argininy (Arg), proliny, PA i kwasu γ -aminomasłowego i ich wzajemne powiązania stanowią jedną z głównych sieci asymilacji i remobilizacji węgla (C) i azotu (N). Celem badań było określenie czy katabolizm putrescyny jest powiązany z siecią metaboliczną aminokwasów organizującą proces starzenia liści oraz określenie jak zmiana kierunku starzeniowo-zależnego metabolizmu PA wpływa na metabolizm aminokwasów i kolejno na proces starzenia. W ramach badań wykonano analizy metaboliczne wykorzystując metodę GC/MS w układach roślin traktowanych inhibitorami aktywności enzymów katabolizmu PA oraz roślin kontrolnych w warunkach indukowanego ciemnością starzenia.

Katabolizm putrescyny jest istotnym ogniwem cyklu poliaminowego w biochemii remobilizacji N i C leżącej u podstawy biologii starzenia liścia. Zastosowanie inhibitora oksydazy diaminowej powoduje wzrost akumulacji mocznika, Arg, Orn i cytruliny, co świadczy o aktywacji cyklu mocznikowego przy udziale PA. Poprzez hamowanie oksydazy diaminowej dochodzi również do zwiększenia produkcji bursztynianu i 2-oksoglutaranu w stosunku do roślin kontrolnych, co może świadczyć o zwiększonej aktywności cyklu Krebsa. Wskazane zależności pokazują, że PA głównie metabolizm putrescyny ma istotny udział w zależnej od starzenia regulacji metabolizmu indukowanego procesu starzenia. Można sugerować, że putrescyna jest ważnym magazynem azotu, regulującym poziom mocznika w starzejącej się komórce oraz źródłem metabolitów dla cyklu Krebsa.

Badania realizowane w ramach projektu 2017/27/N/NZ9/02135 finansowanego przez NCN.



Odchody bernikli białolicej jako źródło antybiotykooporności bakterii na Svalbardzie

MATEUSZ PLUSKOTA, ZOFIA GOLCZAK, JULIA LESZCZYŃSKA, MARYNA LIAUSHUK, JULIA MADEJ, NARIA TOMKOWICZ, JOANNA MOKRACKA, RYSZARD KOCZURA

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Mikrobiologii, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Jedną z dróg rozprzestrzeniania się antybiotykoopornych bakterii może być przenoszenie ich z udziałem ptaków wędrownych. Celem badań było określenie występowania wybranych genów oporności na antybiotyki i integronów u bakterii wyizolowanych z odchodów bernikli białolicej (*Branta leucopsis*).

Materiałem badawczym były próbki odchodów bernikli białolicej zebranych z trzech różnych miejsc na Spitsbergenie: w pobliżu Longyeabyen, w dolinie Ebby oraz przy zatoce Petunia. Szczepy bakterii odporne na antybiotyki β -laktamowe izolowano na podłożach chromogennych Brilliance MRSA II, Brilliance ESBL oraz Brilliance CRE (Oxoid). Izolaty odporne na fluorochinolony selekcjonowano na podłożu BHI z ciprofloksacyną (3 mg/L), odporne na tetracyklinę na podłożu BHI z tetracykliną (25 mg/L), a szczepy zawierające integronów na podłożu Brilliance E. coli/Coliform ze streptomycyną (40 mg/L). Geny warunkujące oporność na poszczególne klasy antybiotyków oraz geny integraz integronów wykrywano metodą PCR. Spośród szczepów wyselekcjonowanych na podłożach Brilliance ESBL i Brilliance CRE, 11% wytwarzało β -laktamazy o rozszerzonym spektrum substratowym, kodowane między innymi przez gen *bla_{SHV}*. Wykryto również dziesięć opornych na metycylinę izolatów *Staphylococcus lentus* z genem *mecA*.

Plazmidowo-kodowana oporność na fluorochinolony warunkowana była obecnością genu *qnrD*, natomiast wśród genów warunkujących oporność na tetracykliny wykryto *tetA*, *tetB*, *tetC*, *tetG*, *tetL*, *tetM* i *tetO* z częstością od 1% do 12,5%. Geny integrazy klasy 1 wykryto u 7,8% *Enterobacterales* opornych na streptomycynę.

Przeprowadzone badania wykazały obecność na Spitsbergenie ptaków przenoszących „alarmowe” bakterie odporne na antybiotyki, jak pałeczki *Enterobacterales* o fenotypie ESBL czy gronkowce odporne na metycylinę. Wykryto również szczepy drobnoustrojów zawierające szereg genów warunkujących oporność na tetracykliny oraz charakterystyczne dla wieloopornych bakterii geny integronów klasy 1, mogące być przekazywane na drodze koniugacji.

Zastosowanie metody przeczesywania genomu do analizy zmienności genetycznej blisko spokrewnionych taksonów z kompleksu *Pinus mugo*

JOANNA SIKORA, KONRAD CELIŃSKI

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Genetyki, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Poprawna identyfikacja materiału badawczego ma kluczowe znaczenie w badaniach biologicznych umożliwiając m.in. ocenę różnorodności biologicznej, zrozumienie interakcji między gatunkami czy opracowanie skutecznych strategii ochrony konkretnych gatunków. Jednakże identyfikacja i dyskryminacja gatunków roślin wyłącznie w oparciu o tradycyjne cechy morfologiczne bardzo często stanowi poważne wyzwanie dla badaczy. Hybrydyzacja międzygatunkowa czy plastyczność fenotypowa zacierają wyraźne granice między taksonami. W wielu przypadkach niezbędne jest zastosowanie technik biologii molekularnej w celu ich precyzyjnej identyfikacji i dyskryminacji. Takie podejście jest wręcz niezbędne w przypadku analizy blisko spokrewnionych gatunków skupionych w ramach kompleksów taksonów.

Rozwój zaawansowanych technik sekwencjonowania nowej generacji umożliwił szybką i bardzo szeroką analizę zmienności sekwencji w całym genomie, co znacznie ułatwiło identyfikację gatunków roślin. Metoda przeczesywania genomu (ang. *genome skimming*) opiera się na wyodrębnieniu powtarzalnych sekwencji genomu, w tym kompletnych genomów organellowych, jak i klastrów jądrowego rybosomalnego DNA (nrDNA). Pozwala to na uzyskanie dużej ilości danych genomicznych przy stosunkowo niewielkim pokryciu. W ostatnich latach wykazano dużą przydatność tej metody w dyskryminacji wielu skomplikowanych taksonomicznie gatunków roślin.

Kompleks *Pinus mugo* reprezentują blisko spokrewnione sosny o różnych rangach taksonomicznych i formach morfologicznych, występujące naturalnie na obszarach górskich Europy Środkowej i Południowej. Kompleks ten stanowi wręcz idealny model do badania skuteczności stosowania metody przeczesywania genomu do wyodrębnienia i identyfikacji gatunków.

W niniejszym badaniu analizowano zmienność genetyczną i relacje taksonomiczne pięciu taksonów zaliczanych do kompleksu *Pinus mugo*, tj. *Pinus mugo*, *Pinus uncinata*, *Pinus uliginosa*, *Pinus rotundata*, *Pinus × rhaetica* w oparciu o dane uzyskane metodą przeczesywania genomu, m.in. kompletny cistron jądrowego rybosomalnego DNA (nrDNA), chloroplastowe i mitochondrialne sekwencje kodujące oraz chloroplastowe sekwencje międzygenowe.

Wpływ soli litu na zachowanie owadów oraz morfologię mózgu i układu neuroendokrynowego – potencjalne wykorzystanie karaczanów jako modeli w badaniach biomedycznych

MAŁGORZATA SŁOCIŃSKA¹, PAWEŁ MARCINIAK¹, RAFAŁ R. WÓJCIAK²

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Fizjologii i Biologii Rozwoju Zwierząt, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

²Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Wydział Medyczny, Katedra Psychologii Klinicznej, ul. Bukowska 70, 60-812 Poznań

Lit jest jonem metalu o bardzo dużej reaktywności chemicznej, stosowanym w psychiatrii jako skuteczny stabilizator nastroju. Badania z udziałem ludzi i wyższych modeli zwierzęcych są dość ograniczone i budzą wiele kontrowersji, stąd mechanizm działania litu nadal nie jest w pełni poznany. Dlatego też naszym celem było sprawdzenie potencjalnego wpływu różnych dawek litu na wybrane aspekty zachowania i morfologii układu nerwowego i neuroendokrynowego owada, karaczana madagaskarskiego *Gromphadorhina coquereliana*.

Badane zwierzęta, niezależnie od rodzaju soli litu, wykazywały istotne różnice w zachowaniu w porównaniu z owadami kontrolnymi, a wyższe dawki litu działały bardziej uspokajająco. Zaobserwowano powiększenie mózgu oraz niektórych struktur układu neuroendokrynowego, także przy niższych dawkach litu. Ponadto lit w istotny sposób zmieniał gospodarkę badanymi pierwiastkami śladowymi u zwierząt doświadczalnych. Uzyskane wyniki potwierdzają prezentowane w literaturze działanie normotymiczne litu. Rzucają także nowe światło na związek między zmianami morfologicznymi w mózgu a zachowaniem owadów w odniesieniu do rozmieszczenia innych minerałów. Nasze badania wskazują na potencjalne wykorzystanie karaczanów jako modeli w badaniach biomedycznych.

Mutanty populacji TILLING jęczmienia w badaniach modyfikacji metabolizmu poliamin w kontekście ich potencjału stay-green

EWELINA STOLARSKA¹, KINGA POPŁAWSKA¹, EWELINA PALUCH¹, UMESH KUMAR TANWAR^{1,2}, MIRIAM SZURMAN-ZUBRZYCKA³, BEATA CHMIELEWSKA³, WIKTORIA KLECZKOWSKA¹, MAGDALENA ARASIMOWICZ-JELONEK⁴, EWA SOBIESZCZUK-NOWICKA¹

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

²Instytut Genetyki Roślin PAN, Zakład Genomiki Roślin Strączkowych, ul. Strzeszyńska 4, 60-479 Poznań

³Uniwersytet Śląski w Katowicach, Wydział Nauk Przyrodniczych, Instytut Biologii, Biotechnologii i Ochrony Środowiska, Zespół Genetyki i Genomiki Funkcjonalnej Roślin, ul. Jagiellońska 28, 40-032 Katowice

⁴Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Ekofizjologii Roślin, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Sprawność regulacji indukowanego procesu starzenia jest oznaką żywotności starzejących się komórek, które na każdym etapie muszą zachować zdolność do utrzymania homeostazy, która przejawia się m.in. w kontrolowaniu homeostazy cyklu poliaminowego (PA). Celem badań jest poznanie wielokierunkowych powiązań metabolizmu poliamin z siecią metaboliczną organizującą proces starzenia liści jęczmienia oraz ocena czy zmiana kierunku starzeniowo-zależnego metabolizmu PA wpłynie na ten proces.

Do realizacji celu wybraliśmy podejście oparte o genomikę funkcjonalną. W wyniku badań w skali całego genomu jęczmienia wyodrębniliśmy rodziny genów, które obejmowały 23 geny metabolizmu PA. W modelu indukowanego ciemnością starzenia liścia (ang. *Dark-Induced Leaf Senescence*, DILS) zbadaliśmy profile ekspresji genów metabolizmu PA. Na podstawie tej analizy wytypowano geny kandydujące do badań funkcjonalnych: dekarboksylazę S-adenozylometioniny (*HvSAMDC2*) i syntazę spermidyny (*HvSPDS1*), które kodują białka biorące udział w biosyntezie spermidyny.

Weryfikację postawionej hipotezy zaplanowaliśmy w oparciu o linie mutantów jęczmienia, które otrzymaliśmy dzięki współpracy z naukowcami z Uniwersytetu Śląskiego w Katowicach. Za pomocą metody TILLING przeszukaliśmy uzyskaną przez nich populację HorTILLUS; obejmującą izolację wybranych genów (ang. *screening reverse*). Następnie zidentyfikowane linie mutantów i dzikie były poddawane DILS, a starzenie liści obserwowano monitorując m. in. parametr maksymalnej wydajności fotochemicznej fotosystemu drugiego (F_v/F_m). Dotychczasowe analizy wykazały, że mutanty niosące mutacje w genie *HvSAMDC2* charakteryzowały się opóźnionym starzeniem w porównaniu z roślinami dzikimi. Natomiast rośliny linii niosącej mutację w genie *HvSPDS1* reagowały na DILS w podobny sposób jak kontrola.

Planujemy profilowanie transkryptomów mutantów, w celu ustalenia zależności w sieciach metabolicznych pomiędzy metabolizmem PA, a innymi szlakami zaangażowanymi w starzenie, ale potencjał aplikacyjny naszych badań już potwierdziliśmy testując nanocząsteczki chitozanu funkcjonalizowane spermidyną. Potwierdziliśmy ich antystarzeniowy charakter, co udowadnia, że egzogennie ukierunkowana aplikacja PA może prowadzić do zwiększenia tolerancji roślin na szerokie spektrum czynników stresowych.

Badania finansowano z projektu OPUS Narodowego Centrum Nauki nr UMO-2018/29/B/NZ9/00734

Searching for nitroxyl modulators – new implications in $\cdot\text{NO}$ and redox signaling in plant

SEBASTIAN A. SUAREZ¹, EWA SOBIESZCZUK-NOWICKA², JOLANTA FLORYSZAK-WIECZOREK³,
MAGDALENA ARASIMOWICZ-JELONEK¹

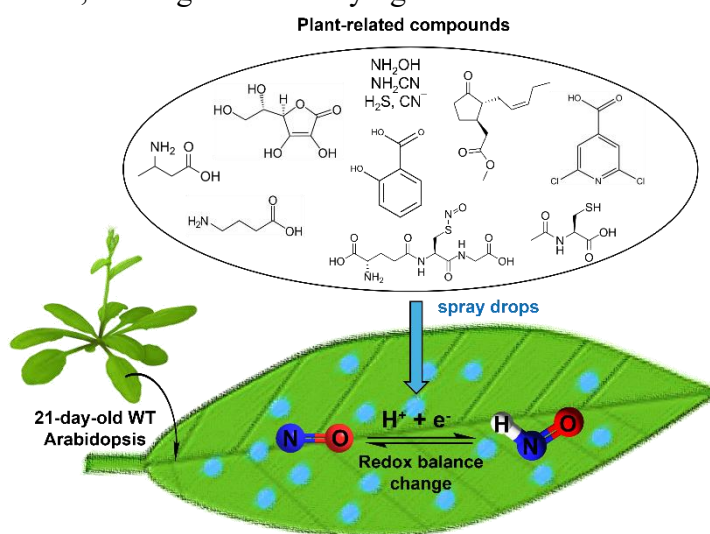
¹Adam Mickiewicz University, Faculty of Biology, Institute of Experimental Biology, Department of Plant Ecophysiology, Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Poland

²Adam Mickiewicz University, Faculty of Biology, Institute of Experimental Biology, Department of Plant Physiology, Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Poland

³Poznań University of Life Sciences, Department of Plant Physiology, Wołyńska 35, 60-637 Poznań, Poland

Through extensive research, nitroxyl (HNO) has emerged as a newly recognized redox signal in plant developmental and stress responses. The interplay between nitric oxide ($\cdot\text{NO}$) and HNO entails a complex network of signaling molecules and regulatory elements sensitive to the environment's specific redox conditions. However, functional implications for HNO in cell signaling require more detailed studies, starting with identifying of HNO -level switches.

To get insight into possible physiologically relevant HNO sources, we indicated the pool of plant-related compounds (PRCs) implicated in modulating endogenous HNO levels in the model plant *Arabidopsis thaliana*. Using a real-time detection method, we examined $\text{HNO}/\cdot\text{NO}$ production triggered by the selected stress-responsive or stress-inducing compounds, including non-protein amino acids, antioxidants, and phytohormones, both *in vitro* and *in vivo*. Hydrogen sulfide, ascorbic acid, and salicylic acid were identified as superior PRCs in driving $\text{HNO}/\cdot\text{NO}$ interconversion in the cellular medium. Meanwhile, resistance-inducing compounds tended to downregulate the HNO in *Arabidopsis* leaves. The presented study indicates that non-enzymatic $\text{HNO}/\cdot\text{NO}$ interconversion mediated by functionally important PRCs constitutes a significant route for controlling the endogenous HNO levels and provides ubiquitous bioavailability of HNO in plant cells. Moreover, concurrent $\text{HNO}/\cdot\text{NO}$ monitoring showed that the redox signals are highly integrated creating a redox code that might be translated into a specific cell response.



This research was funded by National Science Centre – project no. UMO-2017/26/E/NZ4/00226.

Profil lekowrażliwości wankomycynoopornych enterokoków izolowanych od hospitalizowanych chorych i nosicieli

EWA SZCZUKA, MARIA WESOŁOWSKA, DOMINIKA ROLNICKA

Zakład Mikrobiologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Enterokoki są istotnym składnikiem naturalnej mikrobioty jelitowej ludzi. Bakterie te mogą powodować poważne zakażenia szczególnie u pacjentów z grupy wysokiego ryzyka. Enterokoki wywołują zakażenia o bardzo różnym obrazie klinicznym: bakteriemie i posocznice u noworodków, zakażenia układu moczowego, zapalenie wsierdzia, mózgu, kości i szpiku, zakażenia w obrębie jamy brzusznej oraz zakażenia ran chirurgicznych. Enterokoki odporne na glikopeptydy (VRE) uważane są za ważne „patogeny alarmowe” i stanowią częstą przyczynę zakażeń szpitalnych.

Badaniami objęto 37 izolatów pochodzących z nosicielstwa jak i z zakażeń. Szczepy były identyfikowane z wykorzystaniem konwencjonalnych metod oraz z zastosowaniem spektrometrii mas techniką MALDI (ang. *Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization*). Oporność na antybiotyki i chemioterapeutyki oznaczono metodą krążkowo-dyfuzyjną. Podłoże molekularne oporności enterokoków na wankomycynę oznaczono metodą PCR.

Zidentyfikowano sześć szczepów *E. faecalis* oraz 31 szczepów *E. faecium*. U szczepów wykazano typ oporności typu VanA lub typu VanB. Szczepy wyizolowane zarówno z zakażeń jak i z nosicielstwa odznaczały się wielolekoopornością. Z wyjątkiem dwóch izolatów *E. faecalis* wszystkie szczepy były odporne na antybiotyki beta-laktamowe. Enterokoki wykazały oporność na *fluorochinolony* (ciprofloksacynę, lewofloksacynę). Ponadto, enterokoki wykazywały wysoką oporność na aminoglikozydy, co wyklucza te antybiotyki z możliwości stosowania w terapii skojarzeniowej z penicylinami. Wysoki odsetek szczepów był opornych na trimetoprim/sulfametaksazol oraz rifampicinę. Wśród badanych szczepów pojawiły się izolaty odporne na nowsze antybiotyki stworzone z myślą o zwalczaniu szczepów opornych na wankomycynę, to jest chinupristinę/dalfopristinę i linezolid.

Uzyskane wyniki podkreślają wagę oznaczenia wrażliwości na leki u enterokoków, będącego podstawą podjęcia celowanej antybiotykoterapii.

Optymalizacja aktywności antyoksydacyjnej i cytoprotekcyjnej naturalnych związków bioaktywnych: badania strukturalne i molekularne mechanizmy działania

MILDA SZLAUŻYS^{1*}, KAMIL OSTROWSKI^{1*}, BEATA JASIEWICZ¹, LUCYNA MRÓWCZYŃSKA²

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Chemii, Zakład Produktów Bioaktywnych, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 8, 61-614 Poznań

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Biologii Komórki, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

*równorzędny pierwszy Autor

Naturalne związki bioaktywne o korzystnej aktywności biologicznej znajdują szerokie zastosowanie, zwłaszcza w profilaktyce chorób cywilizacyjnych indukowanych stresem oksydacyjnym. Nasze wcześniejsze badania wykazały, że dodanie wyselekcjonowanych podstawników do struktury rdzenia cząsteczek macierzystych związków bioaktywnych, skutkuje wzrostem ich właściwości antyoksydacyjnych i cytoprotekcyjnych. Aktualne badania, koncentrujące się na zależności między strukturą związku a jego aktywnością, zostały podjęte w celu identyfikacji optymalnych podstawników do połączeń z cząsteczką graminy oraz kofeiny i mają na celu wyjaśnienie molekularnych mechanizmów działania antyoksydacyjnego i cytoprotekcyjnego pochodnych.

Wykorzystując metodę chemii-click otrzymano 14 pochodnych zawierających w swojej strukturze ugrupowanie uracylowe i triazolowe. Wszystkie pochodne scharakteryzowano spektroskopowo (¹HNMR, ¹³CNMR, FT-IR, ESI-MS). Właściwości fizykochemiczne i farmakologiczne pochodnych określono w analizach *in silico* wykorzystując serwer Swiss.ADME. Ocenę aktywności cytoprotekcyjnej pochodnych przeprowadzono w warunkach stresu oksydacyjnego *in vitro* z wykorzystaniem ludzkich erytrocytów jako komórek modelowych. Analizowano również antyoksydacyjne działanie pochodnych względem hemoglobiny eksponowanej na działanie wolnych rodników.

Badania wykazały zależność między rodzajem podstawnika wprowadzonego do cząsteczek kofeiny oraz graminy i aktywnością cytoprotekcyjną pochodnych. Wytypowano pochodne z największym potencjałem antyoksydacyjnym, które efektywnie hamowały hemolizę oksydacyjną oraz chroniły hemoglobinę przed utlenieniem do methemoglobiny. Molekularny mechanizm działania cytoprotekcyjnego pochodnych można tłumaczyć inkorporacją ich molekuł w strukturę dwuwarstwy lipidowej błony komórkowej i w efekcie jej stabilizacją oraz zmiataniem wolnych rodników w środowisku komórki i w erytroplazmie.



Kielkowanie i wzrost siewek soi (*Glycine max* L.) traktowanych nanocząsteczkami plastiku

MICHAŁ URBAŃSKI¹, BURAK METE YIĞIT^{1,2}, ANNA EKNER-GRZYB³,
JAGNA CHMIELOWSKA-BĄK¹

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

²Gebze Technical University, Department of Molecular Biology and Genetics, Gebze, 41400, Kocaeli, Turkey

³Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Biologii Komórki, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614

W 2022 roku ogólnoswiatowa produkcja plastiku wyniosła ponad 400 milionów ton. Materiał ten znalazł szerokie zastosowanie ze względu na trwałość i stosunkowo niskie koszty produkcji. Jego duża wytrzymałość ma jednak również wady – jest to tworzywo wolno degradujące, które w znaczny sposób przyczynia się do zanieczyszczenia środowiska.

Celem przedstawianych badań było określenie, czy krótkotrwała ekspozycja na cząsteczki nanoplastiku (NPL) wpływa toksycznie na siewki soi (*Glycine max* L.). W pierwszym etapie badań określono wpływ dwugodzinnej inkubacji w roztworach nanoplastiku o stężeniu 10 i 100 mg/l na kiełkowanie nasion soi. W drugiej części badań mierzono potencjalne cytotoksyczne oddziaływanie NPL na młode siewki.

Wyniki wskazują, że inkubacja w roztworach nanoplastiku hamuje kiełkowanie nasion soi. Efekt ten był jednak obserwowany jedynie przy zastosowaniu niższych stężeń, 10 mg/l. Z kolei w przypadku młodych siewek soi nie odnotowano wpływu NPL na parametry wzrostowe i przeżywalność komórek mierzoną przy zastosowaniu Błękitu Evansa. Wyniki wskazują, że kiełkowanie to proces wrażliwy na działanie nanoplastiku. Z kolei już skiełkowane siewki są stosunkowo odporne na krótkotrwałe działanie tego stresora.

Wyrażamy podziękowania Natalii Kuśnierz za pomoc przy detekcji cząsteczek nanoplastiku z zastosowaniem technik mikroskopii fluorescencyjnej.

Burak Yiğit uczestniczył w badaniach w trakcie pobytu na Uniwersytecie im. Adama Mickiewicza w Poznaniu w ramach programu Erasmus+.

Nanocząstki Cu-MOFs jako nowe nośniki leków przeciwwirusowych hamujące infekcję SARS-CoV-2

ALICJA WAROWICKA¹, ALEKSANDER EJSMONT², JUSTYNA BRONIARCZYK¹, JOANNA GOŚCIAŃSKA²

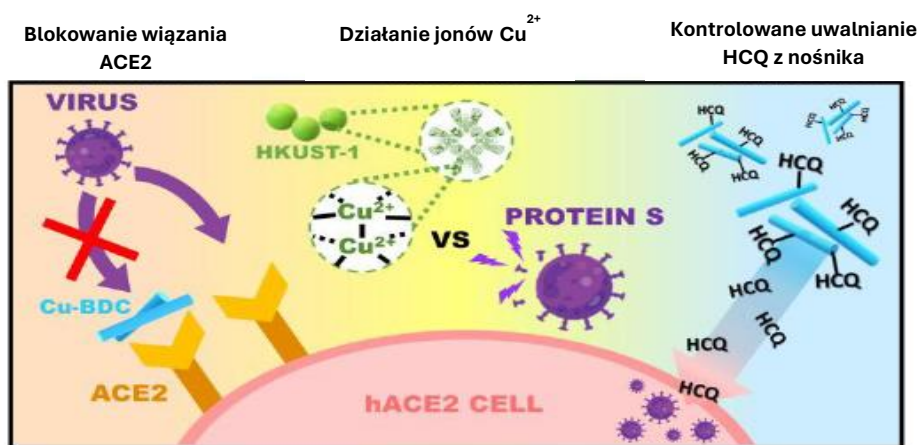
¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Instytutu Biologii Eksperymentalnej, Zakład Wirusologii Molekularnej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614, Poznań

²Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Chemii, Zakład Technologii Chemicznej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 8, 61-614, Poznań

Ostatnie lata (pandemia COVID-19) pokazały jak istotne powinno być poszukiwanie nowych strategii przeciwwirusowych i rozwój wirusologii. Jednym z podejść jest wykorzystanie nanomateriałów (nanocząstek, nanoukładów) jako systemów dostarczania leków przeciwwirusowych, zwiększając efektywność ich działania. Ponadto, nanomateriały mogą destabilizować cząstkę wirusową, powodując brak lub mniejszą efektywność jej wiązania z powierzchnią komórki.

Ze względu na specjalne właściwości (m.in. porowatość, możliwość biofunkcjonalizacji powierzchni oraz biokompatybilność) w badaniach wykorzystano nanocząstki MOFs (sieci metalo-organiczne, ang. *metal-organic frameworks*) na bazie miedzi (Cu-MOFs): Cu-BDC oraz HKUST-1. Zarówno Cu-MOFs, jak i Cu-MOFs z lekiem przeciwwirusowym - hydroksychlorochiną (HCQ) (Cu-MOFs/HCQ) wykorzystano do zbadania wpływu na wnikanie pseudocząstek SARS-CoV-2 do komórek (HekACE2) (ang. *virus entry*).

Nasze badania wykazały, że zastosowanie Cu-MOF jako nośnika HCQ istotnie zmniejsza infekcyjność SARS-CoV-2, a molekularny mechanizm działania związany jest z blokowaniem wiązania cząstki wirusowej z receptorem ACE2 na powierzchni komórki. Dodatkowo, działanie przeciwwirusowe wzmacnia kontrolowane uwalnianie HCQ z nośnika.



Rys. Proponowany mechanizm działania przeciwwirusowego nanocząstek Cu-MOFs/HCQ



Zróżnicowanie gatunkowe gronkowców wyizolowanych ze skóry kóz i owiec pochodzących z terenu Kazachstanu

MARIA WESOŁOWSKA¹, EWA SZCZUKA¹, ISSAYEVA AKMARAL²

¹Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Wydział Biologii, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Mikrobiologii, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań, Polska

²M.Auezov South Kazakhstan University in Shymkent, Ecology and Biology Institute, Tauke Khan Avenue 5, Shymkent, Kazakhstan

Gronkowce są oportunistycznymi patogenami wchodzącymi w skład mikrobioty skóry człowieka i zwierząt. Poprzez, między innymi, zasiedlanie skóry (ang. *colonisation resistance*) oraz syntezę peptydów przeciwdrobnoustrojowych, zapobiegają kolonizacji skóry przez bakterie chorobotwórcze. W mikrobiocie skóry człowieka dominuje *Staphylococcus epidermidis*, natomiast u zwierząt towarzyszących człowiekowi najczęściej występują *Staphylococcus pseudintermedius* (u psów) i *Staphylococcus felis* (u kotów). Mikrobiota skóry zwierząt hodowlanych jest słabo poznana. Celem pracy było wyizolowanie i identyfikacja gronkowców występujących na skórze kóz i owiec pochodzących z małych hodowli na terenie Kazachstanu.

Ze skóry kóz i owiec pobrano wymazy na podłoże transportowe Amies i przetransportowano do Polski. Następnie założono hodowle na podłożach Chapmana. Wyizolowane szczepy zidentyfikowano metodą MALDI-TOF MS (ang. *Matrix Assisted Laser Desorption and Ionisation Mass Spectrometry*). Zidentyfikowano 11 gatunków gronkowców. Najliczniej występował *Staphylococcus chromogenes* (50% szczepów) i *Staphylococcus succinus* (18% szczepów). Zidentyfikowano również szczepy gronkowców z gatunku *Staphylococcus dephini*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus vitulinus*, *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus warneri*, *Staphylococcus simulans*, *Staphylococcus pasteurii*, *Staphylococcus equorum* i *Staphylococcus hominis*.

We wcześniej przeprowadzonych badaniach, dotyczących mikrobioty skóry kóz i owiec z Polski, nie stwierdzono gatunków *Staphylococcus chromogenes*, *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus dephini*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus pasteurii*, *Staphylococcus hominis*. Wyizolowano natomiast *Staphylococcus sciuri*, *Staphylococcus lentus*, *Staphylococcus xylosum*, *Staphylococcus cohnii*, *Staphylococcus auricularis*, *Staphylococcus caprae*, *Staphylococcus nepalensis*.

Przeprowadzone badania wskazują na duże zróżnicowanie w mikrobiocie zwierząt występujących w Europie i Azji.



Czy mitochondria towarzyszą chloroplastom podczas ich ruchów indukowanych światłem niebieskim?

MATEUSZ S. WESOŁOWSKI, SŁAWOMIR SAMARDAKIEWICZ

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii, Laboratorium Mikroskopii Elektronowej i Konfokalnej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Kluczową rolę w funkcjonowaniu komórek roślinnych odgrywają interakcje pomiędzy mitochondriami a chloroplastami. Zakłada się, że efektywność współdziałania tych organelli zależy od zachowania relacji przestrzennych pomiędzy nimi. Jak dotąd nie wiadomo jednak, czy mitochondria towarzyszą chloroplastom podczas ich ruchów w warunkach stresu świetlnego.

W celu odpowiedzi na to pytanie przeprowadzono analizy wzajemnego rozmieszczenia mitochondriów i chloroplastów w komórkach *Lemna trisulca* L. traktowanych światłem niebieskim o wysokim natężeniu, które indukowało reakcje ucieczki chloroplastów. Jako układy odniesienia przyjęto rośliny poddawane działaniu światła niebieskiego o niskim natężeniu (wywołującego reakcje akumulacji chloroplastów) oraz rośliny inkubowane w ciemności.

Na podstawie obserwacji w mikroskopie konfokalnym stwierdzono, że niezależnie od warunków świetlnych, największą pulę mitochondriów stanowiły te, które bezpośrednio sąsiadowały z chloroplastami (kategoria M1). Co więcej, odsetek tych mitochondriów, w stosunku do wszystkich obserwowanych mitochondriów, był we wszystkich wariantach doświadczalnych podobny i wynosił od 64,1 do 66,6%. Za pomocą współczynnika położenia mitochondriów (MPF) wykazano również, że w warunkach wysokiego natężenia światła niebieskiego mitochondria M1, podobnie jak chloroplasty w reakcji ucieczki, przemieszczały się w kierunku ścian antyklinalnych.

Powyższe wyniki wskazują, że pomimo zmiany położenia chloroplastów, niezmiennie wysoka pula mitochondriów pozostawała w ich bezpośredniej bliskości. Ponadto kierunek przemieszczania się mitochondriów odpowiadał reakcjom kierunkowym chloroplastów. Tym samym po raz pierwszy wykazano, że mitochondria towarzyszą chloroplastom podczas ich ruchów. Utrzymanie korelacji przestrzennej pomiędzy chloroplastami i mitochondriami może stanowić ważny mechanizm strategii obronnej roślin w warunkach stresu świetlnego.



Udział splicingu w ekspresji genów fagów należących do rodziny *Herelleviridae*

MARTYNA WĘGLEWSKA, JAKUB BARYLSKI

Uniwersytet im. A. Mickiewicza w Poznaniu, Instytut Biologii Eksperymentalnej, Zakład Wirusologii Molekularnej, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, 61-614 Poznań

Powszechnie wiadomo, że geny eukariotów składają się z sekwencji kodujących podzielonych przez niekodujące introny. Jednak od ponad 25 lat wiemy, że introny występują również

u prokariotów np. bakterii, a nawet u infekujących je wirusów (bakteriofagów). Fagowe introny są autokatalitycznymi rybozymami zdolnymi do samowycinania z pre-mRNA. Są także elementami mobilnymi, które wbudowują się do alleli pozbawionych intronu dzięki kodowanym endonukleazom. Niestety nasza wiedza o ich występowaniu, budowie i mechanizmach wycinania jest ograniczona, a narzędzia pozwalające na badanie tych sekwencji nie są tak rozwinięte, jak te przeznaczone do badania ich odpowiedników u organizmów jądrowych.

W naszych badaniach koncentrujemy się na analizie występowania intronów i poznaniu mechanizmów splicingu tych sekwencji u bakteriofagów na przykładzie rodziny *Herelleviridae*. Przeprowadzone analizy bioinformatyczne pozwoliły nam na przewidywanie obecności autokatalitycznych intronów u tej rodziny wirusów a testy *in vitro* potwierdziły ich zdolność do wycinania się z sekwencji mRNA. W testach tych wykorzystujemy amplikony genów fagowych, które są transkrybowane tak, aby umożliwić wycięcie intronu. Zoptymalizowaliśmy także metodę analizy w trakcie cyklu infekcyjnego (*in vivo*), co pozwala nam śledzić dynamikę splicingu w zakażonych komórkach bakterii.

Skuteczność proponowanych metod potwierdziliśmy badając za ich pomocą obecność znanych intronów u fagów takich jak SPO1, czy Bastille. Przeprowadzone analizy wskazują, że obie metody pozwalają na wydajne i wiarygodne badanie intronów fagowych.

Badania finansowane z grantu NCN SONATA o numerze 2016/23/D/NZ2/00435.



Czy lipazy uczestniczą w degradacji ciał autofagowych u roślin?

KAROLINA WLEKLIK¹, KATARZYNA NUC², SZYMON STEFANIAK¹, MAŁGORZATA PIETROWSKA-BOREK², SŁAWOMIR BOREK¹

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

²Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Bioinżynierii, Katedra Biochemii i Biotechnologii, ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań, Polska

Autofagia to proces ‘samozjadania’ komórki, podczas którego jej poszczególne elementy kierowane są do przedziałów litycznych, gdzie ulegają degradacji. Jednym ze słabiej poznanych etapów autofagii roślin jest zachodząca w wakuoli degradacja ciał autofagowych. Pomimo tego, że już w latach 90 ubiegłego wieku wykazano, że w degradacji ciała autofagowego u drożdży uczestniczy proteinaza A, proteinaza B i Atg15, to do tej pory nie udowodniono udziału w tym procesie żadnego z enzymów roślin. Atg15 to jedyna lipaza wakuolarna drożdży, niezbędna do dezintegracji błony fosfolipidowej ciała autofagowego. Jako że nie odnaleziono homologów Atg15 u innych organizmów niż grzyby, zwróciliśmy uwagę na jej potencjalne funkcjonalne analogii. Badania przeprowadziliśmy na izolowanych osiach zarodkowych łubinu białego i łubinu andyjskiego kultywowanych *in vitro* w różnych warunkach odżywienia węglowego i azotowego. Na podstawie wyników masowego sekwencjonowania transkryptomu zidentyfikowaliśmy 90 transkryptów genów kodujących lipazy w osiach łubinu białego i 111 transkryptów w osiach łubinu andyjskiego. Bioinformatyczna analiza lokalizacji komórkowej ich białek wykazała przewidywaną lokalizację wakuolarną dla 38 lipaz. Co istotne, trzy z tych lipaz wykazały wysokie podobieństwo sekwencji aminokwasowej lipazowego motywu centrum aktywnego enzymu z Atg15. Analizując zmiany w poziomie transkryptów genów lipaz o prawdopodobnej lokalizacji wakuolarnej, zaobserwowaliśmy wyraźne obniżenie poziomu wielu transkryptów spowodowane odżywieniem asparaginą – aminokwasem spowalniającym degradację ciał autofagowych. Ponadto osie głodzone pod względem sacharozy zawierają znacznie więcej tłuszczu niż osie odżywione, ale w tych samych osiach stwierdziliśmy też podwyższoną aktywność lipolityczną w porównaniu do osi odżywionych sacharozą. Bazując na takich danych formułujemy hipotezę, że jest prawdopodobne, iż lipazy zaangażowane są w degradację ciał autofagowych u roślin.

Badania zostały sfinansowane przez Narodowe Centrum Nauki, nr grantu: 2016/23/B/NZ3/00735 oraz 2021/41/N/NZ3/01929.



- ADAMIEC Małgorzata, 10, 17
AKMARAL Issayeva, 46
ARASIMOWICZ-JELONEK Magdalena, 6, 7, 13, 19, 20, 36, 40, 41
BABIERACKA Klaudia, 3
BAGNIEWSKA-ZADWORNA Agnieszka, 29, 35
BARANEK Jakub, 4
BARANIAK Edward, 11
BARYLSKI Jakub, 48
BĄCZKIEWICZ Alina, 15
BELIŃSKA Kinga, 4
BLAUTH Olga, 33
BOCHEŃSKA Maria, 14
BOREK Sławomir, 49
BRONIARCZYK Justyna, 45
BUCZKOWSKA Katarzyna, 15
BYLEWSKA Natalia, 24
CELIŃSKI Konrad, 16, 38
CHMIELEWSKA Beata, 40
CHMIELEWSKI Maksymilian, 30
CHMIELEWSKA-BAK Jagna, 18, 44
CHOLEWIŃSKI Marcin, 5, 16
CHOWAŃSKI Szymon, 5, 14, 16
CHUDZIŃSKA Ewa, 32
CIESIELSKA Maria, 17
DABERT Mirosława, 11
DOBROGOJSKI Jędrzej, 10
EJSMONT Aleksander, 45
EKNER-GRZYB Anna, 18, 44
FLORYSZAK-WIECZOREK Jolanta, 6, 19, 41
GAJEWSKA Joanna, 6
GARNCZARSKA Małgorzata, 31
GMYREK Radosław, 24
GOLCZAK Zofia, 37
GOLIŃSKI Piotr, 27
GONERA Patrycja, 15
GOSPODINOV Galin, 15
GOŚCIAŃSKA Joanna, 45
GOŹDZICKA-JÓZEFIAK Anna, 22
GRABSZTUNOWICZ Magda, 7, 13
GRZYB Tomasz, 18
GUAN Yufeng, 19
HARTMAN Sjon, 19
HICKS Leslie M., 12
ISHIKAWA Takao, 10
JASIEWICZ Beata, 43
KACZMAREK Łukasz, 26
KALEMBA Oliwia, 32
KAMIENIK Karolina, 18
KLECZKOWSKA Wiktoria, 20, 36, 40
KOCZURA Ryszard, 8, 37
KONECKA Edyta, 21
KONIECZNY Igor, 22
KONOPIŃSKA Natalia, 24, 33
KORTUS Klaudia, 8
KOWALSKI Andrzej J., 25
KRAKOWIAK Michalina, 26
KRYGER Martyna, 8
KRZESŁOWSKA Magdalena, 27
KUBALA Szymon, 31
KULCZYŃSKA-FIGURNY Klaudia, 9, 28
KULAK Karolina, 29
KUMAR TANWAR Umesh, 7, 13, 40
KUNCEWICZ Jakub, 30
LECHOWSKA Katarzyna, 31
LESZCZYŃSKA Julia, 37
LEWANDOWSKA-WOSIK Anetta, 11, 32
LIAUSHUK Maryna, 37
LOPES Isabel, 18
LUBAWY Jan, 24, 33
LUBOŃSKI Aleksander, 27
LUCIŃSKI Robert, 10, 17
LUTTS Stanley, 31
MAĆKOWSKA Anna, 8
MADEJ Julia, 37
MAKOWSKA-ZAWIERUCHA Nicoletta, 34
MARCINIAK Paweł, 5, 16, 39
MELA Julia, 18
MELOSIK Iwona, 11
MICHALAK Kornel M., 35
MINICKA Julia, 35
MLECZAK Mariusz, 11
MLECZEK Mirosław, 27
MOKRACKA Joanna, 8, 37
MRÓWCZYŃSKA Lucyna, 43
NAWROT Robert, 12, 26
NOWICKI Grzegorz, 24
NUC Katarzyna, 49
OLIVEIRA Miguel, 18
OSTROWSKI Kamil, 43
PALUCH-LUBAWA Ewelina, 20, 33, 36, 40
PATAN Milena, 26
PIETROWSKA-BOREK Małgorzata, 49
PLUSKOTA Mateusz, 37
POLCYN Władysław, 30
POPŁAWSKA Kinga, 36, 40
QUINET Muriel, 31
ROLNICKA Dominika, 42
RUCIŃSKA-SOBKOWIAK Renata, 3
RUDY Elżbieta, 7, 13
SADECKI Patrick W., 12
SAMARDAKIEWICZ Sławomir, 27, 47
SIATECKA Mirosława, 9, 28
SIKORA Joanna, 16, 38
SŁOCIŃSKA Małgorzata, 39
SOBCZYŃSKA Urszula, 11
SOBIESZCZUK-NOWICKA Ewa, 6, 7, 13, 19, 20, 36, 40, 41
SOBKOWIAK Robert, 3
STEFANIAK Szymon, 49
STOLARSKA Ewelina, 40
SUAREZ Sebastian A., 19, 20, 41
SZCZUKA Ewa, 42, 46
SZLACHTOWSKA Zofia, 7
SZLAUŻYS Milda, 43
SZURMAN-ZUBRZYCKA Miriam, 40
SZYMCZAK-CENDLAK Monika, 5, 16
SZYMKOWIAK Paweł, 21
TCHÓRZEWSKA Sara, 24
TOMKOWICZ Naria, 37
TRZEBNY Artur, 34
URBAŃSKI Arkadiusz, 24, 33
URBAŃSKI Michał, 44
VENÂNCIO Cátia, 18
WALKOWIAK-NOWICKA Karolina, 5, 14, 16, 24
WAROWICKA Alicja, 22, 45
WERĘŻA Karolina, 27
WESOŁOWSKA Maria, 42, 46
WESOŁOWSKI Mateusz S., 47
WĘGLEWSKA Martyna, 48
WILAND-SZYMAŃSKA Justyna, 16
WIŚNIEWSKI Kamil, 14
WITUCKA Anna, 9, 28
WLEKLIK Karolina, 49
WOJCIECHOWSKA Natalia, 35
WOJKOWIAK Filip, 4
WOJKOWIAK Paulina, 4
WOJTYŁA Łukasz, 31
WOLSKA Luiza, 16
WOŹNY Adam, 27
WÓJCIAK Rafał R., 39
WYKA Tomasz P., 25
YİĞİT Burak Mete, 44
ZIELEZIŃSKI Andrzej, 4



WYKAZ REFERATÓW

1. Klaudia Babieracka, Renata Rucińska-Sobkowiak, Robert Sobkowiak. **Wpływ nikotyny na amplitudę i częstotliwość generowania potencjałów elektrycznych przez neurony świerszcza domowego (*Acheta domestica*)** 3
2. Jakub Baranek, Filip Wojtkowiak, Kinga Belińska, Paulina Wojtkowiak, Andrzej Zieleziński. **Bakteryjne lityczne monooksygenazy polisacharydowe (LPMO) wywierają negatywny wpływ na larwy *Spodoptera exigua*** 4
3. Szymon Chowański, Marcin Cholewiński, Monika Szymczak-Cendlak, Karolina Walkowiak-Nowicka, Paweł Marciniak. **Czy jest możliwe, że neuropeptydy owadów mogą wpływać na fizjologię komórek ssaczy?** 5
4. Joanna Gajewska, Ewa Sobieszczuk-Nowicka, Jolanta Floryszak-Wieczorek, Magdalena Arasimowicz-Jelonek. **Miedź – sprzymierzeniec czy wróg *Phytophthora infestans*?** 6
5. Magda Grabsztunowicz, Elżbieta Rudy, Umesh Kumar Tanwar, Zofia Szlachetowska, Magdalena Arasimowicz-Jelonek, Ewa Sobieszczuk-Nowicka. **Epigenetyczna regulacja procesu starzenia liści jęczmienia** 7
6. Klaudia Kortus, Martyna Kryger, Anna Maćkowska, Ryszard Koczura, Joanna Mokracka. **Geny wirulencji i geny oporności na antybiotyki w powietrzu w budynkach użyteczności publicznej** 8
7. Klaudia Kulczyńska-Figurny, Anna Witucka, Mirosława Siatecka. **Deubikwina USP7 stabilizuje aktywność transkrypcyjną KLF1 (Krüppel-like factor 1)** 9
8. Robert Luciński, Jędrzej Dobrogojski, Takao Ishikawa, Małgorzata Adamiec. **Znaczenie proteazy EGY2 dla prawidłowego funkcjonowania chloroplastów w warunkach stresu świetlnego** 10
9. Iwona Melosik, Anetta Lewandowska-Wosik, Urszula Sobczyńska, Mirosława Dabert, Mariusz Mleczak, Edward Baraniak. **Zróżnicowanie genetyczne i struktura populacji zagrożonego chrząszcza saproksylicznego *Lucanus cervus* w pofragmentowanym krajobrazie** 11
10. Robert Nawrot, Patric W. Sadecki, Leslie M. Hicks. **Identyfikacja i charakterystyka nowego peptydu przeciwdrobnoustrojowego (CM-AMP1) z *Chelidonium majus*** 12
11. Elżbieta Rudy, Magda Grabsztunowicz, Umesh Kumar Tanwar, Magdalena Arasimowicz-Jelonek, Ewa Sobieszczuk-Nowicka. **Modyfikacja RNA N⁶-metyladenozyliny jako ważny element organizacji procesu starzenia liścia** 13

WYKAZ POSTERÓW

1. Maria Bocheńska, Kamil Wiśniewski, Szymon Chowański, Karolina Walkowiak-Nowicka. **Wpływ furfuralu, 2-undekanonu, (E)-2-dekanalu i (E,E)-2-4-dekadienu – czyli wtórnych metabolitów roślin, na profil białek ciała tłuszczowego chrząszcza *Tenebrio molitor* L.** 14
2. Katarzyna Buczkowska, Alina Bączkiewicz, Patrycja Gonera, Galin Gospodinov. **Niedoszacowana różnorodność gatunkowa wątrobowców z rodzaju *Calypogeia*** 15
3. Konrad Celiński, Luiza Wolska, Joanna Sikora, Justyna Wiland-Szymańska. **Analiza porównawcza sekwencji mikrosatelitarnych w genomach chloroplastowych wybranych gatunków z rodzaju *Dracaena*** 16
4. Marcin Cholewiński, Szymon Chowański, Monika Szymczak-Cendlak, Karolina Walkowiak-Nowicka, Paweł Marciniak. **Cytotoksyczne działanie glikoalkaloidów na komórki nowotworowe HeLa** 17
5. Maria Ciesielska, Małgorzata Adamiec, Robert Luciński. **Wpływ chloroplastowej proteazy wewnątrzblonowej S2P2 na skład i funkcjonowanie fotosystemu II u *Arabidopsis thaliana*** 18
6. Anna Ekner-Grzyb, Julia Mela, Karolina Kamienik, Jagna Chmielowska-Bąk, Tomasz Grzyb, Miguel Oliveira, Isabel Lopes, Cátia Venâncio. **Wpływ składu, kształtu, rozmiaru oraz sposobu otrzymywania nanoplastiku na kielki pszenicy *Triticum aestivum*** 19
7. Yufeng Guan, Jolanta Floryszak-Wieczorek, Ewa Sobieszczuk-Nowicka, Sebastian A. Suarez, Sjon Hartman, Magdalena Arasimowicz-Jelonek. **Nitroxyl as a new regulator of hypoxia response in *Arabidopsis*** 20



8. Wiktoria Kleczkowska, Ewelina Paluch-Lubawa, Sebastian A. Suarez, Magdalena Arasimowicz-Jelonek, Ewa Sobieszczuk-Nowicka. **Zmiany w równowadze redoks i ich „anty-starzeniowy” potencjał na przykładzie starzenia indukowanego ciemnością w liściach jęczmienia**21
9. Edyta Konecka, Paweł Szymkowiak. **Nowa supergrupa *Wolbachia* u *Triaeris stenaspis* (Araneae: Oonopidae)**22
10. Igor Konieczny, Anna Goździcka-Józefiak, Alicja Warowicka. **Właściwości biologiczne alkaloidów protoberberynowych** 23
11. Natalia Konopińska, Radosław Gmyrek, Natalia Bylewska, Sara Tchórzewska, Grzegorz Nowicki, Jan Lubawy, Karolina Walkowiak-Nowicka, Arkadiusz Urbański. **Allatotropiny/oreksyny jako przykład ewolucyjnie konserwatywnych właściwości immunomodulujących neuropeptydów** 24
12. Andrzej J. Kowalski, Tomasz P. Wyka. **Wąskie naczynia ksylemu w liściach zimozielonych jako element odporności na mróz** 25
13. Michalina Krakowiak, Milena Patan, Łukasz Kaczmarek, Robert Nawrot. **Izolacja i analiza modyfikacji potranslacyjnych białek histonowych niesporczaków z rodzaju *Paramacrobiotus* sp.**..... 26
14. Magdalena Krzesłowska, Mirosław Mleczek, Aleksander Luboński, Karolina Weręza, Adam Woźny, Piotr Goliński, Sławomir Samardakiewicz. **Zmiany w anatomii i ultrastrukturze blaszki liściowej *Acer platanoides* L. rosnącego na szlamach pokopalnianych. Możliwość wykorzystania tego gatunku drzewa do fitoremediacji**..... 27
15. Klaudia Kulczyńska-Figurny, Anna Witucka, Mirosława Siatecka. **Identyfikacja nowych interakcji białkowych z czynnikiem transkrypcyjnym KLF1 (Krüppel-like factor 1)** 28
16. Karolina Kułak, Agnieszka Bagniewska-Zadworna. **CLE – małe peptydy o potencjalnie wielkiej roli w rozwoju roślin**..... 29
17. Jakub Kuncewicz, Maksymilian Chmielewski, Władysław Polcyn. **Holistyczna ocena kondycji sadzonek lipy drobnolistnej: analiza morfometryczna roślin i sieci współwystępowania grzybów glebowych** 30
18. Katarzyna Lechowska, Łukasz Wojtyła, Muriel Quinet, Szymon Kubala, Stanley Lutts, Małgorzata Garnczarska. **Seed priming modulates pattern of polyamine accumulation and ethylene biosynthesis during *Brassica napus* germination under salt stress** 31
19. Anetta Lewandowska-Wosik, Ewa Chudzińska, Oliwia Kalemba. **Asymetria fluktuacyjna obserwowana u *Drosophila melanogaster* i *D. suzukii* jako konsekwencja narażenia na nikotynę i neonikotynoid**.....32
20. Jan Lubawy, Olga Blauth, Natalia Konopińska, Ewelina Paluch-Lubawa, Arkadiusz Urbański. **Rola peptydów podobnych do tachykinin w odpowiedzi na stres niskiej temperatury u *Tenebrio molitor* L.**33
21. Nicoletta Makowska-Zawierucha, Artur Trzebny. **Charakterystyka plazmidomów w gradientach środowiskowych o zróżnicowanym stopniu antropopresji w Arktyce**.....34
22. Kornel M. Michalak, Natalia Wojciechowska, Julia Minicka, Agnieszka Bagniewska-Zadworna. **Zobaczyć zanim zniknie: analiza procesów degradacyjnych w elementach sitowych podczas floemogenezy** 35
23. Ewelina Paluch-Lubawa, Wiktoria Kleczkowska, Kinga Popławska, Magdalena Arasimowicz-Jelonek, Ewa Sobieszczuk-Nowicka. **Katabolizm putrescyny jako łącznik metaboliczny w remobilizacji azotu w procesie indukowanego starzenia liści**.....36
24. Mateusz Pluskota, Zofia Golczak, Julia Leszczyńska, Maryna Liaushuk, Julia Madej, Naria Tomkowicz, Joanna Mokracka, Ryszard Koczura. **Odchody bernikli białolicej jako źródło antybiotykooporności bakterii na Svalbardzie**37
25. Joanna Sikora, Konrad Celiński. **Zastosowanie metody przeczesywania genomu do analizy zmienności genetycznej blisko spokrewnionych taksonów z kompleksu *Pinus mugo***..... 38
26. Małgorzata Słocińska, Paweł Marciniak, Rafał R. Wójciak. **Wpływ soli litu na zachowanie owadów oraz morfologię mózgu i układu neuroendokrynowego – potencjalne wykorzystanie karaczanów jako modeli w badaniach biomedycznych** 39



27. Ewelina Stolarska, Kinga Popławska, Ewelina Paluch, Umesh Kumar Tanwar, Miriam Szurman-Zubrzycka, Beata Chmielewska, Wiktoria Kleczkowska, Magdalena Arasimowicz-Jelonek, Ewa Sobieszczuk-Nowicka. **Mutanty populacji TILLING jęczmienia w badaniach modyfikacji metabolizmu poliamin w kontekście ich potencjału stay-green**..... 40
28. Sebastian A. Suarez, Ewa Sobieszczuk-Nowicka, Jolanta Floryszak-Wieczorek, Magdalena Arasimowicz-Jelonek. **Searching for nitroxyl modulators – new implications in ¹⁵NO and redox signaling in plant**.....41
29. Ewa Szczuka, Maria Wesołowska, Dominika Rolnicka. **Profil lekowrażliwości wankomycynoopornych enterokoków izolowanych od hospitalizowanych chorych i nosicieli**.....42
30. Milda Szlaużys, Kamil Ostrowski, Beata Jasiewicz, Lucyna Mrówczyńska. **Optymalizacja aktywności antyoksydacyjnej i cytoprotekcyjnej naturalnych związków bioaktywnych: badania strukturalne i molekularne mechanizmy działania**.....43
31. Michał Urbański, Burak Mete Yiğit, Anna Ekner-Grzyb, Jagna Chmielowska-Bąk. **Kielkowanie i wzrost siewek soi (*Glycine max* L.) traktowanych nanocząsteczkami plastiku**44
32. Alicja Warowicka, Aleksander Ejsmont, Justyna Broniarczyk, Joanna Gościańska. **Nanocząstki Cu-MOFs jako nowe nośniki leków przeciwwirusowych hamujące infekcję SARS-CoV-2**.....45
33. Maria Wesołowska, Ewa Szczuka, Issayeva Akmaral. **Zróżnicowanie gatunkowe gronkowców wyizolowanych ze skóry kóz i owiec pochodzących z terenu Kazachstanu**46
34. Mateusz S. Wesołowski, Sławomir Samardakiewicz. **Czy mitochondria towarzyszą chloroplastom podczas ich ruchów indukowanych światłem niebieskim?**.....47
35. Martyna Węglewska, Jakub Barylski. **Udział splicingu w ekspresji genów fagów należących do rodziny *Herelleviridae***.....48
36. Karolina Wleklík, Katarzyna Nuc, Szymon Stefaniak, Małgorzata Pietrowska-Borek, Sławomir Borek. **Czy lipazy uczestniczą w degradacji ciał autofagowych u roślin?**49