



100 Atkurtai
Lietuvai

11-oji jaunųjų mokslininkų konferencija

BIOATEITIS:

gamtos ir gyvybės mokslų
perspektyvos

Pranešimų santraukos*

2018 m. gruodžio 14 d.

RĖMĖJAS

ThermoFisher
SCIENTIFIC

* Pranešimų santraukų kalba netaisyta



BIOLOGIJOS, EKOLOGIJOS IR GEOMOKSLŲ SEKCIJA

Vidurio Lietuvos tektoninės zonos tęsinys ŠV Lietuvos kristaliniame pamate

Laurynas Šiliauskas¹, G. Skridlaitė¹, M. Whitehouse², J. Putnaitė¹

¹Gamtos tyrimų centras, Akademijos g. 2, 08412 Vilnius, Lietuva

²Swedish Museum of Natural History, Box 50 007, SE-104 05 Stockholm, Sweden

Lietuvos kristalinis pamatas slūgso 200–1000 metrų gylyje ir pasiekiamas tik gręžiniais. Detalus kristalinio pamato tyrimai įmanomi tik nustatant absoliutinį uolienų amžių, bei analizuojant izotopinę ir cheminę uolienų sudėtį. Vakarų Lietuvos uolienos yra iškeltos iš didesnio gylio, todėl ten randama aukštesnių temperatūrų metamorfizmo paveiktų uolienų, kai Rytinėje Lietuvoje pasiekiami žemesni parametrai.

Buvo paimti du metamorfizuotų magminių uolienų mėginiai absoliutinio amžiaus nustatymui (SIMS) NORDSIM laboratorijoje, Švedijoje. Uolienos imtos iš St87 (1158,5 m gylis) ir Vd62 (1665 m gylis) gręžinių, esančių vakarų Lietuvoje. Uolienos skiriasi mikroelementų chemine sudėtimi. Nors abi susidarė su subdukcija susijusioje tektoninėje aplinkoje, Vd62 retųjų žemių spektras, normuotas pagal Nakamura (1974) yra labiau diferencijuotas, lyginant su St87. Tai rodo, jog St87 uoliena susidarė salų lankų tektoninėje aplinkoje, o susidarant Vd62 subdukcija vyko po kontinento pakraščiu. Nustatytas uolienų amžius labai panašus: Vd62 1849,1±7,7 Ma ir St87 1843,3±8,9 Ma.

Panašaus amžiaus uolienų, susidariusių salų lankų tektoninėje aplinkoje ir kontinentinio pakraščio tektoninėje aplinkoje yra žinoma aplinkiniuose gręžiniuose bei Pietų Lietuvoje. Bogdanova et al., (2014) nustatė kad skirtingo amžiaus uolienos Baltijos šalyse gali būti koreliuojamos su stambiomis tektoninėmis struktūromis Skandinavijos pusiasalyje. Mūsų tirtos uolienos patenka į 1.86–1.84 Ga intervalo uolienas, kurios manoma susidarė kartu su Askersund svita ir dalimi Västervik domeno.

Kuršių nerijos kopų raida, Mirusiųjų (Pilkųjų) kopų pavyzdžiu

Nikita Dobrotin

Vilnius universitetas, Geomokslų institutas, 03101 Vilnius, Lietuva

Kuršių nerija yra vienas unikaliausių Lietuvos kampelių tiek kultūrine, tiek geologine prasme. Geologiniu požiūriu – tai „gyvas“, iki šiol besiformuojantis darinys, kurį sudaro eolinės (vėjo sunėšamos) nuogulos.

Detalus Mirusiųjų (Pilkųjų) kopų tyrimų kompleksas, susidedantis iš modernių geofizinių ir geochronologinių tyrimo metodų, apėmė geofizinius lauko tyrimus georadaru (GPR), eolinių smėlių magnetinio imlumo matavimus, paleodirvožemių radiokarboninį (¹⁴C) bei eolinių smėlių absoliutaus amžiaus nustatymą optiškai stimuliuotos liuminescencijos (IR-OSL) metodais. Detalios surinktų duomenų analizės metu gauti duomenys palaiko vieno ilgo dirvodaros proceso

Konferencijos organizacinis komitetas:

akad. Virginijus Šikšnys (Vilniaus universiteto Gyvybės mokslų centro Biotechnologijos institutas) – pirmininkas

akad. Vaidutis Kučinskas (LMA Biologijos, medicinos ir geomokslų skyrius) – pirmininko pavaduotojas

dr. Jadvyga Olechnovičienė (LMA Biologijos, medicinos ir geomokslų skyrius) – mokslinė sekretorė

akad. Rūta Dubakienė (Vilniaus universitetas)

akad. Robert Mokrik (Vilniaus universitetas)

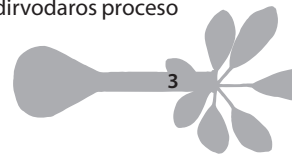
akad. Saulius Klimašauskas (Vilniaus universiteto Gyvybės mokslų centro Biotechnologijos institutas)

akad. Mečislovas Žalakevičius (Gamtos tyrimų centras)

Leidinį sudarė dr. Jadvyga Olechnovičienė

Apipavidalino Miglė Datkūnaitė

LIETUVOS MOKSLŲ AKADEMIJOS
BIOLOGIJOS, MEDICINOS IR GEOMOKSLŲ SKYRIUS



modelį. Paleodirvožemių radiokarboninių datavimų gausa leido praplėsti šį dirvodaros periodą nuo 4000 metų PD iki 6500–6700 metų PD.

Tyrimo duomenys rodo, kad kopų reaktivacija paskatino lokalūs veiksniai, ji apėmė nedideles teritorijas, trūko nuo kelių dešimčių iki kelių šimtų metų. Tyrimų georadaru duomenys bei smėlių magnetinio imlumo matavimų rezultatai eolinėse nuogulose skiriančiose skirtingo amžiaus paleodirvožemius, rodo sluoksnius su didesne sunkiųjų mineralų koncentracija, didesnis sunkiųjų mineralų kiekis gali būti siejamas su paleoklimatinėmis sąlygomis kopų akumuliacijos metu (ramiom, vejuotom ar audringom).

Atliktos paleorekonstrukcijos rodo, kad kopų masyvo rytinio šlaito papėdės padėtis per pastaruosius 5000 metų beveik nekito ir buvo ties centrine Kuršių nerijos ašimi (ties dabartinio Didžiojo kopagūbrio vakarinio šlaito papėde). Paleorekonstrukcijos byloja, kad laikotarpiu tarp 3500 ir 1000 metų prieš dabartį kopų masyvo rytinė papėdė pasislinko tik maždaug 180 metrų, o jau vien per pastaruosius 1000 metų kopos buvo perstumtos daugiau nei 500 metrų rytų kryptimi.

Reikšmingi žodžiai: Kuršių nerija, paleodirvožemis, georadaras, radiokarboninis (^{14}C) datavimas, IR-OSL datavimas, Magnetinis imlumas, Sunkiųjų mineralai, Holocenas, Mirusios (Pilkosios) kopos.

Molių kilmė aplink smiltainių grūdėlius ankstyvojo permio laikotarpiu

Jūratė Vaznytė¹, Nicolaas Molenaar, Saulius Šliaupa

¹Gamtos tyrimų centras

Nemažai didžiųjų dujų baseinų vakarų Europoje sutinkami pietiniame permio baseine – jį sudarančiose siliciklastinėse uolienose: smiltainiuose, gravelituose ar konglomeratuose. Tačiau daugumos rezervuarų kokybė yra ne vienoda, ir dalis smiltainių turi mažesnę pralaidumą nei įprasta. Taip galimai yra dėl skirtingomis kryptimis apaugusių autigeninių molių, kurie randami aplink grūdėlio paviršių. Šie moliai tiesiogiai susiję su skvarbumo sumažėjimu, nors poringumas dėl to ir nėra pakitęs. Norint suprasti rezervuarų kokybę reikia suprasti ir molio mineralų kilmę, bei pasiskirstymą porose.

Lietuvos Perlojos baseinas, esantis pietiniame permio baseine yra nedaug nugramzdintas ir siekia ne daugiau septynių šimtų metrų gylio, kai tuo tarpu Vakarų Europoje pietinis permio baseino gylis siekia trejetą-penketą tūkstančių metrų. Perlojos baseinas pasižymi tik pirminiais uolių pokyčiais – t. y. kompaktacija ir cementacija, dėl to, čia sutinkamuose smiltainiuose aiškiai matomos pirminės – nepakitusios molio mineralų tekstūros aplink esamas smiltelių sienelės. Minimas molis yra apvadinis – susiformavęs posedimentacinių procesų metu. Infiltruotas vėlesnių vandens srautų, kuriuose esantis suspencijos pavidalo, kartu su geležies hidroksidu ir kitomis molio-aleutito siliciklastinėmis dalelėmis nusėdo ant smiltelių sienelių. Be molio infiltracijos yra sutinkami ir kiti pedogeniniai procesai, kaip kalcito, dolomito ar net gipso cementacija.

Statistinis palydovinių vandens atsargų sniege duomenų skiriamosios gebos didinimas

Justinas Kilpys¹, Svetlana Aniskeviča², Kairi Vint³

¹Vilniaus universitetas, Chemijos ir geomokslų fakultetas, Geomokslų institutas, el. paštas justinas.kilpys@gf.vu.lt.

²Latvijos aplinkos, geologijos ir meteorologijos centras, Klimato ir metodologijos skyrius

³Estijos aplinkos apsaugos agentūra, Meteorologinių stebėjimų skyrius

Vandens atsargos sniege yra vienas iš svarbiausių pavasario potvynio prognostinių rodiklių. Informacija apie vandens atsargas sniege galima gauti iš antžeminių matavimų bei iš dirbtinių Žemės palydovų. Palydovų prietaisai, veikiantys mikrobangų spektre, ir galintys užfiksuoti vandens kiekio pokyčius sniege, pasižymi labai žema skiriamąja geba (apie 25 km). Tokia skiriamoji geba nėra pakankama norint pritaikyti palydovinius duomenis regioninei analizei bei hidrologiniam modeliavimui. Šiame tyrime buvo atliekamas statistinis EUMETSAT HSAF palydovinių vandens atsargų sniege duomenų skiriamosios gebos didinimas nuo 25 km iki 5 km. Naudoti 2012–2018 m. laikotarpio palydoviniai duomenys, tyrimo regionas apėmė Baltijos valstybes. Statistinis skiriamosios gebos didinimas buvo atliekamas naudojant aukštesnės skiriamosios gebos aplinkos duomenis: reljefo aukštį, minimalią paros temperatūrą, žemės dangos tipą. Ryšių tarp šių aplinkos parametrų nustatymui naudota daugianarė regresija bei dirbtiniai neuroniniai tinklai. Tyrimo rezultatai parodė, kad tikslesni aukštesnės skiriamosios gebos duomenys gauti naudojant neuroninius tinklus (RMSE = 7,3; nuokrypis = -0.3), nei naudojant daugianarę regresiją (RMSE = 7,8; nuokrypis = -1,1). Esant labai nestorai sniego dangai (mažai vandens atsargų) dirbtinis neuroninis tinklas kai kuriose vietovėse sukūrė „netikrą“ sniegą. Norint išvengti šių nepageidaujamų dirbtinio neuroninio tinklo rezultatų ateityje planuojama atlikti prižiūrimą apmokymą bei pakeisti aktyvavimo funkciją. Tačiau skiriamosios gebos didinimo potencialas yra apribotas ir pirminių duomenų kokybės.

Viengrandės DNR virusų kilmės istorija

Darius Kazlauskas¹, Arvind Varsani², Eugene V. Koonin³, Mart Krupovic⁴

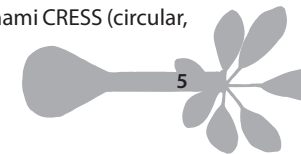
¹Vilniaus universiteto Gyvybės mokslų centro Biotechnologijos institutas

²The Biodesign Center for Fundamental and Applied Microbiomics, School of Life sciences, Center for Evolution and Medicine, Arizona State University, Tempe, AZ 85287, USA

³National Center for Biotechnology Information, National Library of Medicine, National Institutes of Health, Bethesda, MD 20894, USA

⁴Unité Biologie moléculaire du Gène chez les Extrêmophiles, Department of Microbiology, Institut Pasteur, 25 rue du Docteur Roux, Paris 75015, France

Viengrandės (vg) DNR virusams būdingas mažas žiedinis genomai, kuris kopijuojamas riedančio rato mechanizmu. Šie virusai infekuoja tiek prokariotus, tiek eukariotus ir yra pagrindinė žemės viromos sudedamoji dalis. Ypač savo skaitlingumu ir įvairove išsiskiria eukariotų vgDNR virusai. Jie savo dauginimuisi naudoja Rep baltymą, todėl dar vadinami CRESS (circular,



Rep-encoding ssDNA) virusais. Eukariotų vgDNR virusų Rep baltymas yra sudarytas iš HUH superšeimos endonukleazės ir trečios superšeimos (SF3) helikazės domenų. Pastarojo domeno prokariotų vgDNR virusai neturi. Norėdami išsiaiškinti vgDNR virusų kilmės istoriją mes atlikome išsamias HUH šeimos baltymų paieškas, kurių metu identifikavome beveik 9000 jų homologų ir išskyrėme aštuonias naujas HUH baltymų šeimas, koduojamas ekstra-chromosominėse arba į chromosomas integruotose bakterijų plazmidėse. Naudodami baltymų sekų tarpusavio panašumo tinklų ir filogenetinės analizės metodus mes parodėme, kad CRESS virusų Rep baltymai išsivystė nepriklausomai keletą kartų iš bakterinių plazmidžių, kurioms taip pat būdingas Rep baltymas su SF3 helikazės domenu. Minėtų virusų kapsidės baltymas buvo perimtas iš eukariotų vgRNR virusų. Prokariotų vgDNR virusų HUH baltymas taip pat kilo iš bakterinių plazmidžių. Beje, mes atskleidėme, kad vyko ir atvirkščias procesas, t. y., virusų rep genus nepriklausomai perėmė fitoplazmų ir raudonųjų dumblių plazmidės. Šie nustatyti dėsniniai dar kartą parodo glaudų ryšį tarp virusų ir kapsidžių nekoduojančių mobilių genetinių elementų.

iRNR splaisingo variantų, susijusių su intelektine negalia ir įgimtomis anomalijomis, funkcinė analizė

Evelina Siavrienė

Vilniaus universitetas

Intelektinė negalia ir įgimtos anomalijos (IN/ĴA) lemia įvairaus masto organizmo funkcijų sutrikimus. Ši patologija nustatoma 1–3 % bendros populiacijos asmenų ir yra viena iš dažniausių šių dienų neįgalumo problemų. Pastaruosius dešimtmečius sparčiai tobulinami viso genomo molekuliniai genetiniai tyrimai suteikė galimybę efektyviau ir išsamiau identifikuoti IN/ĴA genetines priežastis. Tačiau dėl heterogeninės IN/ĴA prigimties šių genetinių priežasčių nustatymas ir išsami funkcinė analizė vis dar yra sudėtinga. Šiuo metu žinoma apie 700 su IN siejamų genų. Nustatomi įvairūs šių genų variantai, dalis jų sutrikdo įprastus iRNR brendimo procesus, sukelia skaitymo rėmelio poslinkį, sudaro priešlaikinį baigmės kodoną ar klaidingą RNR sukirpimo vietą. RNR sukirpimo variantai gali turėti skirtingą poveikį: sukuria priešlaikinį baigmės kodoną, kuris galimai aktyvina procesą, vadinamą priešlaikinės baigmės kodono sąlygotu iRNR suardymu arba lemia viso egzono praradimą. Dėl šios priežasties galimai keičiasi geno raiška iRNR lygmenyje, taip pat pakinta baltymo struktūra. IN genetinių priežasčių identifikavimas ir funkcinė jų analizė suteikia galimybę geriau suprasti įgimtų sutrikimų etiologiją ir patogenezės mechanizmus, taip pat padeda nustatyti ar patvirtinti diagnozę. Šiame darbe pristatytus tyrimus finansuoja Lietuvos mokslo taryba (sutarties nr. S-MIP-17-19/LSS-150000-1179; INgenes projektas).

***Plasmodium homocircumflexum* (genetinė linija pCOLL4) virulentiškumas laukiniams paukščiams**

Mikas Ilgūnas¹, D. Bukauskaitė¹, V. Palinauskas¹, E. Platonova¹, K. Fragner², H. Weissenböck² ir G. Valkiūnas¹

¹*Gamtos tyrimų centras, Lietuva*

²*Vienos veterinarinės medicinos universitetas, Austrija*

Plasmodium parazitais užsikrėtę paukščiai gali žūti, tačiau dauguma atveju tai nulėmę mechanizmai lieka neišaiškinti. Šiais laikais daug mokslinių darbų tiria *Plasmodium* parazitų patogeniškumą, tačiau dauguma šių studijų gilinasi tik į maliarinių parazitų sukeltas kraujo patologijas. Yra žinoma, jog *Plasmodium* genties parazitai gali formuoti fanerozoitus (egzoeritocitinius merontus paukščio vidinių organų audiniuose). Žinios apie egzoeritocitinį daugumos paukščių maliarijos sukėlėjų vystymąsi šiandien tebėra fragmentiškos. Ypatingai trūksta eksperimentinių tyrimų galinčių paaiškinti šios vystymosi ciklo dalies dėsninumus. Norint suprasti tikrą paukščių *Plasmodium* virulentiškumą bei patogeniškumą yra būtina ištirti egzoeritocitinį šių parazitų vystymąsi.

Atlikto tyrimo tikslas buvo ištirti *Plasmodium homocircumflexum* (linija pCOLL4) vystymąsi laukiniuose paukščiuose priklausančiuose keturioms rūšims bei jiems sukeltas patologijas. Naminių žvirblių, kikilių, eglinių kryžiasnapių bei varnėnų grupės buvo užkrėstos maliariniais parazitais panaudojant sergančio donoro kraują. Eksperimento metu periodiškai buvo renkami mėginiai parazitemijos, hematokrito lygio bei paukščių kūno masės pokyčių tyrimams. Po eksperimento, užkrėstų paukščių vidaus organai buvo ištirti taikant tradicinius histologinius bei in situ hibridizacijos metodus.

Parazitacija išsivystė visuose eksperimentiškai užkrėstuose paukščiuose. Psukščiai išgyveno intensyviausios parazitemijos periodą ir nugaišo kai infekcija tapo chronine. Fanerozoitai buvo rasti visų nuo maliarijos žuvusių paukščių smegenyse, kas yra tikėtiniausia paukščių žūties priežastis.

Tyrimai finansuoti Lietuvos mokslų tarybos lėšomis (projektas numeris MIP-045/2015).

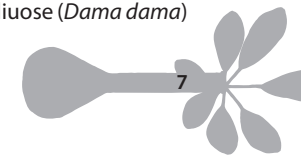
***Sarcocystis* parazitų paplitimo Lietuvos elniniuose (Cervidae) tyrimas**

Eglė Rudaitytė-Lukošienė, Petras Prakas, Živilė Strazdaitė-Žielenė, Elena Servienė, Dalius Butkauskas

Gamtos tyrimų centras

Sarcocystis genties atstovams priskiriami plačiai paplitę paukščių, roplių ir žinduolių parazitai, turintys obligatinį dviejų šeimininkų gyvybinį ciklą. Elninių šeimos atstovai gali tapti tarpiniais šeimininkais, kurių raumenyse formuojamos *Sarcocystis* parazitų sarkocistos. Lietuvoje elninių mėsa naudojama maistui, todėl šiuos gyvūnus parazituojančių *Sarcocystis* parazitų tyrimai aktualūs fundamentiniu ir praktiniais aspektais vertinant potencialią grėsmę žmogui bei laukiniams gyvūnams.

Tyrimo metu palyginti *Sarcocystis* infekcijos kiekybiniai parametrai bei rūšinė sudėtis natūraliai Lietuvoje paplitusiuose briedžiuose (*Alces alces*), stirnose (*Capreolus capreolus*) ir tauriuosiuose elniuose (*Cervus elaphus*) bei aptvaruose veisiamuose danieliuose (*Dama dama*)



ir dėmėtuose elniuose (*Cervus nippon*). Aukščiausias sarkocistų infekcijos paplitimas nustatytas stirnose (95,0%) ir dėmėtuose elniuose (94,1 %), taip pat aukštas užsikrėtimas lygis nustatytas briedžiuose (81,4 %), tauriuosiuose elniuose (82,6 %) ir danieliuose (76,3 %). *Sarcocystis* rūšys identifikuotos ir charakterizuotos morfologiniais (šviesinės ir elektroninės mikroskopijos) bei molekuliniais (18S rDNR ir *cox1* sekų analizės) metodais. Lietuvoje tirtuose gyvūnuose nustatyta *Sarcocystis* rūšinė sudėtis; tauriuosiuose elniuose ir briedžiuose aptiktos 5 *Sarcocystis* rūšys, stirnose identifikuotos 6 rūšys, dėmėtame elnyje rastos 8, o danieliuose – 9 rūšys. Tyrimai parodė, kad beveik pusė šiuo metu žinomų, elninius parazituojančių *Sarcocystis* rūšių, nėra specifiškos tarpiniams šeiminkams. Tirtuose elniniuose taip pat įvertintas aptinkamų *Sarcocystis* rūšių vidurūšinės genetinės įvairovės mastas bei nustatyti filogenetiniai ryšiai.

De novo mutacijų pasiskirstymas ir intensyvumas žmogaus genome (pacientų su intelektine negalia grupėje)

Laura Pranckėnienė*, A. Jakaitienė*, V. Kučinskas*

*Žmogaus ir medicininės genetikos katedra, Biomedicinos mokslų institutas, Medicinos fakultetas, Vilniaus universitetas, Vilnius, Lietuva

Intelektinė negalia (ID) tai heterogeninė ligų grupė, kuriai yra priskiriamas autizmas, šizofrenija ir kitos kognityvinio sutrikimo būklės, dažnai siejamos su plataus spektro ir sunkumo fenotipiniais požymiais, todėl dažnai kliniškai neatskiriamos. Yra skaičiuojama, kad apie 42 % sunkią ID turinčių asmenų turi patogeninių *de novo* mutacijų koduojančioje geno dalyje, todėl jų nustatymas yra itin svarbus identifikuojant ligos genetinę priežastį.

Šio tyrimo metu buvo tiriamos trys tiriamųjų egzomų duomenų grupės: 48 bendrosios lietuvių populiacijos, 37 sergančiųjų ID ir 13 sveikų, tačiau turinčių bent vieną sibsą sergantį ID triados (tėvas, motina ir bent vienas vaikas). Tyrimo metu nustatytas *de novo* mutacijų (DNMs) pasiskirstymas tarp atskirų geno regionų, mutacijų lygis. Tiesinės regresijos metodu nustatyta, kad bendrojoje lietuvių populiacijoje ~68–93 % DNMs lygio paaiškina deoksiribonuklezės 1 hiperjautrumo, CpG salelių konteksto, GERPP++ konservatyvumo ir raiškos lygio vertės. Tai rodo, jog DNMs genome susiformavo nepriklausomai nuo DNR sekos, tačiau DNMs lygis buvo didesnis tuose genuose, kurių produktai yra nespecifiniai ir dažniau transkripciskai aktyviuose, į promotorines sritis panašiuose, regionuose. Sergančiųjų ID grupėje DNMs lygis taip pat reikšmingai didesnis genuose su nespecifine raiška, tačiau tai paaiškina tik 12,8 % viso DNMs lygio. Taip pat nustatytas DNMs prisitaikomo genome efektas bei įvertintas kiekvienos DNM patogeniškumas. Pranešime pateikiami du atvejai kai nustatytos patogeninės taškinės DNMs *CHD7* ir *PACS1* genuose, lemiančiuose ID.

Šis tyrimas yra Visuotinės dotacijos projekto LITGEN (VP1-3.1-ŠMM-07-K-01-013), Lietuvių-Šveicarių kooperacijos programos UNIGENE projekto nr. CH-3-ŠMM-01/04 ir Šveicarijos nacionalinio mokslo fondo dotacijos (31003A_160203) dalis.

Doktorantūros studijos yra finansuojamos iš Europos sąjungos struktūrinių fondų projekto „Doktorantūros studijų plėtra“ (Nr. 09.3.3-ESFA-V-711-01-0001) lėšų.

BIOTECHNOLOGIJOS IR BIOCHEMIJOS SEKCIJA

Dirbtinio kaulinio audinio karkaso, sukonstruoto 3D spausdinimo būdu, savybių tyrimas *in vitro*

Milda Alksnė

Vilniaus universitetas

Audinių inžinerija – tarpdisciplininė tyrimų sritis, grindžiama medžiagų mokslo, molekulinės biologijos ir ląstelių mokslo žiniomis, jos tikslas – biologiškai suderinamos, topografiniu ir mechaniniu požiūriu taikiniam organui priderintos ląstelių augimo mikroaplinkos suformavimas. Praktinis veiklos pritaikymas – funkcionalaus dirbtinio audinio ar organo, kurį būtų galima transplantuoti į žmogaus organizmą, sukūrimas.

Šis darbas skirtas dirbtinio kaulinio audinio konstravimui, pagrindinį dėmesį skiriant karkaso savybių ir jų įtakos mezenchiminių kamieninių ląstelių likimo, tyrimui. Žinoma, kad iki šiol vis dar nenustatyta optimali osteogeninei diferenciacijai reikalinga karkasinės medžiagos sudėtis bei jos paviršiaus struktūra, todėl šiame darbe, modeliui pasirinkus polilaktinės rūgšties (PLA) polimerą, siekta įvertinti skirtingų paviršių struktūrų bei modifikacijų įtaką žiurkės dantų pulpos kamieninių ląstelių (DPKL) osteogeninei diferenciacijai *in vitro*.

Norint nustatyti skirtingų paviršių struktūrų vaidmenį DPKL osteogenezės procese, 3D spausdintuvu buvo sukurti du skirtingos struktūros PLA karkasai – vagotas, sudarytas iš susijungusių 188 μm pločio vagų, ir porėtas, su 300–400 μm skersmens poromis. Pasitelkus molekulinis ląstelių tyrimo metodus nustatyta, kad, DPKL, augusios ant abiejų tiriamųjų paviršių, pasižymėjo didesniu tiek proliferacijos, tiek ir osteogeninės diferenciacijos potencialu lyginant su ląstelėmis, augintomis ant lygaus kontrolinio paviršiaus. Tolimesniuose tyrimuose buvo vertinta skirtingų PLA modifikacijų įtaka DPKL augimui ir osteogeninei diferenciacijai. Vadovaujantis mūsų gautomis žiniomis, 3D spausdintuvu buvo suformuoti porėti (poros dydis 400 μm), tačiau išlaikantys ir vagotą struktūrą (dvi susijungusios 200 μm pločio vagos), kompozitiniai PLA bei hidroksiapatito ar biostiklo karkasai. Parodyta, kad šie paviršiai inicijuoja net spontaninę DPKL osteogeninę diferenciaciją, todėl gali būti pritaikomi kaulinio audinio regeneracijai.

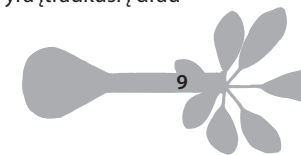
Didelio jautrumo glicerolio biojutiklis, veikiantis žmogaus šlapime

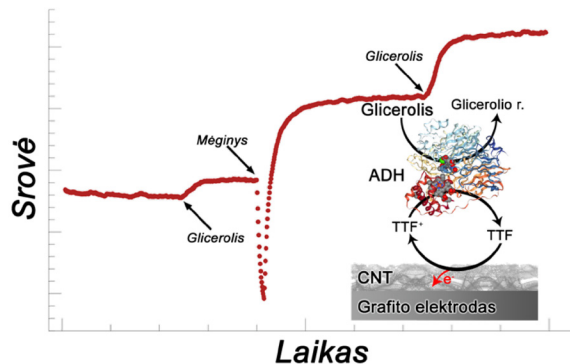
Eimantas Ramonas^{a,b}, Dalius Ratautas^{a,b}, prof. Juozas Kulys^b

^aChemijos ir bioinžinerijos katedra, Fundamentinių mokslų fakultetas, Vilniaus Gedimino technikos universitetas

^bBiochemijos institutas, Gyvybės mokslų centras, Vilniaus universitetas

Glicerolis yra vienas iš svarbiausių polihidroksilių alkoholių, dalyvaujančių daugelyje biocheminių reakcijų žmogaus organizme. Nustatyta, kad padidėjusi glicerolio koncentracija kraujyje ir šlapime gali būti siejama su sunkiomis ligomis: II tipo cukriniu diabetu, hiperglicerolemija ar net ūminiu pankreatitu. Taip pat, Pasaulinė antidopingo agentūra glicerolį yra įtraukusi į drau-





1 pav. Glicerolio biojutiklis sudarytas iš alkoholio dehidrogenazės (ADH) imobilizuotoas ant tetratiafulvalenu (TTF) modifikuotų anglies nanovamzdelių (CNT).

džiamų naudoti preparatų sąrašą kaip junginį, kuris gali padidinti plazmos tūrį bei maskuoti kitus draudžiamus preparatus. Glicerolio koncentracijai nustatyti naudojami chromatografiniai, masių spektrometrijos ar spektrofotometriniai metodai, kurių atlikimui reikia brangių medžiagų ir įrangos, daug laiko bei aukštos kvalifikacijos specialistų. Kaip alternatyva yra kuriami biojutikliai, kurie suteikia galimybę lengviau, greičiau ir pigiau nustatyti glicerolio koncentraciją.

Šiame darbe pademonstravome itin jautrų glicerolio biojutiklį, kuris gali tiksliai nustatyti glicerolio koncentraciją sudėtingoje tikslineje terpėje – žmogaus šlapime. Glicerolio biojutiklis sukurtas panaudojant vienos klasės fermentą – alkoholio dehidrogenazę, imobilizuotą ant vienasienų anglies nanovamzdelių modifikuotų redokso mediatoriumi (tetratiafulvalenu). Pademonstruota, kad fermentas katalizuodamas glicerolio oksidaciją redukuodavo redokso mediatorių, kurio oksidacijos metu buvo sugeneruojamas analitinis signalas, leidžiantis nustatyti glicerolio koncentraciją. Taip buvo sukurtas amperometrinis glicerolio biojutiklis, kuris sėkmingai pritaikytas glicerolio koncentracijos šlapime nustatymui.

Autoriai nuoširdžiai dėkoja dr. Liucijai Marcinkevičienei ir dr. Rolandui Meškiui (Vilniaus universitetas) už tyrimams suteiktą fermentą.

Šio tyrimo rezultatai panaudoti rengiant publikaciją, kuri pateikta *Biosensors and Bioelectronics* žurnalui.

Monokloninių antikūnų prieš žmogaus karboanhidrazę IX apibūdinimas

Aistė Imbrasaitė, Aušra Vaitiekaitė, Dovilė Stravinskienė, Jurgita Matulienė ir Aurelija Žvirblienė

Vilniaus universitetas

Karboanhidrazė IX (CA IX) – transmembraninis baltymas, turintis į proteoglikaną panašų domeną (PG) ir katalizuojantis grįžtamąją anglies dioksido hidratacijos reakciją iki bikarbonato jono. CA IX yra laikoma potencialiu vėžio žymeniu, kadangi padeda vėžinėms ląstelėms išgyventi

esant hipoksijos sąlygoms. Manoma, kad CA IX specifiniai monokloniniai antikūnai (MAK) gali būti pritaikyti diagnostikai, tiriant šio baltymo raišką žmogaus mėginiuose.

Darbo tikslas buvo apibūdinti MAK prieš žmogaus CA IX ir juos pritaikyti CA IX baltymo nustatymui vėžinių ląstelių linijose.

Hibridomų technologijos būdu buvo sukurta 14 hibridomų linijų, sekretuojančių MAK prieš CA IX: 8 MAK atpažįsta CA IX seką be PG domeno, o likę 6 antikūnai sąveikauja su CA IX PG domenu. Taikant imunoblotingo metodą nustatyta, kad MAK H7 atpažįsta linijinį epitopą PG domene, o kiti jungiasi su konformaciniais CA IX epitopais. Tėkmės citometrijos metodu atskirius MAK (klonai A3, H7 ir F4), atpažįstančius natyvų CA IX baltymą ląstelių paviršiuje, buvo iširta CA IX raiška įvairiose vėžinėse ląstelėse ir nustatytas CA IX raiškos padidėjimas auginant ląsteles hipoksijos sąlygomis. Pritaikius imunoprecipitacijos metodą ir naudojant sukurta MAK H7, natyvus CA IX baltymas buvo išskirtas iš vėžinių ląstelių lizatų.

Sukurta MAK kolekcija prieš žmogaus CA IX yra perspektyvūs įrankiai tiriant CA IX įtaką vėžiniams procesams ir gali būti pritaikyti analizuojant biologinius mėginius.

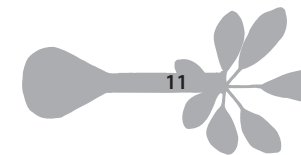
N⁴-acil-modifikuoti nukleotidai funkcionalizuotos DNR sintezei

Jevgenija Jakubovska

Vilniaus universitetas

Modifikuotą nukleobazę turintys nukleozido 5'-trifosfatai yra plačiai naudojami nukleorūgščių žymėjimui, biokonjugacijai, aptamerų ir biojutiklių srityje, bei DNR pagrįstų nanoįrankių ir nanomedžiagų kūrimui. Dažniausiai yra keičiamos pirimidinų C5 ir purinų C7 padėtys, nes tokie nukleotidų atitikmenys tinka įprastiems nukleorūgščių padauginimo metodams. Vis dėlto, siekiant praplėsti modifikuotų nukleotidų įvairovę bei suteikti jiems unikalių savybių, galima keisti ir kitas nukleobazės padėtis, pvz., C6/C8 ar O⁴/N⁴.

Šio darbo metu buvo susintetinti ir iširti nauji N⁴-acil-2'-deoksicitidino 5'-trifosfatai (dC^{Acil}TP). Nustatyta, kad įvairios DNR polimerazės (*Taq*, Klenow (exo-), Bsm, KOD XL, phi29) efektyviai naudoja dC^{Acil}TP kaip substratą, o 3'-egzonukleazinio aktyvumo stingančios polimerazės poruoja N⁴-acil-citozino bazę ne tik su guaninu, bet ir su adeninu. Pažymėtina, kad nuo matricos nepriklausomos DNR sintezės metu terminalinė deoksinukleotidiltransferazė geba prijungti kelis šimtus N⁴-acil-modifikuotų nukleotidų, turinčių acetofenono ar benzofenono grupes. Siekiant iširti šias reaktyvias grupes turinčios modifikuotos DNR savybes, buvo atlikti nuo UV priklausomo kryžminio sujungimo (angl. *UV-induced cross-linking*) tyrimai. Nustatyta, kad acetofenonu/benzofenonu-modifikuota DNR gali būti tiesiogiai kovalentiškai sujungta su sąveikaujančiais baltymais. Be to, tokia DNR gali būti imobilizuota ant įvairių papildomai chemiškai neapdorotų paviršių (polipropileno, polistireno, polilaktato, polidimetilsiloksano ir kitų) bei panaudota komplementarių nukleorūgščių detekcijai. Taigi, nauji N⁴-acil-citidino analogai ne tik papildo nukleotidų įvairovę, bet ir praplečia modifikuotų nukleorūgščių panaudojimo galimybes.



Melsvabakterių *Aphanizomenon flos-aquae* CRISPR-Cas sistemos tyrimai

Songailienė Inga, Juozapaitytė I., Šinkūnas T., Juozapaitis J., Šulčius S., Šilanskas A., Venclovas Č., Šikšnys V.

Melsvabakterės yra plačiai paplitę vandens tekiniuose ir vaidina svarbų vaidmenį anglies, azoto ir kitų elementų apykaitoje. Būtent jos Žemėje pagamina apie 20–30 % viso deguonies. Gausus melsvabakterių žydėjimas, ypač šylant klimatui, ir jų išskiriami toksinai kenkia geriamojo vandens kokybei, taip pat apriboja galimybes naudotis paplūdimiais.

Kaip ir kitas bakterijas, melsvabakteres puola virusai (fagai), kurie veikia jų populiacijos dinamiką. Potencialiai bakteriofagų panaudojimas galėtų padėti išvengti staigaus melsvabakterių žydėjimo vandens telkiniuose. CRISPR-Cas sistemos yra priešvirusinės apsaugos sistemos, aptinkamos didelėje dalyje bakterijų (apie 45 % žinomų genomų) ir archėjų (apie 84 %). CRISPR-Cas sistemas sudaro skirtukų-pasikartojimų regionas CRISPR ir jų veikimo stadijoms būtini Cas baltymai. Melsvabakterėse ypač paplitę būtent I-D tipo CRISPR-Cas sistemos. Šiame darbe tiriama I-D CRISPR-Cas sistemos iš gėlavandenių melsvabakterių *Aphanizomenon flos-aquae* veikimo mechanizmas. Šios sistemos Cas genai ir CRISPR regionas buvo klonuoti ir charakterizuoti į heterologiniame šeimininke *E.coli*. Atskleidžiama, kaip vyksta *A. flos-aquae* I-D sistemos crRNR brendimo stadija, kuri yra skirtinga lyginant su to paties tipo crRNR brendimu iš melsvabakterių *Synechocystes sp.*

Naujai anotuotų mikro- RNR raiškos pokyčiai *in vitro*, nuslopinus pagrindinius mikro- RNR biogenezės elementus

Rūta Inčiūraitė

Lietuvos sveikatos mokslų universitetas

Mikro RNR (miRNR) – tai mažos, 19–25 nukleotidų ilgio, baltymų nekoduojančios reguliacinės RNR molekulės, kurių biologinė funkcija – potranskripcinis geno-taikinio raiškos slopinimas. Dėl šios priežasties miRNR yra labai svarbios daugeliui fiziologinių ir patologinių procesų ir reguliuoja daugelį signalinių kelių. MiRNR raiškos ar funkcijų sutrikimas yra siejamas su įvairiomis patologinėmis būklėmis: neurodegeneracinėmis, autoimuninėmis bei onkologinėmis. Susidomėjus mikro RNR kaip potencialiais biožymenimis, taikant vis jautresnius įrankius ir analizės metodus, padidėjo ir naujai nustatytų mikro RNR skaičius.

Tyrimo tikslas – įvertinti, ar naujai anotuotų mikro RNR brendimas vyksta kanoniniu mikro RNR biogenezės keliu.

Aiškinantis, kokią įtaką naujai anotuotų mikro RNR brendimui turi pagrindiniai mažųjų mikro RNR biogenezės elementai, pasitelkiama genų nutildymo technologija, transfekuojant ląsteles siRNR molekulėmis. Nuslopinus pagrindinius mikro RNR biogenezės elementus komercinėse Caco2 ir HT-29 kolorektalinio vėžio ląstelių linijose, panaudojant *DROSHA*, *DGCR8*, *DICER1*, *AGO2* siRNR molekules, įvertinta šių genų ir *mmu-miR-324-5p* raiška. Tyrimo rezultatai parodė, kad po genų nutildymo Caco2 ląstelių linijoje *DROSHA* geno raiška sumažėjo 48 proc., *DGCR8* – 47 proc., *DICER1* – 74 proc., *AGO2* – 73 proc., *mmu-miR-324-5p* – 21 proc. HT-29 ląstelių linijoje *DGCR8*

geno raiška padidėjo 37 proc., *DROSHA* geno raiška sumažėjo 59 proc., *DICER1* – 50 proc., *AGO2* – 13 proc., *mmu-miR-324-5p* – 79 proc. Įvertinus, kad biogenezės elementai nuslopinti efektyviai, naujos kartos sekoskaitos metodu vertinami naujai nustatytų mikro RNR raiškos pokyčiai *in vitro*.

MEDICINOS IR SVEIKATOS MOKSLŲ SEKCIJA

Retų kopijų skaičiaus pokyčių įvertinimas įgimtų širdies ydų grupėje

Beata Aleksūnienė¹, Laima Ambrozaitytė¹, Alma Molytė¹, Vaidutis Kučinskas¹, Algirdas Utkus¹

¹Vilniaus universitetas, Medicinos fakultetas, Biomedicinos mokslų institutas, Žmogaus ir medicininės genetikos katedra

Įgimtos širdies ydos (IŠY) yra dažniausios įgimtos raidos anomalijos naujagimystėje, nustatomos 8 iš 1000 gyvų gimusių naujagimių. Kai kurios IŠY turi blogą išgyvenamumo prognozę ir yra viena pagrindinių neinfekcinių mirties priežasčių naujagimystėje. Daugelio IŠY etiologija vis dar yra neaiški. Viena iš genetinių priežasčių, lemiančių IŠY pasireiškimą, yra kopijų skaičiaus pokyčiai (KSP). Tyrimo tikslas – atlikti retų geninių KSP paplitimo analizę tiriamųjų ir kontrolinėje grupėse ir įvertinti jų ryšį su įgimtomis širdies ydomis.

KSP dažnis buvo palygintas tarp 132 tiriamųjų grupės, kurioje nustatyti 253 KSP, ir 355 asmenų kontrolinės grupės, kurioje nustatyti 545 KSP, atvejų. Siekiant įvertinti retų KSP pasiskirstymo dažnį tiriamojoje ir kontrolinėje grupėse, KSP buvo kategorizuoti pagal chromosominio pokyčio tipą – delecijas ir duplikacijas, ir suskirstyti į penkias kategorijas: geniniai KSP, dažni KSP, dažni geniniai KSP, reti KSP ir reti geniniai KSP.

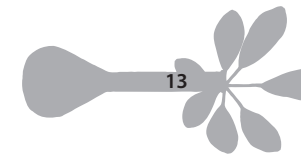
Tyrimo rezultatai parodė, kad reti geniniai KSP, kurie pasireiškė 2,65 karto reikšmingai dažniau ($p < 0,0001$) IŠY turinčių tiriamųjų grupėje, yra susiję su širdies ydomis. Buvo nustatytas reikšmingas skirtumas tarp genų, kuriuos apima reti geniniai KSP, skaičiaus vidutinės reikšmės. Galima daryti išvadą, kad retos delecijos ir duplikacijos, apimančios vidutiniškai keliskart daugiau genų, pasižymi aukštu haplonepakankamumo laipsniu, lemia didesnę IŠY riziką.

Pradinis priešvėžinio vaisto kūrimo etapas: kaip išsirinkti lyderinį junginį?

Joana Smirnovienė, Virginija Dudutienė, Asta Zubrienė ir Daumantas Matulis

Vilniaus universitetas

Naujo vaisto kūrimą sudaro keli etapai: taikinio identifikavimas ir validavimas, taikinio slopiklio atranka ir optimizavimas, priešklinikiniai ir klinikiniai tyrimai. Šiame darbe priešvėžinio vaisto taikiniu pasirinkta žmogaus karboanhidrazė IX (CA IX, angl. *carbonic anhydrase*). Sveikame žmogaus organizme šio fermento beveik neaptinkama, tačiau vėžiniuose augliuose stebimas išaugęs CA IX kiekis.



Žmogaus karboanhidrazių šeimą sudaro 12 izoformų, todėl vykdant potencialaus priešvėžinio junginio paiešką buvo svarbu sukurti karboanhidrazei IX atrankius cheminius junginius, kurie stipriai slopintų tik CA IX, tačiau silpnai sąveikautų su kitomis 11 CA izoformų. Jungimosi stiprumui tarp cheminių junginių ir karboanhidrazių izoformų įvertinimui buvo naudojami sustabdytos srovės CO₂ hidratacijos, fluorescencinio terminio poslinkio ir izoterminio titravimo kalorimetrijos metodai. Šiame darbe aptariami kiekvieno iš šių metodų privalumai ir trūkumai bei eksperimentinių sąlygų, įskaitant pH ir buferinių tirpalų sudėtis, įtaka.

Fermentinio ir biofizikinių metodų panaudojimas leido išsamiai apibūdinti karboanhidrazių – cheminių junginių sąveikas bei padėjo identifikuoti lyderinius priešvėžinio taikinio CA IX slopiklius.

Literatūra:

1. Smirnovienė, J., Smirnovas, V., and Matulis, D. Picomolar inhibitors of carbonic anhydrase: Importance of inhibition and binding assays. *Anal. Biochem.* 522 (2017) 61–72.
2. Dudutienė, V., Matulienė, J., Smirnov, A., Timm, D. D., Zubrienė, A., Baranauskienė, L., Morkūnaitė, V., Smirnovienė, J., Michailovienė, V., Juozapaitienė, V., Mickeviciūtė, A., Kazokaitė, J., Bakšytė, S., Kasiliauskaiė, A., Jachno, J., Revuckienė, J., Kišonaitė, M., Pilipuitytė, V., Ivanauskaitė, E., Milinavičiūtė, G., Smirnovas, V., Petrikaitė, V., Kairys, V., Petrauskas, V., Norvaišas, P., Lingė, D., Gibieža, P., Čapkauskaitė, E., Zakšauskas, A., Kazlauskas, E., Manakova, E., Gražulis, S., Ladbury, J. E., and Matulis, D. Discovery and characterization of novel selective CAIX inhibitors. *J. Med. Chem.* (2014) 9435–9446.

Žmogaus papildomos viruso infekcijos paplitimas tarp nevaisingų porų, kurioms taikyta pagalbinio apvaisinimo procedūra

Vilma Jeršovienė

Gamtos tyrimų centras

Įvadas. Su vaisingumo problemomis pasaulyje susiduria kas septinta šeima. Jeigu partneriai gyvena reguliarių lytinį gyvenimą ir nevartoja jokių apsaugojimo nuo nėštumo priemonių, tačiau nepastoja per vienerius metus, pora laikoma nevaisinga ir pradeda tirti bei gydyti. Kai kuriais atvejais nevaisingumą gydyti galima tik pagalbinio apvaisinimo pagalba. Moksliniais tyrimais siekiama nustatyti reikšmingą ryšį tarp ŽPV infekcijos ir nevaisingumo (ypatingas dėmesys skiriamas ŽPV reikšmei vyrų spermos kokybei).

Darbo tikslas – nustatyti žmogaus papildomos viruso (ŽPV) infekcijos paplitimą tarp nevaisingų porų, kurioms taikyta pagalbinio apvaisinimo procedūra Lietuvoje, bei ŽPV infekcijos reikšmę spermos kokybės rodikliams.

Tyrimo medžiaga ir metodai. Tyrime dalyvavo 100 VUL SK Vaisingumo centre apsilankiusių pacientų (50 porų), kurioms buvo taikytas pagalbinis apvaisinimas (2017 10–2018 06). Visų dalyvių amžiaus vidurkis 36,2. Jauniausio tyrimo dalyvio amžius – 27, vyriausio – 47 metai (SD ± 4,7).

Tiriamoji medžiaga moterims – gimdos kaklelio nuograndos, vyrams – spermos mėginiai, surinkti masturbacijos metu, po 3–4 dienų abstinencijos. Mėginiai buvo tiriami RT-PGR metodu. ŽPV DNR nustatymas atliktas nukleino rūgšties amplifikacijos tyrimo metodu, siekiant aptikti ir diferencijuoti klinikinėje medžiagoje esančius didelio onkogeniškumo ŽPV 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 ir 68 tipus, naudojant amplifikuotų produktų realaus laiko hibridizacijos-fluorescencijos aptikimą (AmpliSens HPV HCR genotype-FRT PCR kit, InterLabService).

Spermos rodikliai buvo vertinami embriologų, pagal PSO rekomendacijas (WHO laboratory manual for the examination and processing of human semen 5th, 2010). Duomenys analizuoti naudojant programų IBM SPSS-23.0 for Windows ir Microsoft Office Excel 2010 paketus. Duomenys laikyti statistiškai reikšmingais, kai $p < 0,05$.

Tyrimo rezultatai. Atlikus ŽPV infekcijos paplitimo tyrimus tarp nevaisingumo problemų turinčių porų, nustatyta, kad ŽPV virusais infekuotos 18 iš 50 tirtų porų (36 %). Iš jų ŽPV infekcija nustatyta 22 % tirtų moterų (11/50) ir 20 % (10/50) tarp tirtų vyrų. Nustatyta ŽPV infekcijos koreliacija su spermogramos parametrų rezultatais. Esant teigiamam ŽPV rezultatui spermos mėginyje, atitinkamai nustatyti ir infekuotos spermos pakitimai (dažniausiai – oligospermija ir astenospermija). Net 80 % iš ŽPV teigiamų mėginių, nustatyti spermos pakitimai, susiję su sumažėjusiu judrumu ir koncentracija. 65% neigiamų ŽPV mėginių, spermos kokybės pakitimų nenustatyta.

Išvados. Nustatytas 36 % ŽPV paplitimas tarp porų, kurioms taikyta pagalbinio apvaisinimo procedūra. Tarp porų, kurių vyrų spermogramos rodikliuose nustatyti pakitimai, ŽPV paplitimas buvo didesnis, nei porų, kurių vyrų spermos rodikliai buvo normos ribose. Atlikto tyrimo rezultatai leidžia teigti, kad dėl ŽPV infekcijos gali būti pažeidžiama sperma, o tai sąlygoja porų nevaisingumą.

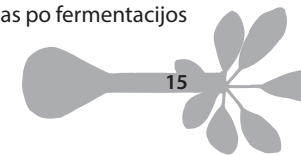
Chemometrinė fermentuotų žiedadulkių antioksidacinių ir antimikrobinų savybių analizė

Vaida Adaškevičiūtė¹, Vilma Kaškonienė¹, Paulius Kaškonas^{1,2}, Rūta Mickienė¹, Audrius Maruška¹

¹Instrumentinės analizės atviros prieigos centras, Vytauto Didžiojo Universitetas, Vileikos g. 8, LT-44404 Kaunas, Lietuva,

²Kauno Technologijos Universitetas, Studentų g. 50, LT-51368, Kaunas, Lietuva

Šiuo metu pasaulio rinkoje daug dėmesio skiriama naujų technologijų, susijusių su natūralių maisto produktų savybių gerinimu, kūrimui. Vienas iš vertingiausių, seniausių ir dažniausiai naudojamų maisto pramonėje – fermentacija. Dauguma bičių surinktų žiedadulkių savybių priklauso nuo fenolinių junginių kiekio, kuris turi įtakos žiedadulkių antioksidacinėms ir antimikrobinėms savybėms. Objektviame cheminių procesų įvertinimui itin svarbus statistinių analizės metodų panaudojimas. Šio darbo tikslas – taikant chemometrinės analizės metodus, palyginti fermentacijos proceso įtaką skirtingos botaninės kilmės bičių surinktų žiedadulkių antioksidacinėms ir antimikrobinėms savybėms. Penki skirtingi bičių surinktų žiedadulkių mėginiai fermentuoti 12 dienų, naudojant *L. rhamnosus* ir *L. lactis* pieno rūgšties bakterijas. Taip pat buvo atlikta spontanišė fermentacija, nenaudojant pridėtinių bakterijų. Chemometrinė duomenų analizė atlikta naudojant pagrindinių komponentų analizę (PCA), dviejų faktorių dispersijos analizę (ANOVA) ir hierarchinę klasterių analizę (HCA). Remiantis gautais duomenimis nustatyta, kad fermentacija turėjo teigiamą įtaką žiedadulkių antioksidaciniam ir antimikrobiniam aktyvumui. Bendras fenolinių junginių kiekis po fermentacijos padidėjo 1,1–1,9 karto, o bendras flavonoidų kiekis fermentuotoje žaliavoje išaugo 1,6–2,4 karto. Taip pat nustatytas ir antioksidacinio aktyvumo padidėjimas: žiedadulkėse, fermentuotuose su pieno rūgšties bakterijomis pakito 1,2–2,0 kartus, o spontanišė fermentacijos metu – 1,2–1,7 karto. Antibakterinis aktyvumas po fermentacijos



padidėjo 1,1–3,0, o priešgrybelinis aktyvumas – 1,2–6,7 karto. Gauti rezultatai priklausė nuo botaninės žiedadulkių kilmės, fermentacijos metu naudotų bakterijų rūšių ir bakterijų ar grybų kultūrų prieš kurias tirtas antimikrobinis aktyvumas.

Padėka. Finansavimas gautas iš Europos Sąjungos struktūrinių fondų lėšų bendrai finansuojamo projekto „Studentų gebėjimų ugdymas vykdant tyrimus semestro metu“, Nr. 09.3.3-LMT-K-712-10-0232.

Regos nervo akytosios plokštelės sienelių spaudimų skirtumas ir glaukoma

Lina Šiaudvytytė

Lietuvos sveikatos mokslų universitetas

Glaukoma – lėtinė neurodegeneracinė liga, kuriai būdinga progresuojanti tinklainės ganglinių ląstelių ir jų aksonų degeneracija, sąlygojanti struktūrinius regos nervo disko bei funkcinis regos lauko pakitimus. Glaukoma išlieka pagrindine negrįžtamo akumo priežastimi pasaulyje. Pastaraisiais metais daugėja mokslinių ir klinikinių tyrimų, kuriuose akcentuojama ne tik akispūdžio ar kraujotakos reguliacijos sutrikimų, bet ir intrakranijinio spaudimo bei susidariusio regos nervo akytosios plokštelės sienelių spaudimų skirtumo įtaka glaukomei optinei neuropatijai. Šio darbo tikslas buvo nustatyti regos nervo akytosios plokštelės sienelių spaudimų skirtumo reikšmę glaukominio proceso stabilumui. Tai pirmasis perspektyvinis klininis tyrimas oftalmologijoje, kuriame buvo matuojama absoliuti intrakranijinio spaudimo vertė neinvaziniu būdu, naudojant dviejų gylių transkranijiniu doplerio aparatą, kuriam nereikalingas individualus kalibravimas. Neinvazinis intrakranijinio spaudimo nustatymas leido įvertinti regos nervo akytosios plokštelės sienelių spaudimų skirtumą neinvaziniu būdu ir pagrįsti hipotezę, kad didesnis regos nervo akytosios plokštelės sienelių spaudimų skirtumas gali įtakoti regos nervo nervinio audinio žuvimą bei glaukomos progresavimą.

Endothelial microvesicles and oxidative stress

Vytautas Žekas^{1,2}, Reda Matuzevičienė^{1,2} (MD, PhD), Dovilė Karčiauskaitė^{1,2} (MD, PhD), Dalius Vitkus (PhD), Mantas Radzevičius^{1,2}, Aušra Janilionienė² (MD), Aušra Linkevičiūtė^{1,2} (PhD), Prof. Zita Kučinskienė^{1,2} (MD, PhD, dr. hab.)

¹Department of Physiology, Biochemistry, Microbiology and Laboratory Medicine, Biomedicine institute, Faculty of Medicine, Vilnius University, M. K. Čiurlionio str. 21/27, LT-03101 Vilnius, Lithuania

²Center for laboratory medicine, Vilnius University hospital Santaros Clinics, Santariškių str. 2, LT-08661 Vilnius

Aim. The objective was to determine the differences in endothelial microvesicles (EMV) numbers after myocardial infarction and their association with oxidative stress in comparison to healthy controls

Materials and methods. We included 15 myocardial infarction patients and 28 healthy controls. Blood plasma samples were tested using BD Fortessa cytometer (BD, San Jose). We

examined two endothelial microvesicle (EMV) populations: 1) CD144+, CD42a-, CD61- and 2) CD105+, CD42a-, CD61- and determined a percentage of EMVs, expressing CD62e. Malondialdehyde concentration was determined by a Nexera X2 UHPLC system (Shimadzu, Japan).

Results. Total count of CD105+ EMV had a higher median in patients (10.91 versus 33.68 microvesicles/ μ l, $P = 0.006$). In CD105+ population median was higher in patients: 14.8 versus 1.35 %, $P < 0.001$. In CD144+ population median was higher in controls 7.05 versus 1.8 %, $P = 0.012$.

The total count of CD144+ EMV correlated with malondialdehyde concentration in controls ($P = 0.03$, $R = 0.42$) and in patients ($P = 0.011$, $R = 0.41$). CD62e expression in CD105+ population was associated with MDA concentration in controls $P = 0.012$, $R = 0.466$ and patients $P = 0.012$, $R = 0.47$.

Conclusions. In conclusion the present study shows amount changes of distinct EMV populations in post myocardial infarction period. Counts of circulating EMV populations and their CD62e expression were associated with oxidative stress.

Su virškinimo sistemos navikų patogenezė siejamų mikro- RNR ir jų potencialių genų taikinių sąsajos patvirtinimas

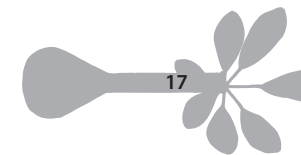
Rokas Lukoševičius

Lietuvos sveikatos mokslų universitetas

Pagal dažnumą storosios žarnos navikai užima trečią, o skrandžio navikai ketvirtą vietą iš visų onkologinių susirgimų Lietuvoje ir pasaulyje. Gastrointestinalinio trakto navikų diagnostikos pagrindu išlieka nemalonūs invaziniai instrumentiniai tyrimai. Vienas iš aktualiausių mokslo tikslų yra sukurti neinvazinius įrankius ankstyvai onkologinių ligų diagnostikai. Nustatyta, kad mikro RNR (miRNR) molekulės (mažos nekoduojančios RNR) geba reguliuoti potranskripcinę genų raišką ir įvairius ląstelėje vykstančius procesus: diferenciaciją, proliferaciją, apoptozę. Mikro RNR yra stabilios kraujo plazmoje, serume, bei kituose kūno skysčiuose, todėl yra tinkamos kaip biožymenys įvairių ligų diagnostikai. Siekiant nustatyti potencialiai diagnostikai tinkamas miRNR molekules reikalingas jų funkcijos karcinogenezėje ištyrimas, nustatant jų genus taikinius.

Tyrimo tikslas nustatyti tiriamųjų miRNR genus taikinius, įvertinant tiesiogines sąsajas tarp miRNR (*hsa-miR-20b-5p*, *hsa-miR-451a-5p*, *hsa-miR-1246*) ir potencialių genų taikinių (*PTEN*, *TXNIP*, *TSC1*, *CDR1as*, *FUT9*) naudojant liuciferazės vektoriumi paremtą reporterinę sistemą.

Tyrimo metu buvo nustatytos statistiškai reikšmingos sąsajos tarp *hsa-miR-20b* ir *PTEN* ($p = 0,047$), *TXNIP* ($p = 0,017$) genų, tarp *hsa-miR-451a* ir *TSC1* geno ($p = 0,027$), bei tarp *hsa-miR-1246* ir *FUT9* ($p = 0,008$), *CFTR* ($p = 0,005$), *AXIN2* ($p = 0,039$) genų.



TM6SF2, MBOAT7 ir PNPLA3 genų vieno nukleotido polimorfizmų įtaka kepenų fibrozės ir cirozės išsivystymui

Viktorija Basytė-Bacevičė, dr. Jurgita Skieveciėnė, prof. Limas Kupčinskas,
dr. Irena Valantienė, doc. Jolanta Šumskienė, doc. Vitalija Petrenkienė, prof. Jūratė
Kondrackienė, doc. Dalius Petrauskas, prof. Frank Lammert, doc. J. Kupčinskas

Lietuvos sveikatos mokslų universitetas

Įvadas ir tikslas. Atliktų studijų rezultatai parodė, kad *PNPLA3*, *TM6SF2* ir *MBOAT7* genų vieno nukleotido polimorfizmai (VNP) yra galimai susiję su kepenų pažeidimo rizika, tačiau gauti tyrimų rezultatai yra prieštaringi. Šiame tyrime mes siekėme įvertinti, ar *PNPLA3 rs738409*, *TM6SF2 rs58542926* ir *MBOAT7 rs641738* VNP yra susiję su kepenų fibrozės ir kepenų cirozės išsivystymo rizika.

Metodika. Į tyrimą įtraukti 334 pacientai, sergantys kepenų ciroze, 128 pacientai, sergantys kepenų fibroze bei 550 kontrolinių asmenų grupė. *PNPLA3 rs738409*, *TM6SF2 rs58542926* ir *MBOAT7 rs641738* VNP nustatyti tikro laiko PGR metodika.

Rezultatai. *PNPLA3 rs738409* VNP buvo susijęs su padidinta kepenų fibrozės (šansų santykis (ŠS) -1,65, $p = 0,001$) ir kepenų cirozės (ŠS - 1,92, $p = 5,57 \times 10^{-7}$) rizika. *TM6SF2 rs58542926* ir *MBOAT7 rs641738* VNP genotipų ir alelių dažni statistiškai reikšmingai nesiskyrė tiriamosiose ir kontrolinėse grupėse bei nebuvo susiję su kepenų fibrozės ar kepenų cirozės rizika ($p < 0,05$).

Išvados. *PNPLA3 rs738409* VNP yra susijęs su padidinta kepenų fibrozės ir cirozės rizika. *TM6SF2 rs58542926* ir *MBOAT7 rs641738* VNP įtaka kepenų fibrozės ir cirozės rizikai nebuvo nustatyta.

