

NAUKI PRZYRODNICZE



„NASI TU BYLI”,
CZYLI MIKROPLASTIK
W UJĘCIU GEOLOGICZNYM

Mikroplastik to wszelkie tworzywa sztuczne o średnicy nieprzekraczającej 5 mm. Mogą być nim na przykład drobinki dodawane do pasty do zębów lub do peelingu albo powstałe na skutek rozpadu większych fragmentów włókna oddzielające się z poliestrowej odzieży w czasie prania. Dzisiaj wiemy już, że mikroplastik występuje w środowisku naturalnym w ogromnej skali i nie pozostaje dla niego obojętny. Czy w nadmiarze wszechogarniającego zanieczyszczenia tworzywami sztucznymi jest się czego obawiać także i ze strony tych najmniejszych plastikowych drobinek?

Od biegunów, przez szczyty Korony Ziemi, po jeszcze odleglejszy Księżyć człowiek zaznaczał swoją ekspansję, stawiając symboliczną flagę jako namacalny dowód przekraczania dotychczasowych granic eksploracji. Nawet wtedy, kiedy sam zdobywca ruszy dalej, w założeniu flaga miała nadal pozostać na miejscu jako świadectwo dla kolejnych odkrywców, którzy umieszczają w tym miejscu także i swoje proporce. Obecnie znajdujemy się jednak w takim momencie historii, w którym flaga wyprzedza zdobywcę. Nasza obecność zaznacza się bowiem dużo głębiej, dalej i wyżej niż my sami. Dzieje się to nie zawsze zgodnie z naszą intencją i coraz rzadziej jest to efekt zamierzony. Człowiek dociera w nowe, niedostępne dotychczas miejsca, żeby z przerażeniem odkryć w nich ślady swojej masowej bytności. A przecież wydawałoby się, że tam ludzi właściwie jeszcze nie było.

W głębinach oceanicznych i na ośnieżonych szczytach obserwujemy ślady, które nawet laik bez problemu powiązałby z obecnością przedstawiciela gatunku *Homo sapiens*, żyjącego nie wcześniej niż w połowie XX wieku. Żadne naturalne zjawisko ani żaden inny gatunek nie wytwarza bowiem tworzyw sztucznych. Ich obecność wskazuje na działalność antropogeniczną tak jednoznacznie, jak ślady odcisków palców. Wśród tworzyw sztucznych masowo przedostających się do środowiska to mikroplastik wyróżnia się szczególnie dzięki swojej wszędobylskości. Ze względu na jego rozmiar takie tworzywo sztuczne jest nam najtrudniej monitorować. Przez ostatnie kilkadziesiąt lat łatwo było więc po prostu pomijać jego istnienie lub go nie zauważać. Dzisiaj akumulacja tych najmniejszych odpadów plastikowych w środowisku jest tak ogromna, że trudno je dłużej ignorować. Co gorsza, wydaje się, że nie sposób się ich ze środowiska całkowicie pozbyć.

Dzięki badaniom naukowców z całego świata na tę chwilę udało się rozpoznać część źródeł i dróg, jakimi mikroplastik przedostaje się do środowiska. Na podstawie dotychczasowych obserwacji podjęto też szereg inicjatyw mających na celu ograniczenie dodawania mikroplasti-

ku do kosmetyków, likwidację składowisk śmieci (które poza szeregiem innych zagrożeń są również źródłami emisji mikroplastiku do środowiska), a także głośnie ostatnio zminimalizowanie stosowania tych nadzwyczaj trwałych materiałów w jednorazowych opakowaniach, słomkach czy sztućcach. Mimo tych wszystkich działań wciąż jesteśmy daleko od zatrzymania transmisji mikroplastiku do środowiska, a jeszcze dalej od jego trwałego usunięcia z ekosystemów.

Nadal dość zagadkowy pozostaje sam wpływ zanieczyszczenia mikroplastikiem na zdrowie człowieka. Obecnie prowadzi się badania dotyczące tego zagadnienia, a wnioski z nich płynące są co najmniej alarmujące. Co rusz dochodzą do nas niepokojące informacje, jak na przykład ta, że mikroplastik został wykryty w ludzkim łożysku. Tym pilniejsze wydaje się zatem dokładne rozpoznanie tego, jakie rodzaje tworzyw sztucznych (z ponad 4 tysięcy dotychczas wynalezionych), w jakiej formie, kształcie, ilości, skąd pochodzące i co na sobie przenoszące znajdują się w środowisku.

Najlepiej rozpoznane, chociaż wciąż za mało, jest rozprzestrzenianie się mikroplastiku zarówno poprzez środowisko wodne, jak i w nim samym. Istnieje też szereg ciekawych publikacji na temat tego, w jaki sposób mikroplastik włączany jest do łańcucha troficznego, a ostatecznie łąduje na naszym talerzu. Nieco słabiej zbadany jest mikroplastik unoszący się w powietrzu i ten sposób gromadzący się na łądach. Te dwa ostatnie aspekty są szczególnym obiektem zainteresowania badań prowadzonych w Instytucie Nauk Geologicznych UJ. Do tej pory badaczom udało się między innymi częściowo rozpoznać zjawisko występowania mikroplastiku w powietrzu na terenie miasta Krakowa.

Interesującym aspektem występowania mikroplastiku w środowisku są też rozważania na temat tego, czy ma on realny potencjał wyznaczenia granicy proponowanej nowej epoki geologicznej – antropocenu. Początek dominacji człowieka na taką skalę, jaką znamy obecnie, jest

zbieżny z wynalezieniem tworzyw sztucznych, a przez swoją trwałość i wszechobecność mikroplastik ma duże szanse na zostanie wskaźnikiem antropocenu w zapisie geologicznym. Mikroplastik może więc pełnić rolę odpowiednika globalnej flagi, zaznaczającej obecność i dominację człowieka na Ziemi w tym czasie.

Oba te aspekty – dotyczące teraźniejszości oraz przyszłości – są przedmiotem badań w Instytucie Nauk Geologicznych UJ we współpracy z naukowcami z Wydziału Chemii UJ, Centrum Energetyki AGH i Instytutu

Geografii Uniwersytetu Pedagogicznego. Badania są prowadzone między innymi w ramach projektu Diamentowy Grant „Mikroplastik we współczesnych osadach jako potencjalny wskaźnik antropocenu – analiza ilościowa i jakościowa”. W Instytucie Nauk Geologicznych UJ podejmowanych jest też wiele innych badań związanych z problematyką „epoki człowieka”, na przykład analiza innych zanieczyszczeń powietrza, w tym cząstek magnetycznych czy badania możliwości odzyskiwania pierwiastków z odpadów.

i

Diamentowy Grant: DI2017 021647.

Opiekun naukowy projektu: prof. dr hab. inż. Marek Michalik (Instytut Nauk Geologicznych UJ).

Kierowniczka projektu: mgr inż. Kinga Jarosz.

Współpracownicy: prof. Wanda Wilczyńska-Michalik (Instytut Geografii UP), dr Rafał Janus (Centrum Energetyki AGH), dr Mariusz Wądrzyk (Centrum Energetyki AGH), dr Piotr Natkański (Wydział Chemii UJ).



/cafenauka

www.nauka.uj.edu.pl



**NANOMASZYNY INSPIROWANE
NATURĄ O ZDOLNOŚCIACH
WYKRACZAJĄCYCH POZA
MOŻLIWOŚCI NATURY**

Biologiczne nanomaszyny całkiem dosłownie budują świat biologiczny, cząsteczka po cząsteczce. „Nano” oznacza po prostu nanometrowe, czyli mające rozmiary miliardowej części metra. Wyobraźmy sobie, co by było, gdybyśmy dokładnie zrozumieli reguły, według których działają – moglibyśmy wówczas kontrolować naturalne nanomaszyny (szczególnie pomocne przy zwalczaniu chorób) i budować nasze własne, mogące robić rzeczy niespotykane w przyrodzie. Jakkolwiek futurystycznie brzmią takie cele, współczesna bionauka najprawdopodobniej prędzej czy później je osiągnie.

Nanomaszyny naturalnie występujące w przyrodzie

Wzrost oporności bakterii względem czynników bakteriobójczych grozi zrujnowaniem całego postępu medycyny ostatnich 70 lat. Potrzeba pilnego działania, aby zapobiec tej ponurej wizji, jaką jest świat bez działających antybiotyków. Aby nie czekać bezczynnie, naukowcy badają istniejące nanomaszyny niezbędne do funkcjonowania bakterii (np. tak zwane topoizomery DNA), aby móc stworzyć nowe cząsteczki antybakteryjne. Oprócz tego chcą także zrozumieć, w jaki sposób tak zwane „białka oporu” pomagają bakteriom bronić się przed istniejącymi lekami.

Nanomaszyny DNA

Cel biologii syntetycznej stanowi stworzenie sztucznej komórki na obraz tych naturalnych. By ją zbudować, niezbędne jest narzędzie, które z niezwykłą precyzją umieści w sztucznych przedziałach komórkowych odpowiednią maszynę białkową, kontrolującą przepływ substancji między tymi przestrzeniami. W tym celu buduje się nanoroboty (składając je z DNA – dokładnie tak

samo, jak składamy papier, dlatego metoda ta nazywa się „origami DNA”), a następnie wyposaża się je w moduły do kontroli białek. Produkcja prostych protokomórek z osobnymi przestrzeniami dla różnych procesów umożliwiłaby szybki postęp w tworzeniu leków i przemyśle biotechnologicznym.

Sztuczne nanostruktury białkowe

Nanokapsuły mogą dostarczać lekarstwa do chorych komórek w naszych organizmach. Jakiś czas temu naukowcom udało się skonstruować wyjątkową nanokapsułę zrobioną z białka, stąd jej nazwa – klatka białkowa. W przeciwieństwie do innych kapsuł klatka białkowa jest niezwykle stabilna – nie rozpada się nawet po godzinach gotowania w wodzie, za to z łatwością otwiera się przy pomocy związków chemicznych obecnych w komórkach. Pozwala jej to zatem chronić załadunek w swoim wnętrzu (np. leki), a potem uwolnić go po dotarciu do właściwych komórek. To idealne rozwiązanie, aby maksymalizować potencjał leczniczy przy jednoczesnym minimalizowaniu efektów ubocznych. Obecnie klatka nadal jest ulepszana, by umożliwić wypracowanie wartościowych rozwiązań w zakresie terapii lekowych.

i

prof. Jonathan Heddle, Laboratorium Bionanonauki i Biochemii (Heddle Lab), heddlelab.org
Małopolskie Centrum Biotechnologii, Uniwersytet Jagielloński
Granty realizowane w Heddle Lab, m.in.: NCN Symfonia, NCN Maestro, NCN Opus, FNP Team, EMBO.



**ZEGARY BIOLOGICZNE W NATURZE.
JAK SZTUCZNE ŚWIATŁO
WPŁYWA NA PTAKI MIGRUJĄCE?**

Zegary biologiczne pomagają regulować praktycznie wszystkie aspekty funkcjonowania organizmów żywych, w tym biochemię, biologię komórek, fizjologię i zachowanie. Spośród wszystkich żywych stworzeń to właśnie u ptaków obserwować możemy bardzo wyraźne działanie zegarów biologicznych. Nietrudno zauważyć, że rozmaite gatunki ptaków śpiewają o różnych porach dnia (skowronki o świcie, słowiki i kosy wieczorem) lub pojawiają się o określonych porach roku (przyłot bociana jest zwiastunem wiosny, a jesień rozpoczyna się wraz z jego odlotem). Obserwacje te obudziły ciekawość badaczy, a ich studia zaowocowały odkryciem, że owa regularność zachowań jest kontrolowana przez wewnętrzne zegary biologiczne, które są zsynchronizowane z sygnałami środowiskowymi, głównie ze światłem. Niestety szybko wzrastająca presja ze strony człowieka, w szczególności zanieczyszczenie światłem, w dużym stopniu zakłóca te sygnały. Zaskakujące jest to, jak niewiele wiemy o wpływie tych zaburzeń na funkcjonowanie wewnętrznych zegarów u zwierząt wolno żyjących. Dotychczas koncentrowano się głównie na śledzeniu zmian na poziomie komórkowym w badaniach klinicznych na ludziach oraz eksperymentowano na zwierzętach laboratoryjnych (często o nocnym trybie życia), takich jak myszy i szczury, w dużej mierze ignorując fakt, że sztuczne otoczenie laboratoryjne jest dalekie od warunków, w których wyewoluowały naturalne rytmy biologiczne. W rezultacie istnieje znacząca luka w naszej wiedzy o naturalnych rytmach okołodobowych i konsekwencjach ich zaburzeń dla cech ważnych w cyklu życia, na przykład istotnych dla rozwoju lub odpowiedzi immunologicznej, czyli odpornościowej.

Naukowcy chcą zrozumieć, jak na zegar dobowy wpływają zakłócenia sygnałów środowiskowych (czyli ekspozycja na światło). Jako obiekt badań obrali muchołówkę białoszyją (*Ficedula albicollis*) – niewielkiego ptaka migrującego. Wybór wynika z tego, że ptaki wędrowne mogą być zarówno szczególnie podatne na zaburzenia zegara biologicznego, jak i narażone na sztuczne światło podczas migracji. Naukowcy chcą więc wykonać eksperyment polegający na wprowadzeniu sztucznego światła w budkach podczas sezonu lęgowego. U ptaków zmierzone zostaną tak zwane poziomy ekspresji genów zegara dobowego. Innymi słowy, naukowcy sprawdzą, jak o różnych porach dnia i nocy przebiega odcodowywanie umieszczonych w tych genach informacji i przepisywanie ich na produkty genu, którymi są RNA lub białka. Zmierzą także związane z tym poziomy hormonów (melatoniny – hormonu snu, greliny – hormonu głodu i kortykosteronu – hormonu stresu). Ponadto przyjrzą się wpływowi sztucznego światła na odpowiedź immunologiczną, mierząc poziomy ekspresji genów odpornościowych. Aby sprawdzić, jak światło zmienia zachowanie ptaków, wewnątrz budki zainstalowane zostaną kamery. Umożliwi to także ustalenie, czy ekspozycja na światło może mieć jakiś wpływ na wyklucie się i późniejszy rozwój ptaków.

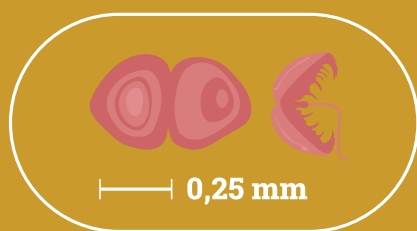
Wyniki badań mogą dostarczyć niezwykle ważnych informacji. Rosnący wpływ ludzkości na dziką przyrodę jest

dziś nie do zakwestionowania, a jednak wciąż dalecy jesteśmy od zrozumienia mechanizmów leżących u jego podstaw. Dodatkowo nas, ludzi, interesuje przede wszystkim to, jak działanie zegarów biologicznych wpływa na nasze życie. Prowadzenie eksperymentów na ludziach jest jednak bardzo ograniczone ze względów etycznych, a tylko takie badania są w stanie odpowiedzieć na pytania o przyczyny i skutki zjawisk (w odróżnieniu od badań obserwacyjnych, w tym wielu badań klinicznych, które jedynie wskazują możliwe powiązania między zjawiskami). Problem w tym, że dotychczasowe badania laboratoryjne na zwierzętach, mimo że dostarczają bezcennych spostrzeżeń, mogą mieć ograniczone znaczenie dla samego zegara ludzkiego. Ptaki natomiast, podobnie jak ludzie, prowadzą dzienny tryb życia, mają rozwinięte zdolności poznawcze i socjalne, a także cechuje je wrażliwość na melatoninę, dlatego stanowią doskonały model do tego celu. Badanie wielu powiązanych mechanizmów, takich jak działanie hormonów snu oraz głodu, może przy tym pomóc w zrozumieniu, w jaki sposób zanieczyszczenie światłem lub zmiany w aktywności okołodobowej (np. praca na nocne zmiany) wiążą się z zaburzeniami apetytu prowadzącymi do otyłości lub niedożywienia u ludzi.

i

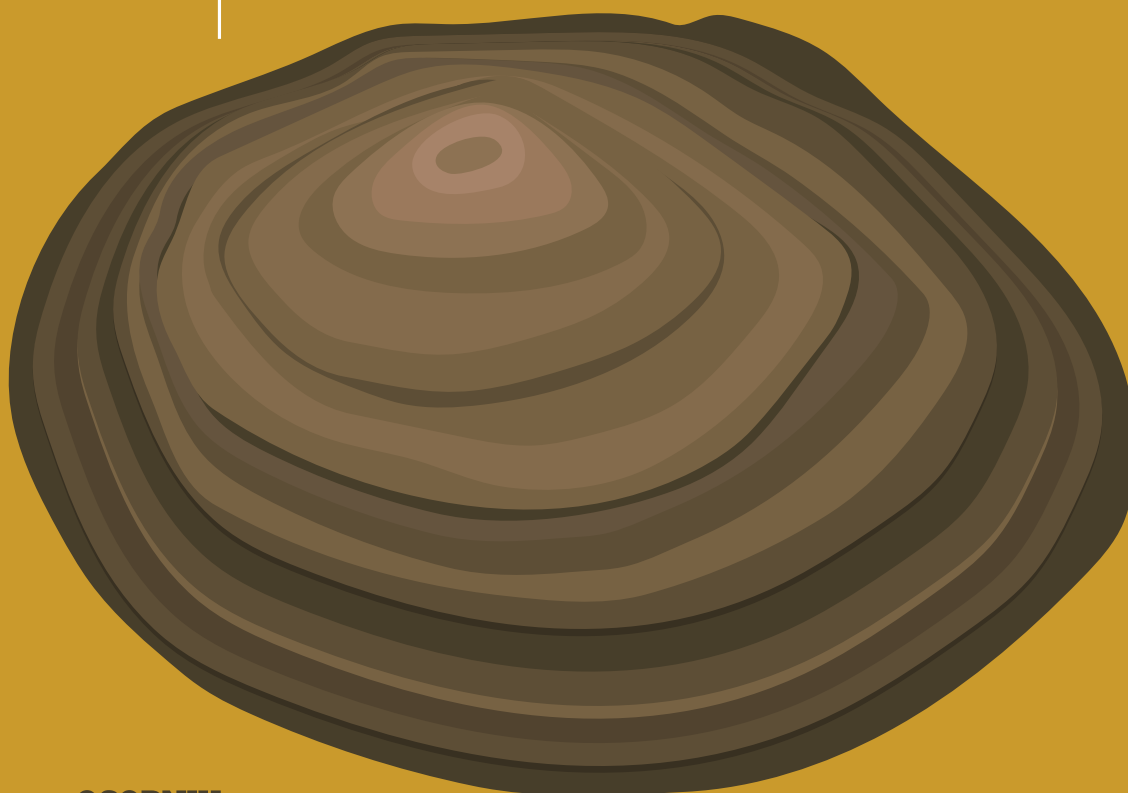
dr Joanna Sudyka – adiunkt w Instytucie Nauk o Środowisku Wydziału Biologii UJ

Badania te finansowane są z grantu SONATA 15 Narodowego Centrum Nauki.



LARWA
(GLOCHIDIUM)

SZCZEŻUJA
CHIŃSKA



OSOBNIK
DOROSŁY

26 cm



TAJNIKI ŻYCIA MAŁŻY
SŁODKOWODNYCH

Historię danej osoby czy całej rodziny można odtworzyć na podstawie dokumentów osobistych, zapisków w pamiętniku, wywiadów, a także wykorzystując dokumentację medyczną. Ale jak to jest u małży? Jak zdobywać informacje o tych organizmach, skoro żyją one na dnie zbiorników wodnych i prowadzą skryty tryb życia?

Małże rosną oraz rozmnażają się przez całe swoje życie. W mniej korzystnych dla siebie warunkach środowiska znacząco spowalniają wzrost. Wtedy tworzą na muszli pierścienie zahamowania wzrostu, które niczym słoje w drewnie pozwalają na odtworzenie historii wzrostu tych mięczaków.

Powiększanie ciała może być dla małży korzystne, bo większe samice mogłyby wyprodukować więcej potomstwa, ale szybki wzrost kosztem aktualnej reprodukcji lub odwlekanie w czasie dojrzewania są ryzykownymi „decyzjami”, które mogą obniżyć całonocowy sukces rozrodczy. Trzeba przecież zdążyć przekazać swoje geny. Kiedy zatem zacząć się rozmnażać? Jak szybko rosnąć? Jak często wydawać potomstwo? Jak dużo go produkować i jaką wielkość powinno ono mieć, aby mogło przetrwać, i to na nowo skolonizowanym terenie?

Na te pytania badaczka z UJ stara się odpowiedzieć, badając pochodzącą z Azji szczepu chińską (*Sinanodonta woodiana*). Ten gatunek małża jest obcy dla fauny Europy, a w Polsce odnotowywany od połowy lat 80. XX wieku. Minister środowiska umieścił go w rozporządzeniu dotyczącym gatunków obcych, które w przypadku uwolnienia do środowiska mogą zagrozić gatunkom rodzimym lub siedliskom przyrodniczym. Szczepu chińska tworzy populacje z przewagą samic i konkuruje z gatunkami rodzimymi o przestrzeń życiową, pokarm, dostęp do rybożywcicieli, na których larwy małży pasożytują zaraz po uwolnieniu z komór lęgowych. W Polsce małż ten zasiedla stawy rybne, rzeki i skażone termicznie wody pochłodnicze. W naszym kraju obserwowano go już w ponad 150 miejscach!

W ciepłych wodach w pobliżu elektrowni szczepu chińska dojrzewa do rozrodu już w pierwszym roku życia. Podobnie jak kobiety o szerokich biodrach, którym łatwiej wydać na świat duże potomstwo, również duże i o szerokich muszlach samice małży skuteczniej wydają na świat nowe pokolenie. Inwestowanie w zwiększanie i poszerzanie swojego ciała jest istotne, gdyż małże te opiekują się potomstwem. Skrzela samic-matek przekształcają się w komory lęgowe, w których rozwijają się larwy – glochidia. Większa objętość muszli pozwala małżom na wytworzenie dodatkowego miejsca na komory lęgowe, w których mogą pomieścić i odchowować więcej dziatek.

Ciężarne samice szczepu chińskiej, w przeciwieństwie do samic innych blisko spokrewnionych gatunków małży skójkowatych, można wyłowić z wody we wszystkich porach roku. Doktor Łabęcka bada ich aktywność rozrodczą w laboratorium pod mikroskopem. Dziś już wiemy, że małże te rozmnażają się w każdym miesiącu i mogą jednorazowo produkować nawet od kilku do kilkudziesięciu razy więcej larw niż krajowe gatunki małży. W komorach lęgowych jednocześnie odchowują potomstwo w różnym wieku, które raz za razem jest uwalniane do środowiska. Taki sposób rozrodu może zagrozić rodzimym rozmnażającym się sezonowo gatunkom, takim jak szczepu zwyczajna oraz – chronione i rzadkie w Polsce – szczepu wielka oraz szczepu płaszczona. Szczególnie wody pochłodnicze, dzięki podwyższonej temperaturze, są stałym źródłem glochidiów. Małże mogą zatem dokonywać nieprzerwanej ekspansji do wód naturalnych.

Badanie historii życia tych mięczaków wykazało, że większe samice częściej się rozmnażają. Ich płodność rośnie wraz ze zwiększaniem rozmiarów ciała, a u niektórych samic liczba inkubowanego potomstwa wynosiła nawet milion! Największe lęgi obserwuje się zimą, co może być spowodowane wydłużoną inkubacją w chłodniejszej porze roku. Latem larwy małży są najmniejsze, co zapewne pomaga im przetrwać niekorzystne warunki temperaturowo-tlenowe. Mniejsze osobniki mogą mieć mniejsze komórki ciała, a to z kolei ułatwia wymianę gazową przy wysokiej temperaturze, kiedy zapotrzebowanie na tlen jest duże. Więcej dużych larw produkują samice, które zgromadziły zapasy w gonadach.

Obecnie małże skójkowate są jedną z najbardziej zagrożonych wyginieciem grup zwierząt na Ziemi. Bądźmy świadomi, że to w związku z aktywnością człowieka coraz częściej dochodzi do wprowadzania obcych gatunków na nowy teren, a te mogą przyczynić się do wyginiecia rzadkich gatunków rodzimych. Czy uda nam się zmienić swoje zachowania na tyle, aby rodzima przyroda cieszyła również następne pokolenia?

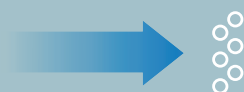
i

dr Anna Maria Łabęcka
https://www.researchgate.net/profile/Anna_Labecka
Instytut Nauk o Środowisku
Wydział Biologii Uniwersytetu Jagiellońskiego

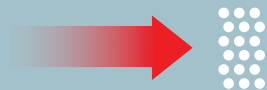
Badania zostały sfinansowane przez Ministerstwo Nauki i Informatyzacji (NN303 068 32/2367) oraz przez Narodowe Centrum Nauki (DEC-2017/01/X/NZ8/00946).



NAWET KIELKUJĄCE
NASIONA ROZRÓŻNIAJĄ
ŚWIATŁO DZIĘKI
RECEPTOROM



KRYPTOCHROMY
FOTOTROPINY



FITOCHROMY

DEETIOLACJA PRZEPROGRAMOWANIE



RUSZA FOTOSYNTEZA



POWSTAJĄ KOMPLEKSY
FOTOSYNTETYCZNE
I RUSZA SZYBKA
PRODUKCJA CHLOROFILU

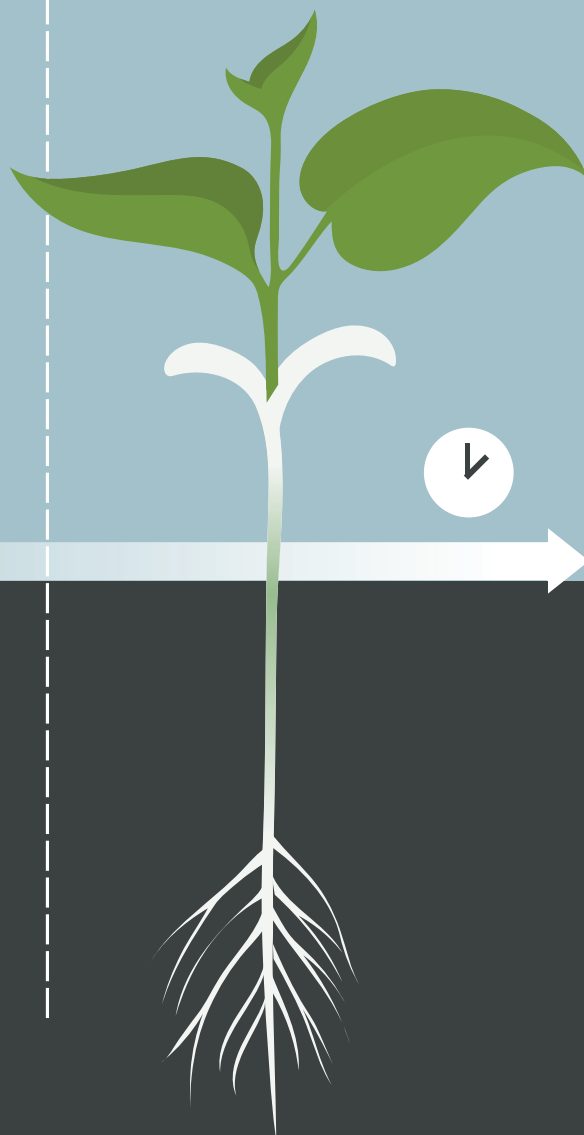


CO TRZECI GEN ZMIENIA
SWOJE DZIAŁANIE

FOTOMORFOGENEZA



11 MOLEKULARNYCH PRZELĄCZNIKÓW,
POPRAZ FOTORECEPTORY AKTYWUJE
CZYNNIKI TRANSKRYPCYJNE, KTÓRE
URUCHAMIAJĄ GENY.



ETIOLACJA



BRAK ŚWIATŁA INICJUJE
AKUMULACJE HORMONÓW



ZASOBY SĄ OSZCZĘDZANE.
BRAK PRODUKCJI CHLOROFILU
AKUMULACJA NIEWIELKICH
ILOŚCI PREKURSÓRÓW

BARWNE ŻYCIE
I MROczne PROBLEMY ROŚLIN

Rośliny oszczędnie gospodarują zasobami i zarządzają produkcją barwników. Zrozumienie mechanizmów regulujących te procesy to cel naukowców z UJ.

Życie roślin bywa równie dynamiczne jak życie zwierząt, ale znacznie trudniej je podpatrywać, bo rośliny nie afiszują się ze swoimi aktywnościami. Niczym pozostawiony na stole laptop są nieruchome i pozornie bierne, choć jednocześnie prowadzą bogate, wirtualne życie wewnętrzne.

Naukowców i studentów prowadzących badania na Wydziale Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii w zespole dr hab. Beaty Myśliwy-Kurdziel, prof. UJ najbardziej interesują początki tego życia, gdy młode siewki wydostają się z zagrzebanych w glebie nasion i w ciemności muszą utorować sobie drogę ku światłu. Brak światła u roślin okrytonasiennych (a zatem wytwarzających owoce, w tym ważnych gospodarczo zbóż, ryżu czy rzepaku) uruchamia proces etiolacji – przystosowanie do oszczędnego gospodarowania zasobami, a jednocześnie czas przygotowania do szybkiego rozpoczęcia fotosyntezy w razie nagłego oświetlenia.

Co i po co akumulują rośliny na wczesnych etapach życia? Między innymi podstawowe elementy budulcowe – białka i lipidy, ale także barwniki. Pojawia się pytanie, czy

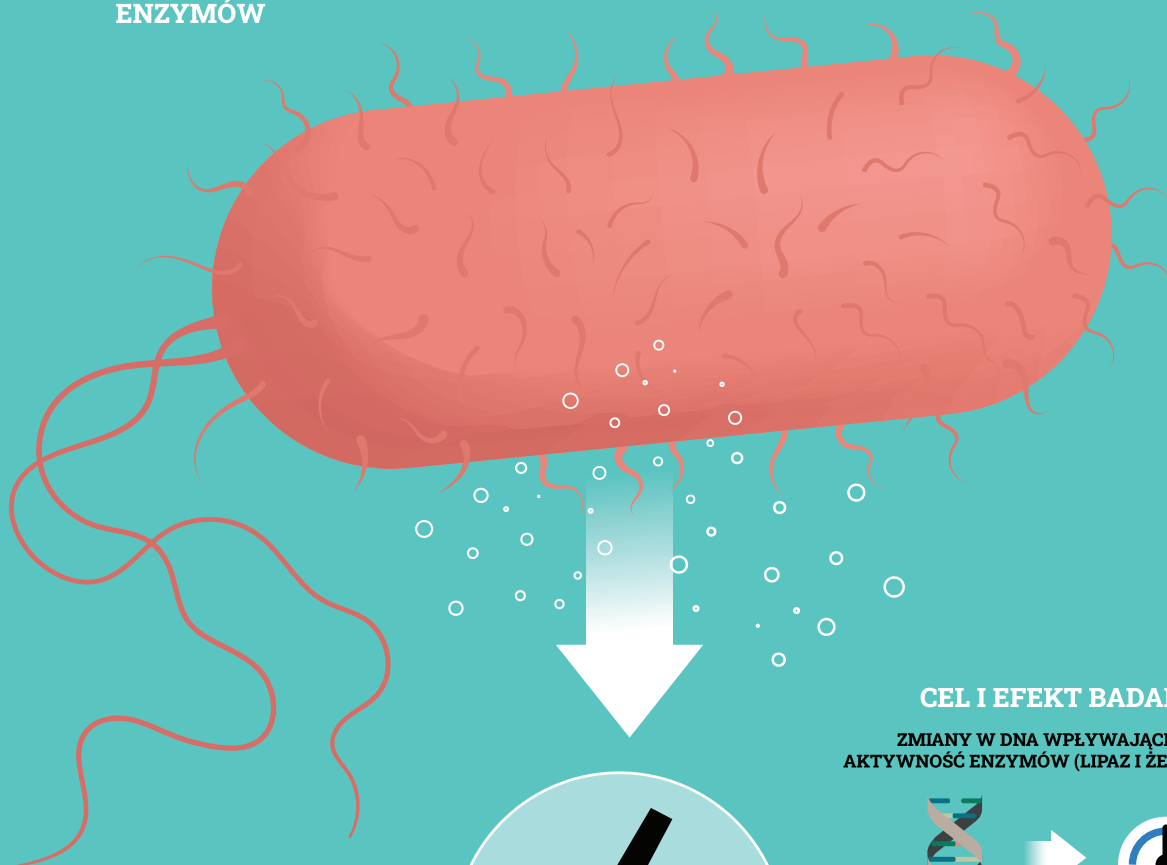
rośliny już w ciemności koordynują produkcję różnych typów barwników potrzebnych w fotosyntezie – zielonkawych prekursorów chlorofilu i pomarańczowych karotenoidów. Szukając odpowiedzi na te pytania, wykorzystano popularną roślinę modelową – rzodkiewnika pospolitego (będącego roślinnym odpowiednikiem szczura laboratoryjnego) i brakiem światła zainicjowano w jego siewkach etiolację. Porównując je z mutantami, które pozbawiono blisko połowy karotenoidów, sprawdzono między innymi to, jak w tych warunkach radzą sobie z koordynacją produkcji prekursorów chlorofilu. Choć prekursory chlorofilu i karotenoidy wytwarzane są w zupełnie niezależnych szlakach produkcyjnych, okazało się, że w pewnych warunkach w mutantach zawartość prekursorów chlorofilu także była obniżona. To ważne odkrycie i mocny dowód przemawiający za istnieniem mechanizmów ściśle regulujących tempo produkcji obu typów barwników, tak aby ich ilościowy stosunek był zawsze optymalny.

i

dr hab. Beata Myśliwa-Kurdziel
dr Paweł Jedynak
Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii

Badania finansowane z grantu UMO-2013/10/E/NZ3/00748 finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki (NCN).

WYDZIELANIE ENZYMÓW



IDENTYFIKACJA I IZOLACJA ENZYMÓW

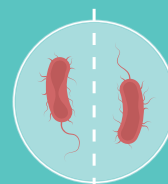


CEL I EFEKT BADAŃ

ZMIANY W DNA WPŁYWAJĄCE NA
AKTYWNOŚĆ ENZYMÓW (LIPAZ I ŻELATYNAZ)



WYIZOLOWANIE SZCZEPÓW BAKTERII, KTÓRYCH
ENZYM ROZKŁADAJĄ ENZYM I TŁUSZCZE



KORZYŚCI – WYKORZYSTANIE ZMIANY AKTYWNOŚCI ENZYMÓW

LIPAZY



niszczą
tłuszcze

ŻELATYNAZY



niszczą
żelatynę

PEKTYNAZY



rozcinają pektyny
owoców

CHITYNAZY



trawią ścianę
komórek grzybów

AMYLAZY



trawią
skrobię

PROTEINAZY



trawią
różne białka

|| CUD W PROBÓWCE

Uniwersytet Jagielloński wspiera utalentowanych studentów z dobrymi pomysłami. Udowodnia to przykład zespołu Szymona Kwaśnika, który uzyskał dofinansowanie na własne badania, mające na celu podniesienie wydajności użytecznych enzymów uzyskiwanych z bakterii.

Większość widzi w bakteriach groźne patogeny. Biotechnolodzy widzą w nich skrzynię ze skarbami, choć czasem są to bardzo osobliwe cacka. Na Wydziale Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ zakończyła się właśnie wstępna faza badań projektu nietypowego, bo prowadzonego przez grupę pełnych pasji studentów biotechnologii, którym ambitnie przewodził Szymon Kwaśnik.

Ich celem było zidentyfikowanie i ulepszenie enzymów wydzielanych przez niezwykłą bakterię *Serratia marcescens*. Z racji czerwonej jak krew barwy przypisuje się jej udział w wielu cudach eucharystycznych, ale to produkowane przez nią enzymy stanowią jeszcze ważniejszy cud. Mogą one wydajnie rozkładać tłuszcze oraz białka. Naukowcy dostrzegają w tym cudowne możliwości, enzymy mogą bowiem stać się użytecznymi bionarzędziami. Wszak enzymy, choć są mikroskopijnymi twórcami natury, możemy wykorzystać do wykonywania konkretnych zadań, tak jak zwykłe narzędzia.

Dlatego studenci UJ namnożyli tę bakterię w laboratorium i zbadali, jak wydajnie jej enzymy radzą sobie z rozkładem białek i tłuszczu. Poznawszy, jaka jest ich

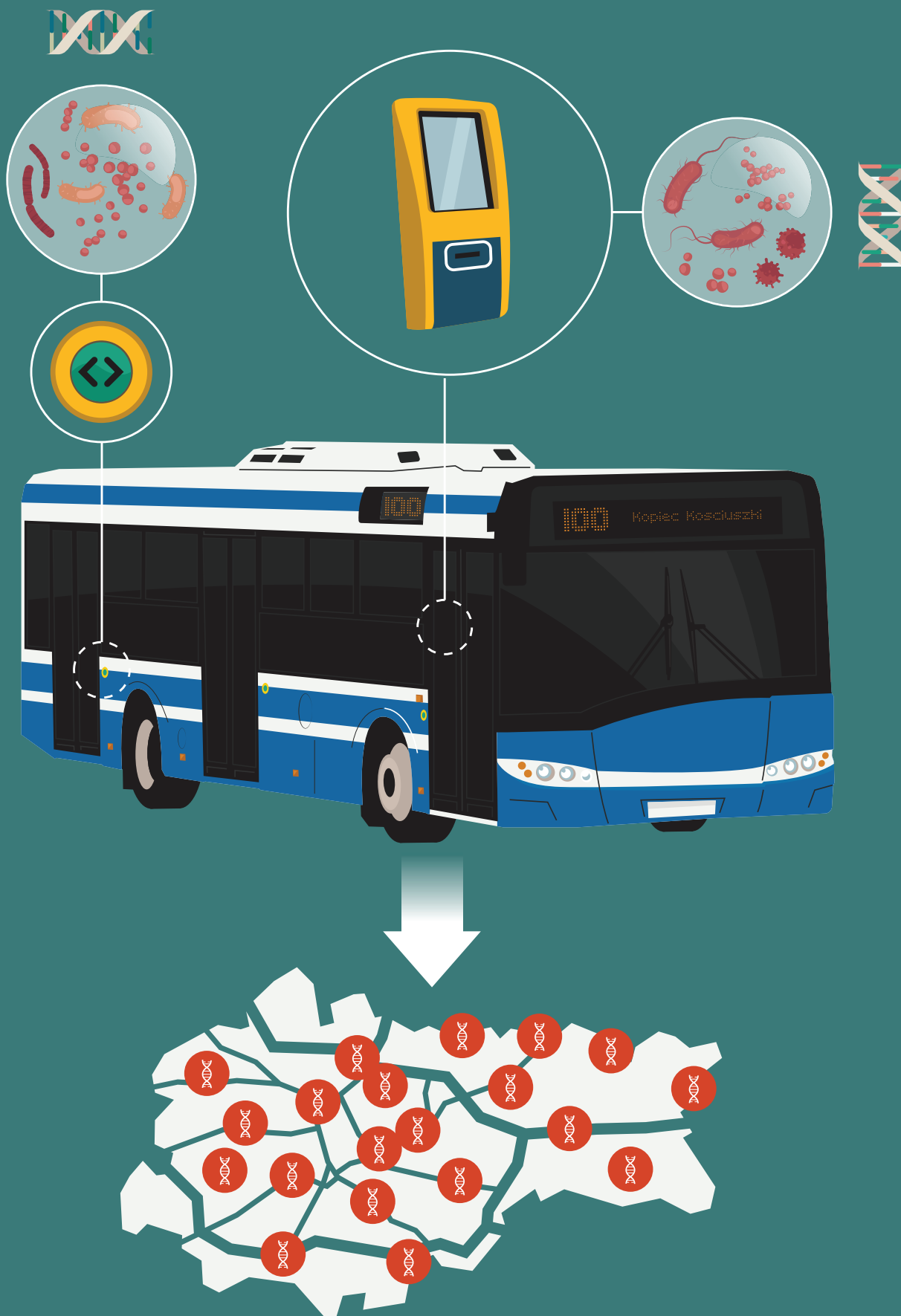
aktywność, badacze przeprowadzili kilkanaście rund mutagenезы – procesu, którego cel stanowi wprowadzenie mutacji (drobnych zmian) w DNA, czyli cząsteczce stanowiącej przepis na to, jak wyprodukować każdy enzym danej bakterii. Te drobne zmiany mogą mieć różne skutki: mutacje nie będą w absolutnie żaden sposób wpływać na badane enzymy, ich aktywność może spaść albo wzrosnąć – i ten ostatni efekt stanowił nadrzędny cel prowadzonych przez studentów badań.

Dalsza praca młodych biotechnologów skupiała się na selekcji nowych odmian (tak zwanych szczepów) bakterii w celu wyłonienia tych o jeszcze wyższej aktywności badanych enzymów. Wyniki wyglądają obiecująco, więc studenci mogą teraz myśleć o możliwym zastosowaniu uzyskanych bakterii do produkcji biopreparatów. Takie enzymatyczne dodatki mogą mieć szeroką gamę zastosowań, począwszy od degradacji odpadów przemysłowych oraz medycznych, przez wykorzystanie tych molekularnych narzędzi w badaniach naukowych, a na proszkach do prania kończąc – ułatwiają bowiem usuwanie uciążliwych zabrudzeń.

i

Szymon Kwaśnik
dr Paweł Jedynak
Wydział Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii

Badania finansowane z grantu 6/SPB/2018



MIKROBIOMY –
ODCISKI PALCÓW MIASTA

Powierzchnie obecne w przestrzeni publicznej wystawiają nas na kontakt ze zróżnicowaną grupą organizmów żywych, z którą dosłownie stykamy się na ulicy: z bakteriami, wirusami i grzybami czy – jak nazywamy ich całe społeczności – mikrobiomami. Niewiele wiemy o dynamice mikrobiomów na powierzchniach miejskich wspólnego użytku, takich jak biletomaty, bankomaty czy uchwyty w pojazdach komunikacji miejskiej, a przecież interakcje z tymi powierzchniami mogą wpływać na zdrowie jednostek, jak również szeroko rozumianą kondycję miast. Aby uchylić rąbka tajemnicy otaczającego nas mikroświata w Grupie Bioinformatyki Małopolskiego Centrum Biotechnologii prowadzone są badania nad opracowaniem map genetycznych i poznaniem organizacji mikrobiologicznych ekosystemów środowiska miejskiego.

Jednym z kierunków obecnych badań jest analiza składu kodu genetycznego mikrobiomów, tak zwanych metagenomów, środowiska zurbanizowanego. Dane z jednego tylko eksperymentu metagenomicznego to funkcjonalna conceptualizacja informacji z wariacji setek tysięcy ciągów liter odpowiadających kodowi genetycznemu. To nawet kilka terabajtów danych, a tym samym wkroczenie do świata Big Data, technologii informacji, uczenia maszynowego i sztucznej inteligencji. Dzięki tym działaniom wiemy już o specyficzności mikrobiologicznej miast, krajów czy kontynentów, otrzymując ich swoiste „odciski palców”. Dalsze analizy bioinformatyczne pozwalają na wykrycie nowych, dotychczas nieopisanych składników świata ożywionego, poznanie mikrobiologicznej skali incydentów środowiskowych oraz poszukiwanie obecności patogenów antybiotykoopornych. Mają również zastosowanie w kryminalistyce do wykrywania sprawców zbrodni.

W 2020 roku Kraków został włączony do corocznego, ogólnoswiatowego projektu Global City Sampling Day, w którym w tym samym dniu na całym świecie zbierane

są próbki w postaci wymazów pobranych za pomocą patyczka z miejsc takich jak biletomaty czy przystanki komunikacji publicznej. Dane zebrane w tym dniu pozwolą na stworzenie charakterystyki Krakowa, a poprzez to identyfikację jedynie na podstawie żyjących w nim organizmów. W obliczu pandemii SARS-CoV-2 badacze, wykorzystując swoje doświadczenie, zaangażowali się w przedsięwzięcie monitorujące skażenie Krakowa wirusem SARS-CoV-2. Od połowy marca monitorowano dwadzieścia punktów w Krakowie, które zostały wybrane na podstawie analizy procesów migracji ludzi. W wielu miejscach został wtedy zidentyfikowany materiał genetyczny wirusa. Wydaje się jednak, że dezynfekcja miejsc publicznych przez odpowiednie służby, a także stosowanie dystansu społecznego oraz innych środków ograniczenia transmisji przyniosły efekty i w kolejnych badaniach z przełomu maja i czerwca obecności wirusa już nie stwierdzono.

i

Badania prowadzone przez Grupę Badawczą Bioinformatyki z Małopolskiego Centrum Biotechnologii UJ pod kierownictwem dr. hab. inż. Pawła Łabaja wpisują się w inicjatywę MetaCoV – globalny projekt badania obecności wirusa w przestrzeni miejskiej koordynowany przez The MetaSUB International Consortium. Dodatkowo Grupa Badawcza Bioinformatyki wraz z ViroGenetics – Laboratorium Wirusologii BSL3 i Laboratorium ds. Badań nad Zmiennością Genomu Ludzkiego MCB UJ współpracuje z miastem Kraków oraz innymi podmiotami w wielu projektach związanych z monitorowaniem, prewencją i walką z pandemią.



80%



700
mld zł



9,5%



ELEMENTY DIETY
WPŁYWAJĄCE
NA ZDROWIE
PSZCZÓŁ



BILANS



nektar



pyłki



RÓŻNORODNOŚĆ I PROPORCJE

PSZCZOŁY FASZEROWANE
„PUSTYMI KALORIAMI”

Instytut Nauk o Środowisku
Wydział Biologii
Uniwersytet Jagielloński

Na świecie żyje około 20 tysięcy gatunków pszczoł, a w Polsce blisko 500. Większość z nich prowadzi samotnicze życie i nie produkuje miodu. O dzikich pszczołach wiemy bardzo mało. Na przykład nie rozumiemy roli, jaką poszczególne składniki diety odgrywają w rozwoju, wzroście, zdrowiu i kondycji tych owadów.

Praca wykonywana przez pszczoły przynosi rocznie prawie 700 miliardów złotych zysku w skali całego świata (kwota zbliżona do dwuletnich dochodów całego państwa polskiego). Szacuje się, że to 9,5% całego zysku wynikającego z produkcji rolnej na świecie. Co więcej, zgodnie z obecną wiedzą około 80% dzikich gatunków roślin oraz 75% gatunków uprawnych potrzebuje zapylaczy do produkcji nasion i owoców (zapylaczami poza najbardziej znanymi pszczołami i motylami jest na przykład ogromna liczba much, chrząszczy czy pluskwiaków, ale też ptaki, nietoperze i inne kręgowce).

Owady zapylające, w tym kilkaset gatunków dzikich pszczoł żyjących w Polsce, korzystają z bogatej stołówki, której specjalnością jest nektar i pyłek serwowany przez drzewa, krzewy oraz inne rośliny kwitnące. Nektar daje zapylaczom energię niezbędną do wszelkich aktywności. Pyłek wykorzystywany jest jako materiał budulcowy, z którego potomstwo pyłkożernych owadów formuje własne organizmy. Jednak aby ukształtować zdrową pszczołę, potrzebny jest pokarm wysokiej jakości.

Dieta jednorodna – niskiej jakości czy bogata w substancje szkodliwe – szkodzi pszczołom, co może prowadzić do wymierania całych ich populacji. Mechanizm działania jest dokładnie taki sam, jak w przypadku „diety śmieciowej” u człowieka. Wyobraźcie sobie osobę przez całe życie jedzącą wyłącznie pączki. Czy jest to osoba zdrowa? Oczywiście, że nie, a w związku z nieodpowiednim funkcjonowaniem organizmu dodatkowo narażona na szkodliwe działanie różnych innych czynników. Możecie powiedzieć, że jedzenie samych pączków to sytuacja ekstremalna, która w rzeczywistości nie zaistnieje. W takim razie zastanówcie się jak to jest, kiedy pszczołom oferujemy wyłącznie rośliny „miododajne”, czyli takie, które produkują nektar dostarczający kalorie i nic ponad to.

Z kolei dieta zróżnicowana zapewnia odpowiedni bilans składników odżywczych i łagodzi negatywne działanie substancji szkodliwych, takich jak trujące środki ochrony roślin (pestycydy). Z dużym prawdopodobieństwem pokarm produkowany przez różne gatunki roślin dostarcza składników odżywczych w niejednakowych proporcjach. Te proporcje często są dla pszczoły nieodpowiednie (porównując to do sytuacji codziennych, wyobraźmy sobie jedzenie samych przetworzonych produktów bez odpowiedniej porcji świeżych warzyw i owoców). Dlatego dostęp do zróżnicowanej palety pokarmowej, oferowanej przez różne gatunki roślin, może być kluczowy dla

utrzymania dobrej kondycji, zdrowia, różnorodności i liczebności dzikich pszczoł.

Spadek różnorodności roślin uważa się za jedną z przyczyn obserwowanego na świecie spadku liczebności i różnorodności owadów zapylaczy. Obecnie próbuje się zahamować wymieranie tych owadów głównie przez ograniczanie stosowania pestycydów oraz starając się poprawić jakość bazy pokarmowej. Jedną z bezpośrednich przyczyn wymierania może być brak zbilansowanej diety, jednak wiedza na temat bilansowania diety zapylaczy, w tym dzikich pszczoł, jest uboga.

Wiadomo, że pszczoły są zdrowsze w środowiskach o różnorodnej florze, oferujących bogatą dietę. Jednak do tej pory nie są znane przyczyny tej zależności. Czy określone gatunki pszczoł wymagają zdefiniowanych proporcji substancji odżywczych w diecie? Czy różne gatunki roślin oferują pokarm o różnych proporcjach tych składników? Odpowiedź na te i podobne pytania rzuci światło na obserwowaną zależność pomiędzy różnorodnością flory a kondycją i zdrowiem różnych gatunków pszczoł.

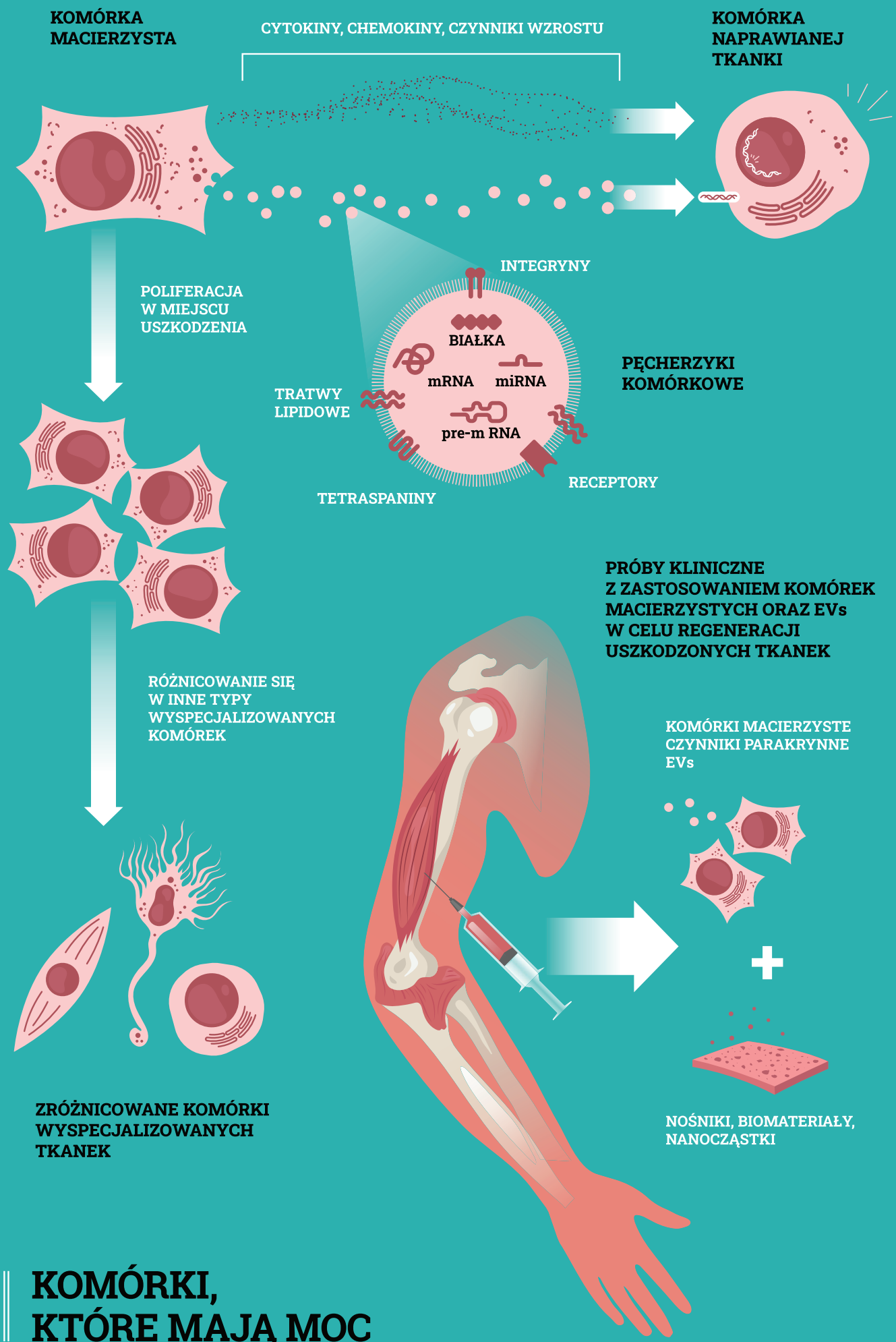
Badania prowadzone na UJ mają na celu ustalenie listy substancji odżywczych pełniących kluczową rolę w bilansowaniu diety dzikich pszczoł. Ustalone zostaną również optymalne proporcje tych substancji w diecie różnych gatunków pszczoł. To ważna informacja, którą można wykorzystać w praktyce, podejmując działania poprawiające bazę pokarmową pszczoł, co zapewni odpowiednią jakość pokarmu dla pszczoł w miastach lub tam, gdzie zanikają gatunki roślin produkujące pokarm wysokiej jakości. Dlatego naukowcy stworzą mieszanki kwiatów zapewniające pszczołom odpowiednią dietę.

i

dr Michał Filipiak
Instytut Nauk o Środowisku
Wydział Biologii UJ

W ciągu najbliższych lat te badania będą finansowane w ramach dwóch projektów: 1. „Ekologia odżywiania pszczołowatych: bilansowanie popytu i podaży materii do budowy ciała w kontekście różnorodności i składu gatunkowego flory” – projekt finansowany przez Narodowe Centrum Nauki w ramach konkursu Opus17 (kierownik: Michał Filipiak, rozpoczęcie 30.10.2020). 2. NutriB2 <https://nutrib2.project.uj.edu.pl/start> – projekt międzynarodowy finansowany w ramach konkursu biodivERsA.

Poza tym uczestniczymy w opracowywaniu kompleksowych narzędzi nowej generacji do opieki nad hodowlą pszczoły miodnej i do zarządzania pasieką. Te prace są prowadzone w projekcie B-GOOD finansowanym w ramach programu Horyzont 2020: <https://b-good-project.eu/about>.



**KOMÓRKI,
KTÓRE MAJĄ MOC**

Kilka słów o komórkach macierzystych i tym, co je wyróżnia spośród pozostałych typów komórek budujących nasz organizm. Przyjrzymy się temu, jaki potencjał drzemie w tych komórkach oraz w jaki sposób można go w praktycznie wykorzystać – zaczynając od medycyny, a kończąc na produkcji burgerów...

Komórki macierzyste – pewnie wielu z nas o nich słyszało, ale niewiele osób spoza środowiska naukowego wie, czym tak naprawdę są i gdzie się znajdują. To żadna magia ani wytwór laboratoryjny szalonych naukowców – tak naprawdę ma je każdy z nas! Mało tego, bez cienia wątpliwości można stwierdzić, że to właśnie dzięki nim żyjemy. Jak to możliwe? Aby lepiej to zrozumieć, przyjrzyjmy się bliżej cechom, które czynią tę grupę komórek naszego organizmu tak wyjątkową.

W naszym ciele znajduje się wiele typów wyspecjalizowanych komórek, które budują różne tkanki i organy. Komórki te nie są jednak nieśmiertelne: część z nich umiera po prostu po wypełnieniu swojej misji, a część w wyniku procesów patologicznych toczących się w naszym ciele, na przykład urazów lub chorób. I właśnie wtedy z pomocą przychodzą komórki macierzyste. Choć stanowią one bardzo rzadką populację komórek, są zdolne nie tylko do ciągłego odtwarzania swojej puli (tak zwanej samoodnowy), ale także do przekształcania się w inne typy komórek bardziej dojrzałych, które następnie wchodzi w skład naszych tkanek – ten proces nazywamy różnicowaniem. W ten sposób możliwa jest ciągła wymiana „zużytych” lub uszkodzonych komórek i zastępowanie ich nowymi. Doskonałym przykładem są tak zwane komórki macierzyste krwiotwórcze, obecne między innymi w szpiku kostnym, gdzie stanowią jedynie ułamek procenta wszystkich komórek, a mimo to są w stanie nieustannie produkować składniki komórkowe krwi z prędkością setek tysięcy na sekundę!

Nic dziwnego, że ten ogromny potencjał różnych typów komórek macierzystych próbuje się wykorzystywać we współczesnej medycynie jako narzędzie do regeneracji uszkodzonych tkanek i wspierania naturalnych procesów naprawczych organizmu. W tym celu naukowcy izolują komórki macierzyste z różnych tkanek, namnażają je w warunkach laboratoryjnych, a następnie podają je pacjentom cierpiącym na rozmaite schorzenia, aby w ten sposób poprawić ich stan i komfort życia. Ponadto

naukowcy starają się łączyć innowacyjne rozwiązania z zakresu biologii molekularnej oraz inżynierii biomateriałowej w taki sposób, aby móc zwiększyć potencjał biologiczny i proregeneracyjny tych komórek.

Mało tego, we współczesnej medycynie wykorzystuje się nie tylko potencjał komórek macierzystych do namnażania się (tak zwanej proliferacji) i różnicowania w inne typy komórek, ale także ich aktywność wydzielniczą. Udowodniono bowiem, że są one zdolne do uwalniania ze swojej powierzchni aktywnych biologicznie czynników, w tym tak zwanych pęcherzyków zewnątrzkomórkowych. Są to otoczone fragmentem błony komórkowej nanostruktury, które mogą zawierać informację biologiczną w postaci między innymi białek oraz kwasów nukleinowych. Co szczególnie istotne, pęcherzyki te mogą przenosić swoją zawartość do innych komórek, wpływając tym samym na ich funkcje. Dzięki temu stanowią interesującą alternatywę dla terapii komórkowej jako potencjalne czynniki terapeutyczne.

Na koniec ciekawostka: komórki macierzyste coraz częściej próbuje się wykorzystywać również w innych, bardziej przyziemnych obszarach życia. Interesującym przykładem jest użycie potencjału tych komórek do proliferacji i różnicowania, w celu otrzymania w warunkach laboratoryjnych mięsa dla celów spożywczych, które następnie służy do produkcji burgerów (i to podobno całkiem smacznych)! Zatem kto wie, w jakich jeszcze innych praktycznych zastosowaniach komórki macierzyste pokażą swoją moc – niech będzie ona z nami!



i

Badania realizowane są przez grupę badawczą kierowaną przez prof. dr hab. Ewę Zubę-Surmę w Zakładzie Biologii Komórki Wydziału Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii oraz w Małopolskim Centrum Biotechnologii Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie w ramach projektu BioMiStem finansowanego przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju (projekt nr STRATEMED3/303570/7/NCBR/2017).

NEGATYWNY WPŁYW ROLNICTWA NA PRZYRODĘ I KLIMAT.
ROLNICTWO JEST ODPOWIEDZIALNE ZA:



80%

WYLESIANIA



29%

EMISJI GAZÓW
CIEPLARNIANYCH



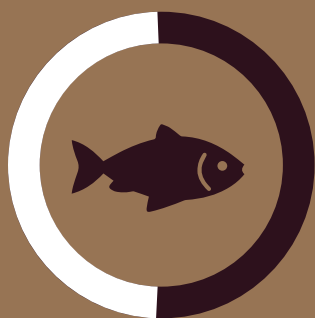
70%

ZUŻYCIA
SŁODKIEJ WODY



70%

SPADKU
BIORÓŻNORODNOŚCI
LĄDOWEJ



50%

SPADKU
BIORÓŻNORODNOŚCI
W SŁODKICH WODACH



52%

DEGRADACJI
GLEB ROLNICZYCH

CORAZ CIEPLEJ,
CORAZ MNIEJ DZIKIEJ PRZYRODY,
CORAZ WIĘCEJ
MARNOWANEJ ŻYWNOŚCI

Obecnie jesteśmy świadkami masowego wymierania owadów, które są kluczowym gatunkiem w wielu ekosystemach: zapylają rośliny, są pokarmem dla ptaków i innych gatunków, a także uczestniczą w procesach obiegu materii i energii. Jedną z przyczyn ich wymierania jest rolnictwo przemysłowe.

Dominujący system rolny, czyli rolnictwo przemysłowe, opiera się na wielkoobszarowych monokulturach oraz fermach przemysłowych. Takie użytkowanie ziemi rolnej jest źródłem nadmiernej emisji gazów cieplarnianych, prowadzi do wylesiania oraz przyczynia się do masowego wymierania gatunków. Jednocześnie głównym celem rolnictwa przemysłowego nie jest dostarczenie żywności, a jedynie osiąganie korzyści finansowych, co w efekcie generuje nadwyżki żywności w najbogatszych krajach. Zajmuje ono 70% zasobów rolnych, żywiąc jedynie 30% ludzkości, przy czym rolnictwo odpowiada za zatrważające dane: 70% spadku bioróżnorodności w ekosystemach lądowych, 80% spadku powierzchni lasów. Obok spalania paliw kopalnianych jest też źródłem gazów cieplarnianych, takich jak dwutlenek węgla, metan czy też podtlenek azotu. Rosnące stężenia gazów cieplarnianych w atmosferze prowadzą zaś do wzrostu średniej temperatury na Ziemi, czyli globalnego ocieplenia oraz powiązanego z nim coraz częstszego występowania ekstremalnych zjawisk pogodowych, takich jak huragany, susze czy powodzie.

Rolnictwo odpowiada aż za 29% całkowitej emisji gazów cieplarnianych. W roku 1960 stężenie samego dwutlenku węgla wynosiło 310 ppm (ang. *parts per million*, liczba części na milion), obecnie znajduje się na poziomie 34% wyższym (416 ppm), a doliczając inne gazy cieplarniane – 500 ppm. Przy stężeniu 550 ppm średnia temperatura na Ziemi wzrośnie o 3°C, co – w połączeniu z trwającym ciągle wylesianiem – będzie oznaczało katastrofalne skutki dla wszystkich organizmów żywych, również ludzi. Nasila się zarówno susze, jak i powódzie, a kolejne tereny będą zbyt gorące, by nadawać się do zamieszkania.

Omawiany spadek bioróżnorodności oraz wylesiania wynika przede wszystkim z nadprodukcji mięsa oraz innych pochodzących od zwierząt hodowlanych artykułów, takich jak mleko i jego przetwory oraz jaja. Wszystkie tereny rolnicze stanowią około połowy całkowitej powierzchni możliwej do zamieszkania. Aż 77% z tego obszaru to ziemie przeznaczone na ten cel, przy czym

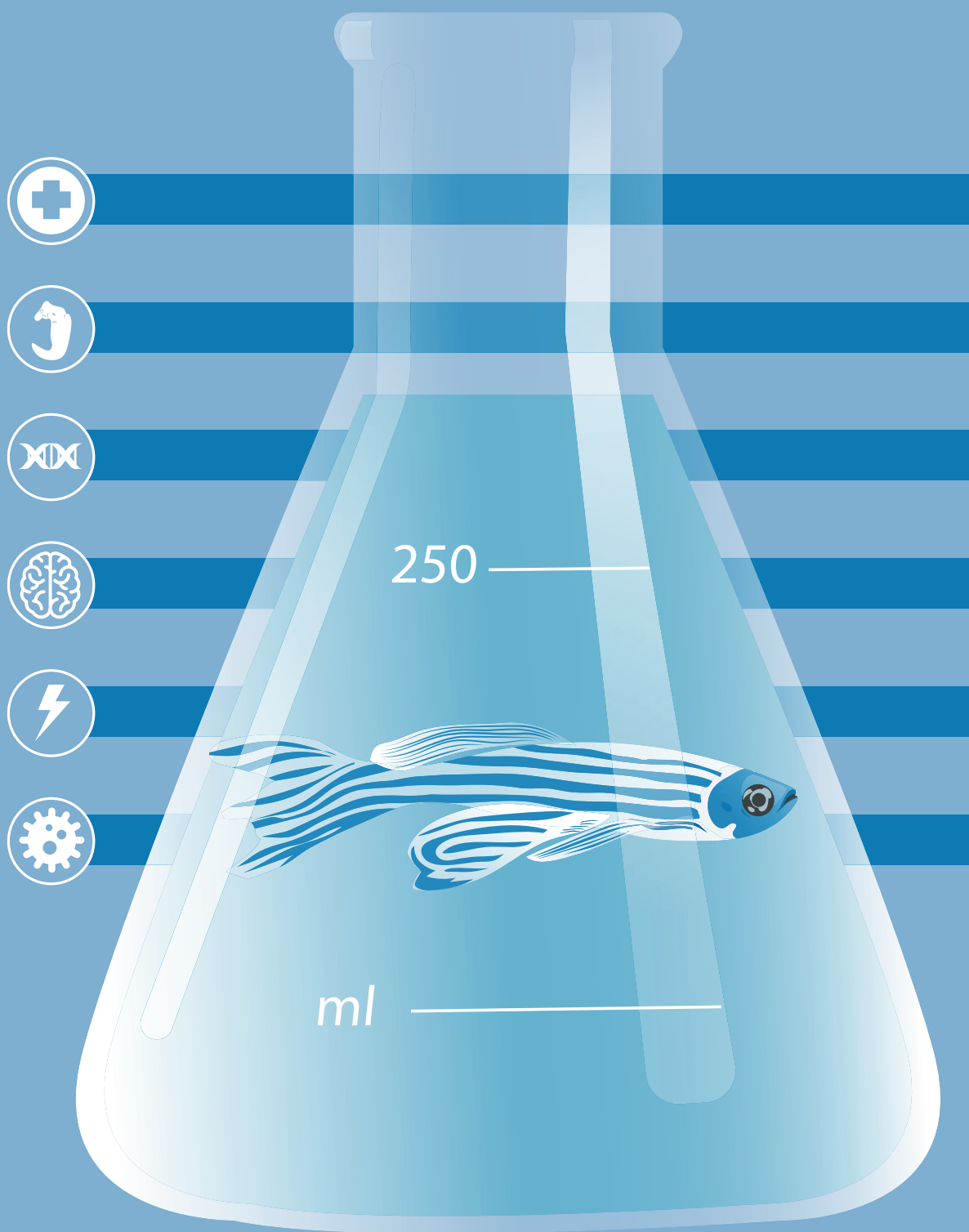
spożycie mięsa i nabiału dostarcza zaledwie 33% zapotrzebowania na białko i 17% zapotrzebowania na energię całej ludzkiej społeczności. Resztę zaspokaja żywność roślinna (co oznacza, że jest ona zdecydowanie efektywniejsza jako pożywienie dla ludzi). Aż 90% zwierząt hoduje się w systemie ferm przemysłowych, który wymaga ogromnych obszarów do wyprodukowania paszy dla nich, czyli wielkoobszarowych monokultur. Taki sposób hodowli prowadzi do wytwarzania dużych ilości taniego mięsa i nabiału, spożywanych przede wszystkim w bogatszych krajach i regionach, takich jak USA, Europa, Australia i Oceania, a także w coraz większym stopniu Chiny. Tego typu działania prowadzą do nadkonsumpcji mięsa i nabiału. Dietetycy wskazują na to, że tygodniowo porcja mięsa dla dorosłej osoby powinna wynosić maksymalnie 0,5 kg, natomiast w samej Polsce sięga ona 1,5 kg, czyli trzy razy więcej. Niska cena oraz wysoka dostępność mięsa i nabiału prowadzi też do jego marnowania, również na poziomie konsumenckim – na przykład w Polsce wyrzuca się 47% wędlin. Jednocześnie składniki paszy, takie jak soja, uprawiane są w biedniejszych krajach, często na terenach po wyciętych i wypalonych lasach, do których należy także Puszcza Amazońska. Oznacza to również, że zamiast produkować żywność na własne potrzeby, kraje te eksportują soję na paszę używaną do niepotrzebnego, bo nadmiernego wytwarzania mięsa i nabiału. Taka nierówność w systemie całego świata w wytwarzaniu i dystrybucji żywności służy jednemu celowi – generowaniu zysków dla koncernów spożywczych oraz biochemicznych. Te ostatnie dostarczają między innymi pestycydów oraz nawozów sztucznych, niezbędnych do uprawy wielkoobszarowych monokultur. Dlatego właśnie konieczna jest zmiana zarówno systemu wytwarzania żywności, jak i jej lepsza organizacja oraz dystrybucja.

i

dr hab. Paulina Kramarz
profesora nadzwyczajna UJ
Instytut Nauk o Środowisku
naukadlaprzyrody.pl

Więcej informacji dotyczących globalnego ocieplenia można znaleźć na stronie naukaoklimacie.pl.

Cytowane dane pochodzą z okresu 2015–2020.



**DANIO PRĘGOWANY:
MAŁA RYBKA
O WIELKIM POTENCJALE**

Danio pręgowany (*Danio rerio*) to niewielka, egzotyczna rybka z rodziny karpiowatych, która hodowana jest przez akwarystów w celach hobbystycznych, a jednocześnie od około 40 lat robi zawrotną karierę w badaniach biomedycznych. Danio znalazł zastosowanie w nauce jako organizm modelowy, czyli gatunek, z wykorzystaniem którego można badać przebieg różnych procesów biologicznych, zachodzących także w organizmie człowieka. Jego zalety to łatwość hodowli, przezroczyste larwy, szybki rozwój i krótki czas osiągnięcia dojrzałości płciowej, a przede wszystkim w całości zsekwencjonowany genom oraz rozwój odpowiednich technik biologii molekularnej pozwalających na stworzenie licznych mutantów i linii transgenicznych. Wszystkie te cechy sprawiły, że danio pręgowany jest obecnie drugim po myśli najbardziej popularnym organizmem modelowym. Wykorzystuje się go między innymi w badaniach embriologicznych, genetycznych, neurobiologicznych, farmaceutycznych, toksykologicznych i immunologicznych. Od kilku lat model danio stosowany jest również w badaniach prowadzonych w Zakładzie Immunologii Ewolucyjnej Instytutu Zoologii i Badań Biomedycznych Wydziału Biologii Uniwersytetu Jagiellońskiego.

Biolodzy z UJ używają danio między innymi w badaniach nad rozwojem reakcji odpornościowej w odpowiedzi na infekcje wirusowe, w tym infekcje wywoływane przez wirusy stanowiące duże zagrożenie dla światowej akwakultury (takie jak *tilapia lake virus*). Przy użyciu danio przyglądają się także interakcjom komórek układu immunologicznego z bakteriami, również tym wywołującym choroby człowieka i opornym na antybiotyki. Pod tym kątem badane są na przykład rozpowszechniony i groźny gronkowiec złocisty czy wywołujące parodontozę bakterie *Porphyromonas gingivalis*. W tym ostatnim przypadku naukowcy sprawdzają, czy bakterie te mogą przedostawać się do krwi, a następnie do mózgu i powodować procesy neurodegeneracyjne o podłożu zapalnym, a co za tym idzie – przyczyniać się do rozwoju choroby Alzheimera.

Danio znajduje także zastosowanie w badaniach nad wpływem hormonów i neuroprzekazników na układ odpornościowy. Naukowcy z UJ sprawdzają między innymi, jak stres wpływa na odporność ryb, w tym aktywność

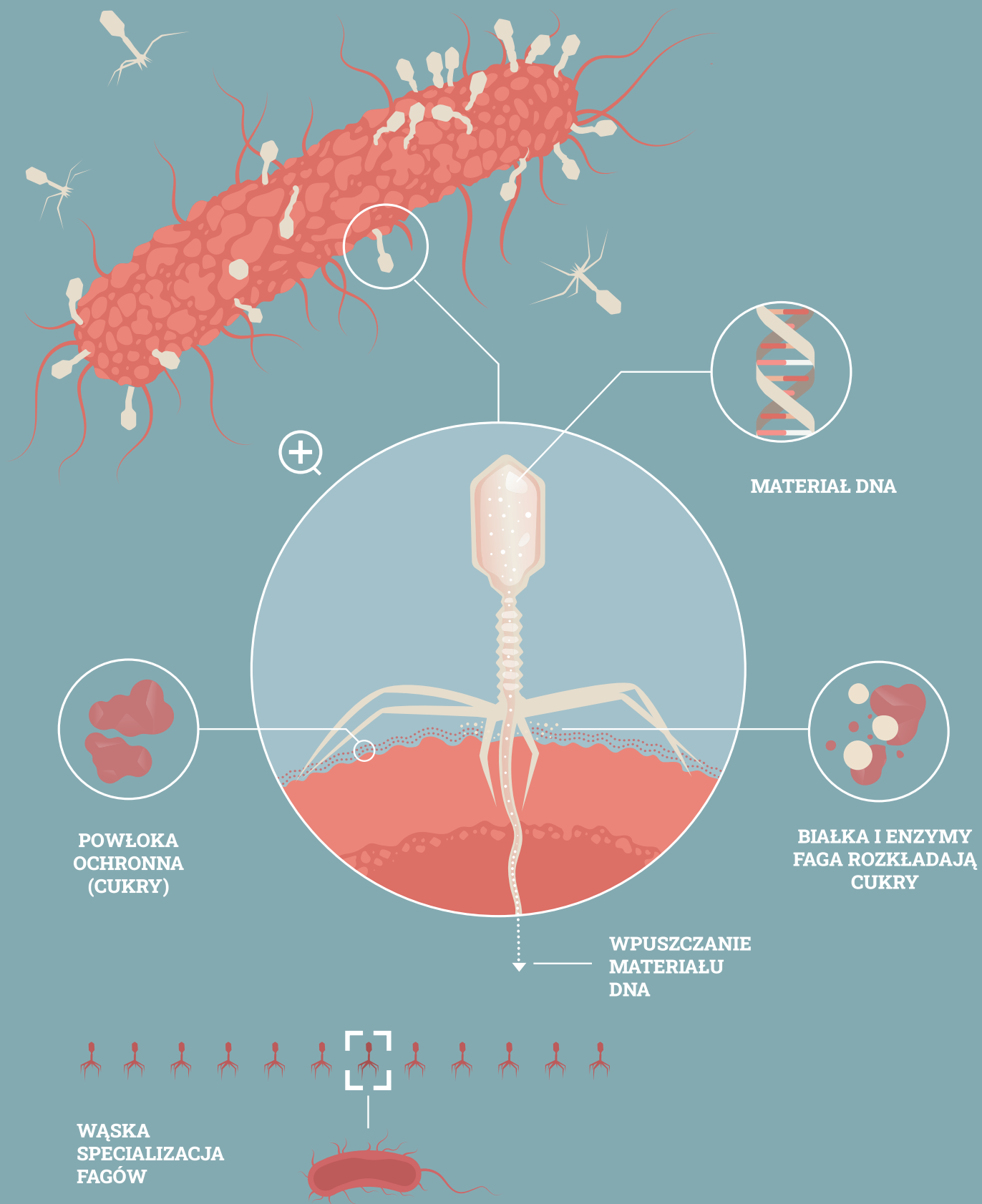
ich białych krwinek (leukocytów), chroniących organizm przed infekcjami. Badają także, jak odporność ryb zmienia się w cyklu dobowym i w zależności od tego, w jakich warunkach świetlnych są one przetrzymywane. Badania te w przyszłości mogą pozwolić na zaprojektowanie nowych strategii hodowli ryb, w których minimalizacja stresu i właściwy dobór warunków przetrzymywania zwierząt, w tym warunków świetlnych, pozwoli na optymalne funkcjonowanie ich układu odpornościowego.

Dzięki tej małej rybce możliwe jest prowadzenie badań na wielu poziomach: molekularnym, komórkowym oraz populacyjnym. W ten sposób naukowcy są w stanie poznać czynniki wirulencji, czyli cząsteczki drobnoustrojów, które są odpowiedzialne za rozwój choroby, a także mechanizmy odpowiedzi immunologicznej na poszczególne drobnoustroje, co w przyszłości może doprowadzić do powstania nowych terapii pomocnych w walce z zakażeniami.

i

dr Krzysztof Rakus, dr Tomasz Prajsnar, dr Magdalena Widziołek,
prof. dr hab. Magdalena Chadzińska
Zakład Immunologii Ewolucyjnej
Instytut Zoologii i Badań Biomedycznych
Wydział Biologii UJ

Badania prowadzone są we współpracy z zespołem Profesora Jana Potempy z Zakładu Mikrobiologii Wydziału Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ.



WIRUSY KONTRA LEKOOPORNE BAKTERIE

Zespół dr. hab. Rafała Mostowego w Małopolskim Centrum Biotechnologii UJ używa bioinformatyki do badania wirusów bakteryjnych – fagów. Rekonstruując ich ewolucję za pomocą modeli komputerowych, możemy zrozumieć, jak fagi przechytrzają bakterie i skutecznie je zabijają, a analizując miliony białek fagów – znaleźć nowe, nieznane nam dotychczas leki antybakteryjne.

Bakterie i ich wirusy, fagi, od prawie czterech miliardów lat pozostają w nieustannym wyścigu ewolucyjnym. Bakterie ciągle ewoluują, żeby opierać się wirusom, a te z kolei ciągle ewoluują, żeby nadążyć za zmieniającymi się bakteriami. Tak jak tysiące milionów lat wzajemnej ewolucji pozwoliło wirusom wyrobić sobie ogromne doświadczenie w przeróżnych sposobach na infekowanie i zabijanie bakterii, tak bakterie posiadają równie ogromne doświadczenie w sposobach uodparniania się na infekcje.

O tym, jak takie doświadczenia mogą być przydatne dla ludzkości, głośno było w zeszłym roku, gdy Nagroda Nobla w dziedzinie medycyny została przyznana za „nożyczki molekularne”, czyli metodę modyfikacji genomu CRISPR-Cas. Metoda ta została przez niektórych okrzyknięta największym i najbardziej kontrolowanym medycznym odkryciem w historii ludzkości. Narzędzie to jest niczym innym jak bakteryjną bronią do walki z fagami. Niektóre bakterie mają zakodowane w genomie krótkie sekwencje genetyczne, które pomagają im rozpoznawać wirusy. Gdy wirus dostaje się do komórki bakteryjnej, ta bardzo szybko uruchamia „nożyczki”, precyzyjnie tnąc wirusa na części. W ostatnich latach zidentyfikowaliśmy kilkanaście innych, potencjalnie ciekawych systemów bakteryjnych, których mikroby używają do walki z wirusami. Może się okazać, że CRISPR-Cas to wierzchołek góry lodowej nowych narzędzi medycznych.

Podczas gdy wykorzystanie doświadczenia bakterii w walce z fagami to głównie kwestia ostatnich dwóch dekad, doświadczenia fagów w zabijaniu bakterii wykorzystujemy już – z różnymi skutkami – od ponad 100 lat. Na początku XX wieku zauważono, że sama woda środowiskowa, z której izolowano bakterie w laboratorium, posiada właściwości antybakteryjne. Później okazało się, że dzieje się to dzięki obecności w wodzie fagów mających zdolność zabijania komórek bakteryjnych. Fagi szybko stały się przedmiotem badań nad sposobem leczenia infekcji bakteryjnych, zwanym fagoterapią. Ponieważ jednak jej skuteczność była bardzo zróżnicowana, a niedługo później odkryto penicylinę, na kilkadziesiąt lat prawie cały świat zapomniał o fagoterapii. Ostatnio jednak znowu zaczyna się mówić o fagach, ponieważ

bakterie stają się odporne na antybiotyki i coraz częściej powodują nieuleczalne infekcje. Wizja świata bez skutecznych antybiotyków sprawiła, że badania nad fagoterapią znowu zaczęły się intensywnie rozwijać. Jednak zastosowanie fagów do walki z bakteriami jest dużo bardziej skomplikowane, niż może nam się wydawać. Dlaczego?

Stuletnie doświadczenie w terapeutycznym użyciu fagów, przede wszystkim w krajach byłego Związku Radzieckiego, także w Polsce, pokazało, że fagoterapia raz działa, a raz nie – jej skuteczność trudno przewidzieć. Dzięki rozwojowi biotechnologii obecnie dużo lepiej rozumiemy, dlaczego tak się dzieje. Otóż proces oddziaływania faga z bakterią jest szalenie skomplikowany. Żeby fag mógł skutecznie zabić bakterię, musi najpierw przyczepić się swoimi „nóżkami” do komórki bakteryjnej, często przebijając się przez gęszcz różnych molekuł na jej powierzchni, skutecznie wstrzyknąć swój materiał genetyczny do środka komórki, potem ominąć cały arsenał bakteryjnych broni antywirusowych (takich jak CRISPR-Cas), przejąć kontrolę nad bakterią oraz zamienić ją w fabrykę cząsteczek wirusowych. Każdy z tych etapów jest złożony i może źle się skończyć dla wirusa. W efekcie fagi są bardzo wyspecjalizowane i dla danej komórki bakteryjnej istnieje bardzo niewiele wirusów, które skutecznie mogą dać sobie z nią radę. Do tego różnorodność genetyczna bakterii i wirusów jest ogromna, a obie strony mają zdolność do szybkich zmian w procesie ewolucji. Dlatego żeby doskonalić się w skutecznym i przewidywalnym używaniu fagów do leczenia infekcji bakteryjnych, musimy lepiej zrozumieć zarówno procesy molekularne ich interakcji, jak i potencjał ewolucyjny oraz ekologię ich oddziaływań.

W Małopolskim Centrum Biotechnologii UJ grupa pod przewodnictwem dr. hab. Rafała Mostowego zajmuje się badaniem jednego z kluczowych etapów infekcji faga: oddziaływań nówek fagowych, oraz zewnętrznych cukrów bakteryjnych. Wiele bakterii powodujących infekcje kliniczne jest pokryta gęstą warstwą cukrową zwaną otoczką bakteryjną. Te otoczki często stanowią osłonę bakterii przeciwko działaniom naszego układu odpornościowego i sprawiają, że – w pewnych okolicznościach – nieszkodliwe i „dobre” bakterie mogą

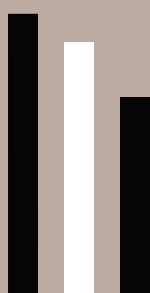
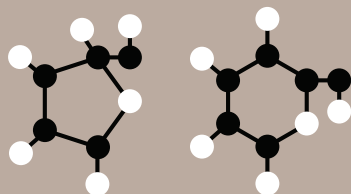
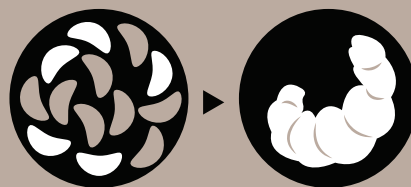
nagle zaatakować pacjenta. Dla faga taka otoczka jest przeszkodą w infekcji, dlatego wirusy wyewoluowały białka i enzymy, które potrafią rozkładać cukry. Jednak zarówno fagi, jak i cukry bakteryjne są niesamowicie różnorodne, a my nadal niewiele wiemy o ich interakcji. Dlatego scharakteryzowanie tej różnorodności oraz zrozumienie procesów ewolucyjnych, które do nich prowadzą, jest ważne, jeżeli chcemy nauczyć się, jak używać fagów do leczenia infekcji bakteryjnych.

Badacze z grupy genomiki mikrobów z Małopolskiego Centrum Biotechnologii używają komputerów do badań tych interakcji. Skupiają się na bakteriiach z gatunku *Klebsiella pneumoniae*, których lekooporne szczepy zaczynają być zmorą szpitali na całym świecie, w tym i w Polsce. Analizując setki tysięcy genomów fagowych oraz tysiące genomów bakterii, naukowcy są w stanie

porównać mnóstwo kombinacji odpowiednich białek fagowych oraz bakteryjnych i przewidzieć, które białka rozpoznają które cukry. Grupa badawcza planuje przy współpracy z innymi grupami doświadczalnymi przetestować hipotezy wygenerowane za pomocą komputerów i wyizolować enzymy przeciwko konkretnym cukrom. Z jednej strony takie badania pozwolą zidentyfikować nieznane dotychczas „enzybiotyki”, czyli nowe klasy leków pochodzenia wirusowego, których w przyszłości będzie można używać przeciwko bakteriom. Z drugiej – analiza procesów ewolucyjnych zachodzących w białkach wirusowych pomoże badaczom lepiej zrozumieć, jak zmiany w cukrach i białkach wpływają na sukces infekcji faga, a w konsekwencji, jak lepiej używać fagów do leczenia infekcji opornych na wszystkie znane antybiotyki.

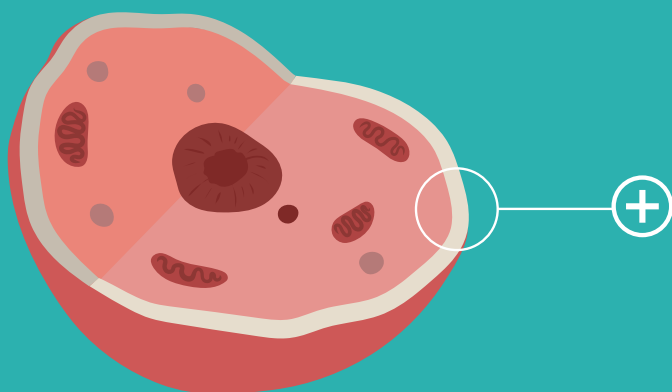
i

Badania pod przewodnictwem dr. hab. Rafała Mostowego są finansowane dzięki Narodowej Agencji Wymiany Akademickiej, Narodowego Centrum Nauki oraz European Molecular Biology Organisation (EMBO).



INFOGRAFIKI NAUKOWE

www.nauka.uj.edu.pl/naukoskop



CZĄSTECZKA
SYGNAŁOWA

PŁYN
POZAKOMÓRKOWY

BŁONA
KOMÓRKOWA
(LIPIDY)

CYTOPLAZMA

GPCR
(BIAŁKO)

AKTYWIZACJA
BIAŁKA G

BO DO TANGA TRZEBA...
BIAŁEK I LIPIDÓW

Jak to możliwe, że informacja z otoczenia przenika do wnętrza komórki w czasie krótszym niż sekunda? W jaki sposób spośród ogromnej liczby różnorodnych cząsteczek chemicznych znajdujących się w jej otoczeniu komórka potrafi rozpoznać te, które są dla niej istotne? Na te oraz inne pytania próbuje odpowiedzieć zespół naukowców pracujący pod kierunkiem dr Agnieszki Polit z Wydziału Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ.

Receptory błonowe są kluczowymi cząsteczkami zaangażowanymi w procesy rozpoznawania sygnału i przekazu informacji. Wśród nich najliczniejszą grupę stanowią receptory sprzężone z białkami G, nazywane GPCR (ang. *G protein-coupled receptors*). Są one obecne nie tylko w układzie nerwowym, ale również w prawie każdej komórce naszego ciała, a ponad połowa z nich wykazuje potencjalne znaczenie dla przemysłu farmaceutycznego. U człowieka występuje kilkadziesiąt różnych receptorów GPCR oraz kilkanaście podtypów białek G.

GPCR-y to duże, wyspecjalizowane białka osadzone w błonach komórek, których jedna część „wystaje” poza komórkę, a druga zanurza się w cytoplazmie. Dzięki takiej budowie receptory GPCR stanowią doskonały łącznik pomiędzy światem na zewnątrz komórki a wyspecjalizowanymi „wykonawcami” w jej wnętrzu. Pojawienie się cząsteczek sygnałowych, którymi mogą być zarówno związki chemiczne (przekaźniki, takie jak dopamina, serotonina, melatonina czy neuropeptyd Y), jak i czynniki fizyczne (np. światło), natychmiast zapoczątkowuje kaskadę zdarzeń, dzięki którym komórka może się przystosować do zmieniających się warunków, uruchomić produkcję potrzebnych w danych okolicznościach substancji czy wreszcie przekazać ważne informacje do innych komórek i tkanek. Pierwszym elementem wspomnianej kaskady jest aktywacja przez pobudzony receptor wewnątrzkomórkowego białka G określonego podtypu. Zaktywowane białko G oddziałuje z kolejnymi białkami, dzięki czemu informacja z otoczenia zewnętrznego dociera do właściwych „wykonawców”.

Zgodnie z modelem płynnej mozaiki zaproponowanym w 1972 roku przez S. Jonathana Singera i Gartha Nicholsona błonę komórkową przez długi czas przedstawiano jako dwuwymiarowe „morze” lipidów (tłuszczów), w którym pływają równomiernie rozmieszczone „góry lodowe”, czyli białka. Obecnie dzięki rozwojowi różnych technik eksperymentalnych pozwalających zajrzeć w ten nanoświat wiemy, że rozkład białek i lipidów w błonach nie jest jednorodny. Jednak szczegóły dotyczące organizacji i wzajemnych oddziaływań tych dwóch grup związków, choć istotne, nadal nie są do końca jasne.

Badania prowadzone w Zakładzie Biochemii Fizycznej pod kierownictwem dr Agnieszki Polit koncentrują się na wnikliwym poznaniu i zrozumieniu tego niezwykle finezyjnego systemu, a w szczególności relacji między receptorami GPCR, ich białkami efektorowymi (czyli między innymi białkami G związanymi z błoną po stronie wewnątrzkomórkowej) i określonymi lipidami. Naukowcom udało się dowiedzieć, że w błonach komórkowych powstają wyspecjalizowane platformy sygnalizacyjne, które – jeszcze zanim w otoczeniu zewnętrznym pojawi się cząsteczka sygnałowa – sprzyjają integracji i oddziaływaniu określonych receptorów z określonym typem białka G. Specyficzna relacja pomiędzy receptorem a białkiem G prowadzi do wybiórczego działania cząsteczki sygnałowej, nie tylko na bardzo określone cząsteczki receptora, ale również na zgromadzone wokół niego konkretne białka efektorowe. W konsekwencji uruchamiane zostają ściśle zdefiniowane ścieżki sygnałowe. To z jednej strony wyjaśnia, dlaczego odpowiedź ze strony komórki może nastąpić w bardzo krótkim czasie od pojawienia się w jej otoczeniu sygnału, a z drugiej – dlaczego ten sam sygnał może wywołać w komórce odmienne reakcje.

Dodatkowo grupie dr Polit udało się zidentyfikować czynniki odpowiedzialne za swoiste kierowanie wybranych białek efektorowych i receptorów GPCR do konkretnych rejonów błony komórkowej. Do tych czynników należą między innymi określone sekwencje aminokwasowe w cząsteczce receptorów, rodzaj lipidów występujących w błonie oraz rodzaj tak zwanych kotwic lipidowych, czyli związków przyłączonych do białek G.

Zbadanie i zrozumienie na poziomie cząsteczkowym tak podstawowego procesu, jak przekaz sygnału, w tym roli pełnionej przez zawarte w błonie komórkowej lipidy, są istotne nie tylko ze względów poznawczych, lecz także medycznych, gdyż z czasem powinno umożliwić farmakologiczną interwencję w liczne schorzenia o patogenie związanej z receptorami GPCR.

i

Badania dotyczące wzajemnych powiązań między receptorami GPCR, białkami G i lipidami są prowadzone w Zakładzie Biochemii Fizycznej Wydziału Biochemii, Biofizyki i Biotechnologii UJ w ramach projektu zatytułowanego „Wpływ domen błonowych na oddziaływanie białek G z lipidami” (kierowanego przez dr Agnieszkę Polit; OPUS 12, 2016/23/B/NZ1/00530).