



KSIĄŻKA ABSTRAKTÓW

ABSTRACT BOOK

**VII OGÓLNOPOLSKA KONFERENCJA
„BIOTECHNOLOGIA NIEJEDNO MA IMIĘ”**

**2nd INTERNATIONAL CONFERENCE
„THE MANY FACES OF BIOTECHNOLOGY”**

23-24.11.2024

UNIWERSYTET PRZYRODNICZY W POZNANIU

REDAKCJA

Prof. UPP dr hab. Joanna Perła-Kaján

Katarzyna Łowczyńska

Alicja Szychulska

Olga Markowska

Kinga Chmielecka

ISBN: 978-83-943832-7-5

KOMITET ORGANIZACYJNY/ORGANIZING COMMITTEE

Prof. UPP dr hab. Joanna Perła-Kaján

Katarzyna Łowczynowska

Alicja Szychulska

Kinga Chmielecka

Olga Markowska

Aleksandra Kotecka

Kinga Matysiak

Klaudia Imilkowska

Lucjan Maćkowiak

Miłosz Paciorek

Paula Taberska

Sara Gniadek

Weronika Szukała

PATRONAT HONOROWY/HONORARY PATRONAGE

JM REKTOR



KOMISJA BIOTECHNOLOGII

Oddział  w Poznaniu



PATRONAT MEDIALNY/MEDIA PARTNERS



SPONSORZY/SPONSORS



POLBIOGEN[®]

Fundacja na Rzecz Rozwoju
Biotechnologii i Genetyki



SYMBIOS LIFE SCIENCES

MERCK

**POSTĘPY
BIOCHEMII**

ADVANCES IN BIOCHEMISTRY



**CORMAY
DIAGNOSTICS**

Szanowni Państwo,

Należące do Polskiego Towarzystwa Biochemicznego i wydawane przez wydawnictwo Frontiers czasopismo Acta Biochimica Polonica (ABP) pragnie być wiodącym czasopismem w zakresie szeroko rozumianej biochemii, biofizyki i biologii molekularnej. Publikuje ono w otwartym dostępie znaczące naukowo prace z zakresu enzymologii i metabolizmu, błon i bioenergetyki, struktury i ekspresji genów, struktury i metabolizmu białek, kwasów nukleinowych i węglowodanów. Model publikacyjny w otwartym dostępie pozwala na szybkie upowszechnienie wyników, udostępniając je bezpłatnie każdemu zainteresowanemu czytelnikowi. Nowoczesna platforma redakcyjna Frontiers ułatwia szybkie procedowanie każdego przysłanego manuskryptu dzięki przeprowadzeniu uczciwych, ale rygorystycznych recenzji, co z kolei zapewniają redaktorzy ABP.

Włączenie ABP do renomowanych baz danych takich jak PubMed, Scopus i Web of Science gwarantuje zwiększoną widoczność dla opublikowanych badań. Zapraszamy do obserwowania strony internetowej pisma oraz profilu Twittera (X): @ActaBiochPol oraz do obserwowania profilu FB: <https://www.facebook.com/ActaBiochimicaPolonica/>.

Zapraszamy do publikowania w ABP, a zaproszenie kierujemy teraz w szczególności uczestników konferencji, której patronuje Polskie Towarzystwo Biochemiczne.

Z wyrazami szacunku,

Grzegorz Węgrzyn

Redaktor Naczelny Acta Biochimica Polonica

PROGRAM

23.11.2024 SOBOTA/SATURDAY

09:00 – 09:30 Uroczyste Otwarcie Konferencji

09:30 – 10:00 **Prof. dr hab. Jan Barciszewski** “Mikro kwasy rybonukleinowe (mirRNA). Struktura mikro ale funkcja makro!”

Sesja 1: Sesja Jubileuszowa/ Jubilee Session

10:00 – 10:15 **Jakub Paś** “The Role of Quality and Test Engineering in Bioinformatics for the Biotechnology and Pharmaceutical Industries”

10:30 – 10:45 **Monika Drobna-Śledzińska** “Proteomic approach reveals PTPRC and SOCS2 as novel targets of oncogenic miR-363-3p in T-cell acute lymphoblastic leukemia”

10:45 – 11:00 **Marcin Drzewiecki** “Low level mosaicism in tuberous sclerosis complex”

11:00 – 11:15 **Natalia Ryzek** “Mechanism of expression regulation of head-to-head overlapping protein-coding genes”

11:15 – 11:30 **Prof. ICHB dr hab. Zbigniew Warkocki** Zaproszenie na Kongres BIO2025/Invitation for BIO2025 Congress

11:30 – 12:15 Przerwa Jubileuszowa (Zdjęcie grupowe)/Jubilee Break (Group photo)

Sesja 2: Biotechnologia Roślin/Plant Biotechnology

12:15 – 12:45 **Prof. UAM dr hab. Michał Rurek** “Advanced plant phenotyping for the analysis of stress tolerance - drawbacks and perspectives”

Prezentacje ustne

12:45 – 13:00 **Alicja Szychulska** "Enhancing Photosynthesis Efficiency with Carbon Nanotube Carriers: Controlled Delivery of Rhodamine 6G and Thioflavin T to Plant Tissues"

13:00 – 13:15 **Aleksandra Gumowska** “Analizy filogenetyczne wolno rosnących bakterii ryzobiowych infekujących rośliny z rodziny Fabaceae na obszarze brazylijskiej Pampy ”

13:15 – 13:30 **Agata Holubek** “Rola proliny oraz alantoiny w łagodzeniu skutków stresu oksydacyjnego wywołanego przez abiotyczne czynniki stresowe“

13:30 – 13:45 **Teresa Jętczak, Oliwia Iglewska** “Zróżnicowanie wielkości genomu u roślin pochodzących z Ekwadoru”

13:45 – 14:00 **Oliwia Kończak** “Wpływ stężenia alkoholu etylowego i czasu maceracji na zawartość związków fenolowych oraz właściwości przeciwutleniających w nalewkach z ziół”

14:00 – 14:15 **Maciej Lenort** “Analiza ekspresji wybranych genów kandydujących związanych z plonowaniem kukurydzy”

14:15 – 14:30 **Mateusz Lipiński** “Analiza wybranych metabolitów oraz określenie zdolności regeneracyjnych nowej odmiany lnu - SILESIA”

14:30 – 14:45 **Mateusz Wesolowski** “Wzajemne rozmieszczenie mitochondriów i chloroplastów w komórkach miększu zieleniowego Lemna trisulca L. poddanych działaniu różnego natężenia światła niebieskiego”

14:45 – 15:15 Przerwa Obiadowa/Lunch Break

15:15 – 16:15 Sesja posterowa/Poster session

1. **Zuzanna Gruszczyńska** “Ocena potencjału farmakologicznego Drosera rotundifolia L. w kulturach in vitro”
2. **Szymon Kasperek** “Wiedza Polaków na temat zielonej biotechnologii”
3. **Julia Kolacz** “Analiza metabolitów wtórnych Dionea muscupila w kulturach in vitro: funkcje biologiczne i potencjalne zastosowanie”
4. **Katarzyna Listwan** “Metody biotechnologiczne w produkcji roślin ozdobnych”
5. **Julia Maksym, Justyna Liszka** “Dionaea muscupila - roślina mięsożerna o potencjale leczniczym”
6. **Joanna Młodziejewska** “Naturalne metody ochrony drewna: Zastosowanie chitozanu i olejków eterycznych w zwiększaniu trwałości drewna”
7. **Jakub Myk** “Ludowe wykorzystanie właściwości leczniczych roślin owadożernych-inspiracja dla współczesnych praktyk biotechnologicznych”
8. **Vy Nguyen** “Proline production and arsenic forms by one-year-old Betula pendula Roth. seedlings under arsenic stress – hydroponic experiment”
9. **Michalina Nowicka** “Wpływ proliny na zdolność do wzrostu młodych sadzonek lipy drobnolistnej (Tilia cordata Mill.) narażonej na arsen”
10. **Jakub Skórnicki, Dawid Pęksyk** “Cyklodekstryny jako regulatory metabolizmu komórek zawiesiny Vitis vinifera w warunkach głodu węglowego ”
11. **Angelika Szulc** “Biotechnologiczne wzbogacenie roślin - perspektywy dla zdrowego żywienia?”
12. **Alicja Szymańska** “Cechy bioindykacyjne tyrozyny w młodych sadzonkach lipy drobnolistnej (Tilia cordata Mill.) narażonej na arsen”
13. **Aleksandra Skarupa** “Grzyby suplementowane litem jako alternatywa w terapii wspomagającej leczenie chorób psychicznych”
14. **Ribi Ramadanti Multisona** “Optimization and Stability Analysis of Clitoria ternatea and Ginger Oil in Water-in-Oil (W/O) Emulsions”

Sesja 3: Biotechnologia Zwierząt/Animal Biotechnology

16:15 – 16:45 **Dr hab. Piotr Pawlak**

Prezentacje ustne/Oral presentations

16:45 – 17:00 **Mateusz Durbacz** “Viral delivery of CRISPR-Cas9 for correction of DMD mutation in humanized mouse model”

17:00 – 17:15 **Medi Patria** “Lipid Profiles of Broilers Housed at a High-Stocking Density and Provided with Fermented Averrhoa bilimbi Fruit Filtrate”

17:15– 17:30 **Oliwia Kończak** “Interakcje pomiędzy kannabidiolem i lasalocydem w komórkach nerki człowieka, psa i kota – badania in vitro”

17:30 – 17:45 **Prezentacja Symbios/Symbios presentation**

18:00 – 18:15 Podsumowanie i wręczenie nagród/Closing remarks and award ceremony

24.11.2024 NIEDZIELA/SUNDAY

Sesja 4: Biotechnologia Medyczna/Medical Biotechnology

10:00 – 10:30 **Dr Paweł Zmora** “Novel antiviral strategies based on the inhibitors of virus entry into cell”

Prezentacje Ustne/Oral Presentations

10:30 – 10:45 **Mikołaj Kościński** “Exposure of MSU 1.1 Human Fibroblast Cells to Polystyrene Microplastics: Assessing Cell Viability and Microplastic Uptake”

10:45 – 11:00 **Jędrzej Przybył** “Effects of Hyperhomocysteinemia on Placental Morphology, Fetal Weight, and Inflammatory Responses”

11:00 – 11:15 **Anna Zdubek** “Enhancement of the antimicrobial photodynamic therapy by permeabilizing agents”

11:15 – 11:30 **Krzystian Sarat** “Wpływ azacytydyny i decytabiny na działanie daunorubicyny”

11:30 – 11:45 – Przerwa kawowa/Coffee break

11:45 – 12:00 **Przemysław Gawrysiak** “Wpływ peptydu przeciwdrobnoustrojowego epinecydyny-1 na metabolizm tkanki tłuszczowej człowieka”

12:00 – 12:15 **Aleksandra Lepianka** “Charakterystyka plazmidów bakterii wyizolowanych od koni niosących geny oporności na ampicylinę”

12:15 – 12:30 **Julia Witek** “Badanie zmian wrażliwości linii raka pęcherza moczowego z nokautem genu ASS1 na powszechnie stosowane chemioterapeutyki”

12:30 – 12:45 **Aleksandra Wyszynska** “Leczenie na cukrzycę i dowód w sprawie, czyli zastosowanie muchówki *Lucilia sericata* w medycynie i praktyce sądowej”

12:45 – 13:15 Przerwa obiadowa/Lunch break

13:15 – 14:15 Sesja posterowa/poster session

15. **Michał Dziwak** “Kultury in vitro mszaków jako narzędzie w badaniu wytwarzania związków bioaktywnych”
16. **Michał Dziwak** “*Agrostemma githago* w kulturach in vitro”
17. **Julia Kandulska** “Rola receptorów RHAMM i CD44 na powierzchni plemników w mechanizmach zapłodnienia.”
18. **Przemysław Gawrysiak** “Analiza zawartości witaminy D3 w komercyjnie dostępnych preparatach farmaceutycznych ”
19. **Wioleta Lewandowska** “*Gardnerella vaginalis* biomarker detection using an electrochemical biosensor”
20. **Wioleta Lewandowska** “Electrochemical ultra-fast Immunosensors for detection of upper respiratory Track infections“

21. **Wioleta Lewandowska** “The use of antibody-modified gold electrodes in an electrochemical biosensor for the detection of Equine Viral Arteritis protein”
22. **Wioleta Lewandowska** “Intelligent remediation system for removal of harmful contaminants in water using modified reticulated vitreous carbon foam.”
23. **Wioleta Lewandowska** “Electrochemical Modification of Boron Doped Carbon Nanowall Electrodes for Biosensing Purposes”
24. **Wioleta Lewandowska** “A rapid and non-invasive test for the early detection of bladder cancer”
25. **Wioleta Lewandowska** “Cutting-edge and all-encompassing tool designed to assist and track the training of athletes - SportBand. ”
26. **Wioleta Lewandowska** “Fast and cheap test for detection of Streptococcus pyogenes and pneumoniae with antibiotic resistance identification”
27. **Łukasz Mencil** “Silencing the Blmh gene impacts amyloid beta precursor protein (APP) processing in mouse neuroblastoma N2A-APPswe cells.”
28. **Maria Bocheńska, Wawrzyniec Sadowski** “Co skrywa macica? Analiza składu mikrobiomu macicy u zdrowych kobiet”
29. **Anna Skoczyńska** “BEX2 jako potencjalny onkogen w białaczce T”
30. **Aldona Szewczyk** “Zmodyfikowane komórki macierzyste jako innowacyjna broń w walce z nowotworami”
31. **Mayuri Bhosale** “Deletion of the Homocysteine Thiolactone Detoxifying Enzyme Bleomycin Hydrolase Causes ER Stress and UPR in Mouse Neuroblastoma N2a-APPswe cell model of Alzheimer’s disease”

Sesja 5: Biotechnologia Przemysłowa/Industrial Biotechnology

14:15 – 14:45 **Dr hab. dr inż. Maciej Jarzębski** “Research of new surfactants from plants”

Prezentacje ustne/Oral presentations

14:45 – 15:00 **Sunday Samson** “Photobiocatalytic conversion of epoxymethyl dimethylphosphonate and 1-phenylethyl acetate using cyanobacterial systems: advanced applications in high-value product synthesis and rare earth element bioaccumulation”

15:00 – 15:15 **Agnieszka Raczyńska** “Biotransformations of 2-phenylethanol by various microorganisms”

15:15 – 15:30 **Klaudia Dudek** “Biotechnologia w biogazie ”

15:30 – 15:45 **Dominika Jama** “Izolacja oraz charakterystyka bakterii produkujących biosurfaktanty wyizolowanych z ekosystemów Morza Bałtyckiego i fiordów norweskich”

15:45 – 16:00 **Wiktoria Windak, Justyna Tarlowska, Olga Zaczek** “Analiza ilościowa oraz identyfikacja wybranych mikroorganizmów w wodzie poddanej procesowi filtracji”

16:00 – 16:15 Przerwa kawowa/Coffee break

16:15 – 17:15 Sesja posterowa/poster session

32. **Zuzanna Smolarek** “Analiza ekspresji genu DRB1 w komórkach plemnikowych, a hipoteza kryptycznego wyboru kobiety (ang. Cryptic Female Choice)”

33. **Natalia Stępczak** “Development of the strategy for efficient and specific excision of CGG trinucleotide repeats in the FMR1 locus using CRISPR-Cas9 technology”
34. **Aleksandra Sznel** “The c-myc Promoter Binding Protein (MBP-1) in cancer therapy”
35. **Katarzyna Talarczyk** “Nonadult endocranial lesions case study from late antique sipar in Croatian Istria”
36. **Adrianna Żukowska** “Związek poziomu histonu H1 z homocysteiną u pacjentów z chorobą żylną-zakrzepową”
37. **Mikołaj Danielewski** “History of biological databases, their importance and existence in modern scientific and political context”
38. **Gustaw Czernik-Makowiecki** “Grzyby jako rezerwuar związków bioaktywnych o potencjale farmakologicznym”
39. **Katarzyna Biernat** “Electrochemical fingerprints for identification of A β peptides related to Alzheimer’s disease”
40. **Natalia Maćkowska-Maślak** “Mechanizmy deregulacji genu HAKAKIRI w ostrej białaczce limfoblastycznej z komórek T “
41. **Anna Gabor** “Utilization of Whey as an Alternative Medium for the Cultivation of Lactic Acid Bacteria in the Biotechnological Valorization of Spent Coffee Grounds”
42. **Nadia Guzińska** “Improving the total polyphenol content of coffee silverskin through microbial fermentation for the development of functional food additives”
43. **Paulina Zielonka** “Bioługowanie telluru z wykorzystaniem drożdży *Rhodotorula mucilaginosa*: synteza, wydzielanie i charakterystyka nanocząstek telluru za pomocą SP-ICP-MS/MS”
44. **Paulina Zymela** “Potential use of waste raw materials for bioethanol production”

17:30 Podsumowanie i wręczenie nagród/Closing remarks and award ceremony

WYKŁAD INAUGURACYJNY

Mikro kwasy rybonukleinowe (mirRNA). Struktura mikro ale funkcja makro!

Jan Barciszewski

Instytut Chemii Bioorganicznej Polskiej Akademii Nauk, Noskowskiego 12, 61-704 Poznań;

Centrum Nanobiomedyczne Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza, Wszechnicy Piastowskiej 3,
61-614 Poznań

MikroRNA są klasą krótkich 19-25-nukleotydowych jednoniciowych niekodujących cząsteczek RNA, które obniżają ekspresje genów, co prowadzi do zmian fenotypu organizmu. Dotychczas zidentyfikowano około 2 tysięcy różnych miRNA, które odgrywają kluczowe role w regulacji ekspresji genów. miRNA są zaangażowane w kontrolę cyklu komórkowego, różnicowanie komórek, rozwój embrionalny oraz odpowiedź na stres i sygnały zewnętrzne. Geny mikroRNA, występują między genami kodującymi białka lub RNA w intronach a także egzonach tych genów. W wyniku transkrypcji z udziałem RNA polimerazy II powstają pierwotne prekursorzy (pri-mikroRNA), których dalsze dojrzewanie zachodzi w obecności rybonukleaz Drosha i Dicer.

Różny stopień komplementarności sekwencji mikroRNA do miejsca jego wiązania w mRNA prowadzi do przecięcia mRNA lub represji jego translacji. Większość zwierzęcych mikroRNA wiąże się z przynajmniej kilkoma częściowo komplementarnymi miejscami, występującymi przeważnie w 3'UTR.

Pierwszym i najlepiej poznanym mikroRNA jest lin-4 o długości 22 nukleotydów (1). Ulega on ekspresji w pierwszym stadium larwalnym L1 nicienia *C. elegans* i ogranicza ekspresję genów lin-14 i lin-28, kluczowych regulatorów wczesnych stadiów rozwojowych. miRNA lin-4 wiąże się komplementarnie z regionem 3'UTR mRNA lin-14, hamując jego translację. Okazało się, że krótki RNA może regulować poziom syntezy białka na etapie posttranskrypcyjnym poprzez oddziaływanie z mRNA kodującym to białko. U mutantów lin-4, zamiast różnicowania komórek, następuje powtórzenie podziałów charakterystycznych dla pierwszego stadium larwalnego. To odkrycie ujawniło nowy mechanizm kontroli genetycznej i pokazało, że regulacja genów jest znacznie bardziej skomplikowana niż dotychczas sądzono (2).

Kolejny poznany miRNA – let-7 w przeciwieństwie do lin-4, okazał się wysoce zachowawczy ewolucyjnie i występuje u wielu gatunków, w tym u ludzi (3). To potwierdziło, że mechanizm regulacji przez miRNA jest elementem regulacji genów w organizmach wielokomórkowych.

Nieprawidłowa ekspresja miRNA jest związana z wieloma chorobami, takimi jak nowotwory, choroby sercowo-naczyniowe, neurodegeneracyjne czy metaboliczne.

Badania miRNA otworzyły nowe możliwości diagnostyczne i terapeutyczne. miRNA mogą służyć jako biomarkery chorób, umożliwiając wczesne wykrycie i monitorowanie postępu choroby. Terapie

celowane na miRNA są obiecującym kierunkiem w leczeniu wielu schorzeń poprzez modulację ich ekspresji w komórkach.

Referencje

1. R. Lee, R. Feinbaum, V. Ambros. The *C. elegans* heterochronic gene *lin-4* encodes small RNAs with antisense complementarity to *lin-14*. *Cell* 1993, 75(5):843-854
2. B. Wightman, I. Ha, G. Ruvkun. Posttranscriptional regulation of the heterochronic gene *lin-14* by *lin-4* mediates temporal pattern formation in *C. elegans*. *Cell* 1993, 75(5):855-862
3. F. Jacob, J. Monod. Genetic regulatory mechanisms in the synthesis of proteins. *J Mol Biol* 1961, 3:318-356.

Sesja 1: Sesja Jubileuszowa/ Jubilee Session

Jakub Paś, “The Role of Quality and Test Engineering in Bioinformatics for the Biotechnology and Pharmaceutical Industries”

Monika Drobna-Śledzińska, “Proteomic approach reveals PTPRC and SOCS2 as novel targets of oncogenic miR-363-3p in T-cell acute lymphoblastic leukemia”

Marcin Drzewiecki, “Low level mosaicism in tuberous sclerosis complex”

Natalia Ryczek, “Mechanism of expression regulation of head-to-head overlapping protein-coding genes”

Prof. ICHB dr hab. Zbigniew Warkocki Zaproszenie na Kongres BIO2025/Invitation for BIO2025 Congress

Sesja 2: Biotechnologia Roślin/Plant Biotechnology

Michał Rurek, Włodzimierz Krześciński, Tomasz Spiżewski, Tomasz A. Pawłowski, "Advanced plant phenotyping for the analysis of stress tolerance - drawbacks and perspectives"

Prezentacje ustne

Alicja Szychulska, "Enhancing Photosynthesis Efficiency with Carbon Nanotube Carriers: Controlled Delivery of Rhodamine 6G and Thioflavin T to Plant Tissues"

Aleksandra Gumowska, "Analizy filogenetyczne wolno rosnących bakterii ryzobiowych infekujących rośliny z rodziny Fabaceae na obszarze brazylijskiej Pampy"

Agata Hołubek, "Rola proliny oraz alantoiny w łagodzeniu skutków stresu oksydacyjnego wywołanego przez abiotyczne czynniki stresowe"

Teresa Jętczak, Oliwia Iglewska, Agnieszka Łojko, Iwona Jędrzejczyk, "Zróżnicowanie wielkości genomu u roślin pochodzących z Ekwadoru"

Oliwia Kończak, Przemysław Gawrysiak, Maciej Lenort, Monika Przeor, Kinga Drzewiecka, "Wpływ stężenia alkoholu etylowego i czasu maceracji na zawartość związków fenolowych oraz właściwości przeciwutleniających w nalewkach z ziół"

Maciej Lenort, Agnieszka Tomkowiak, Tomasz Jamruszka, Aleksandra Sobiech, Sylwia Mikołajczyk "Analiza ekspresji wybranych genów kandydujących związanych z plonowaniem kukurydzy"

Mateusz Lipiński, Kinga Pilarska-Dudziak, Magdalena Wróbel - Kwiatkowska "Analiza wybranych metabolitów oraz określenie zdolności regeneracyjnych nowej odmiany Inu - SILESIA"

Mateusz Wesołowski "Wzajemne rozmieszczenie mitochondriów i chloroplastów w komórkach mięksiszu zieleniowego Lemna trisulca L. poddanych działaniu światła niebieskiego o różnym natężeniu."

Sesja posterowa/poster session

Zuzanna Gruszczyńska, Julia Kołacz, Justyna Liszka, Kinga Pilarska-Dudziak “Ocena potencjału farmakologicznego Drosera rotundifolia L. w kulturach in vitro”

Szymon Kasperek, Kinga Pilarska-Dudziak “Wiedza Polaków na temat zielonej biotechnologii”

Julia Kołacz, Zuzanna Gruszczyńska, Justyna Liszka, Kinga Maria Pilarska – Dudziak "Analiza metabolitów wtórnych Dionaea muscipula w kulturach in vitro: funkcje biologiczne i potencjalne zastosowanie”

Katarzyna Listwan, Kinga Pilarska-Dudziak “Metody biotechnologiczne w produkcji roślin ozdobnych”

Julia Maksym, Justyna Liszka “Dionaea muscipula - roślina mięsożerna o potencjale leczniczym”

Joanna Młodziejewska, Karolina Stefanowska, Magdalena Woźniak, Grzegorz Cofta, Izabela Ratajczak, “Naturalne metody ochrony drewna: Zastosowanie chitozanu i olejków eterycznych w zwiększaniu trwałości drewna “

Jakub Myk, Julia Kołacz, Zuzanna Gruszczyńska, Kinga Pilarska-Dudziak “Ludowe wykorzystanie właściwości leczniczych roślin owadożernych-inspiracja dla współczesnych praktyk biotechnologicznych”

Vy Nguyen, Sylwia Budzyńska “Proline production and arsenic forms by one-year-old Betula pendula Roth seedlings under arsenic stress – hydroponic experiment”

Michalina Nowicka, Sylwia Budzyńska “Wpływ proliny na zdolność do wzrostu młodych sadzonek lipy drobnolistnej (Tilia cordata Mill.) narażonej na arsen”

Jakub Skórnicki, Dawid Pęksyk, Małgorzata Pietrowska-Borek “Cyklodekstryny jako regulatory metabolizmu komórek zawiesiny Vitis vinifera w warunkach głodu węglowego”

Angelika Szulc, Kinga Pilarska-Dudziak “Biotechnologiczne wzbogacenie roślin - perspektywy dla zdrowego żywienia?”

Alicja Szymańska, Sylwia Budzyńska “Cechy bioindykacyjne tyrozyny w młodych sadzonkach lipy drobnolistnej (Tilia cordata Mill.) narażonej na arsen”

Aleksandra Skarupa, Sylwia Budzyńska “Grzyby suplementowane litem jako alternatywa w terapii wspomagającej leczenie chorób psychicznych”

Ribi Ramadanti Multisona, Maciej Jarzębski, and Anna Gramza-Michałowska “Optimization and Stability Analysis of Clitoria ternatea and Ginger Oil in Water-in-Oil (W/O) Emulsions”

Sesja 3: Biotechnologia Zwierząt/Animal Biotechnology

Dr hab. Piotr Pawlak “The relevance of neighborhood in shaping the developmental potential of oocytes and embryos in vitro”

Prezentacje ustne/Oral presentations

Mateusz Durbacz, “Viral delivery of CRISPR-Cas9 for correction of DMD mutation in humanized mouse model”

Medi Patria, Sugiharto Sugiharto “Lipid Profiles of Broilers Housed at a High-Stocking Density and Provided with Fermented *Averrhoa bilimbi* Fruit Filtrate”

Prezentacja Symbios/Symbios presentation

Oliwia Kończak, Maciej Gogulski, Lidia Radko, “Interakcje pomiędzy kannabidiolem i lasalocydem w komórkach nerki człowieka, psa i kota – badania in vitro”

Sesja 4: Biotechnologia Medyczna/Medical Biotechnology

Dr Paweł Zmora “Novel antiviral strategies based on the inhibitors of virus entry into cell”

Prezentacje Ustne/Oral Presentations

Mikołaj Kościński, “Exposure of MSU 1.1 Human Fibroblast Cells to Polystyrene Microplastics: Assessing Cell Viability and Microplastic Uptake.”

Jędrzej Przybył, Patrycja Wielowska, Zuzanna Gonera, Joanna Perła-Kajan, Joanna Suszyńska-Zajczyk “Effects of Hyperhomocysteinemia on Placental Morphology, Fetal Weight, and Inflammatory Responses”

Anna Zdubek, Irena Maliszewska “Enhancement of the antimicrobial photodynamic therapy by permeabilizing agents”

Krzysztof Sarat “Wpływ azacytydyny i decytabiny na działanie daunorubicyny”

Przemysław Gawrysiak “Wpływ peptydu przeciwdrobnoustrojowego epinecydyny-1 na metabolizm tkanki tłuszczowej człowieka”

Aleksandra Lepianka, “Charakterystyka plazmidów bakterii wyizolowanych od koni niosących geny oporności na ampicylinę”

Julia Witek, Mateusz Psurski “Badanie zmian wrażliwości linii raka pęcherza moczowego z nokautem genu ASS1 na powszechnie stosowane chemioterapeutyki”

Aleksandra Wyszynska, “Lekarstwo na cukrzycę i dowód w sprawie, czyli zastosowanie muchówki *Lucilia sericata* w medycynie i praktyce sądowej”

Sesja posterowa/poster session

Michał Dziwak, "Kultury in vitro mszaków jako narzędzie w badaniu wytwarzania związków bioaktywnych"

Michał Dziwak, W. Kozłowska, D. Zblewska, M. Bielecka, I.Nawrot-Hadzik, S. Zielińska, A. Matkowski "Agrostemma githago w kulturach in vitro"

Julia Kandulska, dr Aleksandra Łukasiewicz "Rola receptorów RHAMM i CD44 na powierzchni plemników w mechanizmach zapłodnienia."

Przemysław Gawrysiak, Oliwia Kończak, Maciej Lenort "Analiza zawartości witaminy D3 w komercyjnie dostępnych preparatach farmaceutycznych"

Wioleta Lewandowska, B.Gromadzka, M. Sosnowska, T. Łęga², K.Szemiako, S. Żołędowska, D. Nidzworski "Gardnerella vaginalis biomarker detection using an electrochemical biosensor"

Wioleta Lewandowska, Dawid Nidzworski, Tomasz Łęga, Marta Sosnowska, Sabina Żołędowska Kasjan Szemiako "Electrochemical ultra-fast Immunosensors for detection of upper respiratory Track infections"

Wioleta Lewandowska, B.Gromadzka, M. Sosnowska, T. Łęga, K.Szemiako, S. Żołędowska, D. Nidzworski "The use of antibody-modified gold electrodes in an electrochemical biosensor for the detection of Equine Viral Arteritis protein"

Wioleta Lewandowska, Sabina Żołędowska, Tadeusz Ossowski, Robert Bogdanowicz, Jacek Ryl, Paweł Rostkowski, Michał Kruczkowski, Michał Sobaszek, Zofia Cebula, Grzegorz Skowierzak, Paweł Jakóbczyk, Lilit Hovhannisyan, Paweł Ślepski, Iwona Kaczmarczyk, Mattia Pierpaoli, Bartłomiej Dec, Dawid Nidzworski "Intelligent remediation system for removal of harmful contaminants in water using modified reticulated vitreous carbon foam."

W.Lewandowska, S. Żołędowska, K. Szemiako, D. Nidzworski "Electrochemical Modification of Boron Doped Carbon Nanowall Electrodes for Biosensing Purposes"

W. Lewandowska, D. Nidzworski, S. Żołędowska, M.Sosnowska, K. Szemiako "A rapid and non-invasive test for the early detection of bladder cancer"

Wioleta Lewandowska, B.Gromadzka, M. Sosnowska, K.Szemiako, S. Żołędowska, D. Nidzworski "Cutting-edge and all-encompassing tool designed to assist and track the training of athletes - SportBand."

Dawid Nidzworski, Wioleta Lewandowska, Tomasz Łęga, Marta Sosnowska, Sabina Żołędowska, Kasjan Szemiako, M.Skwarecka-"Fast and cheap test for detection of Streptococcus pyogenes and pneumoniae with antibiotic resistance identification"

Łukasz Mencil, Hieronim Jakubowski, "Silencing the Blmh gene impacts amyloid beta precursor protein (APP) processing in mouse neuroblastoma N2A-APPswe cells."

Maria Bocheńska, Wawrzyniec Sadowski, Katarzyna Morańska, pod opieką naukową prof. UAM dr hab. Anity Szwed "Co skrywa macica? Analiza składu mikrobiomu macicy u zdrowych kobiet?"

Skoczyńska A., Maćkowska-Maślak Natalia, Drobna-Śledzińska Monika, Jaksik Roman, Kosmalska Maria, Lejman Monika, Sędek Łukasz, Szczepański Tomasz, Dawidowska, Małgorzata, “BEX2 jako potencjalny onkogen w białaczce T-ALL wysokiego ryzyka”

Aldona Szewczyk, “Zmodyfikowane komórki macierzyste jako innowacyjna broń w walce z nowotworami”

Mayuri Bhosale, Hieronim Jakubowski “Deletion of the Homocysteine Thiolactone Detoxifying Enzyme Bleomycin Hydrolase Causes ER Stress and UPR in Mouse Neuroblastoma N2a-APPswe cell model of Alzheimer’s disease”

Sesja 5: Biotechnologia Przemysłowa/Industrial Biotechnology

Dr hab. dr inż. Maciej Jarzębski “Research of new surfactants from plants”

Prezentacje ustne/Oral presentations

Sunday Ochoi Samson, Monika Serafin-Lewańczuk, Ewa Żyłańczyk-Duda, Milada Vítová, Mária Čížková, Mahleh Eghbalinejad, “Photobiocatalytic conversion of epoxymethyl dimethylphosphonate and 1-phenylethyl acetate using cyanobacterial systems: advanced applications in high-value product synthesis and rare earth element bioaccumulation.”

Agnieszka Raczyńska, Małgorzata Brzezińska-Rodak¹, Milada Vítová, Monika Serafin-Lewańczuk, Mária Čížková, Magdalena Klimek-Ochab, Ewa Żyłańczyk-Duda, “Biotransformations of 2-phenylethanol by various microorganisms”

Klaudia Dudek “Biotechnologia w biogazie ”

Dominika Jama, Anna Kancelista, Tomasz Janek, “Izolacja oraz charakterystyka bakterii produkujących biosurfaktanty wyizolowanych z ekosystemów Morza Bałtyckiego i fiordów norweskich”

Wiktoria Windak, Justyna Tarłowska, Olga Zaczek, “Ilościowe badanie oraz identyfikacja wybranych mikroorganizmów w wodzie poddanej procesowi filtracji.”

Sesja posterowa/poster session

Zuzanna Smolarek, Aleksandra Łukasiewicz, “Analiza ekspresji genu DRB1 w komórkach talarczykplemnikowych, a hipoteza kryptycznego wyboru kobiety (ang. Cryptic Female Choice)”

Natalia Stepczak, Adam Ciesiołka, and Krzysztof Sobczak “Development of the strategy for efficient and specific excision of CGG trinucleotide repeats in the FMR1 locus using CRISPR-Cas9 technology”

Aleksandra Sznal, “The c-myc Promoter Binding Protein (MBP-1) in cancer therapy”

Katarzyna Talarczyk, Željka Bedić, Mario Novak, Jarosław Walkowiak “Nonadult endocranial lesions case study from late antique sipar in Croatian Istria”

Adrianna Żukowska “Związek poziomu histonu H1 z homocysteiną u pacjentów z chorobą żylną-zakrzepową”
Mikołaj Danielewski, “History of biological databases, their importance and existence in modern scientific and political context”

Gustaw Czernik-Makowiecki, Kinga Pilarska-Dudziak, “Grzyby jako rezerwuuar związków bioaktywnych o potencjale farmakologicznym”

Katarzyna Biernat, Nina E. Wezynfeld, Wojciech Wróblewski-, Patrycja Ciosek-Skibińska, Aleksandra Tobolska, “Electrochemical fingerprints for identification of Aβ peptides related to Alzheimer’s disease”

Natalia Maćkowska-Maślak, “Mechanizmy deregulacji genu HAKAKIRI w ostrej białaczce limfoblastycznej z komórek”

Anna Gabor, Monika Kudelska, Monika Słomka, Łukasz Wysocki, Joanna Żylińska-Urban, “Utilization of Whey as an Alternative Medium for the Cultivation of Lactic Acid Bacteria in the Biotechnological Valorization of Spent Coffee Grounds”

Nadia Guzińska, Edyta Kordialik-Bogaćka, “Improving the total polyphenol content of coffee silverskin through microbial fermentation for the development of functional food additives”

Paulina Zielonka, Jolanta Mierzejewska, Magdalena Borowska, “Bioługowanie telluru z wykorzystaniem drożdży Rhodotorula mucilaginosa: synteza, wydzielanie i charakterystyka nanocząstek telluru za pomocą SP-ICP-MS/MS”

Paulina Zymela, “Potential use of waste raw materials for bioethanol production.”

Sesja 1: Sesja Jubileuszowa/ Jubilee Session

The Role of Quality and Test Engineering in Bioinformatics for the Biotechnology and Pharmaceutical Industries

Jakub Paś

Quality and test engineering are essential for ensuring the reliability and reproducibility of bioinformatics results. In the pharmaceutical industry, the complexity and diversity of biological data pose unique challenges. To mitigate risks arising from data errors, companies implement quality assurance measures like data validation, cleaning, and standardization.

Software testing, including unit, integration, performance and system testing, is crucial for verifying the accuracy of bioinformatics algorithms and detecting errors. By adopting robust testing practices, pharmaceutical companies can enhance the trustworthiness and reproducibility of their bioinformatics research.

By adopting rigorous quality assurance measures and implementing effective testing strategies, industries can foster innovation, enhance the reliability of scientific findings, and ultimately contribute to advancements in biotechnology and pharmaceutical development.

Proteomic approach reveals PTPRC and SOCS2 as novel targets of oncogenic miR-363-3p in T-cell acute lymphoblastic leukemia

Monika Drobna-Śledzińska¹

¹Institute of Human Genetics, Polish Academy of Sciences

T-cell acute lymphoblastic leukemia (T-ALL) is an aggressive malignancy arising from T-cell precursors. miRNAs are involved in post-transcriptional negative regulation of gene expression and thus are implicated in many biological processes, in health and disease. Recently we reported the upregulation of hsa-miR-363-3p in pediatric T-ALL patients and proposed it as a novel candidate oncomiR. We showed that inhibition of miR-363-3p results in increased apoptosis and decreased proliferation of T-ALL cells. Here we aimed to characterize the global effects of hsa-miR-363-3p in T-ALL in vitro via the combination of mRNA sequencing and quantitative proteomic analysis. We aimed to unravel the whole spectrum of direct targets of hsa-miR-363-3p as well as processes indirectly regulated by this miRNA.

DND-41 and ALL-SIL T-ALL cell lines were transduced for stable inhibition of hsa-miR-363-3p. To evaluate the influence of miRNA inhibition on growth advantage of these cells, flow cytometry GFP competition assay was performed. Total RNA from DND-41 cell line upon miR-363-3p inhibition was subjected to mRNA sequencing (150bp paired end reads, 60M reads/sample, Illumina NovaSeq 6000). These cells were also subjected to total protein Tandem Mass Tag (TMT) labeling and mass spectrometry for quantitative proteomics. Genes coding for proteins upregulated upon miRNA inhibition were analyzed to identify binding sites for miR-363-3p. Dual Luciferase Assay was performed to confirm the interaction between miR-363-3p and 3'UTR of putative target genes. The upregulation of selected proteins was evaluated in DND-41 and ALL-SIL cells via Western Blot.

We identified 548 proteins upregulated upon inhibition of hsa-miR-363-3p, 138 of which were encoded by genes with at least one 3'UTR putative binding site for this miRNA. One of the direct target genes was PTPRC, involved in negative regulation of JAK signaling. PTPRC acts as a tumor suppressor in JAK-STAT dependent T-ALL cases, yet the frequency of PTPRC inactivating mutations in T-ALL is relatively low. We also revealed SOCS2, another negative regulator of JAK-STAT pathway, as direct miR-363-3p target. By global analysis of RNA and protein expression we revealed overrepresentation of mRNAs and proteins (with significantly changed expression upon miR-363-3p inhibition) in JAK-STAT and downstream pathways: PI3K, mTOR, FOXO and RAS. Our results support the involvement of miR-363-3p in deregulation of these pathways in T-ALL via inhibition of PTPRC and SOCS2.

We demonstrated in vitro that PTPRC and SOCS2 are direct targets of miR-363-3p. Our results support the involvement of miR-363-3p in deregulation of JAK-STAT and other JAK-dependent pathways in T-ALL.

Funding: National Science Center (2014/15/B/NZ2/03394, 2017/25/N/NZ2/01132), National Centre for Research and Development (STRATEGMED3/304586/5/NCBR/2017), European Union's Horizon 2020 Grant: 952304

Low level mosaicism in tuberous sclerosis complex

Marcin Drzewiecki

Institute of Bioorganic Chemistry PAS, Poznan

Key words: TSC, two-hit hypothesis, mosaicism

Tuberous sclerosis complex (TSC) is a neurogenetic condition caused by loss-of-function variants in the TSC1 or TSC2 genes, leading to the development of tumors in various organs, such as skin, brain, heart, lungs, and kidneys. Mosaicism for TSC1 or TSC2 variants is observed in approximately 10%–15% of individuals with TSC.

This study presents a detailed analysis of TSC mosaicism through massively parallel sequencing (MPS) of 330 samples from various tissues and fluids collected from 95 individuals with mosaic TSC. Findings show that TSC1 variants are less frequent in individuals with mosaic TSC (9%) compared to those with germline TSC (26%) ($p < 0.0001$). The mosaic variant allele frequency (VAF) is notably higher for TSC1 than TSC2 in blood and saliva (median VAF: TSC1, 4.91%; TSC2, 1.93%; $p = 0.036$) as well as in facial angiofibromas (median VAF: TSC1, 7.7%; TSC2 3.7%; $p = 0.004$). However, the spectrum of clinical TSC features in individuals with TSC1 and TSC2 mosaicism is comparable. The distribution of mosaic variants across TSC1 and TSC2 genes aligns closely with the pattern seen for pathogenic germline variants in TSC. Interestingly, systemic mosaic variants were absent in the blood of 18% (14 out of 76) of cases, underscoring the importance of multi-sample analysis. The study also highlights that individuals with mosaic TSC generally exhibit fewer clinical features compared to those with germline TSC¹.

Mechanism of expression regulation of head-to-head overlapping protein-coding genes

Natalia Ryczek

Institute of Human Biology and Evolution, Faculty of Biology, Adam Mickiewicz University, ul. Uniwersytetu Poznańskiego 6, Poznań, Poland

Abstract

Although the existence of overlapping protein-coding genes in eukaryotic genomes has been known for decades, their role in regulating expression is still unknown and the results of studies are inconsistent. To elucidate the mechanism regulating the expression of head-to-head overlapping genes a pair of INO80E and HIRIP3 genes was studied. Based on the series of experiments we showed that the expression of these genes is strongly dependent on sense/antisense interactions. The overlapping transcripts form an RNA:RNA duplex that has the stabilizing effect on the mRNA involved and that this stabilization could be mediated by the ELAVL1 protein. We also introduced de novo methylations using the CRISPR/Cas system into the promoter sequence of INO80E gene and found that the transcription factor RARG is important for the transcription of both genes studied. In addition, we found that the overlapping isoform of INO80E forms an R-loop that may positively regulate HIRIP3 isoforms. We propose that both structures, dsRNA and R-loops, help to keep the DNA loop open to allow the transcription of the remaining variants of both genes. However, experiments suggest that RNA:RNA duplex formation plays a major role and R-loops only a complementary one. The absence of this dsRNA structure leads to the loss of a stable DNA opening and consequently to transcriptional interference. These results explain our previous finding that the use of TSSs leading to the gene overlap is associated with higher on average gene expression levels.

Sesja 2: Biotechnologia Roślin/Plant Biotechnology

Advanced plant phenotyping for the analysis of stress tolerance - drawbacks and perspectives

Michał Rurek¹, Włodzimierz Krzesiński², Tomasz Spiżewski², Tomasz A. Pawłowski³

¹Department of Molecular & Cellular Biology, Adam Mickiewicz University, Poznań, Uniwersytetu Poznańskiego 6, Poznań

²Department of Vegetable Crops, Poznań University of Life Sciences, Dąbrowskiego 159, Poznań, Poland

³Institute of Dendrology, Polish Academy of Sciences, Parkowa 5, Kórnik, Poland

e-mail: rurek@amu.edu.pl

Drought resistance in plants can be gained by multiple physiological (e.g. by keeping the high cellular water potential or by the osmotic adjustment) and molecular (including ABA synthesis, membrane damage, synthesis of antioxidatives and osmoprotectants, induction of drought-responsive genes, and repression of protein synthesis) mechanisms. Key defense mechanisms associated with the drought response comprise water loss minimalization as well as the proper delivery of energy demands to activate plant metabolism [1-3].

Cauliflower (*Brassica oleracea* var. botrytis) belongs to important vegetable species with the major cultivation yield in the Middle Europe. The early generative phase of curd ripening belongs to the key developmental stages with significant physiological demands. In addition, due to the size of its vegetative organs, cauliflower is sensitive to the low levels of water in the soil [4]. The rate of water loss can be easily estimated based on changes in the relative water content (RWC) in the excised cauliflower leaves. Previously, we investigated proteomic and transcriptomic alterations in various cauliflower cultivars varying with drought acclimation [5].

Currently, we evaluated easily measurable physiological parameters to assess the drought sensitivity of sixteen cauliflower cultivars with diverse genetic background. Parameters related mainly with A/Ci (photosynthesis rate vs. intercellular CO₂ concentration) and A/Q (photosynthesis rate vs. photosynthetic photon flux density) curves were initially tested. For control conditions, A/Ci curve parameters as well as carbon assimilation parameters were highly cultivar dependent. Surprisingly, the loss of leaf turgor was not correlated with the leaf area specific leaf area (SLA) and parameters from A/Q and A/Ci curves, suggesting that the rate of water loss depended on plant genetic variability and the distinct, adaptive mechanisms of genotypes. Overall, standard and widely used Laisk method [6] was useless in determining cultivars' response to drought in this study. Instead, several other phenotypic markers strongly correlated with the drought tolerance.

Water balance in roots and stems varied between cauliflower cultivars. Due to water balance variations, analyses on leaf discs appeared most reliable. The linear regression function, describing the influence of RWC on PSII quantum yield [Y(II)], allowed to categorize varieties to the group sensitive to the reduction of RWC or to the group, where Y(II) was higher than expected according to regression analysis. Additionally, within each group, it was also possible to classify cauliflower cultivars. Optimal cultivar classification was therefore based on water content and Y(II). The most sensitive

cultivars not only had a lower Y(II) value than expected from the regression analysis, but also lost water fastest, which resulted in notably lower RWC value. 'Pionier' and 'Altamira F1' cultivars appeared the most and the least sensitive to water deficit, and 'Adelanto F1' and 'Oviedo F1' - the most and the least tolerant genotypes to such stress, respectively. Sensitive cultivars with lower photosystem II efficiency quickly lost water. In addition, physiological response of drought-tolerant cauliflower cultivars was differently regulated.

We conclude that the selection of easily measurable physiological traits should be prospective in the selection of cauliflower genotypes based on genotype-specific drought defense mechanisms. Our study highlights that the optimal method of evaluating cauliflower genotypes under drought stress should comprise selected physiological measurements on excised leaves rather than performing tests on the whole plants as water balance in roots and stems varies significantly across cultivars and drought treatments.

This work was supported by National Science Centre, OPUS grant no. 2011/03/B/NZ9/05237 and by Wielkopolska Regionalna Inicjatywa Doskonałości (005/RID/2018/19).

References

1. X. Zhang, G. Lu, W. Long, X. Zou, F. Li, T. Nishio, *Breeding Science* 2014, 64, 60-73.
2. M. Zhu, J. G. Monroe, Y. Suhail, F. Villiers, J. Mullen, D. Pater, F. Hauser, B.W. Jeon, J.S. Bader, J. M. Kwak, J.I. Schroeder, J.K. McKay, S.M. Assmann, *New Phytologist* 2016, 210, 1169-1189.
3. J. Wang, J. Jiao, M. Zhou, Z. Jin, Y. Yu, M. Liang, *International Journal of Molecular Sciences* 2019, 20, 5604.
4. H. Kage, M. Kochler, H. Stützel, H., *European Journal of Agronomy* 2004, 20, 379-394.
5. M. Rurek, M. Czołpińska, T.A. Pawłowski, A.M. Staszak, W. Nowak, W. Krzesiński, T. Spizewski, *International Journal of Molecular Sciences* 2018, 19, 1130.
6. A. Laisk, *Kinetics of Photosynthesis and Photorespiration of C3-Plants* 1977, first ed. Nauka, Moscow.

Enhancing Photosynthesis Efficiency with Carbon Nanotube Carriers: Controlled Delivery of Rhodamine 6G and Thioflavin T to Plant Tissues

Alicja Szychulska^a

^aFaculty of Agriculture, Horticulture and Biotechnology, Poznań University of Life Sciences, Wojska Polskiego 28, 60-637 Poznań

Carbon nanotubes (CNTs) offer a promising foundation as carriers for delivering dyes to plants to enhance photosynthesis efficiency and biomass production. The use of carbon nanomaterials, such as CNTs, enables the confinement of dyes within their nano- and micropores, allowing for controlled delivery to plant tissues. Rhodamine 6G and Thioflavin T, as model dyes, are the focus of this research due to their energy transfer capabilities and potential applications in improving photosynthetic processes.

The study centers on understanding the mechanisms of dye interactions with the surface of carbon nanotubes and the processes of dye confinement and release under controlled conditions. The type of CNT plays a crucial role in ensuring efficient dye entrapment while also allowing for their release in response to changing environmental conditions, such as pH, humidity, or chemical interactions with plant biomolecules.

Advanced analytical techniques were employed, including Raman spectroscopy, FTIR, fluorescence microscopy, and TEM microscopy. These techniques enabled a detailed investigation of molecular interactions between rhodamine 6G, Thioflavin T, and carbon nanotubes, as well as an analysis of structural changes and material properties. In particular, Raman and FTIR spectroscopy provided data on chemical changes on the surface of carbon nanotubes related to the dye entrapment process within the nanotubes, while TEM visualized the nanotube structure. Fluorescence techniques allowed monitoring of the effectiveness of entrapped dyes, which is crucial for further understanding of their interaction mechanisms with plant tissues.

The research demonstrated that rhodamine 6G and Thioflavin T can be effectively confined within carbon nanotubes, highlighting their potential as carriers for controlled delivery of photosynthetic dyes. Using CNTs for this purpose is expected to enhance photosynthetic efficiency, promoting faster plant growth and increased biomass production. This approach introduces promising prospects for nanomaterials in agriculture, offering a way to boost crop yields while reducing resource consumption. Additionally, these findings may benefit other fields, such as medicine, where controlled delivery of active substances is crucial. In summary, exploring the confinement and controlled release of rhodamine 6G and Thioflavin T in CNTs could significantly advance technologies aimed at enhancing photosynthesis. A deeper understanding of dye-nanomaterial interactions will enable optimization of dye delivery to plants, supporting sustainable agriculture and global food security.

Analizy filogenetyczne wolno rosnących bakterii ryzobiowych infekujących rośliny z rodziny Fabaceae na obszarze brazylijskiej Pampy

Aleksandra Gumowska

Pampa jest obszarem Brazylii charakteryzującym się dużą bioróżnorodnością gatunków z rodziny Fabaceae, które mają zdolność tworzenia symbiozy między innymi z wolno rosnącymi bakteriami z rodzaju *Bradyrhizobium*. Relacje te są kluczowe dla równowagi ekologicznej tej krainy geograficznej, a ze względu na działalność człowieka związaną z rolnictwem, badania nad nimi przyczyniają się do monitorowania degradacji gleby. W pracy wykorzystano sekwencjonowanie genów symbiotycznych (*nifD*, *nodA*) oraz genów metabolizmu podstawowego (16S rRNA, *glnII*, *dnaK*, *recA*) wybranych izolatów ryzobiowych. W celu określenia zarówno szybkich, jak i głębszych zmian ewolucyjnych badanych mikroorganizmów, przeprowadzono analizy filogenetyczne genów *nifD* i *glnII*, obrazujące podobieństwo bakterii do innych grup taksonomicznych oraz ich pochodzenie geograficzne. W rezultacie badań genów szybkiej ewolucji otrzymano sekwencje przynależące do trzech różnych kładów, natomiast filogenetyka genów wolnej ewolucji wykazała ich klasyfikację w dwóch odmiennych supergrupach w obrębie rodzaju *Bradyrhizobium*.

Rola proliny oraz alantoiny w łagodzeniu skutków stresu oksydacyjnego wywołanego przez abiotyczne czynniki stresowe

Agata Hołubek

Sektor przemysłowy nieustannie się rozwija, co prowadzi do szeregu negatywnych skutków dla środowiska. Kadm jest toksyczny nie tylko dla ludzi, ale również dla roślin. W roślinach, akumulacja proliny, znanej ze swych właściwości osmoprotekcyjnych oraz antyoksydacyjnych, stanowi jeden z ważniejszych mechanizmów obronnych przed toksycznością kadmu. Kolejnym mechanizmem obronnym może być akumulacja alantoiny, jednak jej rola i mechanizm działania w warunkach stresu nie są do końca poznane. Celem pracy było zbadanie udziału aminopeptydazy prolinowej (PAP) w odpowiedzi siewek soi zwyczajnej (*Glycine max*) na stres oksydacyjny spowodowany działaniem kadmu w obecności alantoiny. W doświadczeniu sklonowano gen kodujący PAP u soi, zbadano zawartość proliny, aktywność PAP, ekspresję genu kodującego PAP oraz poziom peroksydacji lipidów (MDA). Otrzymane wyniki wskazują, że akumulacja proliny oraz towarzyszący jej wzrost aktywności i ekspresji PAP odgrywają ważną rolę w stresie wywołanym przez kadm. Alantoina w stężeniu 0,2 mM łagodzi stres oksydacyjny indukowany przez kadm, powodując obniżenie zawartości MDA, jednak poprzez mechanizmy inne niż akumulacja proliny i wzrost aktywności PAP. Wyższe stężenia alantoiny stanowiły dla rośliny czynnik stresowy powodując wzrost poziomu MDA, zawartości proliny jak i aktywności PAP.

Słowa kluczowe: alantoina, aminopeptydaza prolinowa, kadm, prolina, stres oksydacyjny

Zróżnicowanie wielkości genomu u roślin pochodzących z Ekwadoru

Teresa Jętczak, Oliwia Iglewska, Agnieszka Łojko, Iwona Jędrzejczyk

Koło Naukowe Biotechnologii BioX
Katedra Biotechnologii
Wydział Rolnictwa i Biotechnologii,
Politechnika Bydgoska im. Jana i Jędrzeja Śniadeckich
Al. Prof. S. Kaliskiego 7, 85-796 Bydgoszcz

W ostatnich latach badania nad wielkością genomu roślin stały się kluczowym obszarem w biologii molekularnej i genetyce. Ekwador, kraj o niezwykle bogatej bioróżnorodności, stanowi doskonały kontekst do analizy gatunków roślinnych pod kątem ich genomów. Celem naszych badań był pomiar zawartości jądrowego DNA u wybranych gatunków roślin pochodzących z Ekwadoru, z wykorzystaniem techniki cytometrii przepływowej. W badaniach wykorzystano 11 gatunków roślin: *Citrus x sinensis*, *Coriandrum sativum*, *Momordica charantia*, *Opuntia ficus-indica*, *Passiflora ligularis*, *Physalis peruviana*, *Psidium guajava*, *Solanum betaceum*, *Solanum musicatum*, *Solanum quitoense* oraz *Tamarindus indica*. Analizy cytometryczne przygotowano zgodnie z procedurą Jędrzejczyk i Śliwińska (2010). Do oceny wielkości genomu wykorzystano cztery standardy wewnętrzne: *Raphanus sativus* 'Saxa' (1,11 pg/2C), *Vicia villosa* 'Minikowska' (3,32 pg/2C), *Pisum sativum* 'Set' (9,11 pg/2C) oraz *Secale cereale* 'Dankowskie' (16,19 pg/2C), odpowiednio dla gatunku. Pomiar wykonano przy użyciu cytometru przepływowego CyFlow Ploidy Analyser (Sysmex Partec GmbH, Görlitz, Niemcy). Zawartość 2C DNA obliczona została na podstawie proporcjonalnej zależności pomiędzy średnią pozycją pików rośliny badanej oraz standardu wewnętrznego. Analiza statystyczna wykazała istotne różnice w wielkości genomu pomiędzy badanymi gatunkami roślin, która zawierała się w przedziale od 0,97 pg/2C (*Citrus x sinensis*) do 22,63 pg/2C (*Solanum betaceum*). Analizowane gatunki charakteryzowały się bardzo małym (sześć gatunków), małym (jeden gatunek) oraz średnim (cztery gatunki) genomem. W rodzaju *Solanum* analizie poddano trzy gatunki, których wielkość genomu była zróżnicowana, co pozwala rozróżnić te gatunki na podstawie zawartości 2C DNA. Uzyskane wyniki pokazały znaczną zmienność w wielkości genomu, co może być wynikiem różnych mechanizmów genetycznych, takich jak poliploidalność czy obecność dużych ilości niekodującego DNA. Nasze badania dostarczają nowych informacji na temat wielkości genomu roślin pochodzących z Ekwadoru oraz ich znaczenia w kontekście biologii ewolucyjnej. Wykorzystanie cytometrii przepływowej do pomiaru 2C DNA otwiera nowe możliwości w badaniach nad genomiką roślin i ich adaptacjami do zmieniającego się środowiska. Uzyskane wyniki mogą przyczynić się do lepszego zrozumienia procesów ewolucyjnych i adaptacyjnych w kontekście ochrony bioróżnorodności oraz strategii hodowlanych w przyszłości.

Specjalne podziękowanie dla mgr inż. Andrzeja Kotz za dostarczenie materiału do badań.

Wpływ stężenia alkoholu etylowego i czasu maceracji na zawartość związków fenolowych oraz właściwości przeciwutleniających w nalewkach z ziół

Oliwia Kończak¹, Przemysław Gawrysiak¹, Maciej Lenort², Monika Przeor², Kinga Drzewiecka³

Koło Naukowe Chemii Stosowanej "Spectrum" Wydział Leśny i Technologii Drewna Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Katedra Technologii Gastronomicznej i Żywności Funkcjonalnej, Wydział Nauk o Żywności i Żywieniu, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Zioła są bogatym źródłem przeciwutleniaczy, w szczególności polifenoli (m.in. flawonoidów, kwasów fenolowych). Polifenole zawarte w ziołach i ekstraktach z ziół, dzięki swojej budowie chemicznej działają przeciwzapalnie, przeciwutleniająco, przeciwdrobnoustrojowo oraz wspomagają profilaktykę chorób układu krwionośnego (w tym miażdżycy) i neurologicznych. Celem pracy było określenie wpływu stężenia alkoholu etylowego (40 i 70%) oraz czasu maceracji (3 tygodnie i 9 miesięcy) na zawartość związków fenolowych oraz właściwości przeciwutleniające w nalewkach z popularnych ziół, przygotowanych ze świeżego oraz suszonego materiału roślinnego. W badaniach wykorzystano dostępne w obrocie detalicznym w formie świeżej oraz suszone, (w torebkach, oraz w saszetkach do ekspresowego zaparzania). Rozdrobnione próbki ziół (0,5 g) zalewano 10 mL alkoholu etylowego (40 lub 70%) i pozostawiano do maceracji w temperaturze pokojowej, w ciemności. Po upływie zadanego czasu (3 tygodni lub 9 miesięcy), ekstrakty poddawano analizie całkowitej zawartości związków fenolowych metodą kolorymetryczną przy użyciu odczynnika Folina-Ciocalteu (Singleton i wsp. 1999). Zdolność inhibicji kationorodników ABTS mierzono zgodnie z metodyką Bartosza (2003). Zdolność inhibicji rodnika DPPH oznaczono zgodnie z metodyką Kobus-Cisowskiej i wsp. (2019). Zdolność redukowania jonów Fe(III) mierzono metodą FRAP (met). Stwierdzono, że największą zawartością związków fenolowych, zarówno po 3 tygodniach, jak i po 9 miesiącach macerowania, charakteryzowała się nalewki z rozmarynu (spośród ziół świeżych) oraz z suszonej melisy. Nalewki z ziół suszonych cechowała nieco wyższa zawartość związków fenolowych niż przygotowanych z ziół świeżych. Dłuższy czas macerowania wpłynął korzystnie na zawartość związków fenolowych w przypadku większości ziół, szczególnie w przypadku nalewek z rozmarynu i melisy. Natomiast dla szalwii suszonej i nalewek z mięty dłuższa maceracja powodowała zmniejszenie zawartości polifenoli.

Bartosz, G. (2003). *Druga twarz tlenu: Wolne rodniki w przyrodzie*. [Second face of oxygen: free radicals in nature.]. Warszawa: Wydaw. Naukowe PWN

Kobus-Cisowska, J., Szymanowska, D., Maciejewska, P., Kmiecik, D., Gramza-Michałowska, A., Kulczyński, B., & Cielecka-Piontek, J. (2019a). In vitro screening for acetylcholinesterase and butyrylcholinesterase inhibition and antimicrobial activity of chia seeds (*Salvia hispanica*).

Analiza ekspresji wybranych genów kandydujących związanych z plonowaniem kukurydzy

Maciej Lenort, Agnieszka Tomkowiak, Tomasz Jamruszka, Aleksandra Sobiech, Sylwia Mikołajczyk

Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Kukurydza (*Zea mays* L.) jako plon na ziarno jest uprawiana na około 197 mln ha gruntów na całym świecie, co czyni ją drugą po pszenicy najważniejszą gospodarczo rośliną. Roczna produkcja ziarna kukurydzy na świecie (1137 mln t.) jest znacznie wyższa niż produkcja ryżu i pszenicy. Współczesna hodowla kukurydzy opiera się na technikach badawczych z zakresu genetyki molekularnej, dzięki którym możemy identyfikować regiony genomu powiązane z cechami fenotypowymi, w tym z plonem. Celem badań było wykorzystanie sekwencjonowania nowej generacji (NGS), mapowania asocjacyjnego i fizycznego do zidentyfikowania genów kandydujących sprzężonych z plonowaniem kukurydzy. Geny te zostały poddane analizie ekspresji na materiałach referencyjnych wysoko i nisko plonujących. Materiał roślinny użyty do badań składał się z 10 genotypów kukurydzy (5 wysoko plonujących – SP6, KP12, KP13, SP8 i KP15 oraz 5 nisko plonujących – forma matczyzna Blask, forma ojcowiska Blask, UP10, UP20 i UP30). Genotypy pochodziły z kolekcji znajdującej się w Katedrze Genetyki i Hodowli Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu oraz polskich firm hodowlanych: Małopolska Hodowla Roślin sp. z o.o., Hodowla Roślin Smolice sp. z o.o., Grupa IHAR. Doświadczenie polowe pozwalające na oszacowanie plonów badanych genotypów zostało założone w latach 2022, 2023 i 2024. Całkowitą izolację RNA z młodych siewek kukurydzy wykonano przy użyciu zestawu do izolacji RNA Maxwell RSC Plant (Promega, Madison, USA). Stężenie i czystość wyizolowanego całkowitego RNA mierzono przy użyciu spektrofotometru NanoDrop w zakresie absorbancji A260/A280. Syntezę cDNA wykonano przy użyciu 1 µg RNA przy użyciu zestawu iScript Reverse Transcription Supermix for RT-qPCR (Bio-Rad, Hercules, USA) zgodnie z protokołem producenta. W wyniku prowadzonych analiz sekwencjonowania, mapowania asocjacyjnego i fizycznego zidentyfikowano trzy geny kandydujące, kodujące: reduktazę 1 cynnamoilo-koenzymu A, białko związane z WAT1-At1g09380 oraz eukariotyczny czynnik inicjacji translacji eIF3, które poddano analizie ekspresji. Tylko reduktaza 1 cynnamoilo-koenzymu A, miała wpływ na plon badanych genotypów, w każdym z trzech lat obserwacji. Procent zmienności plonu wyjaśniony znormalizowaną ekspresją tego genu w latach 2022, 2023 i 2024 wynosił odpowiednio 11,40%, 15,30% i 15,60%. Według doniesień literaturowych reduktaza 1 cynnamoilo-koenzymu A (CCR) jest uważana za kluczowy enzym kontrolujący ilość i jakość ligniny. Badania innych autorów wykazały, że duży udział podjednostki G ligniny i niskie stężenie kwasu p-kumarowego i podjednostki S ligniny są korzystne dla zwiększenia plonu biomasy, który pośrednio przekłada się na plon ziarna. Badania własne również wykazały znaczący wpływ tego genu na plon. W związku z powyższym istnieje duże prawdopodobieństwo, że gen reduktazy 1 cynnamoilo-koenzymu A jest związany z wysokością plonu, a znajdujący się wewnątrz tego genu marker SNP 1818 może zostać wykorzystany w programach hodowlanych do selekcji genotypów dobrze plonujących.

Analiza wybranych metabolitów oraz określenie zdolności regeneracyjnych nowej odmiany lnu - SILESIA

Mateusz Lipiński, Kinga Pilarska-Dudziak, Magdalena Wróbel - Kwiatkowska

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Chełmońskiego 37, 51-630 Wrocław, SKN CulturaLab

Celem badań była ocena zdolności regeneracyjnych i określenie wybranych metabolitów w nowej odmianie lnu Silesia, zarejestrowanej w Polsce w 2020 roku. Badania koncentrowały się na ilościowej analizie flawonoidów i polifenoli w regenerantach uzyskanych z nasion hodowanych w kulturach *in vitro* oraz na oznaczeniu zawartości kwasów tłuszczowych w nasionach. Materiał do badań został pozyskany dzięki uprzejmości prof. Jana Szopy. Nasiona zostały zebrane z upraw polowych w latach 2018-2022.

Badania rozpoczęto od kiełkowania nasion na podłożu MS. Następnie z siewek odcięto liścienie i przeniesiono na podłoże do indukcji kalusa. Wyhodowane kalusy ostatecznie przeniesiono na podłoże do regeneracji całych roślin. Całkowitą zawartość flawonoidów oznaczono metodą kolorymetryczną z zastosowaniem chlorku glinu ($AlCl_3$) (Pękal, Parzyńska, 2014). Oznaczenie całkowitej zawartości polifenoli wykonano metodą Folina-Ciocalteu z wykorzystaniem kwasu galusowego jako standardu (Singleton i wsp., 1999). Analizę profilu kwasów tłuszczowych przeprowadzono metodą GC-MS po przygotowaniu estrów metylowych (FAME) z nasion lnu (Rasaq i wsp., 2024).

Wyniki dostarczyły szczegółowych danych na temat zdolności regeneracyjnych oraz całkowitej zawartości flawonoidów, polifenoli i kwasów tłuszczowych, umożliwiając lepsze zrozumienie potencjału nowej odmiany lnu Silesia. Wykazano, że rok zbioru miał znaczący wpływ na takie czynniki, jak kiełkowanie nasion, zdolność regeneracyjna oraz zawartość polifenoli w regenerowanych roślinach. Rośliny badanej odmiany lnu wykazały bardzo wysoki potencjał regeneracyjny, sięgający nawet 100%. Największą liczbę roślin zregenerowanych z liścieni odnotowano w przypadku eksplantatów pochodzących z najmłodszych nasion (zebranych w latach 2020-2022). Największa liczba pędów zregenerowanych z pojedynczego eksplantatu również została zaobserwowana dla eksplantatów pozyskanych pierwotnie przez skielkowanie tych nasion.

1. Pękal, A., Pyrzyńska, K. (2014). Evaluation of aluminium complexation reaction for flavonoid content assay. *Food Analytical Methods*, 7, 1776-1782.
2. Rasaq, W., A., Matyjewicz, B., Śmiechowski, K., Lazar, Z., Kupaj, P., Janek, T., Valentin, M., Białowiec, A. Waheed, A. (2024). Food waste recycling to Yarrowia biomass due to combined hydrothermal carbonization and biological treatment. *Journal of Cleaner Production*, 456, 142385.
3. Singleton, V. L., Orthofer, R., Lamuela-Raventós, R. M. (1999). Analysis of total phenols and other oxidation substrates and antioxidants by means of folin-ciocalteu reagent. In *Methods in enzymology* (Vol. 299, 152-178). Academic press.

Wzajemne rozmieszczenie mitochondriów i chloroplastów w komórkach miękiszu zieleniowego Lemna trisulca L. poddanych działaniu światła niebieskiego o różnym natężeniu.

Mateusz Stefan Wesołowski¹, Sławomir Samardakiewicz

Laboratorium Mikroskopii Elektronowej i Konfokalnej, Wydział Biologii, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, ¹matwes4@amu.edu.pl

Podczas analizy komórek roślinnych często obserwuje się kolokalizację mitochondriów i chloroplastów. Przyjmuje się, że relacje przestrzenne między tymi organellami odgrywają ważną rolę w ich interakcjach na poziomie molekularnym. Dotychczas nie wykazano jednak, czy wzajemne rozmieszczenie mitochondriów i chloroplastów jest utrzymywane w warunkach zmiennego oświetlenia.

W celu odpowiedzi na to pytanie przeprowadzono analizę rozmieszczenia mitochondriów i chloroplastów na przykładzie komórek miękiszu zieleniowego Lemna trisulca L. traktowanych światłem niebieskim o różnych natężeniach. W doświadczeniach zastosowano dwa natężenia tego światła: niskie ($4 \mu\text{E}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$), które powoduje reakcję akumulacji chloroplastów przy ścianach peryklinalnych, oraz wysokie ($40 \mu\text{E}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$), indukujące reakcję ucieczki chloroplastów w kierunku ścian antyklinalnych. Kontrolę stanowiły rośliny inkubowane w ciemności. Chloroplasty lokalizowano w komórkach na podstawie autofluorescencji chlorofilu, natomiast mitochondria były znakowane rodaminą 123. Obrazy rejestrowano za pomocą mikroskopu konfokalnego.

We wszystkich wariantach doświadczalnych największą grupę mitochondriów stanowiły te, które bezpośrednio graniczyły z chloroplastami (M1), niezależnie od warunków świetlnych. Ich odsetek, był zbliżony we wszystkich wariantach i wynosił odpowiednio: 64,30% w warunkach kontrolnych, 66,60% u roślin inkubowanych w obecności słabego światła niebieskiego oraz 64,10% u roślin traktowanych silnym światłem niebieskim. Kolejną grupę mitochondriów stanowiły mitochondria M2, które sąsiadowały z chloroplastami pośrednio poprzez kontakt z mitochondriami M1. Udział tych mitochondriów wynosił 26,80% w ciemności, 27,10% w warunkach słabego światła niebieskiego i 26,50% w przypadku silnego światła niebieskiego. Najmniej liczne były mitochondria w żaden sposób nie graniczące z chloroplastami (M3). W przypadku roślin z grupy kontrolnej ich odsetek wynosił 8,80%, 6,30% u roślin inkubowanych w słabym świetle niebieskim oraz 9,40% u roślin traktowanych silnym światłem niebieskim. Dodatkowa analiza współczynnika MPF (wyznaczającego położenie mitochondriów względem centroidu komórki) wykazała, że mitochondria M1 pod wpływem silnego światła niebieskiego przemieszczały się w stronę ścian antyklinalnych podobnie jak chloroplasty. Utrzymanie korelacji przestrzennej pomiędzy chloroplastami i mitochondriami może świadczyć o występowaniu ważnego mechanizmu strategii obronnej roślin w warunkach stresu świetlnego.

Sesja Posterowa/Poster session

Ocena potencjału farmakologicznego *Drosera rotundifolia* L. w kulturach in vitro

Zuzanna Gruszczyńska, Julia Kołacz, Justyna Liszka, Kinga Pilarska-Dudziak

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu,
ul.Chełmońskiego 37, 51-630 Wrocław, SKN CulturaLab

Drosera rotundifolia L., znana jako rosiczka okrągłolistna, jest rośliną mięsożerną. Dostępne dane literaturowe sugerują, że posiada właściwości przeciwbakteryjne, przeciwkaszlowe, przeciwskurczowe, przeciwutleniające i przeciwnowotworowe (Gaascht i wsp., 2013). Zioło (suszona roślina) rosiczki wykorzystywano w leczeniu dolegliwości górnych i dolnych dróg oddechowych.

W XIX wieku napary z *Drosera rotundifolia* L. stosowano jako środek uspokajający w leczeniu nerwicy i padaczki (Tienaho i wsp., 2021). Dziś wiadomo, że spektrum właściwości biologicznych, jakie wykazują rośliny z rodziny Droseraceae, wynika z ich zdolności do syntezy różnych metabolitów wtórnych z grupy związków fenolowych (Gaascht i in. 2013).

W niniejszym badaniu przeanalizowano profil biochemiczny *Drosera rotundifolia* L. wprowadzonej do kultur in vitro. Oznaczono całkowitą zawartość polifenoli (Singleton i in., 1999), fenylopropanoidów (Dabetić i in., 2020), flawonoidów (Pękal, Pyrzynska, 2014), a także karotenoidów i chlorofilu (Lichtenthaler, 1987).

Analizując dostępną literaturę oraz uzyskane wyniki badań stwierdzono, że *Drosera rotundifolia* L. wykazuje obiecujące możliwości zastosowania w przemyśle farmaceutycznym. Jej bogaty skład fitochemiczny może być wykorzystany w rozwoju naturalnych środków terapeutycznych. Kultury in vitro *Drosera rotundifolia* L. mogą stanowić stabilne i trwałe źródło związków bioaktywnych, umożliwiając prowadzenie badań w ściśle kontrolowanych warunkach.

Źródła:

1. Dabetić, N., Todorović, V., Panić, M., Radojčić Redovniković, I., Šobajić, S. (2020). Impact of deep eutectic solvents on extraction of polyphenols from grape seeds and skin. *Applied Sciences*, 10(14), 4830.
2. Lichtenthaler, H. K. (1987). Chlorophylls and carotenoids: Pigments of photosynthetic biomembranes. *Methods in Enzymology*, Academic Press, 148, 350-382.
3. Pękal, A., Pyrzynska, K. (2014). Evaluation of aluminium complexation reaction for flavonoid content assay. *Food Analytical Methods*, 7, 1776-1782.
4. Singleton, V. L., Orthofer, R., Lamuela-Raventós, R. M. (1999). Analysis of total phenols and other oxidation substrates and antioxidants by means of folin-ciocalteu reagent. *Methods in enzymology*, 299; 152-178.
5. Tienaho, J., Reshamwala, D., Karonen, M., Silvan, N., Korpela, L., Marjomäki, V., & Sarjala, T. (2021). Field-grown and in vitro propagated round-leaved sundew (*Drosera rotundifolia* L.) show differences in metabolic profiles and biological activities. *Molecules*, 26(12), 3581.
6. Gaascht F., Dicato M., Diederich M. (2013). Venus Flytrap (*Dionaea muscipula* Solander ex Ellis) contains powerful compounds that prevent and cure cancer. *Frontiers in Oncology*, 3, 202.

Wiedza Polaków na temat zielonej biotechnologii

Szymon Kasperek, Kinga Pilarska-Dudziak

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Chelmońskiego 37, 51-630 Wrocław, SKN CulturaLab

Zielona biotechnologia, inaczej agrobiotechnologia, oznacza wykorzystanie rozwiązań biotechnologicznych w sektorze rolniczym, spożywczym oraz technologii żywności. Jednym z głównych zastosowań zielonej biotechnologii są rośliny uprawne modyfikowane genetycznie, zaliczane do tzw. GMO. Obecność składników modyfikowanych genetycznie w produktach spożywczych budzi kontrowersje wśród konsumentów, a według badań opinii publicznej można stwierdzić, iż polskie społeczeństwo jest podzielone w kwestii stosowania GMO w uprawach. Szczególnie podkreślane są obawy społeczne przed zdrowotnymi konsekwencjami spożywania produktów modyfikowanych genetycznie oraz ich wpływu na środowisko.

W niniejszej pracy przedstawione zostaną wyniki badania ankietowego, dotyczącego świadomości Polek i Polaków na temat uprawiania roślin modyfikowanych genetycznie. Ankieta została przeprowadzona w formie online, umożliwiając udział szerokiemu wachlarzowi respondentów. Proces badania był w pełni anonimowy, co zapewniło uczestnikom poczucie prywatności i komfortu w wyrażaniu opinii. Szczególnie skupiono się na aspektach społecznych dotyczących poczucia bezpieczeństwa konsumentów spożywających produkty z zawartością GMO. Ponadto zbadano, jaka jest wiedza na temat możliwych zagrożeń, perspektyw socjoekonomicznych oraz środowiskowych wywołanych uprawą genetycznie modyfikowanych roślin. Badanie zawiera również sprawdzenie semantyki używanych sformułowań opisujących tożsame zjawiska. Porównano odczucia ankietowanych wobec określeń: GMO oraz zielona biotechnologia, aby oszacować stopień uprzedzeń respondentów na poziomie językowym. Dokonano szczegółowej oceny obaw społeczeństwa związanych ze stosowaniem GMO w rolnictwie i zbadano stosunek Polaków do możliwych korzyści takich upraw. Ponadto sprawdzono wiedzę ankietowanych na temat obowiązujących norm prawnych regulujących uprawianie i handel produktami genetycznie modyfikowanymi.

Na podstawie uzyskanych wyników można stwierdzić, iż polskie społeczeństwo ma istotnie zróżnicowane opinie odnośnie stosowania rozwiązań zielonej biotechnologii w rolnictwie, w tym upraw roślin modyfikowanych genetycznie. Również został potwierdzony wpływ używanego nazewnictwa na odbiór emocjonalny respondentów.

Analiza metabolitów wtórnych *Dionaea muscipula* w kulturach in vitro: funkcje biologiczne i potencjalne zastosowanie

Julia Kołacz, Zuzanna Gruszczyńska, Justyna Liszka, Kinga Maria Pilarska – Dudziak

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Chelmońskiego 37, 51-630 Wrocław, SKN CulturaLab

Dionaea muscipula J.Ellis, znana powszechnie jako muchołówka amerykańska to roślina mięsożerna, która od dawna znajduje zastosowanie w tradycyjnej medycynie. Współczesne badania wskazują, że roślina ta może być bogatym źródłem związków bioaktywnych o działaniu antyoksydacyjnym i przeciwzapalnym, co sprawia, że staje się interesująca z punktu widzenia nowoczesnych zastosowań terapeutycznych.

W przedstawionym badaniu analizowano profil biochemiczny *Dionaea muscipula* J.Ellis hodowanej w kulturach in vitro, ze szczególnym naciskiem na określenie ilości kluczowych związków bioaktywnych, takich jak polifenole (Singleton i in., 1999), fenylopropanoidy (Dabetić i in., 2020), flawonoidy (Pękal, Pyrzyńska, 2014), a także chlorofil i jego frakcje oraz karotenoidy (Lichtenthaler, 1987). Badania wykonano metodami spektrofotometrycznymi, a uzyskane wyniki prezentują wysokie stężenia analizowanych składników. Szczególnie wysokie poziomy polifenoli i flawonoidów wskazują na silny potencjał antyoksydacyjny, co mogłoby być pomocne w tworzeniu naturalnych środków przeciwutleniających. Obecność fenylopropanoidów i karotenoidów dodatkowo wzmacnia jej wartość jako rośliny leczniczej o działaniu przeciwzapalnym i ochronnym.

Dionaea muscipula J.Ellis ma znaczący potencjał terapeutyczny dzięki bogatemu składowi związków bioaktywnych, które mogą przynieść korzyści zdrowotne. Możliwość hodowli tej rośliny w warunkach in vitro stanowi zrównoważoną metodę produkcji cennych substancji, otwierając drogę do pozyskiwania naturalnych środków leczniczych.

1. Dabetić, N., Todorović, V., Panić, M., Radojčić Redovniković, I., Šobajić, S. (2020). Impact of deep eutectic solvents on extraction of polyphenols from grape seeds and skin. *Applied Sciences*, 10(14), 4830.
2. Lichtenthaler, H. K. (1987). Chlorophylls and carotenoids: Pigments of photosynthetic biomembranes. *Methods in Enzymology*, Academic Press, 148, 350-382.
3. Makowski, W., Królicka, A., Nowicka, A., Zwyrtková, J., Tokarz, B., Pecinka, A., Banasiuk, R. and Tokarz, K.M. (2021). Transformed tissue of *Dionaea muscipula* J. Ellis as a source of biologically active phenolic compounds with bactericidal properties. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 105, pp.1215-1226.
4. Pękal, A., Pyrzyńska, K. (2014). Evaluation of aluminium complexation reaction for flavonoid content assay. *Food Analytical Methods*, 7, 1776-1782.
5. Singleton, V. L., Orthofer, R., Lamuela-Raventós, R. M. (1999). Analysis of total phenols and other oxidation substrates and antioxidants by means of folin-ciocalteu reagent. *Methods in enzymology*, 299; 152-178.

Metody biotechnologiczne w produkcji roślin ozdobnych

Katarzyna Listwan, Kinga Pilarska-Dudziak

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Chełmońskiego 37, 51-630 Wrocław, SKN CulturaLab

Znaczny wzrost zainteresowania konsumentów roślinami ozdobnymi przyczynił się w ostatnich dekadach do intensywnego rozwoju metod biotechnologicznych, umożliwiających ich wydajną i opłacalną produkcję (Boutigny i wsp., 2020; Dobres, 2011). Dyscyplina ta oferuje innowacyjne rozwiązania w zakresie hodowli, poprawy jakości oraz ochrony roślin ozdobnych. W prezentowanej pracy skupiono się na syntetycznym przeglądzie najnowszych biotechnologicznych metod stosowanych w produkcji roślin ozdobnych, ze szczególnym uwzględnieniem inżynierii genetycznej oraz kultur tkankowych.

Obecne wymagania rynku roślin ozdobnych stawiają przed naukowcami wyzwania związane nie tylko z potrzebą wyłącznie namnażania roślin, lecz także uzyskiwaniem nowych, interesujących i pożądanых cech (wygląd, warunki wzrostu i hodowli, czas produkcji i inne). Jedną z najczęściej stosowanych w produkcji roślin ozdobnych metod jest mikrorozmnażanie (Bertsouklis i wsp., 2024). Zalety wykorzystywania tej techniki obejmują pozyskiwanie materiału roślinnego wolnego od patogenów, niezależnie od pory roku, na relatywnie małej przestrzeni laboratoryjnej. Istotnym obszarem badań są między innymi techniki mutagenezy, hodowli protoplastów, hybrydyzacji somatycznej czy produkcja sztucznych nasion (Partap i wsp., 2023).

Podsumowując, biotechnologiczne metody produkcji roślin ozdobnych oferują szereg korzyści, które przyczyniają się do rozwoju branży ogrodniczej. Pozwalają na uzyskiwanie roślin o lepszych cechach i pożądanых walorach, zwiększając przy tym efektywność ich produkcji, co jest kluczowe w kontekście rosnącego zapotrzebowania na nie.

1. Bertsouklis, K., Kartsonas, E., Carra, A. (2024). Seed Germination and Micropropagation of Ornamental Plants. *Horticulturae*, 10(6), 541.
2. Boutigny, A. L., Dohin, N., Pornin, D., Rolland, M. (2020). Overview and detectability of the genetic modifications in ornamental plants. *Horticulture Research*, 7.
3. Dobres, M. S. (2011). Prospects for commercialisation of transgenic ornamentals. *Transgenic Horticultural Crops; Challenges and Opportunities* (Mou B, and Scorza R, eds.), 305-316.
4. Partap, M., Verma, V., Thakur, M., Bhargava, B. (2023). Designing of future ornamental crops: a biotechnological driven perspective. *Horticulture Research*, uhad192.

Dionaea muscipula - roślina mięsożerna o potencjale leczniczym

Julia Maksym¹, Justyna Liszka¹

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Chelmońskiego 37, 51-630 Wrocław, SKN CulturaLab

Dionaea muscipula, znana jako rosziczka amerykańska, występuje na terenie Ameryki Północnej na obszarach bagiennych o glebie ubogiej w substancje odżywcze i kwasowym pH. Charakterystyczną cechą *Dionaea muscipula* jest występowanie pułapek łownych, które składają się z dwóch płatów blaszki liściowej połączonych zgrubiałymi ogonkami. Na brzegach pułapki znajdują się włoski czuciowe, które w momencie drażnienia przez ofiarę, uruchamiają mechanizm zamknięcia pułapki. Roślina uzupełnia niedobory azotu poprzez trawienie małych kręgowców i bezkręgowców schwytych w pułapki łowne (Rangnekar, Pooja, 2024).

Ze względu na produkowane przez *Dionaea muscipula* metabolity wtórne o działaniu bioaktywnym, rośliny zbierane są z siedlisk naturalnych, co prowadzi do ich stopniowego zanikania. Ostatnie badania zostały ukierunkowane na analizę fitozwiązków o potencjale leczniczym (Rangnekar, Pooja, 2024). Metabolity wtórne *Dionaea muscipula* wykazują szerokie spektrum działania - właściwości immunomodulujące, przeciwdrobnoustrojowe, przeciwzapalne, przeciwnowotworowe (Banasiuk i wsp., 2012). Do związków biologicznie aktywnych produkowanych przez *Dionaea muscipula* zalicza się flawonoidy, kwasy fenolowe czy naftachinony. Hodowla *Dionaea muscipula* w kulturach *in vitro* pozwala na pozyskanie dużej liczby roślin, minimalizując wpływ szkodników, chorób, klimatu i zależność od położenia geograficznego (Banasiuk i wsp., 2012), co ułatwia pozyskiwanie związków o potencjale leczniczym.

Niniejszy przegląd miał na celu charakterystykę metabolitów *Dionaea muscipula* o właściwościach biologicznie aktywnych ze szczególnym uwzględnieniem metod stosowanych do nadprodukcji cennych fitozwiązków, a także charakterystyka biomechaniki zamykania pułapek, wabienia i trawienia ofiar.

1. Banasiuk R., Kawiak A., Królicka A. (2012). *In vitro* cultures of carnivorous plants from the *Drosera* and *Dionaea* genus for the production of biologically active secondary metabolites. *BioTechnology. Journal of Biotechnology Computational Biology and Bionanotechnology*, 93(2).
2. Rangnekar Sarah, Pooja Sutar. (2024). *Dionaea muscipula* solander ex ellis (Venus Flytrap). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 13.2: 722-727.

Naturalne metody ochrony drewna: Zastosowanie chitozanu i olejków eterycznych w zwiększaniu trwałości drewna

Joanna Młodziejewska¹, Karolina Stefanowska¹, Magdalena Woźniak¹, Grzegorz Cofta², Izabela Ratajczak¹

¹ Katedra Chemii, Wydział Leśny i Technologii Drewna, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu ² Katedra Chemicznej Technologii Drewna, Wydział Leśny i Technologii Drewna, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Drewno to wszechstronny, naturalny materiał o szerokim zastosowaniu, który cieszy się popularnością ze względu na swoje właściwości. W porównaniu z materiałami syntetycznymi, drewno jest surowcem odnawialnym. Ekspozycja na czynniki atmosferyczne, takie jak wilgoć, promieniowanie UV, zanieczyszczenia oraz zmienne temperatury, przyczynia się do degradacji drewna, wpływając niekorzystnie na jego wygląd i wytrzymałość mechaniczną. Proces ten może być dodatkowo przyspieszony przez działanie mikroorganizmów, w tym grzybów i bakterii. Tradycyjne środki zabezpieczania drewna, budzą wątpliwości ze względu na ich toksyczność i negatywny wpływ na zdrowie i środowisko, co przyczynia się do wzrostu zainteresowania naturalnymi metodami ochrony drewna.

Celem pracy było opracowanie ekologicznych preparatów przeznaczonych do impregnacji drewna opartych na chitozanie i olejkach eterycznych. Chitozan jest naturalnym biopolimerem pozyskiwanym z odpadów przemysłu spożywczego wykazującym właściwości powłokotwórcze. Olejki eteryczne, znane z działania antybakteryjnego i przeciwgrzybicznego, zostały wytypowane jako potencjalne składniki aktywne. Zakres badań obejmował opracowanie błonotwórczych preparatów na bazie chitozanu, olejku tymiankowego oraz jego głównego składnika – tymolu, a następnie impregnację próbek drewna sosny zwyczajnej uzyskanymi preparatami. Przeprowadzono analizę zmian strukturalnych impregnowanego drewna z wykorzystaniem spektroskopii w podczerwieni, mającą na celu ocenę stopnia wiązania preparatów ze składnikami drewna oraz testy mikrobiologiczne, które miały określić ich skuteczność w hamowaniu rozwoju grzyba odpowiedzialnego za rozkład drewna – *Coniophora puteana*.

Uzyskane wyniki wykazały, że preparaty na bazie chitozanu, olejku tymiankowego oraz tymolu stanowią obiecującą alternatywę dla tradycyjnych środków ochrony drewna, szczególnie pod kątem ich biodegradowalności i niższego ryzyka toksyczności dla środowiska naturalnego. Wykazano, że badane preparaty nie tworzyły trwałych wiązań ze składnikami impregnowanego drewna. W związku z tym były podatne na wymywanie wodą w procesie sztucznego starzenia. Na podstawie badań mikrobiologicznych można stwierdzić, że drewno impregnowane badanymi preparatami charakteryzowało się zwiększoną odpornością na działanie grzyba *C. puteana* w porównaniu do drewna kontrolnego. Najniższy ubytek masy spowodowany działaniem grzyba wykazywało drewno impregnowane olejkiem tymiankowym oraz tymolem. Dalsze badania mogą przyczynić się do stworzenia skutecznych, naturalnych metod ochrony drewna, które wpisują się w aktualne potrzeby zrównoważonego rozwoju oraz ochrony środowiska.

Ludowe wykorzystanie właściwości leczniczych roślin owadożernych-inspiracja dla współczesnych praktyk biotechnologicznych

Jakub Myk, Julia Kołacz, Zuzanna Gruszczyńska, Kinga Pilarska-Dudziak

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Chelmońskiego 37, 51-630 Wrocław, SKN CulturaLab

Rośliny owadożerne obejmują około 700 gatunków, które zasiedlają różnorodne ekosystemy na wszystkich kontynentach, z wyjątkiem Antarktydy. Znalazły one zastosowanie w medycynie ludowej, o czym świadczą pierwsze wzmianki literaturowe, sięgające XII wieku (Arndt i wsp., 2012). Współczesne badania nad biotechnologią roślin otwierają nowe możliwości wykorzystania właściwości tych roślin w medycynie. Te, które stosowano najchętniej to między innymi rośliny z rodzaju *Sarracenia* wykorzystywane przez rdzennych mieszkańców Ameryki Północnej w leczeniu szerokiego spektrum chorób zakaźnych. Zjawisko to opisał w 1892r. Charles Millsbaugh (Arndt i wsp., 2012). W XIX wieku preparat z *Sarracenia purpurea* został uznany za wspierającą terapię ospy prawdziwej, i tym samym roślinę zakwalifikowano jako potencjalny inhibitor replikacji wirusa ospy na poziomie wczesnej wirusowej transkrypcji (Arndt i wsp., 2012).

Aktualne doniesienia wskazują, że kapturnice mogą skutecznie przeciwdziałać zakażeniom ortopoksywirusami. Również rośliny z rodzaju *Drosera* znalazły zastosowanie w medycynie ludowej - początkowo była ona wykorzystywana jako środek wspomagający leczenie dolegliwości związanych z układem oddechowym, takie jak m.in.: kaszel, krztusiec, zapalenie gardła, zapalenie oskrzeli oraz płuc (Różański, 2011). Rośliny te są przedmiotem zainteresowania naukowców, a szczególnie dużym powodzeniem cieszy się izolowana z nich plumbagina posiadająca właściwości antyproliferacyjne w stosunku do ludzkich komórek nowotworowych (Xu i wsp., 2013).

Niniejsza praca ma na celu przedstawienie tradycyjnych metod wspomagania leczenia chorób i łagodzenia dolegliwości, z wykorzystaniem roślin owadożernych, a także zestawienie ich z nowoczesnymi, rozwijającymi się technikami biotechnologicznymi.

1. Arndt, W., Mitnik, C., Denzler, K.L., White, S., Waters, R., Jacobs, B.L., Rochon, Y., Olson, V.A., Damon, I.K., Langland, J.O. (2012). In vitro characterization in nineteenth-century therapy for smallpox. PLoS One, 3(7), 32610.

2. Różański, H. (2011). Medycyna dawna i współczesna.

3. Xu, T. P., Shen, H., Liu, L. X., & Shu, Y. Q. (2013). Plumbagin from *Plumbago Zzeylanica* L induces apoptosis in human non-small cell lung cancer cell lines through NF- κ B inactivation. Asian Pacific Journal of Cancer Prevention, 14(4), 2325-2331

Proline production and arsenic forms by one-year-old *Betula pendula* Roth. seedlings under arsenic stress – hydroponic experiment

Vy Nguyen, Sylwia Budzyńska

Department of Chemistry, Poznań University of Life Sciences, Wojska Polskiego 75, 60-625 Poznań

Arsenic (As) originating from anthropogenic and natural sources is a significant environment problem, especially when As levels exceed the safe amount for human health (in soil, water and air). One of the most promising biological methods is phytoremediation and mainly phytoextraction, where contaminants are accumulated from substrates by roots and can be transported to the harvestable plant organs. It possesses considerable advantages over some traditional techniques, especially due to its cost effectiveness, environmentally friendly, sustainability. The phytoextraction of As is dependent on numerous factors such as plant species and characteristics, soil properties, contaminant type and concentration.

Betula pendula Roth (silver birch) is one of the most prevalent woody-species throughout of Europe. This kind of plant has a light canopy and smooth leaves, white to grey bark. Birch tree can reach to approximately 30 meters. Base on their relatively high tolerance accompanied and their habitat which are wide spread root system, fast grow, and low demands on soil, they may able to effectively uptake and efficiency stabilize arsenic in rhizosphere.

The aim of studies was to investigate the proline content in organs of *B. pendula*. Furthermore, the studies examined the Arsenic forms and their amount in different parts (roots, stems, leaves) of birch. An intense As accumulation of As(III) - sodium (meta) arsenite and As(V) - disodium arsenate with Knop solution was applied and record for all one-year-old *Betula pendula* seedlings.

Wpływ proliny na zdolność do wzrostu młodych sadzonek lipy drobnolistnej (*Tilia cordata* Mill.) narażonej na arsen

Michalina Nowicka, Sylwia Budzyńska

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

Rosnące zanieczyszczenie środowiska będące konsekwencją działania człowieka zmusza do poszukiwania skutecznych sposobów jego oczyszczenia. Jedną z metod, w przypadku której w ostatnich dwóch dekadach obserwuje się istotny postęp jest fitoremediacja. Wykorzystuje ona rośliny jako narzędzia do oczyszczania gleb, wód, osadów ściekowych i powietrza. Jednym z rodzajów fitoremediacji jest fitoekstrakcja, polegająca na pobieraniu zanieczyszczeń przez system korzeniowy i transportowaniu ich do dalszych części rośliny, gdzie są one akumulowane. Metoda ta ma duży potencjał w oczyszczaniu środowiska z metali ciężkich i metaloidów, deponowanych głównie w glebach. Znalezienie gatunków zdolnych do wzrostu i efektywnego oczyszczenia środowiska jest kluczowe. Dendroremediacja, fitoremediacja z wykorzystaniem drzew jako akumulatorów zanieczyszczeń gleb i powietrza, stała się jednym z obiecujących rozwiązań globalnego problemu zanieczyszczenia środowiska. Jako rośliny charakteryzujące się stosunkowo dużą biomasą, rozbudowanym systemem korzeniowym i małymi wymaganiami siedliskowymi, drzewa zdają się być dobrym kandydatem do oczyszczania zanieczyszczonych terenów.

Wyzwaniem staje się znalezienie rozwiązań mających na celu zwiększenie zdolności wybranych do remediacji roślin do efektywnego wzrostu i dynamicznej akumulacji zanieczyszczeń. Jednym z takich rozwiązań może być dodatek do podłoża związków, które naturalnie występują w roślinach, jako produkty reakcji na stres wywołany zanieczyszczeniami. W niniejszych badaniach skupiono się na jednym z istotnych aktualnie problemów zanieczyszczenia wód i gleb jakim jest podwyższona zawartość arsenu (As). W związku z potwierdzoną zdolnością do wzrostu w warunkach zanieczyszczenia tym metaloidem, do badań wybrano lipę drobnolistną (*Tilia cordata* Mill.). Celem badań była analiza wpływu dodatku proliny do podłoża na efektywność wzrostu *T. cordata* w warunkach narażenia na As. Prolina, będąca aminokwasem istotnym w procesach wzrostu i rozwoju roślin, pełni kluczową rolę w ich odpowiedzi na stres środowiskowy i może stanowić obiecujący dodatek, mający na celu poprawę odporności osobników, mających potencjał w fitoremediacji.

Finansowanie badań w ramach dotacji na prowadzenie badań naukowych służących rozwojowi młodych naukowców Wydziału Leśnego i Technologii Drewna Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu dla promotora pracy magisterskiej dr Sylwii Budzyńskiej.

Cyklodekstryny jako regulatory metabolizmu komórek zawiesiny *Vitis vinifera* w warunkach głodu węglowego

Jakub Skórnicki, Dawid Pęksyk, Małgorzata Pietrowska-Borek

Katedra Biochemii i Biotechnologii, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii,

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań

jackob.ski2909@gmail.com (JS), peksykdawid@gmail.com (DP),

malgorzata.pietrowska-borek@up.poznan.pl (MPB)

Autofagia jest ściśle kontrolowanym procesem selektywnej degradacji komponentów komórkowych, takich jak kompleksy białkowe i organelle, w celu recyklingu składników odżywczych. Cyklodekstryny (CD) to oligomery złożone z siedmiu reszt glukozy połączonych wiązaniami α -1,4-glikozydowymi. Z powodu ich podobieństwa strukturalnego do niektórych oligosacharydów ściany komórkowej grzybów mogą imitować u roślin atak patogena. Dlatego związki te stosowane są jako elicytory w zawiesinowych kulturach komórkowych wywołujące reakcje obronne u roślin.

Celem pracy było zbadanie wpływu głodu węglowego i CD na kumulację reaktywnych form tlenu, system antyoksydacyjny oraz intensyfikację autofagii. Kontrolą były komórki rosnące na pożywce Gamborg-B5 wzbogaconej w sacharozę oraz kazeinę, a głód węglowy wywoływano brakiem sacharozy i kazeiny w pożywce. Zarówno w komórkach kontrolnych, jak i głodzonych badano efekt 50 mM CD. Kultury prowadzono przez 96 godzin, w ciemności, w temperaturze 24°C, na wytrząsarce orbitalnej przy 110 rpm.

Zbadano akumulację anionorodnika ponadtlenkowego ($O_2^{\cdot-}$) i nadtlenu wodoru (H_2O_2) oraz antyoksydantów nieenzymatycznych (fenole i trans-resweratrol). Oznaczono również aktywność katalazy i dysmutazy ponadtlenkowej. Przeanalizowano ekspresję genów związanych z syntezą (STS1) i transportem przez błonę komórkową (ABCG44) trans-resweratrolu, odpowiedzialnych za transdukcję sygnału wewnątrzkomórkowego (MAPK i SnRK) oraz wybranych genów zaangażowanych w autofagię (ATG i TOR). Ponadto zbadano całkowitą aktywność wakuolarnych enzymów procesujących (VPE), które prawdopodobnie uczestniczą w końcowych etapach autofagii (degradacji ciał autofagowych). Wyniki badań dostarczyły nowych informacji z zakresu regulacji metabolizmu komórek *Vitis vinifera*, wskazując na udział procesów autofagicznych w reakcjach obronnych roślin w warunkach stresu biotycznego.

Biotechnologiczne wzbogacenie roślin - perspektywy dla zdrowego żywienia?

Angelika Szulc, Kinga Pilarska-Dudziak

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Chelmońskiego 37, 51-630 Wrocław, SKN CulturaLab

Biotechnologiczne wzbogacenie roślin stanowi kluczowy krok w rozwoju rolnictwa, który ma na celu nie tylko poprawę jakości odżywczej plonów, lecz także dostosowanie ich do wyzwań współczesnego środowiska i zmieniających się potrzeb żywieniowych ludzi. Nowoczesne technologie, takie jak modyfikacje genetyczne oraz metody agrotechniczne, pozwalają na wzbogacenie roślin w mikroskładniki i witaminy, co przyczynia się do poprawy zdrowia konsumentów.

Niniejsza praca obejmowała kompleksowy przegląd biotechnologicznych metod wzbogacania żywności roślinnej w jod i selen oraz cenne mikroelementy, pod kątem polepszania ich wpływu na zdrowie konsumentów.

Dane literaturowe wskazują na istotny problem niedoborów jodu oraz selenu w surowcach roślinnych, co w dużej mierze spowodowane jest ich niską biodostępnością oraz słabym transferem tych składników z gleby do roślin. Według Światowej Organizacji Zdrowia (WHO) na całym świecie ponad dwa miliardy ludzi zmaga się z niedoborem jodu oraz selenu, co bezpośrednio wpływa ich stan zdrowia (World Health Organization, 2007). Najnowsze badania wskazują, że biofortyfikacja roślin w jod przynosi znaczący wzrost jego zawartości, co pozytywnie wpływa na zdrowie poprzez wspieranie funkcjonowania tarczycy i redukcję ryzyka chorób związanych z jego niedoborem (Strzetelski, 2013).

Warto jednak podkreślić, że badania koncentrują się na wpływie biofortyfikacji na rośliny, a nie na biodostępności selenu i jodu dla ludzi. W celu potwierdzenia skuteczności biofortyfikowanych roślin konieczne są badania kliniczne mogące potwierdzić odpowiednią wchłanianiałość tych związków oraz skuteczność w leczeniu niedoborów. Ważnym aspektem jest również wpływ wyższych stężeń tych związków na rośliny. Oba związki wykazują działanie toksyczne dla roślin, zależne od dawki pierwiastka, jego formy, sposobu fortyfikacji oraz gatunku surowca (Toczyska, 2019).

Podsumowując, dalszy rozwój biofortyfikacji roślin może wspierać produkcję żywności funkcjonalnej, oferującej bogactwo witamin, minerałów i przeciwutleniaczy, co jest szczególnie ważne w kontekście rosnących problemów zdrowotnych wynikających z diety ubogiej w składniki odżywcze. Dzięki zastosowaniu technologii biofortyfikacji, możliwe jest zredukowanie potrzeby stosowania suplementów oraz ograniczenie niedoborów składników odżywczych w populacji.

1. Strzetelski P. (2013). Biofortyfikacja roślin w jod. *Aura*, 6, 23-26.
2. Toczyska, E. (2019). Znaczenie jodu w fizjologii roślin. *Nauka Młodych*, 33.

World Health Organization. (2007). Assessment of iodine deficiency disorders and monitoring their elimination: a guide for programme managers. World Health Organization.

Cechy bioindykacyjne tyrozyny w młodych sadzonkach lipy drobnolistnej (*Tilia cordata* Mill.) narażonej na arsen

Alicja Szymańska, Sylwia Budzyńska

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

Stale pogarszający się stan czystości powietrza, wody i gleb zmusza do przedsięwzięcia radykalnych działań mających na celu ratowanie środowiska przyrodniczego. Wśród dostępnych rozwiązań istotne miejsce zajmuje fitoremediacja. Jest to metoda biologiczna wykorzystująca rośliny do unieszkodliwiania zanieczyszczeń organicznych i nieorganicznych dzięki fitoekstrakcji, fitostabilizacji lub fitodegradacji. Ta ekonomiczna i ekologiczna metoda *in situ* stanowi obiecującą alternatywę dla drogich metod technicznych. Drzewa wydają się być roślinami dedykowanymi do opisanych celów dzięki stosunkowo dużej biomase, rozbudowanemu systemowi korzeniowemu i małym wymaganiom siedliskowym, stąd coraz więcej badań nad potencjałem dendroremediacji.

Lipa drobnolistna (*Tilia cordata* Mill.) jest gatunkiem o szerokim zastosowaniu w badaniach dendroremediacyjnych, ze względu na zdolność do akumulacji metali ciężkich i toksycznych metaloidów. W niniejszych badaniach skupiono się na jednym z istotnych aktualnie problemów zanieczyszczenia wód i gleb jakim jest podwyższona zawartość arsenu (As). Dotychczasowe badania nad efektywnością pobierania tego metaloidu prowadzone były w głównej mierze z wykorzystaniem różnych gatunków paproci będących hiperakumulatorami As. Zdecydowana większość prac dotyczyła akumulacji As bez rozgraniczenia na formy lub akumulacji jednej z trzech najpowszechniejszych form tego metaloidu w przyrodzie: As(III), As(V) i DMA. Hiperakumulatory charakteryzują się jednak stosunkowo małą produkcją biomasy co limituje ich praktyczne zastosowanie. W tym miejscu dendroremediacja wydaje się być obiecującym rozwiązaniem. W związku z tym, celem niniejszych badań była analiza zawartości tyrozyny w liściach młodych sadzonek lipy drobnolistnej (*Tilia cordata* Mill.) narażonych na obecność różnych form As: As(III), As(V) i DMA. Tyrozyna, będąca aminokwasem biorącym udział w syntezie białek oraz ważnym prekursorem hormonów roślinnych, pełni kluczową rolę w odpowiedzi roślin na stres środowiskowy i może stanowić obiecujący bioindykator odpowiedzi *T. cordata* na stres wywołany obecnością As.

Finansowanie badań w ramach dotacji na prowadzenie badań naukowych służących rozwojowi młodych naukowców Wydziału Leśnego i Technologii Drewna Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu dla promotora pracy magisterskiej dr Sylwii Budzyńskiej.

Grzyby suplementowane litem jako alternatywa w terapii wspomagającej leczenie chorób psychicznych

Aleksandra Skarupa, Sylwia Budzyńska

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

Wiele badań wykazało, że lit (Li) może wpływać na ludzkie zachowanie. Sole Li są uznawane za skuteczny środek stabilizujący nastrój i szeroko stosowany w leczeniu zaburzeń afektywnych dwubiegunowych oraz innych chorób psychicznych. Dodatkowe dawki mogą mieć także potencjał w zapobieganiu zaburzeniom neurologicznym. Obecne badania poszukują alternatywnych metod jego podania, które mogłyby zwiększyć biodostępność i ograniczyć efekty uboczne. Grzyby, jako hiperakumulatory różnych pierwiastków, wykazują zdolność do efektywnego gromadzenia ich z podłoża, co sprawia, że ich uprawa na podłożu suplementowanym (fortyfikowanym) jest atrakcyjną strategią, zmierzającą w kierunku produkcji żywności funkcjonalnej, tzw. „super-food”. Suplementacja grzybów jadalnych Li wydaje się obiecującym podejściem, gdyż może zapewnić zarówno dostępność terapeutycznych dawek Li, jak i korzyści wynikające z unikalnego składu grzybów, takich jak bioaktywne związki poprawiające funkcje poznawcze i redukujące stres oksydacyjny. Wiele badań wykazało także, że Li może wpływać na ludzkie zachowanie.

Lakownica żółtawa (*Ganoderma lucidum*), znana jako reishi, została wybrana jako gatunek modelowy w badaniach suplementacji Li. Ten gatunek jest szeroko stosowany w tradycyjnej medycynie ze względu na swoje właściwości prozdrowotne, takie jak działanie przeciwzapalne, immunomodulacyjne i adaptogenne. Dzięki swojej zdolności do gromadzenia pierwiastków z podłoża, *Ganoderma lucidum* wykazuje wysoki potencjał jako nośnik Li. Celem niniejszych badań była analiza zawartości Li w owocnikach *G. lucidum* rosnącej na podłożu wzbogaconym wybranymi solami Li (chlorek, octan, orotan, węglan). Uzyskane wyniki wskazują na możliwość wykorzystania tego gatunku jako alternatywy w terapii wspomagającej leczenie zaburzeń psychicznych.

Finansowanie badań w ramach dotacji na prowadzenie badań naukowych służących rozwojowi młodych naukowców Wydziału Leśnego i Technologii Drewna Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu dla promotora pracy magisterskiej dr Sylwii Budzyńskiej.

Optimization and Stability Analysis of Clitoria ternatea and Ginger Oil in Water-in-Oil (W/O) Emulsions

Ribi Ramadanti Multisona, Maciej Jarzębski, and Anna Gramza-Michałowska

Clitoria ternatea (CT), commonly known as butterfly pea flower, is notable for its high anthocyanin content, which provides significant health benefits, including antioxidant, anti-inflammatory, and neuroprotective effects. Ginger oil (GO), rich in the bioactive compound gingerol, has complementary health properties, especially as an anti-inflammatory and antioxidant. Research suggests that gingerol and anthocyanins can exhibit synergistic interactions, potentially enhancing each other's stability and bioavailability, making their combination promising for functional food and nutraceutical applications.

This study investigates the stability of oil-in-water (O/W) emulsions formulated with CT extract and GO, examining the influence of varying proportions of CT water extract (CTE), GO, and emulsifiers (Tween 80 and saponin). Eight different emulsions were prepared with different ratios of CTE, GO, Tween 80 and different saponin stock solutions in either water (SW) or in CT water extract (S-CTE). After 72 hours, two of the samples exhibited phase separation, while the remaining emulsions remained stable without observable separation.

The stability observed in these formulations highlights the potential for creating optimized CT-GO emulsions that make use of the bioactive synergy between gingerol and anthocyanins. The stable emulsions will undergo further analysis to assess their suitability for use in functional foods and nutraceuticals, contributing to a deeper understanding of composition parameters necessary for effective O/W emulsion-based delivery systems.

Sesja 3: Biotechnologia Zwierząt/Animal Biotechnology

The relevance of neighborhood in shaping the developmental potential of oocytes and embryos in vitro

Dr hab. Piotr Pawlak

Department of Genetics and Animal Breeding, Faculty of Veterinary Medicine and Animal Sciences, Poznan University of Life Sciences, Wolynska 33, 60-637 Poznan, Poland

Animal research models are relevant for human reproductive medicine and biomedical applications. Species specific differences exist in preimplantation embryonic development however some milestones events resemble similarities in biological processes between species. In example, the kinetics of early embryo development and the timing of embryo genome activation are one of the key elements in choosing of the right model organism to work in reproductive or developmental sciences. Nowadays in vitro fertilization technique is routinely used in infertility treatment answering the needs for around 15% of couples struggling with fertility problems across the globe. It has been also proved that the success in obtaining an embryo depends on the developmental competence of the oocyte, while the quality of the resulting embryo depends on the culture conditions. Therefore, obtaining competent oocytes and application of efficient in vitro maturation (IVM) protocol are pivotal to the entire procedure of in vitro embryo production.

During growth and maturation, oocytes are accompanied by somatic follicular cells forming a mutual relationship, the cumulus-oocyte complex. Cumulus cells act as an intermediary between the oocyte and the follicular environment (or the growth environment if COC is incubated in vitro), actively participating in the regulation of oocyte metabolism. The exchange of information is bi-directional, so the oocyte, through paracrine interactions, affects the surrounding cumulus cells. Our research shows that cumulus cells build extensive bridges through zona pellucida in order to support oocyte maturation and exchange of nutrients and signaling factors. Trans zonal projections network is established during folliculogenesis but may be shaped by various conditions during oocyte growth and maturation. Other groups showed that aged oocytes that interact with cumulus cell from younger females are less compromised by growth conditions and do not exhibit frequent chromosomal abnormalities. This research clearly prove that follicular environment is complex trait and all elements including granulosa cells, oocyte and follicular fluid orchestrate the processes of gaining the developmental competence enabling further fertilization and embryo development.

It is therefore interesting to unravel the importance of the direct environment of oocyte growth and maturation on the metabolic fate decisions under particular qualitative and quantitative pathological states and how they affect the embryo.

Viral delivery of CRISPR-Cas9 for correction of DMD mutation in humanized mouse model.

Mateusz Durbacz

Duchenne muscular dystrophy (DMD), an X-linked recessive disease affecting approximately 1 in 5,000 newborn boys, is characterized by progressive degeneration of skeletal and cardiac muscles. DMD is caused by the absence of functional dystrophin protein, which is encoded by the dystrophin gene consisting of 79 exons. Deletion of exon 52 of the dystrophin gene ($\Delta 52$) is one of the most common DMD mutations, which shifts the open reading frame and introduces a stop codon in exon 53, preventing the production of functional protein. To correct this mutation, we deployed single-cut CRISPR-Cas9 gene editing using *Staphylococcus pyogenes* Cas9 (SpCas9)-LRVQR to restore dystrophin expression. To study the efficacy of this correction strategy, we used patient-derived induced pluripotent stem cells (iPSCs) and generated a $\Delta 52$ mouse model with a human sequence knock-in of exon 53 ($\Delta 52$;h53 KI). We evaluated two injection routes—intraperitoneal and facial vein—for delivering gene editing components using adeno-associated virus (AAV) serotype 9 in neonatal mice. This approach led to effective restoration of dystrophin protein expression in several skeletal muscle groups and the heart. Additionally, we assessed improvements in key DMD hallmarks, including reduced grip strength, elevated serum creatine kinase levels, and histopathological abnormalities. This strategy in humanized DMD mice with exon 52 deletion offers a promising therapeutic approach for DMD patients.

Lipid Profiles of Broilers Housed at a High-Stocking Density and Provided with Fermented *Averrhoa bilimbi* Fruit Filtrate

Medi Patria¹ and Sugiharto Sugiharto²

Faculty of Animal and Agricultural Sciences, Universitas Diponegoro, Semarang, Indonesia
Corresponding e-mail: medipatria@gmail.com

Objective: This study investigates the impact of fermented *Averrhoa bilimbi* fruit filtrate (FF) on the lipids profile of high-stocked broilers.

Materials and Methods: 270 14-day-old broiler chicks were deployed in a 2 × 2 factorial trial with different stocking densities (9 or 18 birds/m²) and drinking 2% FF or plain water. On day 35, the blood samples were obtained and abdominal fats were weighed, blood's plasma was then analyzed by enzymatic techniques and UV-visible instrument to measure the plasma's cholesterol, triglyceride, LDL, and HDL levels. The data obtained was then analyzed using ANOVA at 0,05 significant level.

Results: Blood plasma from high-stocked broilers receiving FF showed lower cholesterol, triglyceride, and LDL, however, the HDL level and the abdominal fat percentage were unaffected.

Conclusion: Drinking FF improved the lipid profile of broilers stocked at high-density pens. It may be a robust alternative to AGPs to compensate for the stress condition due to high stocking density.

Prezentacja Symbios/Symbios presentation

Interakcje pomiędzy kannabidiolem i lasalocydem w komórkach nerki człowieka, psa i kota – badania *in vitro*

Oliwia Kończak¹, Maciej Gogulski², Lidia Radko²

¹Sekcja Farmakologów i Toksykologów Weterynaryjnych “Paracelsus” SKN Med. Wet., ²Katedra Nauk Przedklinicznych i Chorób Zakaźnych Zwierząt, Wydział Medycyny Weterynaryjnej i Nauk o Zwierzętach Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Lasalocid jest lekiem weterynaryjnym stosowanym w hodowli zwierząt. Niewłaściwe stosowanie leku powoduje wystąpienie jego obecności w żywności i karmie dla zwierząt towarzyszących. Prowadząc do rozwoju lekooporność oraz zaburzenia w prawidłowym funkcjonowaniu organizmu kończących się śmiercią zwierząt w wyniku m.in. uszkodzenia nerek. Wzrost świadomości opinii publicznej wymusza potrzebę poszukiwania rozwiązań tego problemu. Konopie siewne (*Cannabis sativa* L.) zyskały uznanie w medycynie ze względu na obecność wielu bioaktywnych związków o charakterze protekcyjnym, wśród których największe nadzieje pokłada się w kannabidiolu (CBD). Celem badań była ocena wpływu CBD na toksyczność leku weterynaryjnego – lasalocydu, w hodowlach komórkowych nerki człowieka (HEK 293), psa (MDCK) i kota (CRFK). Ocenianymi parametrami komórkowymi był stopień zahamowania aktywności mitochondrialnej (test MTT), lizosomalnej (test NRU), proliferacji (test TPC) oraz uszkodzenia błon komórkowych (test LDH). Działanie cytotoksyczne lasalocydu było zależne od jego stężenia we wszystkich badanych hodowlach komórkowych. Wykazano, że silnie hamował aktywność lizosomalną komórek nerki psa. Natomiast mechanizm działania leku weterynaryjnego w komórkach człowieka powodował gwałtowne zahamowanie aktywności mitochondrialnej w porównaniu do pozostałych hodowli komórkowych. Komórki nerki kocięj były najmniej wrażliwe na działanie leku. Wykazano silne działanie protekcyjne CBD we wszystkich badanych parametrach komórkowych nerki człowieka i kota. Natomiast działanie CBD w hodowlach nerki psa spowodowało dodatkowy spadek aktywności mitochondrialnej, lizosomalnej i proliferacyjnej komórek w porównaniu do działania samego lasalocydu.

Obecność lasalocydu w żywności i karmie może powodować zaburzenia pracy nerek. Zastosowanie nefroprotekcyjne CBD ma ograniczone zastosowanie w odniesieniu do psów. Konieczne są dalsze badania rozwiązujące ten problem.

Bibliografia:

1. Segev G (2004): Accidental poisoning of 17 dogs with lasalocid. *Vet Rec.* 7; 155,174-176.
2. Safran N, (1993): Paralytic syndrome attributed to lasalocid residues in a commercial ration fed to dogs. *J Am Vet Med Assoc.* 15; 202, 1273-1275.
3. Burstein S. (2015): Cannabidiol (CBD) and its analogs: a review of their effects on inflammation. *Bioorganic & Medicinal Chemistry*, 23, 1377-1385.
4. Radko L. (2019): The decrease of lasalocid residue in the edible tissues by silymarin supplementation of chicken diet. *Food Additives & Contaminants: Part A.*

Sesja 4: Biotechnologia Medyczna/Medical Biotechnology

Novel antiviral strategies based on the inhibitors of virus entry into cell

Pawel Zmora, PhD

Department of Molecular Virology, Institute of Bioorganic Chemistry
Polish Academy of Sciences, Poznań, Poland

Infectious diseases are one of the most common causes of deaths in the world. Thus, it is obvious that searching for the new antiviral drugs is globally important scientific endeavor. Literature survey shows that approved antiviral drugs encompass 90 compounds which are categorized into 13 classes administrated against 9 human infection diseases caused by HIV, HBV, HCV, herpesvirus, influenza viruses, cytomegalovirus, varicella-zoster virus, respiratory syncytial virus and papilloma virus. Several antiviral drugs have already been deployed to mitigate the virus replication, spread and pathogenesis, i.e. the IAVs neuraminidase inhibitors, such as oseltamivir, zanamivir, and peramivir. However, the emergence of antiviral resistance to neuraminidase inhibitors caused the need for alternative anti-IAVs therapies. Simultaneously, the diverse landscape of emerging coronaviruses antivirals reflect the urgency and complexity of combating this global health crisis. Monoclonal antibodies, protease inhibitors, RNA polymerase inhibitors, and host cell entry inhibitors represent key technologies. Nucleoside analogs such as remdesivir and molnupiravir have emerged as central therapeutics for SARS-CoV-2 infection. These drugs primarily target viral components or enzymes critical for viral replication. To confront the evolving nature of viruses effectively, it is essential to identify host cell factors that play pivotal roles in the viral replication cycle while being dispensable for cellular survival. These host factors represent promising targets for therapeutic intervention.

Exposure of MSU 1.1 Human Fibroblast Cells to Polystyrene Microplastics: Assessing Cell Viability and Microplastic Uptake.

Mikołaj Kościński^{1,2}

¹ Department of Physics and Biophysics, Faculty of Food Science and Nutrition, Poznań University of Life Sciences, Wojska Polskiego 38/42, 60-637 Poznań, Poland

² Faculty of Physics and Astronomy, Adam Mickiewicz University, Uniwersytetu Poznańskiego 2, 61-614, Poznań, Poland

Fibroblasts are key components of connective tissue responsible for producing extracellular matrix and aiding in wound healing. As such, they represent a critical model for studying cellular responses to external stressors, including microplastics. The MSU 1.1 human fibroblast cell line is a widely used model in cell biology research, providing a consistent and reproducible system to investigate the interactions between cells and various substances. This study aims to explore the uptake of polystyrene microplastics by MSU 1.1 human fibroblast cells and to assess the impact of this uptake on cell viability. Polystyrene is one of the most common types of microplastic found in the environment due to its extensive use in packaging, disposable products, and insulation materials. As polystyrene microplastics break down, they become small enough to be ingested or inhaled by organisms, potentially leading to bioaccumulation and toxicological effects. Recent studies have shown that microplastics can infiltrate various tissues and even cross the placental barrier underscoring the importance of understanding their effects on human cells.

Using Raman imaging, a powerful spectroscopic technique that allows for chemical identification and visualization within cells we seek to quantify microplastic internalization and examine its correlation with cellular health. By performing cell viability assays, we aim to determine whether microplastic exposure leads to cytotoxic effects. Our research addresses the critical need for a deeper understanding of how microplastics interact with human cells, providing insights into potential health risks associated with microplastic exposure. This study also contributes to the broader discussion on the environmental and health-related implications of microplastic contamination, emphasizing the importance of addressing this growing pollutant to safeguard both ecosystems and public health.

Effects of Hyperhomocysteinemia on Placental Morphology, Fetal Weight, and Inflammatory Responses

Jędrzej Przybył, Patrycja Wielowska, Zuzanna Gonera, Joanna Perła-Kajan, Joanna Suszyńska-Zajczyk

Department of Biochemistry and Biotechnology, Faculty of Agriculture, Horticulture and Biotechnology, Poznań University of Life Sciences, ul. Dojazd 11, 60-632 Poznań

jedrzejprzybyl1@gmail.com (JP)

Homocysteine (Hcy) is a sulfur-containing amino acid derived from methionine (Met) metabolism. Elevated levels of Hcy, or hyperhomocysteinemia (HHcy), can result from deficiencies in vitamin B12 and folate or excessive dietary methionine intake. HHcy is a recognized risk factor for cardiovascular, neurodegenerative, and reproductive disorders, impairing health through mechanisms including epigenetic dysregulation, oxidative stress, endothelial dysfunction, and inflammatory responses. The periconceptual and gestational periods are especially critical for shaping an offspring's susceptibility to chronic diseases.

Our previous studies demonstrated that HHcy in mice, induced by a high-Met diet, leads to significant reproductive challenges, including extended interpregnancy intervals and nearly a tenfold increase in intrauterine mortality. Offspring of HHcy dams exhibited lower birth weights and reduced survival rates.

To further explore HHcy's effects on pregnancy, we assessed placental development and embryonic growth at embryonic day (E) 13.5 under a high-Met and high-Hcy diet. We observed significantly elevated total homocysteine (tHcy) levels in both maternal urine and amniotic fluid at E13.5 in HHcy dams. Additionally, HHcy-exposed pregnancies showed increased rates of unsuccessful implantation sites, as well as a marked reduction in placental size and weight. However, the embryonic mass was not significantly different between groups at E13.5.

Histological examination of hematoxylin and eosin (H&E)-stained placental sections revealed a specific reduction in the labyrinthine zone of HHcy-exposed placentas, with no notable differences in the decidual or junctional zones. Given the labyrinthine zone's critical role in maternal-fetal exchange, these structural disruptions may impair essential nutrient and gas exchange functions, potentially contributing to fetal growth restrictions observed at birth.

Additionally, elevated levels of inflammatory cytokines IL-6, TNF- α , and IL-1 β were detected in the amniotic fluid of HHcy-exposed pregnancies, suggesting an inflammatory environment that may further disrupt placental function and development, heightening risks to fetal health and long-term outcomes.

Future research will deepen these findings by examining gene expression patterns of key placental growth factors, such as Vegf and Plgf, along with placenta-specific genes and epigenetic regulators. This approach aims to provide a more comprehensive understanding of HHcy's impact on placental growth and function and to uncover additional, possibly novel, molecular pathways affected by HHcy beyond oxidative stress and inflammation. Understanding these mechanisms may illuminate further pathways by which HHcy influences reproductive health and fetal development.

Enhancement of the antimicrobial photodynamic therapy by permeabilizing agents

Anna Zdubek, Irena Maliszewska

Wrocław University of Science and Technology, Faculty of Chemistry, Department of Organic and Medicinal Chemistry

Bacterial resistance to antibiotics determines the need for alternative methods of microbial control. Antimicrobial photodynamic therapy (aPDT) is a strategy that is now gaining increased popularity. This method involves the excitation (with a specific wavelength of light) of a chemical substance named photosensitizer in the presence of molecular oxygen [1]. Illumination of the photosensitive compound will lead to the generation of reactive oxygen species (ROS), which will interact with cellular components ultimately leading to the death of the microorganism [2].

Porphyrins are interesting structures naturally occurring in both prokaryotic and eukaryotic organisms. The precursor of these compounds (in particular protoporphyrin IX) is the 5-aminolevulinic acid (5-ALA). The efficacy of aPDT based on 5-ALA is determined by the concentration of porphyrins inside bacterial cells. There are a number of techniques for the intracellular accumulation of these compounds, one of them is the exogenous delivery of 5-ALA into cells. This amino acid, due to its hydrophilic and zwitterionic nature, will be difficult to transport through cellular envelopes. The use of adjuvants that will increase the permeability of bacterial membranes is one of the approaches to enable more efficient delivery of this compound [3].

My research was based on the search for the effective adjuvants that act as permeabilizers of the bacterial cell membranes, resulting in improved 5-ALA transport into cells and increased intracellular porphyrin concentrations. The results obtained indicate that this method is effective against *Proteus mirabilis*, and the use of adjuvants enhanced its efficacy.

[1] Cieplik, F., Deng, D., Crielaard, W., Buchalla, W., Hellwig, E., Al-Ahmad, A., Maisch, T. Antimicrobial photodynamic therapy—What we know and what we don't. *Crit. Rev. Microbiol.* 2018, 44, 571–589.

[2] Polar, E., Kang, K. Natural Photosensitizers in Antimicrobial Photodynamic Therapy, *Biomedicines.* 2021, 9, 584.

[3] Zdubek, A., Maliszewska, I. On the possibility of using 5-aminolevulinic acid in the light-induced destruction of microorganisms. *International Journal of Molecular Sciences.* 2024, 25(7), 3590.

Wpływ azacytydyny i decytabiny na działanie daunorubicyny

Krystian Sarat

Azacytydyna i decytabina to epigenetyczne leki hipometylujące będące analogami cytydyny. Są stosowane w leczeniu nowotworów hematologicznych. Oba leki cechują się dwoma podstawowymi mechanizmami działania przeciwnowotworowego. Pierwszym jest cytotoksyczność wynikająca z inkorporacji ich do DNA, co w konsekwencji prowadzi do jego uszkodzeń. Drugi mechanizm to indukcja hipometylacji, czyli obniżenie poziomu metylacji DNA. W wielu chorobach nowotworowych obserwuje się wyciszenie ekspresji genów supresorowych przez hipermetylację w ich regionach promotorowych. Demetylacja tych regionów indukowana azacytydyną i decytabiną prowadzi do ponownej ekspresji genów supresorowych, a zatem przywrócona zostaje prawidłowa kontrola cyklu komórkowego. Dzięki temu możliwe staje się zahamowanie procesu onkogenezy.

Przeciwnowotworowy mechanizm działania antybiotyków antracyklinowych takich jak daunorubicyna polega na ich interkalacji do DNA, indukowaniu apoptozy i hamowaniu aktywności topoisomerazy. Powodują także zmiany skrętów podwójnej helisy, co utrudnia lub uniemożliwia wiązanie czynników transkrypcyjnych.

Dane literaturowe sugerują, że azacytydyna i decytabina mogą zwiększać dostępność DNA dla czynników, które z nim oddziałują. Ponadto uważa się, że do działania azacytydyny i decytabiny niezbędny jest proces replikacji, podczas którego leki te mogą wbudować się w strukturę DNA. W niniejszej pracy zbadano, czy azacytydyna i decytabina mogą zwiększać dostępność DNA dla daunorubicyny i tym samym ułatwiać jej działanie. Zbadano też, czy replikacja DNA jest konieczna do działania azacytydyny i decytabiny.

Wykazano zwiększoną interkalację daunorubicyny do DNA w komórkach linii K562 oraz proliferujących i nieproliferujących komórkach linii DLD-1 traktowanych decytabiną. Zwiększona interkalacja daunorubicyny do DNA będąca efektem działania azacytydyny obserwowana była na nieproliferujących komórkach linii HCV-29 oraz DLD-1. Uzyskane wyniki pozwalają zasugerować, że replikacja nie jest niezbędna do działania analogów nukleozydów takich jak azacytydyna i decytabina. Udowodniono, że traktowanie komórek linii K562 azacytydyną powoduje dwukrotny spadek wartości IC50 dla daunorubicyny, zaś pretraktowanie decytabiną- dwunastokrotny. Otrzymane wyniki sugerują, że azacytydyna i decytabina uwrażliwiają komórki linii K562 na działanie inhibitorów topoisomerazy.

Słowa kluczowe: azacytydyna, decytabina, daunorubicyna, struktura DNA, proliferacja, replikacja DNA

Wpływ peptydu przeciwdrobnoustrojowego epinecydyny-1 na metabolizm tkanki tłuszczowej człowieka

Przemysław Gawrysiak

Katedra Fizjologii, Biochemii i Biostruktury Zwierząt

Wstęp: Epinecydyna-1 (Epi-1) jest peptydem przeciwdrobnoustrojowym odkrytym u granika pomarańczowo-plamistego (*Epinephelus coioides*). Z doniesień literaturowych wynika, że posiada właściwości przeciwbakteryjne, przeciwgrzybicze, antywirusowe oraz immunomodulujące. Ostatnia cecha jest szczególnie istotna w kontekście poszukiwania substancji, które mogłyby pomóc w łagodzeniu negatywnych skutków otyłości i nadwagi. Tkanka tłuszczowa przy nadmiernym przyroście produkuje substancje prozapalne, przez co negatywnie wpływa na cały organizm.

Cel badań: Celem badań było określenie wpływu epinecydyny-1 na metabolizm tkanki tłuszczowej. Cel ten osiągnięto poprzez zbadanie dwóch procesów metabolicznych tkanki tłuszczowej – lipolizy i lipogenezy. Materiał i metody: Materiał badawczy uzyskano od człowieka, podczas planowanych zabiegów chirurgicznych. W laboratorium izolowano adipocyty, według metody Rodbell'a (1964) z uwzględnieniem niewielkich modyfikacji (Szkudelska i wsp. 2000). Następnie inkubowano komórki w buforze Krebsa-Ringera z peptydem przeciwdrobnoustrojowym epinecydyną-1 w stężeniu: 1, 10, 100, 1000 nM przez 120 i/lub 360 minut. W eksperymencie uwzględniono również kontrolę pozytywną – w przypadku lipolizy zastosowano isoproterenol, a dla lipogenezy insulinę. Intensywność lipolizy oceniono na podstawie uwolnionego glicerolu do medium hodowlanego i zmierzono za pomocą testu kolorymetryczno-enzymatycznego. Natomiast lipogenezę oznaczono na podstawie konwersji glukozy (znakowanej radioaktywnie C14) do lipidów, co zmierzono poprzez pomiar radioaktywności przy pomocy czytnika promieniowania beta.

Wyniki i wnioski: Uzyskane wyniki wskazują, że epinecydyna-1 nie ma istotnego wpływu na metabolizm komórek tkanki tłuszczowej człowieka. Intensywność lipolizy i lipogenezy w adipocytach poddanych działaniu Epi-1 jest na podobnym poziomie jak w przypadku kontroli, bez względu na czas inkubacji. Uzyskane wyniki wskazują na bezpieczeństwo badanego peptydu w odniesieniu do metabolizmu tkanki tłuszczowej (lipolizę i lipogenezę), co jest istotne w potencjalnym zastosowaniu Epi-1 jako leku przeciwdrobnoustrojowego. Uzyskane wyniki są dopiero początkowym etapem badań, które będą kontynuowane.

Rodbell M. (1964) METABOLISM OF ISOLATED FAT CELLS. I. EFFECTS OF HORMONES ON GLUCOSE METABOLISM AND LIPOLYSIS. *The Journal of Biological Chemistry* 239: 375–80

Szkudelska, K., L. Nogowski, i T. Szkudelski (2000) Genistein Affects Lipogenesis and Lipolysis in Isolated Rat Adipocytes. *The Journal of Steroid Biochemistry and Molecular Biology*, 75 (4–5): 265–71

Bolatchiev Albert (2022) Antimicrobial Peptides Epinecidin-1 and Beta-Defesin-3 Are Effective against a Broad Spectrum of Antibiotic-Resistant Bacterial Isolates and Increase Survival Rate in Experimental Sepsis. *Antibiotics*, 76

Charakterystyka plazmidów bakterii wyizolowanych od koni niosących geny oporności na ampicylinę

Aleksandra Lepianka

Lekooporność bakterii na antybiotyki jest globalnym problemem uznanym przez Światową Organizację Zdrowia. Nadmierne stosowanie antybiotyków pogłębia problem lekooporności u ludzi i zwierząt na całym świecie. Przenoszenie bakterii między zwierzętami, w tym końmi ludźmi, zwiększa ryzyko zakażeń lekoopornymi bakteriami. Szczególne ryzyko stanowią ugryzienia koni, które mogą prowadzić do infekcji spowodowanych przez bakterie obecne w ich ślinie. Plazmidy odgrywają kluczową rolę w rozprzestrzenianiu oporności na antybiotyki, w tym na antybiotyki β -laktamowe, takie jak ampicylina. Celem niniejszych badań było znalezienie i scharakteryzowanie plazmidów, będących nośnikami genów oporności na ampicylinę oraz próba identyfikacji bakterii na poziomie rodzaju. Uzyskane kolonie bakteryjne wykazały silną oporność na ampicylinę. Zidentyfikowane Gram-ujemne bakterie należały do rodzajów *Actinobacillus* spp., *Erwinia* spp., *Pantoea* spp. i *Enterobacter* spp. Badanie podkreśla znaczenie monitorowania i klasyfikacji plazmidów, w kontekście rozprzestrzeniania oporności na antybiotyki.

Słowa kluczowe: oporność, antybiotyki, plazmidy, ampicylina, grupy niezgodności plazmidów, konie, bakterie Gram-ujemne

Badanie zmian wrażliwości linii raka pęcherza moczowego z nokautem genu *ASS1* na powszechnie stosowane chemioterapeutyki

Julia Witek¹, Mateusz Psurski¹

1. Laboratorium Doświadczalnej Terapii Przeciwnowotworowej, Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej im. Ludwika Hirszfelda, PAN; ul. Weigla 12, 53-114 Wrocław

Liczba zgonów w wyniku progresji raka pęcherza moczowego zajmuje jedną z czołowych pozycji w statystykach zgonów mężczyzn obciążonych chorobami nowotworowymi. Stosunkowo wysoka śmiertelność wśród chorych może być spowodowana: początkowymi niespecyficznymi objawami choroby, które opóźniają diagnostykę nowotworu, naciekaniem guza na mięśniówkę pęcherza w późniejszych stadiach zaawansowania czy nabywaniem przez komórki guza oporności wielolekowej (Ferlay J., 2024). W odpowiedzi na niewrażliwienie nowotworu na standardowe leczenie stosuje się różne podejścia w tym m.in. terapię skojarzoną, która łączy m.in. chemioterapię z terapią genową (Wang, 2023).

Wcześniejsze badania zespołu umożliwiły wytypowanie genów, które uległy nadekspresji w komórkach linii raka pęcherza moczowego – TCC-SUP – odpornej na winblastynę. Był to m.in. gen kodujący enzym kluczowy dla szlaku syntezy argininy – syntazę argininobursztynianu 1 (*ASS1*). Literatura wskazuje na dualistyczną rolę *ASS1* w nabywaniu fenotypu lekoopornego. Obniżona ekspresja *ASS1* utożsamiana jest z gorszym przebiegiem choroby i rozwijaniem lekooporności (Sahu, 2017; Yeon, 2018). Jednakże, badania zespołu Keshet dostarczyły dowodów, iż nadekspresja *ASS1* koreluje z opornością na inhibitory immunologicznych punktów kontroli (Keshet, 2020). Obniżona ekspresja *ASS1* sprawia, iż komórki stają się zależne od egzogennej argininy, co może zostać wykorzystane jako cel terapeutyczny. Wyniki badań zespołu Sahu wskazują na obniżenie przeżywalności komórek linii raka pęcherza moczowego – UM-UC-3 i J82 – o blisko 50% w wyniku ekspozycji na pegylovaną deiminazę argininy (ADI-PEG 20). Obie linie charakteryzowały się znacznie obniżonym poziomem białka *ASS1* (Sahu, 2017).

Wprowadzono linie raka pęcherza moczowego – TCC-SUP – odporne i wrażliwe na winblastynę z nokautem genu *ASS1*. Nokaut genetyczny przeprowadzono metodą CRISPR-Cas9. Modele przebadano pod kątem zmian wrażliwości na chemioterapeutyki, m.in. cisplatynę. Dodatkowo zbadano zmiany przeżywalności komórek TCC-SUP z nokautem *ASS1* w warunkach braku argininy/glukozy. Wyniki badania miały określić czy przeżywalność komórek wspomnianej linii jest zależna od egzogennej argininy.

Bibliografia:

- Emran, T. B., Shahriar, A., Mahmud, A. R., Rahman, T., Abir, M. H., Siddiquee, M. F. R., ... & Hassan, M. M. (2022). Multidrug resistance in cancer: understanding molecular mechanisms, immunoprevention and therapeutic approaches. *Frontiers in Oncology*, 12, 891652.
 - Ferlay J, Ervik M, Lam F, Laversanne M, Colombet M, Mery L, Piñeros M, Znaor A, Soerjomataram I, Bray F (2024). Global Cancer Observatory: Cancer Today. Lyon, France: International Agency for Research on Cancer
 - Wang, S., Chen, Y., Guo, J., & Huang, Q. (2023). Liposomes for tumor targeted therapy: a review. *International journal of molecular sciences*, 24(3), 2643.
 - Keshet, R., Lee, J. S., Adler, L., Iraqi, M., Ariav, Y., Lim, L. Q. J., ... & Erez, A. (2020). Targeting purine synthesis in *ASS1*-expressing tumors enhances the response to immune checkpoint inhibitors. *Nature Cancer*, 1(9), 894-908.
 - Sahu, D., Gupta, S., Hau, A. M., Nakashima, K., Leivo, M. Z., Searles, S. C., ... & Hansel, D. E. (2017). Argininosuccinate synthetase 1 loss in invasive bladder cancer regulates survival through general control nonderepressible 2 kinase-mediated eukaryotic initiation factor 2 α activity and is targetable by pegylated arginine deiminase. *The American journal of pathology*, 187(1), 200-213.
- Yeon, A., You, S., Kim, M., Gupta, A., Park, M. H., Weisenberger, D. J., ... & Kim, J. (2018). Rewiring of cisplatin-resistant bladder cancer cells through epigenetic regulation of genes involved in amino acid metabolism. *Theranostics*, 8(16), 4520.

Lekarstwo na cukrzycę i dowód w sprawie, czyli zastosowanie muchówki *Lucilia sericata* w medycynie i praktyce sądowej

Aleksandra Wszyńska

Zakład Taksonomii i Ekologii Zwierząt

Wydział Biologii

Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

Czy znana nam wszystkim z widzenia muchówka może stanowić remedium na powikłania jednej z poważniejszych chorób XXI wieku? Co może łączyć entomologię i najtrudniejsze postępowania karne? Co ma nam do zaoferowania ten niepozorny owad? Celem przeprowadzonego przeglądu literaturowego było przyjrzenie się gatunkowi *Lucilia sericata* (Meigen, 1826) pod kątem możliwości jego praktycznego wykorzystania w medycynie i kryminalistyce. Ze względu na negatywne konotacje tego owada w społeczeństwie, pogłębianie i rozpowszechnianie wiedzy na temat możliwości jego praktycznego zastosowania, jest szczególnie istotne.

Badania kliniczne potwierdzają skuteczność larwoterapii z wykorzystaniem *L. sericata* w leczeniu ran przewlekłych, a w szczególności stopy cukrzycowej, będącej częstym powikłaniem cukrzycy. Obniżona skuteczność leczenia tego typu rany przewlekłej wynika między innymi z wzrastającej liczby antybiotykoopornych szczepów bakteryjnych. *Lucilia sericata* nie tylko hamuje rozwój bakterii, ale jest także skuteczna w oczyszczaniu ran i stymuluje proces gojenia. Z tego względu jej larwy zostały określone jako „cudowny czerw leczniczy”. Potencjał aplikacyjny larw *L. sericata* nie ogranicza się jednak tylko do medycyny. Gatunek ten jest obiektem badań entomologii sądowej przede wszystkim w zakresie poznania możliwości jego wykorzystania do szacowania czasu jaki upłynął od zgonu (PMI; ang. post-mortem interval). Prowadzone na tym gatunku badania sprawdzają jego użyteczność jako wskaźnika czasu zgonu zarówno w sukcesyjnym, jak i rozwojowym podejściu ustalania czasu śmierci. Zatem w szerszej perspektywie można przypisać *L. sericata* znaczącą rolę w łączeniu poszlak i wskazywaniu sprawców zabójstw.

Sesja Posterowa/Poster session

Kultury in vitro mszaków jako narzędzie w badaniu wytwarzania związków bioaktywnych

Michał Dziwak

Zakład Biologii i Botaniki Farmaceutycznej, Uniwersytet Medyczny we Wrocławiu

e-mail: michal.dziwak@umw.edu.pl

Mszaki to heterogeniczna grupa roślin składająca się z około 14 000 mszaków, 6 000 wątrobowców i 300 glewików. Dawniej wykorzystywane były one przez wiele kultur do leczenia ran oraz łagodzenia dolegliwości zdrowotnych. Tradycyjna medycyna chińska i indyjska znalazły zastosowanie dla ponad 40 gatunków mszaków. Badania nad tą grupą roślin wykazały, iż jest ona źródłem unikalnych związków biologicznie czynnych o potencjalnym zastosowaniu w medycynie czy przemyśle. Wśród nich znajdują się między innymi metabolity wtórne o działaniu przeciwbakteryjnym, przeciwgrzybowym, insektobójczym, mięczakobójczym, przeciwnowotworowym oraz przeciwzapalnym. Ponadto związki lotne pozyskane z mszaków wykazały charakterystyczne aromaty, na przykład: mleczny, cedrowy, balsamiczny, korzenny, czy charakterystyczny dla tej grupy roślin mszysty.

Jednym z problemów badań nad mszakami jest ich dostępność. Spora ich część występuje w nielicznych skupiskach, a przez to zagrożona jest wyginieciem. W ochronie zasobów genowych, jak również aby zapewnić odpowiednią ilość materiału roślinnego do badań, pomocne są metody in vitro, gdyż są one stosunkowo tanie, wymagają niewielkiej ilości materiału wyjściowego, co pozwala zminimalizować wpływ na siedliska mszaków, oraz pozwalają na rozmnożenie materiału w stosunkowo krótkim czasie. Jednakże indukcja kultur in vitro mszaków jest problematyczna, gdyż gametofity mszaków są bardzo delikatne, przez co ich przeżywalność podczas dezynfekcji jest niska, bądź ilość zakażeń jest wysoka przy niskich stężeniach środków dezynfekujących. Zatem skuteczna indukcja kultur z użyciem gametofitu wymaga odpowiedniego doboru środka dezynfekującego, jego stężenia oraz czasu dezynfekcji. Dezynfekcja dojrzałych sporofitów jest skuteczniejsza, lecz wymaga zbioru materiału w odpowiednim terminie oraz zabezpieczenie sporogonów przed otwarciem. Kultury in vitro dają możliwość łatwej optymalizacji produkcji metabolitów wtórnych poprzez dobór warunków fizycznych oraz odpowiedniego podłoża (w tym regulatorów wzrostu czy elicytatorów). Ponadto możliwa jest produkcja materiału roślinnego na skale przemysłową za pomocą różnego typu bioreaktorów.

Agrostemma githago w kulturach in vitro

M. Dziwak¹, W. Kozłowska², D. Zblewska^{2*}, M. Bielecka¹,
I.Nawrot-Hadzik¹, S. Zielińska², A. Matkowski¹

¹Zakład Biologii i Botaniki Farmaceutycznej, Katedra Biologii i Biotechnologii Farmaceutycznej, Uniwersytet Medyczny we Wrocławiu;

²Zakład Biotechnologii Farmaceutycznej, Katedra Biologii i Biotechnologii Farmaceutycznej, Uniwersytet Medyczny we Wrocławiu;

^{2*}Studenckie Koło Naukowe, K76 przy Katedrze Biologii i Biotechnologii Farmaceutycznej
e-mail: michal.dziwak@umw.edu.pl

Kąkol polny (*Agrostemma githago* L.) jest rośliną jednoroczną należącą do rodziny goździkowatych (Caryophyllaceae), chwastem zbóż uprawnych. Jego znaczenie znacznie zmalało, dzięki wprowadzaniu zmian w agrotechnice. Kąkol polny jest silnie trujący ze względu na obecność saponin triterpenowych obecnych w całej roślinie, a szczególnie w nasionach. Wysoka toksyczność tego gatunku wynika również z występowania białek inaktywujących rybosom typu I (RIP-I). Ich synergiczne działanie z saponinami może mieć zastosowanie w leczeniu poprzez produkcję leków nowej generacji. Kąkol jest także źródłem C-glikozydów flawonowych posiadających właściwości lecznicze m. in. w schorzeniach kardiologicznych i chorobach cywilizacyjnych. Celem badawczym było wprowadzenie gatunku *A. githago* do kultur in vitro i zweryfikowanie hipotezy o możliwości uzyskania biosyntezy saponin triterpenowych, białek RIP oraz C-glikozydów flawonowych. Badania przeprowadzono na nieodróżnicowanych układach tkankowych oraz kulturach organów na różnych podłożach hodowlanych z dodatkiem regulatorów wzrostu – auksyny kwasu indoliloctowego (IAA) i cytokinin kinetyny (KIN), benzyloaminopuryny (BAP) oraz izopentenyloadeniny (2iP). Podczas prowadzenia kultur monitorowano cechy: długość pędu głównego, współczynnik rozkrzewiania, masę (w przypadku pędów), współczynnik przyrostu biomasy (w przypadku kultur zawieszinowych, korzeni oraz kalusa). Podjęto próbę zwiększenia skali uprawy poprzez wykorzystanie bioreaktorów okresowo-zalewowych (Rita, Plantform). Otrzymane wyniki świadczą o potencjale produkcyjnym kącika polnego w kulturach in vitro oraz znaczącym wpływie regulatorów wzrostu na biosyntezę metabolitów wyspecjalizowanych. W kolejnych etapach badań zostaną podjęte próby selekcji wysokoprodukcyjnych linii o zmaksymalizowanym wzroście biomasy.

Badania zostały sfinansowane z projektu badawczego OPUS 20 (LAP), ufundowanego przez Narodowe Centrum Nauki (NCN). Nr projektu: 2020/39/O/NZ7/01515.

Rola receptorów RHAMM i CD44 na powierzchni plemników w mechanizmach zapłodnienia.

Julia Kandulska, dr Aleksandra Łukasiewicz

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

Szacuje się, że około 30% par zgłaszających się do klinik leczenia niepłodności to osoby zdrowe, które muszą mierzyć się z diagnozą niepłodności idiopatycznej. Przyczyny tego stanu upatruje się w biochemicznych i genetycznych cechach plemników.

Receptory kwasu hialuronowego (HA) na powierzchni plemników odgrywają kluczową rolę w procesie zapłodnienia, w tym w wiązaniu z komórką jajową oraz penetracji osłonki promienistej. CD44 jest uznawany za marker dojrzałości i jakości plemników, ponieważ jego obecność na powierzchni wskazuje na ich zdolność do interakcji z komórką jajową. Jednak gęstość tych receptorów, takich jak CD44 i RHAMM, może być związana z preferencją partnerki definiowaną jako cryptic female choice oraz wpływać na sukces zapłodnienia. Zmienne w liczbie i rodzajach receptorów na plemnikach mogą warunkować ich zdolność do skutecznego łączenia się z komórką jajową, co ma bezpośredni wpływ na efektywność procedur wspomaganego rozrodu, takich jak IVF (in vitro fertilization).smolarek

Poster będzie miał charakter koncepcyjny i skupi się na określeniu wpływu ekspresji genów receptorów HA, RHAMM i CD44 na jakość plemników. Celem przyszłych badań będzie dalsze zrozumienie roli tych receptorów w procesie zapłodnienia oraz doskonalenie metod diagnostycznych w leczeniu niepłodności.

Słowa kluczowe: zapłodnienie, receptory kwasu hialuronowego, plemniki, CD44, RHAMM, diagnostyka

Analiza zawartości witaminy D3 w komercyjnie dostępnych preparatach farmaceutycznych

Koło Naukowe Chemii Stosowanej "Spectrum" Wydział Leśny i Technologii Drewna
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Przemysław Gawrysiak, Oliwia Kończak, Maciej Lenort

Witaminę D dzielimy na związki chemiczne o nazwie D2 i D3. Pierwsza z nich występuje w organizmach roślinnych i grzybach, natomiast druga forma w organizmach zwierzęcych, w tym u ludzi. Witamina D3 utrzymuje odpowiedni poziom wapnia i fosforu we krwi, bierze udział w mineralizacji kości, wspiera prawidłową pracę mięśni oraz pomaga w prawidłowym funkcjonowaniu układu odpornościowego. Niedobór tej witaminy może skutkować krzywicą lub osteoporozą. Celem badań było porównanie leków i suplementów diety zawierających witaminę D3 ze wzorcem tego związku – cholekalciferolem. Materiał badawczy stanowiło sześć preparatów popularnych marek dostępnych w aptekach, w tym dwa leki i cztery suplementy diety. Analizę widmową preparatów witaminowych oraz substancji wzorcowej wykonano z wykorzystaniem metody spektroskopii w podczerwieni. Do badania preparatów w formie tabletek zastosowano technikę wykorzystującą zjawisko osłabionego całkowitego odbicia promieniowania (FTIR-ATR). Rejestracja widma suplementów w formie kapsułek z płynną zawartością wykorzystywała pomiar absorpcji światła podczerwonego przepuszczonego przez próbkę. Widma FTIR suplementów diety charakteryzowały się znaczącymi zmianami w porównaniu z widmem substancji wzorcowej. W szczególności preparaty zawierające witaminę D3 w formie kapsułek, w których witamina zawieszona jest w oleju, wykazywały różnice w widmie FTIR, w porównaniu z widmem substancji wzorcowej. Można stwierdzić, że zaproponowana metoda pozwala na wstępne określenie czystości oraz wpływu nośnika na charakterystykę widmową preparatu zawierającego witaminę D3.

Gardnerella vaginalis biomarker detection using an electrochemical biosensor

W. Lewandowska², B.Gromadzka^{1,*}, M. Sosnowska², T. Łęga², K.Szemiako¹, S. Żołędowska^{1,2}, D. Nidzworski^{1,2}

¹ SensDx S.A., 25 Kampinoska St., 80-180 Gdansk, Poland

² Institute of Biotechnology and Molecular Medicine, 25 Kampinoska St., 80-180 Gdansk, Poland

Słowa Kluczowe: biosensor, vaginal bacterial infection, electrochemical impedance spectroscopy

The results presented refer to the development of a Point of Care (PoC) device that facilitates the rapid identification of vaginal bacterial infections, including *Streptococcus agalactiae*, *Gardnerella vaginalis*, *Mycoplasma hominis*, *Ureoplasma urealyticum*, and *Ureoplasma parvums*. Bacterial vaginosis (BV), a nonspecific anaerobic vaginal inflammation, is defined by a concentration of pathogenic bacteria that is over a thousand times greater than that of a healthy vaginal ecosystem. *Gardnerella vaginalis* and other anaerobic species, including *Prevotella*, *Peptostreptococcus*, *Mycoplasma hominis*, and *Ureaplasma*, are involved in the etiology of BV. A new type of infection, which is characterized by the development of particularly severe inflammatory symptoms, has been the subject of increasing discussion in recent years. This infection is caused by aerobic bacteria, including *Escherichia coli*, *Streptococcus agalactiae*, *Enterococcus faecalis*, and *Klebsiella pneumoniae*.

The primary characteristic of the newly developed technology will be the rapid and straightforward identification of bacteria species from vaginal swabs. The diagnostic panel of the test includes the identification of *Streptococcus agalactiae* infections, which may be used as a routine screening test for GBS in pregnant women after the 35th week of pregnancy. This will enable early treatment that is targeted at the appropriate pathogen. Obtaining distinctive bioparticles that specifically interact with specific surface markers of diagnosed pathogens is the innovation of the developed test.

The research method employed was electrochemical impedance spectroscopy (EIS). In order to identify the *Gardnerella vaginalis* biomarker, monoclonal antibodies were used to functionalize gold electrodes. Subsequently, these modified electrodes were coated with positive and negative samples that had comparable concentrations. The parameter of charge transfer resistance change (ΔR_{ct}) was employed to compare the sensor's response to the applied samples. This parameter enables the straightforward determination of whether specific biomolecules have adhered to the sensor surface.

References:

1. Project funded by The National Centre of Research and Development Contract No POIR. 04.01.04-00-0013/18-00

Electrochemical ultra-fast Immunosensors for detection of upper respiratory Track infections

Wioleta Lewandowska¹, Dawid Nidzworski^{1,2}, Tomasz Łęga^{1,2}, Marta Sosnowska¹, Sabina Żołędowska¹
Kasjan Szemiako¹

¹SensDx J.S.C, Postępu 14B St., 02-676 Warszawa, Poland

²Institute of Biotechnology and Molecular Medicine, Kampinoska 25 St., 80-180 Gdańsk, Poland

Słowa kluczowe: biosensor, electrochemical impedance spectroscopy, multisensor,

Streptococcus pyogenes is a Gram-positive, catalase-negative bacterium within the *Streptococcus* genus, which includes over 50 species. Despite considerable progress in medical science and the availability of antibiotics that remain effective against *S. pyogenes*, the incidence of infections caused by this pathogen remains high globally. The widespread occurrence of these infections, the development of resistance to certain antibiotic classes, and the emergence of highly virulent clones among invasive strains make *S. pyogenes* a persistent focus of concern for healthcare providers, microbiologists, and epidemiologists alike.

Influenza virus is a segmented, single-stranded RNA virus belonging to the Orthomyxoviridae family, which includes several types, with Influenza A and B being the most clinically significant. Despite advancements in antiviral treatments and the development of vaccines, influenza remains a major global health concern due to its high transmissibility, frequent mutations, and potential for causing seasonal epidemics and occasional pandemics. The virus's ability to rapidly change its surface antigens, leading to new strains that can evade the immune system, along with the growing resistance to antiviral medications, makes influenza a constant subject of study and monitoring for healthcare professionals, virologists, and public health officials worldwide.

This work concerns the development of a novel impedimetric biosensor for the detection of the mentioned human pathogen. The proposed biosensor is a modified with commercially available antibodies attached to the surface of the electrode by carbodiimide chemistry. The conducted tests confirmed the specificity of the antibodies used, which was also demonstrated by the results obtained during the detection of *S. pyogenes* and Influenza virus using electrochemical impedance spectroscopy. The developed sensor successfully detected the presence of both pathogens in the sample with a very good detection limit. The results obtained show a wide linear range for verified concentrations of those pathogens in a sample. Furthermore, results give a promising chance to develop further multisensors for detection of upper respiratory track pathogens. The optimal experimentally determined time required to perform pathogen detection in the sample was estimated as only 3 min.

This work was supported by the NCBR' program POIR.01.01.01-00-0741/16

The use of antibody-modified gold electrodes in an electrochemical biosensor for the detection of Equine Viral Arteritis protein

W. Lewandowska², B.Gromadzka^{1,*}, M. Sosnowska², T. Łęga², K.Szemiako¹, S. Żołędowska^{1,2}, D. Nidzworski^{1,2}

¹ SensDx S.A., 25 Kampinowska St., 80-180 Gdansk, Poland

² Institute of Biotechnology and Molecular Medicine, 25 Kampinowska St., 80-180 Gdansk, Poland

Słowa kluczowe: biosensor, Equine, electrochemical impedance spectroscopy

Evidence that the early detection of an illness in animals or disease can save lives has led to the recent increase in the development of biosensors. Equine viral arteritis (EVA) is a horse disease caused by an RNA virus called Alphaarterivirus equid. The species in the genus Alphaarterivirus is unique, as it is the only species in that particular genus. Furthermore, the Equarterivirinae consists exclusively of this genus.

This study utilized electrochemical impedance spectroscopy (EIS) to quantify the rise in impedance resulting from the binding interaction between the target antigen and its corresponding antibody. In order to identify the biomarker for the EVA protein, antibodies are used to functionalize a gold electrode. The most convenient parameter for determining the attachment of specific proteins or biological molecules to the sensor surface is the charge transfer resistance (Rct). This resistance can be used to calculate the relative change in Rct, which represents the percentage of the surface area covered by adsorbed proteins. This conversion also enables the standardization of results obtained from various samples.

References:

1. Project funded by The National Centre of Research and Development Contract No POIR. 04.01.04-00-0013/18-00

Intelligent remediation system for removal of harmful contaminants in water using modified reticulated vitreous carbon foam.

Wioleta Lewandowska ¹ Sabina Żołędowska ¹, Tadeusz Ossowski ¹, Robert Bogdanowicz ², Jacek Ryl ², Paweł Rostkowski ³, Michał Kruczkowski ², Michał Sobaszek ², Zofia Cebula ¹, Grzegorz Skowierzak ¹, Paweł Jakóbczyk ¹, Lilit Hovhannisyan ¹, Paweł Ślepski ¹, Iwona Kaczmarczyk ², Mattia Pierpaoli ², Bartłomiej Dec ⁴, Dawid Nidzworski ⁴

¹ Institute of Biotechnology and Molecular Medicine, Kampinoska 25, 80-180 Gdańska, Poland

² Gdańsk University of Technology, Narutowicza 11/12, 80-233, Gdańsk, Poland

³ Nilu-Norwegian Institute for Air Research, Instituttveien 18, 2007, Kjeller, Norway

⁴ SensDx JSC., Kampinoska 25, 80-180 Gdańska, Poland

Słowa kluczowe: remediation, water, electrochemical water treatment system

The circular economy of water presents a significant environmental challenge in our society. Water often contains harmful substances such as pharmaceuticals, antibiotics, hormones, and dioxins, posing hidden threats to both human health and the environment. Water pollution severely impacts aquatic ecosystems, disrupting the balance by harming plants, animals, and microorganisms. However, effective remediation systems can be implemented to eliminate these pollutants using electrocatalytic processes, which provide an environmentally friendly alternative to conventional treatment methods. The i-CLARE system is one such solution.

The electrode materials used in electrochemical water treatment systems must meet specific criteria, and only a few types of materials fulfill these requirements. Key criteria include high overpotentials for hydrogen and oxygen evolution reactions, chemical stability under high currents, non-toxicity, and other critical properties.

The primary objective of this project is to design and fabricate an electrochemical water treatment system with integrated artificial intelligence algorithms dedicated to identifying and learning the most efficient operating parameters for removing complex mixtures of contaminants. This high-performance electrochemical reactor is built with novel electrode materials, including reticulated vitreous carbon foams (RVC) coated with modified metal oxides (MMO) and diamond thin films. This setup features a high surface area along with excellent mechanical and electrochemical properties, which are crucial for achieving high electrocatalytic efficiency.

The project consortium has validated the electrode modification methods, which are fundamental to the i-CLARE product, and established procedures for detecting chemicals. These methods include the deposition of metal oxides such as WO₃ and V₂O₅ and the deposition of boron-doped diamond/nanowall structures via chemical vapor deposition (CVD). The selected porous Ferroterm electrodes were tested under various conditions that could occur within the i-CLARE system, including corrosion resistance, long-term structural stability during electrochemical processes, and energy efficiency. Techniques like cyclic polarization, electrochemical impedance spectroscopy (EIS) before and after electrolysis, and dynamic electrochemical impedance spectroscopy (DEIS) were used for these evaluations, enabling real-time monitoring of changes at the electrode/electrolyte interface. The final reactor size and form are being refined through a series of technical repetitions. Additionally, the toxicity of chemicals and electrolysis by-products from the i-CLARE system is assessed before

and after treatment using MARA (Microbial Array Response Assay) and HPLC-MS-MS (High-Performance Liquid Chromatography with Tandem Mass Spectrometry). These evaluations provide insights into the environmental safety and pollutant removal efficiency of the system. The implementation of AI-based data analysis and optimization procedures for real-world application is currently in progress. This comprehensive approach aims to create a high-performance, eco-friendly solution for water treatment that efficiently removes harmful contaminants, contributing to the sustainable management of water resources.

Project is financing by the EEA and Norway grants (NOR/POLNOR/i-CLARE/0038/2019-00).

Electrochemical Modification of Boron Doped Carbon Nanowall Electrodes for Biosensing Purposes

W.Lewandowska ², S. Żołędowska ², K. Szemiako ^{1,2}, D. Nidzworski ^{1,2}

¹SensDx J.S.C, Postępu 14B St., 02-676 Warszawa, Poland

²Institute of Biotechnology and Molecular Medicine, Kampinoska 25 St., 80-180 Gdańsk, Poland

Abstract—Boron-doped-carbon nanowall (BCNW) electrodes are recently in much interest among scientists. BCNWs are a good candidate for biosensor purposes as they possess interesting electrochemical characteristics like a wide potential range and the low difference between redox peaks. Moreover, from technical parameters, they are mechanically resistant and very tough. The production process of the microwave plasma-enhanced chemical vapor deposition (MPECVD) allows boron to build into the structure of the diamond being formed. The effect is the formation of flat, long structures with sharp ends.

The potential of these electrodes was checked in the biosensing field. The procedure of simple carbon electrodes modification by antibodies was adopted to BCNW for specific antigen recognition. Surface protein D deriving from *H. influenzae* pathogenic bacteria was chosen as a target analyte. The electrode was first modified with the aminobenzoic acid diazonium salt by electrografting (electrochemical reduction), next anti-protein D antibodies were linked via EDC/NHS chemistry, and free sites were blocked by BSA.

Cyclic voltammetry measurements confirmed the proper electrode modification (Fig. 1) and electrochemical impedance spectroscopy records indicated protein detection (Fig. 2). The sensor was proven to detect protein D in femtograms.

This work was supported by the National Centre for Research and Development (NCBR) TECHMATSTRATEG 1/347324/12/NCBR/ 2017.

Keywords— Anti-protein D antibodies, boron doped carbon nanowall, impedance spectroscopy, *Haemophilus influenzae*.

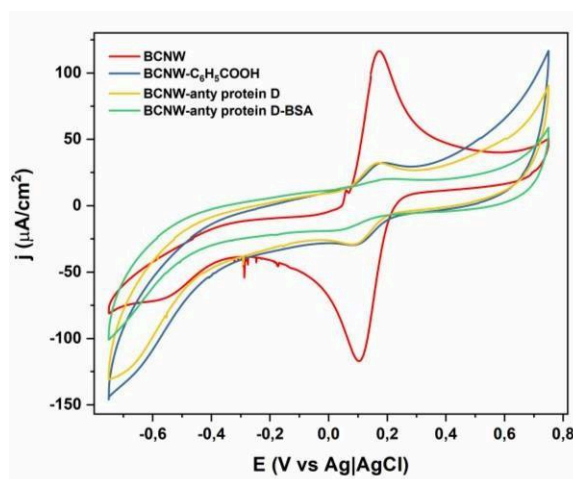
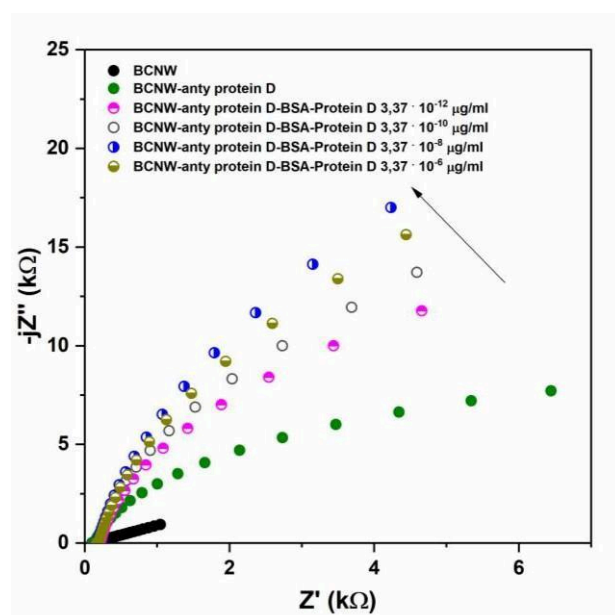


Fig. 1 Cyclic voltammetry spectra of BCNW electrode modification steps. Electrolyte: 1 mM K₃[Fe(CN)₆]/ 0.1× PBS.

Fig. 2 Impedance spectra of BCNW electrode in the absence and



presence of protein D. Electrolyte: 1 mM K₃[Fe(CN)₆]/ 0.1× PBS

A rapid and non-invasive test for the early detection of bladder cancer

W. Lewandowska ¹, D. Nidzworski ^{1,2}, S. Żołędowska ¹, M. Sosnowska ¹, K. Szemiako

¹ Institute of Biotechnology and Molecular Medicine, Kampinoska 25 St., 80-180 Gdańsk, Poland

² UroScan S. z o.o., Kampinoska 25 St., 80-180 Gdańsk, Poland

Słowa kluczowe: bladder cancer, diagnostic, spectrometric

The BladderDx test relies on the biochemical identification of proteasome in patients' urine. An elevated level of proteasome activity has been found to be associated with various types of cancers, including bladder cancer. At present, cystoscopy is the sole dependable diagnostic technique for bladder cancer. Nevertheless, conventional cystoscopy has various drawbacks: it is costly, invasive, and time-consuming. The currently available biochemical methods are ineffective and inadequate for use as early-diagnosis tests.

To implement the presumptions, a spectrometric measurement device has been designed, which utilizes a 310 nm LED diode to excite the sample. Data collection has been carried out using the AS7343 sensor, which operates within the wavelength range of 380 nm to 1000 nm. The sensor is equipped with 14 channels, each with a specific central wavelength. These wavelengths are set at 405 nm, 425 nm, 450 nm, 475 nm, 515 nm, 555 nm, 550 nm, 600 nm, 640 nm, 690 nm, 745 nm, and 855 nm. The device utilizes a specifically engineered lightfocusing system to optimize the efficiency of fluorescence excitation and collection during measurements. The results obtained from fluorescence measurements on this device were compared to those obtained from a commercial measurement device, resulting in an accuracy of 87% and an AUC (Area Under the Curve) of 90%. To facilitate detection, a logistic regression algorithm was utilized, incorporating oversampling techniques. The LBFGS algorithm was employed to minimize the problem. The parameters for a sample set of 27 samples were as follows: True Positive (TP): 11.50, True Negative (TN): 12.00, False Positive (FP): 1.00, False Negative (FN): 2.50.

This work was supported by the NCBR' program POIR.04.01.02-00-0016/18

Cutting-edge and all-encompassing tool designed to assist and track the training of athletes - SportBand.

Wioleta Lewandowska ², B.Gromadzka ^{1,*}, M. Sosnowska ², K.Szemiako ¹, S. Żołędowska ^{1,2}, D. Nidzworski ^{1,2}

¹ WDETECH Sp. Z o.o. Kampinoska 25 St., 80-180 Gdańsk, Poland

² Institute of Biotechnology and Molecular Medicine, 25 Kampinoska St., 80-180 Gdansk, Poland

Słowa kluczowe: sweat analysis, colorimetric , phiscal activit

The increasing awareness of proper nutrition and physical activity in society is a direct consequence of the increasing interest in a healthy lifestyle. Examining human sweat samples, which contain valuable data, allows for the monitoring and evaluation of the body's physical condition during and immediately after exercise, offering insights into the effectiveness of training without the need for invasive methods. Up to this point, one hundred traditional methods have utilized laboratory techniques to analyze the chemical composition of sweat. This arrangement has the capability to yield precise data; nevertheless, it is essential that the samples are transported to the designated laboratory or clinic.

Developed by Our Organisation SportBand enables users to self-monitor and assess their physiological state, while also potentially aiding in the detection of health issues. For the project, a basic measurement system was developed and experiments were conducted to determine the feasibility of measuring the concentration of chemical constituents in sweat, such as magnesium, calcium, potassium, chlorides, lactic acid, and urea. Various colorimetric techniques have been devised to measure the absorbance level, which is contingent upon the concentration of a specific electrolyte present in sweat. Color-reactive substances are suspended in an agarose gel to decrease the concentration of the mixture and enhance its safety during use.

1. Project funded by The National Centre of Research and Development Contract No POIR. 04.01.04-00-0102/17

Fast and cheap test for detection of Streptococcus pyogenes and pneumoniae with antibiotic resistance identification

Dawid Nidzworski^{1,2}, Wioleta Lewandowska¹, Tomasz Łęga^{1,2}, Marta Sosnowska¹, Sabina Żołędowska¹, Kasjan Szemiako¹, M. Skwarecka¹

¹Institute of Biotechnology and Molecular Medicine, Kampinoska 25 St., 80-180 Gdańsk, Poland

²SensDx S.A., Postępu 14B St., 02-676 Warszawa, Poland

Słowa kluczowe: Streptococcus, biosensor, Electrochemical impedance spectroscopy

The research aims to develop a Point of Care (PoC) device designed for the rapid detection of *Streptococcus pyogenes* and *Streptococcus pneumoniae*, along with the identification of antibiotic resistance genes. *S. pyogenes* is commonly linked to acute infections of the gastrointestinal tract and tonsils, such as tonsillitis and scarlet fever. Meanwhile, *S. pneumoniae* is known for causing severe invasive diseases with high rates of mortality and complications, including sepsis, meningitis, and pneumonia.

Currently, diagnostic methods for upper respiratory tract bacterial infections are often slow and rely on indirect evidence. As a result, antibiotics are frequently prescribed without identifying the exact bacterial species responsible, and antibiotic susceptibility results, provided by antibiograms, typically take several days to become available. This delay can lead to ineffective treatments, worsening the patient's condition and heightening the risk of complications. The innovative approach of this PoC device integrates LAMP (Loop-mediated Isothermal Amplification) reaction with Electrochemical Impedance Spectroscopy (EIS) analysis.

The proposed PoC device is designed to overcome these limitations by quickly identifying the bacterial species from a patient's swab and determining the associated antibiotic resistance profile. This allows for immediate administration of the appropriate antibiotics, significantly reducing treatment delays and the potential risks associated with untreated infections. The device provides a rapid and user-friendly testing process, delivering results during the patient's visit to the doctor, thereby eliminating the need for sample transportation to a laboratory and accelerating clinical decision-making.

This work was supported by the NCBiR program POIR.04.01.02-00-0018/18

Silencing the Blmh gene impacts amyloid beta precursor protein (APP) processing in mouse neuroblastoma N2A-APPswe cells.

Łukasz Mencil¹, Hieronim Jakubowski^{1,2}

¹Poznań University of Life Sciences, Department of Biochemistry and Biotechnology, Poznań, Poland

²Rutgers-New Jersey Medical School, Department of Microbiology, Biochemistry and Molecular Genetics, International Center for Public Health, Newark NJ, USA

Background- Bleomycin hydrolase (BLMH) is an enzyme with the ability to detoxify homocysteine thiolactone (HTL). HTL is a toxic homocysteine metabolite which can modify proteins in the N-Homocysteinylation reaction. Dysfunction of BLMH is associated with Alzheimer disease (AD) in humans and mouse models. AD is characterized by the accumulation of amyloid β ($A\beta$) plaques. $A\beta$ is formed from amyloid β precursor protein (APP) via amyloidogenic pathway. Impact of BLMH dysfunction on the development and progression of AD is not fully understood.

Aim- We tested the hypothesis that BLMH dysfunction affects the APP processing pathway in neural cells.

Methods- Neuroblastoma N2A-APPswe cells harboring a human transgene with mutation in the amyloid β precursor protein (APP) gene were grown on the complete DMEM/F12 medium. The Blmh gene was silenced by RNA interference using two Blmh-specific siRNAs and a scrambled siRNA as a negative control. siRNAs were prepared in a mix with Lipofectamine and Opti-MEM medium, and transfected into cells for 48 h. APP and proteins involved in APP metabolism such as phosphoAPP, Bace1, Psen1, Pen2, and Nicastrin were quantified by Western blotting using specific antibodies. The expression of mRNA for APP, Psen1, Psenen and Ncstn genes was carried out by RT-qPCR.

Results- Silencing of the Blmh gene expression, resulted in an significantly increased mRNA expression of the APP and Psenen (which encodes the Pen2 protein) genes. Western blot analysis showed a statistically significant increase in APP, Pen2 and Nicastrin protein levels, both Pen2 and Nicastrin are parts of γ -secretase complex which is responsible for the second step of APP processing. Analysis also showed decrease in β -secretase Bace1 protein level, which is responsible for the first cut of APP in amyloidogenic processing pathway.

Conclusion- Depletion of Blmh resulted in changed the mRNA expression of genes and levels of proteins involved in APP metabolism. These findings suggest a mechanism underlying the association of Blmh dysfunction with AD.

Acknowledgement-Supported in part by NCN grant 2021/43/B/NZ4/00339.

Co skrywa macica? Analiza składu mikrobiomu macicy u zdrowych kobiet

Maria Bocheńska¹, Wawrzyniec Sadowski¹, Katarzyna Morańska^{2,3}, pod opieką naukową prof. UAM dr hab. Anity Szwed³

1 równorzędni prezenterzy, Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, Wydział Biologii

2 Szkoła Doktorska Nauk Przyrodniczych Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu

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

Macica, wbrew niegdysiejszym hipotezom, nie jest środowiskiem sterylnym. Prace nad poznaniem bogactwa mikrobioty - mikroorganizmów ją zasiedlających - nabrały tempa dzięki rozwojowi narzędzi biologii molekularnej. Od niedawna przybywa prac proponujących skład mikrobioty macicy w różnych stanach chorobowych, jednak wciąż brakuje wyczerpujących danych o mikrobiocie charakterystycznej dla zdrowych kobiet. Jest to niezwykle istotne zarówno w temacie profilaktyki, jak i zdrowia reprodukcyjnego. Wiele pytań dotyczących funkcji bakterii w obszarze endometrium i ich wpływu pozostaje nierozwiązanych.

Celem tego badania jest opisanie składu mikrobioty macicznej zdrowych kobiet. Uwzględniono także potencjalne czynniki modulujące obecność bakterii, takie jak wiek, menopauza, liczba ciąż oraz dzień cyklu menstruacyjnego.

Materiał badawczy stanowiły wymazy z endometrium zdrowych kobiet, pobrane techniką biopsji aspiracyjnej. Następnie wyizolowano DNA bakterii, zamplifikowano materiał pod kątem genu 16S rRNA metodą reakcji łańcuchowej polimerazy oraz wykonano sekwencjonowanie za pomocą nowoczesnej technologii sekwencjonowania nanoporowego. Otrzymane sekwencje sklasyfikowano taksonomicznie przy użyciu narzędzia Kraken2 i bazy SILVA. Wyniki analizy ujawniły, że mikrobiota zdrowej macicy jest bardzo różnorodna i, w kontrze do niektórych publikacji, rodzaj *Lactobacillus* nie zawsze jest rodzajem dominującym (stanowiącym ponad 90% wykrytych gatunków). Procentowo największy udział w tworzeniu mikrobioty macicy miały gatunki z rodzajów *Lactobacillus*, *Faecalibacterium*, *Streptococcus*, *Roseburia* i *Blautia*. Na poziomie gatunkowym były to m. in. *Lactobacillus crispatus*, *L. jensenii*, *L. Gasseri*, *Faecalibacterium prausnitzii* i *Streptococcus agalactiae*. Uzupełniająca analiza czynników modulujących skład bakteryjny wykazała, że rodzaj *Dialister* był częstszy u kobiet po menopauzie. Mogłoby to sugerować, że kobiety po menopauzie są bardziej narażone na zasiedlenie niszy macicy przez bakterie niekorzystne.

Mikrobiota zdrowej populacji charakteryzuje się dużą różnorodnością. Bakterie z rodzajów *Lactobacillus* wykazały najwyższe wartości pod względem udziału w składzie, lecz również ich reprezentacja była zróżnicowana pomiędzy pacjentkami. Może to sugerować, że istnieje więcej niż jeden wariant mikrobioty, który pomaga w utrzymaniu fizjologicznego stanu macicy, dlatego warto rozwinąć to zagadnienie na większej liczbie prób. Mając na uwadze liczne doniesienia dotyczące związku bakterii i nowotworów, wnoszącym byłoby zestawienie ich z macicą zdrowych kobiet, ponieważ potencjalna profilaktyka może okazać się równie istotna w projektowaniu metod leczenia.

Słowa kluczowe: mikrobiom endometrium, metagenomika, sekwencjonowanie nowej generacji, 16S rRNA, zdrowie reprodukcyjne, macica

¹ prezenterzy równorzędni

BEX2 jako potencjalny onkogen w białaczce T-ALL wysokiego ryzyka

Skoczyńska A. [1,2], Maćkowska-Maślak Natalia [2], Drobna-Śledzińska Monika [2], Jaksik Roman [3], Kosmalska Maria [1], Lejman Monika [4], Sędek Łukasz [5]; Szczepański Tomasz [6], Dawidowska, Małgorzata [2]

[1] Wydział Biologii Uniwersytetu im. A. Mickiewicza w Poznaniu, Polska

[2] Instytut Genetyki Człowieka Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu, P

[3] Wydział Automatyki, Elektroniki i Informatyki Politechniki Śląskiej w Gliwicach, Polska

[4] Uniwersytet Medyczny w Lublinie, Polska

[5] Katedra i Zakład Mikrobiologii i Immunologii Śląskiej Akademii Medycznej w Zabrze, Polska

[6] Katedra i Klinika Pediatrii, Hematologii i Onkologii Dziecięcej Śląskiej Akademii Medycznej w Zabrze, Polska

Ostra białaczka limfoblastyczną z komórek T (T-ALL) stanowi agresywną chorobę hematologiczną, charakteryzującą się klonalnym rozrostem niedojrzałych prekursorów limfocytów T w grasicy. Wskaźnik wyleczalności T-ALL wynosi około 80%, jednak wyzwanie wciąż stanowi lekooporny lub nawrotowy wariant choroby. Obecnie środowisko naukowe koncentruje się na poszukiwaniu nowych markerów prognostycznych, które pozwoliłyby na zidentyfikowanie grupy pacjentów o gorszym rokowaniu na wczesnym etapie rozpoznania choroby. Jak wykazują badania, globalny profil metylacji DNA ma potencjał prognostyczny w T-ALL. Wyróżnia się dwa fenotypy określające poziom globalnej metylacji: hipometylowany (COSMe_I) oraz hipermetylowany (COSMe_II). Globalna metylacja jest markerem wieku proliferacyjnego komórek. Przypadki COSMe-I są epigenetycznie młodsze niż COSMe-II (mniej metylacji DNA nagromadzonej podczas podziałów komórkowych, co odzwierciedla krótszy czas rozwoju białaczki w hipometylowanej grupie COSMe-I). Profil globalnej metylacji jest obecnie postrzegany raczej jako skutek różnej agresywności białaczki, niż jako jej przyczyna. Sądzymy jednak, że integracyjna analiza danych multiomicznych może dostarczyć informacji na temat biologicznych różnic pomiędzy podgrupami COSMe.

Celem naszych badań jest poznanie mechanizmów biologicznych odpowiedzialnych za gorsze rokowanie pacjentów w grupie COSMe_I oraz zidentyfikowanie nowych potencjalnych onkogenów w T-ALL. Dane pochodzące z macierzy metylacyjnych dla 109 dziecięcych pacjentów T-ALL (Roels i in. Blood Cancer Discov 2020) zostały zintegrowane z danymi transkryptomycznymi dla 44/109 pacjentów. Odczyty RNA-seq zostały dopasowane do genomu referencyjnego GRCh38 przy użyciu algorytmu STAR. Geny o różnicowej ekspresji (DEG) pomiędzy grupami COSMe zostały zidentyfikowane za pomocą algorytmu edgeR. Dla genów o różnicowej ekspresji wykonano analizę nadreprezentacji genów w ścieżkach biologicznych w oparciu następujące bazy danych: KEGG, Reactome, Hallmarks of Cancer. W wyniku analiz danych wysokoprzepustowych oraz przeglądu dostępnej literatury wyłoniono gen o potencjale onkogennym do analiz funkcjonalnych w warunkach in vitro. Linię komórkową T-ALL (Jurkat) poddano modyfikacji genetycznej z użyciem systemu CRISPR-dCas9-KRAB, w celu wywołania inhibicji transkrypcji genu BEX2.

Analiza danych transkryptomicznych wykazała 3686 genów o różnicowej ekspresji pomiędzy podgrupami COSMe. Analiza nadreprezentacji dla tych genów ujawniła procesy potencjalnie związane z różną agresywnością białaczki w grupach COSMe, w tym: inwazyjność komórek nowotworowych, oporność na śmierć komórkową oraz szlaki często deregulowane w nowotworach

(PI3K-AKT, RAP1, RAS, MAPK). Wykonane analizy in silico, w połączeniu z badaniem profilu ekspresji genów oraz przeglądem literatury doprowadziły do wyłonienia genu BEX2 o potencjale onkogennym w T-ALL. BEX2 ulega podwyższonej ekspresji w grupie pacjentów COSMe_I o gorszym rokowaniu, w porównaniu do grupy COSMe_II oraz prawidłowych prekursorów limfocytów T. W celu weryfikacji wpływu tego genu na rozwój i progresję T-ALL, prowadzone są obecnie testy funkcjonalne polegające na inhibicji transkrypcji genu za pomocą systemu CRISPR-dCas9-KRAB.

Projekt finansowany z następujących źródeł: 2021/41/N/NZ2/02247, Strategmed3/30456/5/NCBR/2017

Zmodyfikowane komórki macierzyste jako innowacyjna broń w walce z nowotworami

Aldona Szewczyk

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

aldona.szewczyk@student.uj.edu.pl

Komórki macierzyste (ang. Stem Cells) dzięki zdolności do samoodnowy i różnicowania w inne typy komórek zyskały szerokie zastosowanie w badaniach naukowych oraz medycynie, stając się również obiecującym narzędziem celowanych terapii przeciwnowotworowych. Ich zastosowanie w onkologii dostarcza innowacyjnych strategii leczenia nowotworów, które mogą okazać się skuteczniejszymi alternatywami dla klasycznych podejść obejmujących resekcję chirurgiczną, radio- czy chemioterapię.

Komórki macierzyste mają kilka kluczowych cech, które czynią je przełomowym narzędziem w terapiach ukierunkowanych. Przede wszystkim wykazują tropizm i zdolność do migracji w kierunku guzów, co pozwala na celowane dostarczanie czynników terapeutycznych i jednocześnie minimalizowanie wpływu na komórki prawidłowe. Ponadto, mogą modyfikować mikrośrodowisko nowotworu, wydzielając różnorodne czynniki o działaniu przeciwnowotworowym. Zastosowanie inżynierii genetycznej i różnych biomateriałów umożliwia ich odpowiednią modyfikację, tak aby stały się inteligentnymi nośnikami

produkującymi i stopniowo uwalniającymi czynniki terapeutyczne. Zmodyfikowane komórki mogą uwalniać egzosomy o specyficznej zawartości, enzymy przekształcające proleki w substancje aktywne w obrębie guza, a także wirusy i białka cytotoksyczne. Mogą one stanowić również prekursorzy komórek odpornościowych, uwalniać cytokiny i dostarczać inhibitory punktów kontrolnych wzmacniając przeciwnowotworową odpowiedź immunologiczną organizmu. Dzięki zastosowaniu biodegradowalnych biomateriałów, takich jak hydrożele, można zwiększyć przeżywalność komórek macierzystych w mikrośrodowisku guza i zapewnić stopniowe uwalnianie czynników terapeutycznych, co poprawia efektywność terapii.

Terapie przeciwnowotworowe wykorzystują głównie mezenchymalne (ang. Mesenchymal Stem Cells, MSCs), nerwowe (ang. Neural Stem Cells, NSCs) i hematopoetyczne komórki macierzyste (ang. Hematopoietic Stem Cells, HSCs), które jako dojrzałe komórki macierzyste (ang. Adult Stem Cells, ASCs) pozbawione są kontrowersji bioetycznych związanych z komórkami embrionalnymi. Zastosowanie zmodyfikowanych komórek macierzystych otwiera nowe możliwości precyzyjnych i wielomodalnych terapii przeciwnowotworowych, mogących zrewolucjonizować współczesne podejście w walce

z nowotworami.

Choi Y, Lee HK, Choi KC. Engineered adult stem cells: a promising tool for anti-cancer therapy. *BMB Rep.* 2023;56(2):71-77.

Garza Treviño EN, Quiroz Reyes AG, Delgado Gonzalez P, et al. Applications of Modified Mesenchymal Stem Cells as Targeted Systems against Tumor Cells. *Int J Mol Sci.* 2024;25(14):7791.

TomyTomcy A, Sindhu ER. Mesenchymal stem cells - an excellent therapeutic agent for cancer. *Asia-Pac J Clin Oncol.* 2024;20(1):7-15.

Deletion of the Homocysteine Thiolactone Detoxifying Enzyme Bleomycin Hydrolase Causes ER Stress and UPR in Mouse Neuroblastoma N2a-APP^{swe} cell model of Alzheimer's disease.

Mayuri Bhosale¹, Hieronim Jakubowski^{1,2}

¹Poznań University of Life Sciences, Department of Biochemistry and Biotechnology, Poznań, Poland.

²Rutgers-New Jersey Medical School, Department of Microbiology, Biochemistry and Molecular Genetics, International Center for Public Health, Newark NJ, USA.

Background: Alzheimer's disease (AD) is the most prevalent neurodegenerative disorder. AD is characterized by the lower activity of Bleomycin hydrolase (BLMH), homocysteine-thiolactone (HTL) detoxifying enzyme, endoplasmic reticulum (ER) stress, and unfolded protein response (UPR). However, how Blmh deficiency influences ER stress and UPR was not known.

Objective: We silenced the Blmh gene by RNA interference in the mouse neuroblastoma N2a-APP^{swe} cells and studied the effects of the silencing on the expression of ER stress and UPR pathway-related genes GRP78, CHOP, and ATF3 at the protein and mRNA levels.

Methods: Mouse neuroblastoma N2a-APP^{swe} cells, harboring a human APP transgene with the K670N and M671L Swedish mutations were grown (37°C, 5% CO₂) in DMEM/F12 medium supplemented with 5% FBS, non-essential amino acids, and antibiotics. For gene silencing, Blmh-targeting siRNAs were transfected with Lipofectamine RNAi Max into cells kept in Opti-MEM medium for 48-h. ER stress and UPR markers, were quantified by western blotting and the corresponding mRNAs by RT-qPCR.

Result: We found that the Blmh protein level was significantly reduced (by 80%) in Blmh-silenced cells. We also found that the ER chaperone Grp78/Bip and Atf3 protein levels were significantly upregulated in the Blmh-silenced cells. Chop protein was also significantly upregulated, which may lead to apoptosis. To elucidate whether Blmh exerts transcriptional control over the expression of the ER stress and UPR-related proteins, we quantified by RT-qPCR mRNAs for these proteins. We found that the changes in mRNA levels in Blmh-silenced N2a-APP^{swe} cells were like the changes in the corresponding protein levels.

Conclusion: These findings suggest that Blmh deficiency may promote the development of AD by upregulating ER stress and UPR response.

Acknowledgment: Supported in part by NCN grant 2021/43/B/NZ4/00339.

Sesja 5: Biotechnologia Przemysłowa/Industrial Biotechnology

Research of new surfactants from plants

dr hab. dr inż. Maciej Jarzębski

There is a high demand for natural surfactant development for possible biomedical, food, and cosmetic applications. One of the most powerful components due to interface activity poses saponin content plants. Various plant origins such as quilaya, horse chestnut, and soap nuts extract exhibit high concentrations of saponins. Here, some examples of emulsion systems containing saponins as a natural surfactant will be discussed. Sample results of droplet size analysis, spectrophotometric, and stability evaluation results will be presented. It should be highlighted that for emulsion droplet size analysis, which factor plays a crucial role in the case of emulsion stability, more than one analytical technique should be applied. It will be discussed by presenting sample microscopic and dynamic light scattering results.

Photobiocatalytic conversion of epoxymethyl dimethylphosphonate and 1-phenylethyl acetate using cyanobacterial systems: advanced applications in high-value product synthesis and rare earth element bioaccumulation.

Sunday Ocholi Samson¹, Monika Serafin-Lewańczuk¹, Ewa Żymańczyk-Duda¹, Milada Vítová², Mária Čížková², Mahleh Eghbalinejad²

¹Department of Biochemistry, Molecular Biology, and Biotechnology, Wrocław University of Science and Technology, Wybrzeże Wyspiańskiego 29, 50-370 Wrocław, Poland; ²Department of Phycology – Institute of Botany of the Czech Academy of Sciences, Dukelská 135, 379 01 Třeboň, Czechia.

E-mail: sunday.samson@pwr.edu.pl

Cyanobacteria, also known as blue-green algae, are versatile microorganisms equipped with robust enzymatic systems capable of converting diverse complex organic substrates into high value-added products. These phototrophic organisms harness light energy to drive enzymatic reactions, offering an eco-friendly alternative to traditional chemical processes that often require harsh catalysts. Photobiocatalytic potentials of cyanobacteria place them as promising candidates for industrial biotransformation and environmental applications. These include the conversion of pharmaceutically and industrially relevant compounds and the bioaccumulation of rare earth elements (REEs), which are essential for advanced technological and manufacturing processes. This research aims at examining photobiocatalytic capabilities of various cyanobacterial strains: *Synechococcus bigranulatus* (CCALA 187), *Nostoc cf-muscorum* (CCALA 129), *Limnospira* sp. (CCALA 27), and *Leptolyngbya foveolarum* (CCALA 76) on selected organic substrates and further usability of the biomass for rare earth elements' bioaccumulation. Organic substrates explored included phosphonates (diethyl vinylphosphonate, dimethyl vinylphosphonate, epoxymethyl dimethyl phosphonate), and ester (1-phenylethyl acetate).

Cyanobacterial strains were cultivated in their respective growth media under controlled optimal conditions. Photobiocatalysis experiments involved introducing each substrate to the biomass of a selected cyanobacterial strain, allowing for the enzymatic interaction to occur at defined concentration and time. Light energy was employed to facilitate enzymatic reactions. Control samples were also prepared to assess abiotic conversion processes. Bioaccumulation studies were performed using sufficient amounts of selected cyanobacterial biomass – this included the untreated (pre-bioconversion) and treated (post-bioconversion) cyanobacterial biomasses. Both the treated biomass and untreated controls were further subjected to sub-lethal concentrations of REEs, particularly, gadolinium (Gd) and europium (Eu), followed by a detailed quantitative analysis to evaluate their REEs bioaccumulation capabilities. Identification and structural elucidation of the bioconversion products were monitored using advanced analytical techniques. These include HPLC, LC-MS, NMR (¹H, ¹³C, ³¹P, COSY, HSQC, HMBC), and IR spectroscopy. Inductively coupled plasma mass spectrometry (ICP-MS) was employed to quantify accumulated REEs.

The results revealed that *Leptolyngbya* sp. exhibited a high efficiency in converting 1-phenylethyl acetate into (R)- and (S)-phenyl ethanol. Similarly, biotransformation of epoxymethyl dimethyl phosphonate by *Synechococcus* sp. and *Limnospira* sp. produced dimethyl (1E)-3-hydroxyprop-1-enylphosphonate. These products have significant pharmaceutical and industrial benefits. However, no bioconversion was observed for diethyl vinylphosphonate across all

tested strains. Biodegradation of dimethyl vinylphosphonate was noted with *Nostoc* sp., *Synechococcus* sp., and *Limnospira* sp., releasing inorganic phosphate (Pi). The released Pi was confirmed using Malachite green

assay. *Synechococcus* sp., *Leptolyngbya* sp., and *Limnospira* sp. demonstrated promising bioaccumulation potential for REEs. The findings emphasize cyanobacteria's novelty as versatile biocatalysts for 'green' chemical synthesis of high value-added compounds and potential agents for bioaccumulating valuable elements. This dual role of cyanobacterial cells holds significant potential for pharmaceutical applications and environmental resource

management.

Keywords: Cyanobacteria, photobiocatalysts, biotransformation, substrates, bioaccumulation, rare earth elements, high value-added compounds.

Biotransformations of 2-phenylethanol by various microorganisms

Agnieszka Raczyńska¹, Małgorzata Brzezińska-Rodak¹, Milada Vítová², Monika Serafin-Lewańczuk¹, Mária Čížková², Magdalena Klimek-Ochab¹, Ewa Żymańczyk-Duda¹

¹Department of Biochemistry, Molecular Biology and Biotechnology, Faculty of Chemistry, Wrocław University of Science and Technology, Łukasiewicza 2, 50-371, Wrocław, Poland

²Department of Phycology, Institute of Botany, Czech Academy of Sciences, Dukelská 135, 379 01, Třeboň, Czech Republic

2-Phenylethanol is an inexpensive, easily available chemical compound that can be a substrate for obtaining various derivatives with antioxidant, anti-inflammatory and anticancer activity.

Compounds such as tyrosol, hydroxytyrosol or 1-phenylethane-1,2-diol [1] can be obtained by microbial biotransformation using whole-cell biocatalysts. This is an alternative to chemical synthesis or biocatalysis with isolated enzymes or genetically modified biocatalysts.

Biotransformation using microorganisms can be carried out in different reaction environments depending on the selected substrate and microbial strain. Whole-cell biocatalysts can be immobilized for example in agar-agar or calcium alginate. Selecting the appropriate immobilization method can improve the activity of the biocatalyst towards the reaction substrate.

In the study, fungi of the genus *Cunninghamella* and *Beauveria* and microalga of the genus *Galdieria* were used for the biotransformation of 2-phenylethanol in an aqueous reaction medium. The studies were conducted both on a laboratory scale in conical flasks and photobioreactors and on a semi-preparative scale using a microbiological bioreactor with a capacity of 1 L. Biocatalysts in the form of free and immobilized cells (agar-agar, calcium alginate, polyurethane foams) were used. The biotransformation time varied depending on the selected strain.

The research results allowed the identification of the biotransformation products of 2-phenylethanol. All tested microorganisms were positively verified as active towards reaction substrate. Chromatographic analysis allowed the conclusion that enantiomers of 1-phenylethane-1,2-diol are common products of biotransformation using selected fungi. Depending on the selected strain, reaction time and immobilization method, different enantiomeric excess of the reaction products was obtained.

References

[1] B. Szmigiel-Merena, M. Brzezińska-Rodak, M. Klimek-Ochab, P. Majewska, E. Żymańczyk-Duda, Half-Preparative Scale Synthesis of (S)-1-Phenylethane-1,2-Diol as a Result of 2-Phenylethanol Hydroxylation with *Aspergillus niger* (IAFB 2301) Assistance, *Symmetry*, 12 (2020), 989; DOI: 10.3390/sym12060989

Acknowledgements

The work was supported by the project Minigrants for doctoral students of the Wrocław University of Science and Technology

This study is based upon work from COST Action PLANTMETALS, CA19116, supported by COST (European Cooperation in Science and Technology).

Biotechnologia w biogazowni

Klaudia Dudek

Biogaz to mieszanina gazów powstająca w wyniku beztlenowego rozkładu substancji organicznych przez mikroorganizmy. W skład biogazu wchodzi głównie metan (50-75%) oraz dwutlenek węgla (25-50%). Wartość opałowa biogazu jest ściśle związana z zawartością metanu, co czyni go cennym źródłem energii. Produkcja podczas fermentacji przebiega w czterech fazach: hydrolizy, kwasogennej, octanogennej i metanogennej. Odpowiednio dobrane parametry dla poprawnego przeprowadzenia procesu przez bakterie archea, obejmują m.in.: kontrolę temperatury, hydrauliczny czas retencji, optymalne obciążenia komory ładunkiem zanieczyszczeń organicznych oraz eliminację inhibitorów procesu. Wiedza na temat mikroorganizmów i ich wymagań (np. pH, temperatura, stężenie mikroelementów) jest niezbędna, aby stworzyć odpowiednie warunki do ich działania. Do produkcji biogazu wykorzystuje się różnorodne substraty, w tym odchody zwierzęce, odpady rolnicze oraz przemysłowe. Na właściwy rozruch biogazowni istotny wpływ ma także odpowiednie inokulum, które skraca czas potrzebny do uzyskania 100% mocy. Problemy biologiczne w biogazowniach często wynikają z niewłaściwego doboru urządzeń oraz braku kontroli parametrów procesowych, jednak głównym powodem jest brak wiedzy biotechnologicznej, umożliwiającej dostosowanie procesu pod stan zastany.

W Polsce wiele biogazowni zmagających się z problemami technicznymi powstało na podstawie szablonowych projektów, co utrudnia ich efektywne wykorzystanie. Zróżnicowane właściwości substratów, zwłaszcza odpadów rolno-spożywczych, wymagają odpowiedniego przystosowania technologii, aby umożliwić skuteczne ich przetwarzanie. Biotechnologia

w biogazowniach nie tylko wpływa na efektywność produkcji biogazu, ale również na ekonomikę całego procesu, czyniąc inwestycje bardziej opłacalnymi.

Izolacja oraz charakterystyka bakterii produkujących biosurfaktanty wyizolowanych z ekosystemów Morza Bałtyckiego i fiordów norweskich

Dominika Jama¹, Anna Kancelista¹, Tomasz Janek¹

¹ Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Biosurfaktanty to naturalne środki powierzchniowo czynne wytwarzane przez mikroorganizmy, które w ostatnich latach zyskały znaczną popularność wśród naukowców na całym świecie. Dzięki amfifilowej budowie posiadają zdolność do obniżania napięcia powierzchniowego poprzez gromadzenie się na granicy dwóch faz o różnej polarności.

W odróżnieniu od syntetycznych surfaktantów, związki pochodzenia mikrobiologicznego charakteryzują się wysoką biodegradowalnością oraz niską toksycznością. Wykazują również większą stabilność w różnych warunkach pH, temperatury i zasolenia.

W ramach badań przeprowadzono izolację bakterii pochodzących z wody morskiej, a następnie identyfikację oraz ocenę ich zdolności do utylizacji różnorodnych źródeł węgla i produkcji biosurfaktantów. Sprawdzone kinetykę wzrostu mikroorganizmów, analizując tempo utylizacji poszczególnych źródeł węgla, produkcję biosurfaktantów, obniżanie napięcia powierzchniowego oraz produkcję biomasy. Wyniki badań wskazują, że nowo wyizolowane bakterie wykazują zdolność do efektywnego wzrostu na różnych substratach, co otwiera możliwość zastosowania alternatywnych, odpadowych źródeł węgla, takich jak wysłodki buraczane, otręby pszenne czy obierki marchewki. Wstępne próby hydrolizy wspomnianych odpadowych źródeł węgla, z użyciem komercyjnych enzymów, pozwoliły na wyznaczenie optymalnych warunków prowadzenia procesu, zwiększając dostępność substratów dla dalszych etapów produkcji biosurfaktantów.

Przeprowadzone badania mogą przyczynić się do rozwoju zrównoważonych i ekonomicznych procesów biotechnologicznych, wspierając jednocześnie gospodarkę obiegu zamkniętego oraz minimalizując odpady środowiskowe.

Podziękowanie: D.J. dziękuje Narodowemu Centrum Nauki (UMO- 2023/49/N/NZ9/00951) za wsparcie finansowe.

Ilościowe badanie oraz identyfikacja wybranych mikroorganizmów w wodzie poddanej procesowi filtracji.

Wiktorija Windak, Justyna Tarłowska, Olga Zaczek

Woda jest nieodłącznym zasobem naszej planety, koniecznym do przetrwania wielu gatunków. Jednocześnie stanowi środowisko życia dla wielu mikroorganizmów, które zaliczają się do typowej mikroflory wody, ale również dla tych, które zostały wypłukane z gleby lub dostały się do niej wraz ze ściekami.

Wprowadzenie plastikowych butelek znacząco ułatwiło transport i przechowywanie wody, jednak ich masowa produkcja przyczynia się do poważnych problemów ekologicznych, związanych z akumulacją niebiodegradowalnego plastiku w ekosystemach. Z tego powodu coraz większą uwagę poświęca się alternatywnym metodom pozyskiwania wody pitnej m.in. poprzez filtry domowego użytku, jak filtry w dzbankach lub bidonach. Z uwagi na obecność mikroorganizmów w wodzie, istotne staje się zbadanie bezpieczeństwa wody filtrowanej, aby nie wpływała ona negatywnie na organizm.

Celem niniejszego badania była ilościowa analiza oraz identyfikacja wybranych mikroorganizmów obecnych w wodzie poddanej filtracji różnymi typami filtrów. Skupiono się na identyfikacji bakterii *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* oraz *Clostridium perfringens*. W tym celu wykorzystano różne techniki identyfikacji m.in. technikę barwienia Grama oraz testy skupiające się na analizie bakterii o zróżnicowanych cechach biochemicznych i morfologicznych m.in. hodowlę na podłożach selektywnych, testy biochemiczne oraz testy wrażliwości na antybiotyki.

Zaobserwowano zmniejszoną ilość bakterii po procesie filtracji, natomiast najliczniejszą zidentyfikowaną grupą mikroorganizmów stanowiły bakterie z grupy *E. coli*

Słowa kluczowe: woda, filtry, *E. coli*, *Pseudomonas*, Gram ujemne, podłoża selekcyjne

Sesja posterowa/poster session

Analiza ekspresji genu DRB1 w komórkach plemnikowych, a hipoteza kryptycznego wyboru kobiety (ang. Cryptic Female Choice)

Zuzanna Smolarek, Aleksandra Łukasiewicz,

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

Szacuje się, że 1 na 6 osób na świecie doświadcza w swoim życiu problemu niepłodności. Dla 30% par przyczyna niepłodności pozostaje nieznana, co wiąże się z licznymi problemami i frustracją osób starających się o dziecko. Jednym z proponowanych wyjaśnień niepłodności idiopatycznej jest działanie pokopulacyjnego doboru płciowego w postaci kryptycznego wyboru kobiety (ang. Cryptic Female Choice; CFC). Hipoteza ta mówi, że organizm kobiety jest zdolny zminimalizować szansę na zapłodnienie komórki jajowej przez plemniki o haplotypach niekompatybilnych z jej własnym genomem. Badania na ten temat są jednak nieliczne, a jedynie mała część z nich opiera się o doświadczenia wykonane na komórkach ludzkich.

Jeden z postulowanych mechanizmów CFC zakłada, że w doborze pokopulacyjnym dużą rolę odgrywa główny układ zgodności tkankowej (ang. major histocompatibility complex; MHC). Ponieważ MHC jest kluczowy dla efektywnej odpowiedzi immunologicznej organizmu, sugeruje się, że łączenie się gamet osobników o różnych wariantach genów MHC powinno być faworyzowane, gdyż prowadzi do nabycia silniejszej immunokompetencji potomstwa.

Choć na powierzchni plemników nie ma białek z klasy MHC I, to w małej ilości występują białka z klasy MHC II. Do genów MHC II należy najbardziej polimorficzny w tej grupie gen DRB1. Badania wskazują, że ekspresja genu DRB1 w komórkach plemników może mieć związek z niepłodnością; u mężczyzn, którzy zmagają się z tym problemem ekspresja DRB1 jest podwyższona.

Nurtującą kwestią dla CFC pozostaje pytanie, w jaki sposób gamety miałyby przekazywać sobie sygnał o kompatybilności genów. Zakładamy, że podwyższona ekspresja genu DRB1 koreluje ze zwiększoną ilością białka DRB1 na powierzchni plemników. To z kolei, może być sygnałem dla kobiet, w odpowiedzi na który uruchamiane są mechanizmy wpływające na zdolność plemników do zapłodnienia. Zatem, celem niniejszego projektu jest ustalenie czy ekspresja genu DRB1 koreluje z obniżoną mobilnością plemników w płynie pęcherzykowym komórki jajowej.

W ramach projektu grantowego zamierzam zbadać poziom ekspresji genu DRB1 u 20 mężczyzn oraz zestawić go z prędkością poruszania się plemników w mieszaninie płynów pęcherzykowych komórek jajowych pochodzących od 5 kobiet. Dodatkowo, przy wykorzystaniu technik molekularnych zostanie ustalona sekwencja genu DRB1 u badanych mężczyzn.

Rezultaty projektu mogą znaleźć szerokie zainteresowanie nie tylko wśród biologów, ale również lekarzy, immunologów i innych. Uzyskane wyniki pozwolą też rzucić światło na problem medyczny dotyczący coraz więcej par i w przyszłości mogą przełożyć się na stosowne polityki związane ze wsparciem problemów z płodnością.

Development of the strategy for efficient and specific excision of CGG trinucleotide repeats in the *FMR1* locus using CRISPR-Cas9 technology

Natalia Stępczak, Adam Ciesiołka, and Krzysztof Sobczak

Department of Gene Expression, Institute of Molecular Biology and Biotechnology,

Adam Mickiewicz University in Poznań

Fragile X-associated Tremor/Ataxia Syndrome (FXTAS) and Fragile X Syndrome (FXS) are two diseases caused by the expansion of CGG trinucleotide repeats in the 5'UTR region of the *FMR1* gene. They originate from a trinucleotide repeat expansion containing from 55 to over 200 CGG repeats (CGG^{exp}). In the case of FXTAS, this results in elevated mRNA levels, which contribute to the reduction of fragile X mental retardation protein (FMRP) production and to the formation of toxic RNA from CGG^{exp}, as well as a toxic protein resulting from non-canonical translation of CGG^{exp}. In the case of FXS, FMRP production is very inefficient and often does not occur at all due to promoter methylation.

Use of the CRISPR-Cas9 system to remove the CGG^{exp} sequence from the *FMR1* gene is considered as one of the possible therapeutic strategies in FXTAS and FXS. In an earlier project, we identified the six most effective sgRNAs targeting regions upstream and downstream of CGG^{exp}.

The aim of this research was the generation and evaluation of a series of genetic constructs for specific CGG^{exp} excision. Each contains two sgRNAs (targeting sequences upstream and downstream of CGG^{exp}) and their simultaneous expression is possible. This was achieved by using two independent transcription units regulated by two U6 promoters. Several of these double constructs were created, each encoding two gRNAs. Each also contain an independent transcription unit for overexpression of Cas9 recombinase. The next goal was the modification of these constructs by adding a mutation within the Cas9 sequence that inactivates one of its two catalytic domains and has nickase activity. This allows for more specific targeting of the CGG^{exp} locus, with fewer off-targets.

This experiment resulted in the successful generation of two variants of constructs: both with two U6 promoter-driven sgRNAs, but each with a different variant of Cas9. The generated constructs' efficiency was tested in HEK293 cells, as well as a HEK293 Flp-in line containing 95 CGG repeats. After transfection, it was determined that all wild-type Cas9 constructs very efficiently excised CGG^{exp}, while two Cas9 nickase constructs showed modest efficiency.

The c-myc Promoter Binding Protein (MBP-1) in cancer therapy

Aleksandra Sznal

Veterinary Medicine Faculty, University of Environmental and Life Sciences, Wrocław, Poland

The proto-oncogene c-myc plays a central role in regulating cell growth, proliferation, and differentiation, with its dysregulation leading to cancer development. MBP-1, a variant of the glycolytic enzyme alpha-enolase, acts as a tumor suppressor by downregulating c-myc through binding to its P2 promoter, inducing apoptosis, and inhibiting tumor growth. Despite its therapeutic potential, recent findings by Hippner-Kunicka et al. (2023) revealed that overexpression of MBP-1 predominantly results in its cytoplasmic accumulation, where it promotes cancer cell proliferation and maintains the Warburg effect, highlighting the poor efficiency of MBP-1 transport to the nucleus. To address this limitation, three strategies are proposed. First, tagging MBP-1 with a Nuclear Localization Signal (NLS) to facilitate its transport into the nucleus by leveraging the cell's nuclear import machinery. Second, splitting MBP-1 into its functional domains—one for c-myc promoter binding and another for inducing cell death. Third, combining these approaches. Thus, further research is necessary to validate these strategies and fully understand their potential in enhancing MBP-1's nuclear localization and therapeutic effectiveness in cancer treatment.

Nonadult endocranial lesions case study from late antique sipar in Croatian Istria

Katarzyna Talarczyk¹, Željka Bedić², Mario Novak^{2,3}, Jarosław Walkowiak¹

¹Department of Pediatric Gastroenterology and Metabolic Diseases, University of Medical Sciences, Poznań, Poland

²Centre for Applied Bioanthropology, Institute for Anthropological Research, Zagreb, Croatia.

³Department of Archaeology and Heritage, Faculty of Humanities, University of Primorska, Koper, Slovenia

k.talarczyk@ump.edu.pl

During life, the human skeleton changes through processes of modeling and remodeling. These processes are also mechanisms of bone tissue response to stress. In the bioarchaeological context, the skeletal stress reaction in archaeological populations functions as indicators of various medical conditions, from disease and malnutrition to systemic biological stress. This case study report aims to collect interdisciplinary research data on the pathology in question and indicate the most likely diagnosis.

Skeletal conditions are often lengthy in the identification and interpretation process. One of the limitations in nonadult palaeopathological diagnostics is the individual's growth process with the new fiber bone formation. The new physiological layer is then indistinguishable from that resulting from inflammation or hemorrhage as a consequence of a disease. Our review of databases and professional literature regarding endocranial lesions was comprehensive. We meticulously selected stress markers that may have caused the discussed changes in the skull, ensuring a thorough and credible analysis.

The nonadult individual buried in the late Roman Period Sipar excavation site in Istria region, where burial is dated from the 5th to the 7th century AD, presents a skeletal stress reaction. The skull exhibited endocranial lesions with maze-like appearance on the parietal bone near the coronal suture and localized cribra orbitalia in both eye sockets.

Endocranial lesions have been recorded in different periods and locations. However, the etiology of this stress marker is still under debate. The most likely resolution based on a thorough and comprehensive differential diagnosis is selected, providing a solid basis for our conclusion.

Keywords: nonadult paleopathology, cranial pathology, Hair-on-end, Serpens Endocrania Symmetrica, endocranial capillary formations

Związek poziomu histonu H1 z homocysteiną u pacjentów z chorobą żylną-zakrzepową

Adrianna Żukowska

Histony stanowią integralną część nukleosomu i odgrywają rolę w regulacji transkrypcji oraz ekspresji genów. Mogą również występować w cytoplazmie lub przestrzeni zewnątrzkomórkowej, szczególnie w odpowiedzi na uszkodzenia DNA, gdzie biorą udział w inicjowaniu lub nasilaniu odpowiedzi zapalnych w różnych tkankach. Chociaż pozajądrowe i zewnątrzkomórkowe histony są związane z odpowiedzią immunologiczną na patogeny, to zostały także powiązane z rozwojem kilku stanów patologicznych, w tym chorób neurodegeneracyjnych. Badania mózgow osób cierpiących na choroby neurodegeneracyjne wskazują, że H1 jest uwalniany do przestrzeni zewnątrzkomórkowej, gdzie może wpływać na neurony i mikroglej. Wykazano, że histony łącznikowe przyczyniają się do patogenezы chorób autoimmunologicznych poprzez indukowanie toksyczności, charakteryzującej się podwyższonymi poziomami przeciwciał przeciwko histonom. Udowodniono, że przeciwciała mogą przenikać przez barierę krew-mózg i wiązać się z H1 na powierzchniach neuronów. Inna hipoteza zakłada, że w kontekście zaburzeń mózgu histony H1 mogą działać podobnie jak peptydy przeciwdrobnoustrojowe, wywołując odpowiedź immunologiczną przeciwko neuronom.

Dysregulacja metabolizmu jednowęglowego jest związana z podwyższonymi poziomami homocysteiny, która została zidentyfikowana jako czynnik ryzyka chorób neurodegeneracyjnych. Podwyższone poziomy homocysteiny (Hcy) są związane z kilkoma chorobami, w tym z chorobami układu krążenia, chorobą Alzheimera i udarem mózgu. Najnowsze badania koncentrują się na histonach pozajądrowych w chorobach neurodegeneracyjnych, szczególnie w chorobie Alzheimera. Relacja między zewnątrzkomórkowymi histonami a homocysteiną nie została jeszcze dokładnie zbadana. Jednakże patologiczne mechanizmy wywoływane przez homocysteinę mogą aktywować odpowiedź na uszkodzenia DNA (DDR) oraz wzorce molekularne związane z zagrożeniem (DAMP), takie jak histon H1.

Analiza osocza pacjentów z chorobą żylną-zakrzepową charakteryzująca się podwyższonym poziomem homocysteiny wykazała podwyższony poziom H1 i przeciwciał anty-H1. Badania na modelu komórkowym wykazały, że podwyższony poziom homocysteiny wpływa na poziom histonów zewnątrzkomórkowych. Co więcej, zwiększony poziom histonów wpływał na zaburzenia metabolizmu jednowęglowego.

Biorąc pod uwagę wszystkie dane, można rozsądnie zasugerować, że histon łącznikowy może być potencjalnym biomarkerem chorób charakteryzujących się podwyższonymi poziomami całkowitej homocysteiny.

History of biological databases, their importance and existence in modern scientific and political context

Mikołaj Danielewski¹, Jarosław Walkowiak¹, Karolina Wielgus¹

¹ Department of Pediatric Gastroenterology and Metabolic Diseases, Poznan University of Medical Sciences, ul. Szpitalna 27/33, 60-572 Poznan, Poland

With the development of genome sequencing technologies, the amount of data produced has vastly increased in the span of the last two decades. The abundance of DSI (Digital Sequence Information) is undeniably an overall net positive for both the scientific community and the world, as it has provided countless research opportunities, improved our understanding of the genome, and led to the discovery of new solutions to our problems in both industry and medicine. On the other hand, it has also posed some challenges, and given rise to certain specific issues. Most obviously, there is a question of how to store and handle such amounts of data. This, coupled with the need for convenience, international cooperation, and possibility of independent validation, led to the establishment of numerous databases with sole purpose of providing access to their contents. Spearheaded with the idea that data obtained with funds from public should be available to it, open access has been slowly becoming the predominant mode of accession. It ensures fairness to all, and has been a huge boon for productivity of scientific community. However, together with increasing popularity of commercial genetic tests, it also brings back the topic of data misuse, and patient's privacy. On the previous United Nations Biodiversity Conference (COP15, 2022), an issue of the poor countries exploiting their natural resources while providing DSI, and the rich countries benefitting from this has been raised. It has been proposed that financial remuneration for the data from poorer countries could help protect their biodiversity. In relation to this year's United Nations Biodiversity Conference (COP16, 21.10 – 1.11.24), we discuss the history behind the biological databases, their necessity in today's scientific world, and the issues that concern them and their content, while providing scientific-political context.

This research was funded by the National Science Centre, Poland, grant number 2017/26/E/NZ5/00851

Grzyby jako rezerwar związków bioaktywnych o potencjale farmakologicznym

Gustaw Czernik-Makowiecki, Kinga Piłarska-Dudziak

Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, ul. Chelmońskiego 37, 51-630 Wrocław, SKN CulturaLab

Grzyby posiadają długą tradycję stosowania w celach leczniczych. Pierwsze wzmianki o ich wykorzystaniu sięgają starożytnych Chin. Przedstawiciele dynastii Han już w 206 p.n.e. – 220 n.e. znaleźli zastosowanie dla lakownicy żółtawej [*Ganoderma lucidum* (Curtis) P. Karst.] jako remedium na poprawę odporności i wspomaganie pracy serca (Seweryn i wsp., 2021). Twardziak jadalny (japoński shiitake) [*Lentinula edodes* (Berk.) Pegler] zaciera granicę między składnikiem naszych ulubionych dań, a tym co rozumiemy jako naturalny środek leczniczy (Ahmad i wsp., 2023).

Na przestrzeni ostatnich trzech dekad intensywnie rozwinęły się interdyscyplinarne dziedziny nauki zajmujące się badaniem grzybów, co umożliwiło wykazanie ich potencjału farmakologicznego. Prezentowana praca dotyczy przeglądu wybranych gatunków grzybów pod kątem zastosowania zawartych w nich substancji w celach leczniczych.

Polisacharydy znajdujące się we wrośniaku wielobarwnym [*Trametes versicolor* (L.) Lloyd] stanowią obiecujące narzędzie do terapii wspomagającej leczenie nowotworów (Habtemariam, 2020). Soplówka jeżowata [*Hericium erinaceus* (Bull.) Pers.] jest bogata w związki bioaktywne o potencjalnych właściwościach neuroregeneracyjnych (Szućko-Kociuba i wsp., 2023). Błyskoporek podkorowy [*Inonotus obliquus* (Ach. ex Pers.) Pilát] może zostać wykorzystany jako środek przeciwutleniający (Szychowski i wsp., 2021). Maczużnik bojowy [*Cordyceps militaris* (L.) Fr.] zawiera kordycepinę o silnych właściwościach przeciwzapalnych (Phull i wsp., 2022).

1. Ahmad, I., Arif, M., Xu, M., Zhang, J., Ding, Y., Lyu, F. (2023). Therapeutic values and nutraceutical properties of shiitake mushroom (*Lentinula edodes*): A review. *Trends in Food Science & Technology*, 134, 123-135.
2. Habtemariam, S. (2020). *Trametes versicolor* (Synn. *Coriolus versicolor*) polysaccharides in cancer therapy: Targets and efficacy. *Biomedicines*, 8(5), 135.
3. Phull, A. R., Ahmed, M., Park, H. J. (2022). *Cordyceps militaris* as a bio functional food source: pharmacological potential, anti-inflammatory actions and related molecular mechanisms. *Microorganisms*, 10(2), 405.
4. Seweryn, E., Ziała, A., Gamian, A. (2021). Health-promoting of polysaccharides extracted from *Ganoderma lucidum*. *Nutrients*, 13(8), 2725.
5. Szućko-Kociuba, I., Trzeciak-Ryczek, A., Kupnicka, P., Chlubek, D. (2023). Neurotrophic and neuroprotective effects of *Hericium erinaceus*. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(21), 15960.
6. Szychowski, K. A., Skóra, B., Pomianek, T., Gmiński, J. (2021). *Inonotus obliquus*—from folk medicine to clinical use. *Journal of traditional and complementary medicine*, 11(4), 293-302.

Electrochemical fingerprints for identification of A β peptides related to Alzheimer's disease

Katarzyna Biernat ^{a*}, Nina E. Wezynfeld ^a, Wojciech Wróblewski ^a, Patrycja Ciosek-Skibińska ^a, Aleksandra Tobolska ^a

- a) Chair of Medical Biotechnology, Faculty of Chemistry, Warsaw University of Technology, Warsaw, Poland
* Corresponding author: katarzyna.biernat.dokt@pw.edu.pl

It is believed that β -amyloid (A β) peptides play a crucial role in Alzheimer's disease (AD) due to the formation of toxic oligomers in the AD brain, which leads to neuronal death. These peptides are, therefore, considered as biomarkers of AD, emphasizing the need to develop rapid and simple methods for their detection. Up to now, numerous forms of A β peptides have been identified in the human body, revealing distinct differences in their concentrations between healthy individuals and those affected by the disease. Moreover, some forms exhibit exceptionally high toxicity. However, current diagnostic methods focus exclusively on determining the A β_{1-42} /A β_{1-40} ratio, losing sight of the broad spectrum of other forms that may be just as important as the routinely detected A β peptides.

A β peptides bind transition metal ions, such as Cu(II). The complexes' distinct structural and thermodynamic properties, determined by the peptide sequence, can influence their redox activity. Recent studies have shown that this feature can be exploited to recognize specific peptide sequences [1].

The research aimed to develop a novel strategy for detecting A β peptides, schematically illustrated in Figure 1. The proposed approach involves voltammetric measurements utilizing working electrodes, such as gold and glassy carbon, along with the application of chemometric tools. The goal of this method is to generate and identify characteristic fingerprints of individual A β analogs, facilitating their precise identification in further studies. Due to their sensitivity, high signal-to-noise ratio, and potential for miniaturization, electrochemical methods could offer an attractive alternative to mass spectrometry or antibody-based A β peptide analysis in AD diagnostics.

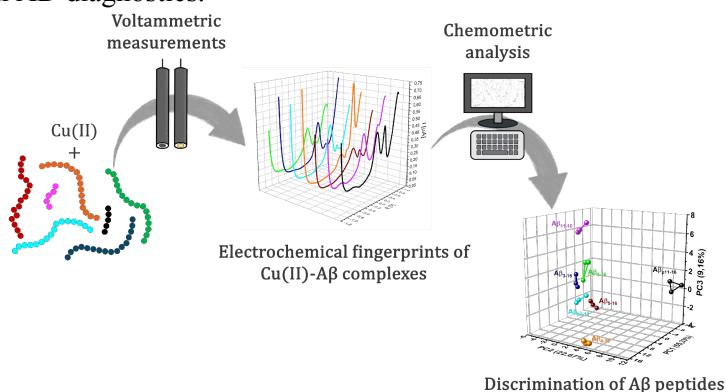


Figure 1. Schematic representation of the experimental design.

Acknowledgements: Research was funded by the Warsaw University of Technology within the Excellence Initiative: Research University (IDUB) programme, WELCOME ON BOARD, project no. PSP 504/04496/1020/45.010427.

□ A. Tobolska, K. Głowacz, P. Ciosek-Skibińska, W. Bal, W. Wróblewski, N.E. Wezynfeld, Dalton Trans. 2022, 51, 18143–18151.

Mechanizmy deregulacji genu HAKAKIRI w ostrej białaczce limfoblastycznej z komórek

Natalia Maćkowska-Maślak

T-komórkowa ostra białaczka limfoblastyczna (T-ALL) jest agresywnym nowotworem hematologicznym. Zahamowanie procesu śmierci komórki jest zdarzeniem charakterystycznym dla komórek nowotworowych. Indukcja apoptozy stanowi potencjalną opcję terapeutyczną, także dla pacjentów T-ALL. Aby dokładnie zidentyfikować pacjentów, którzy mogliby odnieść korzyść z takiej terapii celowanej, konieczne jest scharakteryzowanie mechanizmów deregulacji apoptozy. W naszych badaniach wykorzystujemy dane multiomiczne w celu scharakteryzowania mechanizmów deregulacji proapoptotycznego genu HAKAKIRI (HRK) o potencjalnej roli supresorowej w T-ALL.

Celem badań było poznanie alternatywnych do mutacji mechanizmów deregulacji proapoptotycznego genu HRK w T-ALL z szczególnym uwzględnieniem zaburzeń metylacji DNA oraz regulacji przez miRNA.

Wykonano sekwencjonowanie miRNA (miRNA-seq) 63 pacjentów T-ALL oraz tymocytów kontrolnych. Inhibicję miR-625-5p przeprowadzono z użyciem systemu miR-Zip w liniach T-ALL. Identyfikację genów docelowych dla miR-625-5p wykonano za pomocą sekwencjonowania RNA pochodzącego z immunoprecypitacji kompleksów RISK (Ago2-RIP-seq). Oddziaływanie miR-625-5p z 3'UTR HRK potwierdzono za pomocą testów lucyferazowych. Zmianę poziomu białka HRK po inhibicji miR-625-5p sprawdzono za pomocą Western Blot. Dla 54/63 pacjentów wykonano sekwencjonowanie transkryptomu (mRNA-seq). Poziom metylacji DNA genu HRK oznaczono wykorzystując dane z macierzy metylacyjnych EPIC Illumina.

Wykorzystując dane miRNA-seq wykazaliśmy nadekspresję miR-625-5p u pacjentów T-ALL. Używając Ago2-RIP-seq zidentyfikowaliśmy 384 potencjalne geny docelowe dla miR-625-5p. Analiza nadreprezentacji wskazała na udział tych genów w regulacji procesu apoptozy. Wśród listy genów docelowych znaleźliśmy HRK. Potwierdziliśmy bezpośrednie oddziaływanie miR-625-5p z 3'UTR HRK z użyciem testów lucyferazowych. Wykazaliśmy, że inhibicja miR-625-5p w linii komórkowej T-ALL prowadzi do utraty przewagi wzrostu w hodowli, a także podwyższenia poziomu białka HRK. Bazując na danych transkryptomicznych wskazaliśmy obniżoną ekspresję HRK u pacjentów T-ALL. Bazując na danych z macierzy metylacyjnych wykazaliśmy zaburzenia poziomu metylacji DNA w regionie regulatorowym genu HRK. Integracja danych WGS i RNA-seq wykazała delecję obejmującą HRK u jednego pacjenta.

Represja pro-apoptotycznego genu HRK przez nadekspresyjny miR-625-5p oraz zaburzony poziom metylacji w regionie regulatorowym genu stanowią nowe mechanizmy onkogenne przyczyniające się do patogenezy T-ALL.

Finansowanie projektu: NSC_Poland_2021/41/N/NZ2/0224, STARTEGMED3/30456/5/NCBR/2017, European_Union's_Horizon_2020_Grant: 952304

Utilization of Whey as an Alternative Medium for the Cultivation of Lactic Acid Bacteria in the Biotechnological Valorization of Spent Coffee Grounds

Anna Gabor¹, Monika Kudelska¹, Monika Słomka¹, Łukasz Wysocki^{1,2}, Joanna Żylińska-Urban²

¹EcoBean Sp. z o.o. ul. Koszykowa 75, 00-662 Warsaw, a.gabor@ecobean.pl

²Chair of Drug and Cosmetics Biotechnology, Faculty of Chemistry, Warsaw University of Technology

The aim of the study was to determine the possibility of using whey as an alternative medium for the cultivation of lactic acid bacteria (LAB) inoculum used in the production of lactic acid on spent coffee grounds. The dedicated medium for LAB is De Man, Rogosa and Sharpe (MRS) medium, however, the pursuit of cost reduction and reduction of the carbon footprint requires the search for more sustainable raw materials.

Obtained results suggest that whey can effectively replace the more expensive MRS medium, making the lactic acid production process more environmentally friendly and economically viable, without negatively affecting the efficiency. This change supports sustainable development by reducing greenhouse gas emissions and improving waste management through the reuse of by-products like whey and spent coffee grounds.

During this study, lactic acid bacteria were cultured in 250 ml flasks and 2-liter bioreactors on whey, MRS broth and medium derived from spent coffee grounds. Whey and MRS broth were used for inoculum multiplication. Lactic acid production was assessed by enzymatic assays. Bacterial growth was assessed based on viability determined by plating decimal dilutions of bacterial cultures on MRS agar medium and counting of colony forming units (CFU). Culture density was also used to control microbial growth.

Improving the total polyphenol content of coffee silverskin through microbial fermentation for the development of functional food additives

Nadia Guzińska^{1*}, Edyta Kordialik-Bogacka¹

¹Institute of Fermentation Technology and Microbiology, Faculty of Biotechnology and Food Sciences, Lodz University of Technology, Lodz, Poland

* nadia.guzinska@dokt.p.lodz.pl

The food production is associated with generation of the food waste. Some of this by-products can be reused, in line with the zero-waste concept, to formulate new products. Coffee silverskin is one of the by-products of coffee production with application potential. Due to its content of phenolic compounds, coffee silverskin can be used as an ingredient in the production of functional foods, supporting the idea of sustainable development.

The aim of the study was to increase the sustainability of coffee production processes. For this purpose, coffee silverskin was fermented to enable its valorization, allowing its subsequent use as a functional food additive. Fermentation was carried out using single strains, pairs, and a consortium of SCOBY (Symbiotic Culture of Bacteria and Yeast). The fermentation process lasted for 48 hours at 38°C. The plate method and pH measurement were used to monitor the kinetics of fermentation. The Folin-Ciocalteu method was used to detect the total phenolic content, and DPPH and ABTS assays were employed to measure radical scavenging activity. Sample preparation and analysis were performed in triplicate, and the results were subjected to statistical analysis, with differences considered significant at $p < 0.05$.

The results showed that the quantity of microbial cells increased significantly, while the pH decreased in each sample. The fermentation process using pairs of microorganisms and the consortium increased the phenolic compound content in coffee silverskin. In contrast, using monocultures for this process resulted in a decrease in the phenolic content of the analyzed coffee silverskin samples. An increase in the antioxidant activity of coffee silverskin was observed as a result of fermentation, regardless of the microorganisms used.

Coffee silverskin is a great medium for fermentation using microorganisms from SCOBY. The fermented coffee silverskin has significant potential as a valorized by-product. It has great potential to be successfully used as a functional food ingredient and to support sustainable coffee production practices.

Keywords: coffee silverskin, fermentation, sustainability, zero waste, functional food.

Bioługowanie telluru z wykorzystaniem drożdży *Rhodotorula mucilaginosa*: synteza, wydzielanie i charakterystyka nanocząstek telluru za pomocą SP-ICP-MS/MS

Paulina Zielonka¹, Jolanta Mierzejewska¹, Magdalena Borowska¹

¹Wydział Chemiczny, Politechnika Warszawska, ul. Noakowskiego 3, 00-664 Warszawa

Tellur jest jednym z najrzadziej występujących pierwiastków na Ziemi. Znajduje on zastosowanie w różnych gałęziach przemysłu, m.in. do produkcji paneli fotowoltaicznych. W ostatnim czasie, uwaga naukowców skupia się na rozwoju technologii umożliwiających odzyskiwanie telluru ze zużytych paneli. Przypuszcza się, że jednym ze sposobów odzysku pierwiastków z odpadów elektronicznych może być proces bioługowania z wykorzystaniem drożdży *Rhodotorula mucilaginosa*, które wykazują tolerancję na obecność jonów Te(IV). Mikroorganizmy te posiadają zdolność do redukcji jonów Te do nierozpuszczalnych i mniej toksycznych nanocząstek telluru (TeNPs).

Celem przeprowadzonych badań było opracowanie biosyntezy TeNPs z wykorzystaniem drożdży *Rhodotorula mucilaginosa*, metody ich wydzielania i charakterystyki z użyciem technik spektrometrycznych. Hodowle prowadzono w pożywce Sabouraud Dextrose Broth w temperaturze 20°C, w warunkach ograniczonego dostępu tlenu. Stężenie początkowe Te(IV) wynosiło odpowiednio 40mM i 2mM. Stosując pomiar stężenia komórek w hodowli metodą rozcieńczeń oraz pomiar gęstości OD₆₀₀ wykazano, że wzrost komórek drożdżowych jest hamowany obecnością Te(IV) po szóstej godzinie.

W kolejnym kroku otrzymaną biomasę drożdżową, wzbogaconą w Te, poddano procesowi ekstrakcji mechanicznej w celu wydzielania TeNPs. Wpływ warunków ekstrakcji na parametry fizykochemiczne TeNPs zbadano za pomocą tandemowego spektrometru mas z jonizacją w plazmie sprzężonej indukcyjnie pracującego w trybie analizy pojedynczej cząstki (SP-ICP-MS/MS). Technika ta umożliwiła określenie rozmiaru oraz rozkładu wielkości otrzymanych cząstek, a także oszacowanie wydajności konwersji Te(IV) do TeNPs. Stwierdzono, że przy dłuższym czasie ekstrakcji średnica nanocząstek zmniejszyła się. Dodatkowo, obecność TeNPs potwierdzono przy użyciu skaningowej mikroskopii elektronowej z funkcją pomiarów transmisyjnych (STEM). Wykazano, że rozmiar nanocząstek najczęściej występujących w próbce mieścił się zakresie 75-105 nm, co jest potwierdzeniem wyników uzyskanych za pomocą SP-ICP-MS/MS.

Badania były współfinansowane z grantu konkursowego „Talenty Jutra” organizowanego przez Fundację Empiria i Wiedza oraz Wydział Chemiczny Politechniki Warszawskiej.

Potential use of waste raw materials for bioethanol production.

Paulina Zymela

Politechnika Łódzka, Wydział Biotechnologii i Nauk o Żywności, Studenckie Koło Naukowe Biotechnologów „FERMENT”
Biotechnologia, IV rok I stopnia
zymelcia@gmail.com

In 2023, the United States of America consumed more than 20 million barrels of gasoline per day. The growing demand for fuels is the reason for the search for new, renewable sources of fuels or their additives. New, preferred energy sources should have a smaller impact on global warming and emit fewer greenhouse gases than conventional fuels. Their source should be infinite, unlike the currently dominant fossil fuels.

One solution may be biofuels. These are substances of plant origin with properties analogous to conventional fuels. Depending on the raw material used, they can be divided into four separate generations: from edible raw materials, from inedible raw materials, from algae and from microalgae. Second-generation biofuels are usually produced from food industry waste, such as beet pulp or apple pomace, or agricultural waste, such as straw or tree leaves. This approach is consistent with the assumptions of the circular economy and does not deepen the problem of insufficient food in the world.

The research described in this poster focuses on finding the best possible waste source of bioethanol, which can be used as a substitute for conventional gasoline or as an additive to it, minimizing the use of fossil fuel.

Sources:

- 1) Frequently Asked Questions (FAQs) - U.S. Energy Information Administration (EIA). (2024, October 9). U.S. Energy Information Administration (EIA). <https://www.eia.gov/tools/faqs/faq.php?id=33&t=6>, access: 2024, November 5.
- 2) Priya, N., Deora, P. S., Verma, Y., Muhal, R. A., Goswami, C., & Singh, T. (2021). Biofuels: An alternative to conventional fuel and energy source. *Materials Today Proceedings*, 48, 1178–1184.
- 3) Liu, Y., Cruz-Morales, P., Zargar, A., Belcher, M. S., Pang, B., Englund, E., Dan, Q., Yin, K., & Keasling, J. D. (2021). Biofuels for a sustainable future. *Cell*, 184(6), 1636–1647. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.01.052>

Sponsorzy/Sponsors



SYMBIOS LIFE SCIENCES

Symbios has been providing innovative solutions for 30 years, supporting research in genomics, proteomics, cell biology, and other fields of molecular biology. Our highly qualified team integrates knowledge, talent, and experience, contributing to the success of our partners. In response to the challenges of the rapidly advancing biotechnology industry, we continually enhance the quality of our services by sharing the latest insights and offering comprehensive support at every stage of collaboration.



The Foundation for the Development of Biotechnology and Genetics 'POLBIOGEN' is an independent, financially autonomous, institution established to fulfill the mission of supporting biotechnology and genetics and realize research projects in these scientific areas. The Foundation fulfills its statutory objectives by supporting biotechnological scientific research in all areas of our life with particular emphasis on health protection, agriculture and environmental protection with industry as its main end-user. Some of the major activities of the Foundation include: granting scholarships, allocation of subsidies for the realization of implementation projects and ordering projects which have direct practical implications. The Foundation is not supported by the state budget and obtains financial resources for its statutory activities from the cooperation with domestic and foreign businesses and private persons.



Merck Life Science is a global leader in providing solutions and services for research, biotechnology, and pharmaceutical drug therapy development and production. Our top-tier lab materials, tools, services, and digital platforms support scientists and engineers at every stage, accelerating breakthrough therapies. We offer 300,000 products, a global presence, and an industry-leading eCommerce platform. Discover our wide range of solutions for cell culture, protein research, molecular biology, and analytics.

www.SigmaAldrich.com

Cormay Diagnostics is a Polish manufacturer of high-quality reagents and a distributor of medical equipment. For nearly 40 years, the company has been producing and delivering diagnostic solutions to laboratories in over 150 countries worldwide. By combining extensive experience with the latest scientific advancements, Cormay Diagnostics offers expert support and comprehensive service.

The product portfolio includes, among others, biochemical, hematology, and immunochemistry analyzers, equipment for molecular biology testing, and urine analysis devices, all of which support precise diagnostics, enabling comprehensive health monitoring for both humans and animals. The offered laboratory solutions are designed for human and veterinary medical facilities,

as well as research institutions.





ISBN 978-83-943832-7-5

