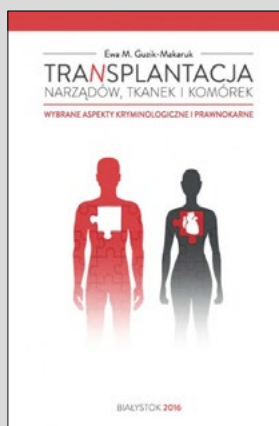


## NAGRODA NAUKOWA



Ewa M. Guzik-Makaruk

*Transplantacja narządów, tkanek i komórek. Wybrane aspekty kryminologiczne i prawne*

Wydawnictwo Temida 2

Białystok 2016

Wydanie I

przestępczość w obszarze transplantacji dotyczy jedynie rozpowszechniania ogłoszeń, głównie w Internecie. Rocznie dochodzi do kilkudziesięciu skazań, co stanowi zupełnie marginalne zjawisko w obrazie polskiej przestępczości. Przestępczość na tle ustawy transplantacyjnej nie stanowi nawet promila w ogólnej liczbie przestępstw popełnianych w naszym kraju. Nie odnotowano dotąd żadnego przypadku handlu narządami ludzkimi, co stanowi fenomen na skalę światową.

Narządy ludzkie są specyficznym przedmiotem zamkniętego i udokumentowanego obrotu, wymagającym specjalistycznych

procedur pobierania, przechowywania i przeszczepiania, a co za tym idzie ogromnego nakładu sił wielu osób i potężnych środków finansowych, w tym na odpowiednią infrastrukturę. Lekarze transplantolodzy to najwyższej klasy profesjonaliści, nie jest możliwe, aby pospolity przestępca podjął się takiej aktywności, jeśli ma być ona zakończona sukcesem. Przeszczepianie narządów wymaga współdziałania specjalistycznego zespołu transplantacyjnego, złożonego z anestezjologa, chirurga i pielęgniarek. Przykładowo przy jednym pobraniu i przeszczepieniu wątroby udział bierze około 20 osób. Handel narządami ludzkimi wymagałby „idealnej zмовы milczenia” lekarzy, pielęgniarek, dawcy i biorcy, co w praktyce nie byłoby możliwe w żadnej skali. Wypada też zauważyć, że biorca narządu wymaga szczególnej opieki po zabiegu i musi dożywotnio przyjmować leki immunosupresyjne, czyli obniżające naturalną odporność organizmu, wydawane wyłącznie z przepisu lekarza z Poradni Transplantologicznej, a dane o zrealizowanej recepcie trafiają do NFZ, który mógłby błyskawicznie zweryfikować pacjenta, tym bardziej, że część tych leków znajduje się na liście leków refundowanych przez państwo.

Prof. dr hab. Ewa M. Guzik-Makaruk – kierownik Zakładu Prawa Karnego w Katedrze Prawa Karnego, Wydział Prawa, Uniwersytet w Białymstoku; Prodziekan ds. nauki UwB

## LAUREATKA

w kategorii *Nauki biologiczne, rolnicze i medyczne*

## Joanna Stojak



Fot. Archiwum prywatne J. Stojak

**Joanna Stojak** jest doktorem nauk biologicznych. W 2012 r. ukończyła studia na Wydziale Biologii Uniwersytetu im. Adama Mickiewicza w Poznaniu, na kierunku Biotechnologia. W 2017 r. uzyskała stopień doktora na Uniwersytecie Warszawskim.

Pracuje na stanowisku asystenta w Zakładzie Genetyki i Ewolucji Instytutu Biologii Ssaków PAN w Białowieży.

W swojej pracy badawczej zajmuje się głównie zagadnieniami związanymi z genetyką populacji, biologią ewolucyjną oraz entomologią sądową.

## *Filogeografia nornika zwyczajnego oraz struktura genetyczna nornika zwyczajnego i burego w Europie*

W najchłodniejszym okresie ostatniego zlodowacenia (27,5-19 tysięcy lat temu) lodowiec pokrywał znaczną część Polski. Niekorzystne warunki środowiska spowodowały migrację różnych ga-

tunków zwierząt na tereny refugium, zlokalizowanych na obszarze trzech południowo-europejskich półwyspów – Iberyjskiego, Apenińskiego i Bałkańskiego. Późniejsze badania wykazały, że refugia



Fot. Zbigniew J. Stojak

występowały również na terenach zlokalizowanych na wyższych szerokościach geograficznych, m.in. w okolicach Dordogne na terenie Francji, w południowej części Wielkiej Brytanii, w Skandynawii czy tzw. refugium karpackie na obszarze Kotliny Panońskiej. Filogeografia bada, jakie były drogi ponownej kolonizacji terenów Europy z obszarów refugium po wycofaniu się lodowca. W tym celu wykorzystuje się zmienność mitochondrialnej sekwencji cytochromu b (mtDNA cyt b), na podstawie której wyróżnia się poszczególne linie filogenetyczne gatunków.

Na początku podjętych przeze mnie badań, filogeografia nornika zwyczajnego (*Microtus arvalis*) w Europie zachodniej była dobrze poznana, natomiast obszar Europy Środkowej i Wschodniej traktowano po macoszemu. We wcześniejszych badaniach wykorzystano jedynie pojedyncze próby z Polski, Słowacji, Węgier, Rosji i Finlandii, po czym uznano, że w Polsce występuje tylko jedna linia filogenetyczna (mtDNA cyt b) tego gatunku (linia wschodnia). Wydawało się to mało prawdopodobne, jako że na obszarze Polski stwierdzono występowanie strefy wtórnego kontaktu u różnych gatunków ssaków (tzw. *suture zone*), m.in. łasicy (*Mustela nivalis*), nornicy rudej (*Clethrionomys glareolus*), nornika burego (*Microtus agrestis*) czy ryjówka (*Sorex sp.*). Wstęp do badań stanowiło więc założenie, że i w przypadku nornika zwyczajnego w Polsce może występować więcej linii filogenetycznych. Dodatkowo interesująca wydawała się kwestia pochodzenia wspomnianej wyżej linii wschodniej tego gatunku, bo nadal nikt tego należycie nie wyjaśnił.

Przeprowadzone przeze mnie badania znacznie rozszerzyły wiedzę o filogeografii nornika zwyczajnego w Europie. Wykazały bowiem, że na terenie Polski występują dwie linie filogenetyczne tego gatunku, linia centralna i linia wschodnia, a strefa kontaktu między nimi zlokalizowana jest w północno-zachodniej części kraju. Analizy wykazały również, że linia wschodnia nornika zwyczajnego jest linią o największym zasięgu w Euro-

pie – ciągnie się ona od zachodnich granic Polski do strefy kontaktu między formami *arvalis* i *obscurus* na wschodzie oraz od Bałtyku na północy do Bałkanów na południu, gdzie znajduje się strefa kontaktu linii wschodniej i bałkańskiej.

Udało się również rzucić nowe światło na kwestię pochodzenia linii wschodniej nornika zwyczajnego. Przeprowadzone badania sugerują, że mogła ona przetrwać ostatnie zlodowacenie w refugium karpackim. Analiza BEAST wykazała, że linia wschodnia rozpoczęła różnicowanie się znacznie wcześniej (około 20 tysięcy lat temu) niż linia centralna (około 13 tysięcy lat temu). Czas rozpoczęcia ekspansji demograficznej został obliczony dla linii wschodniej na około 8 tysięcy lat temu, natomiast dla linii centralnej na około 6 tysięcy lat temu, co potwierdza zaobserwowaną w analizie BEAST tendencję. Dodatkowo wykonano analizy mające na celu identyfikację tzw. „gorących miejsc” (*hot spots*) różnicowania genetycznego, których lokalizacja prawdopodobnie pokrywa się z lokalizacją refugium glacialnych. Największe różnicowanie genetyczne w populacjach nornika zwyczajnego linii wschodniej zlokalizowane jest na obszarze potencjalnego refugium karpackiego.

Analizy mikrosatelitów DNA (nigdy wcześniej nie wykonane dla populacji nornika zwyczajnego i nornika burego z obszarów środkowo-wschodniej Europy) pozwoliły na wyróżnienie wyraźnej struktury genetycznej u obu gatunków. U nornika zwyczajnego wyróżniono dwie grupy genetyczne – grupę wschodnią i zachodnią, nazwane od ich geograficznego rozmieszczenia na terenie Polski. W przypadku nornika burego również wyróżniono dwie grupy genetyczne, rozmieszczone na obszarze Polski, niemal identycznie jak grupy u nornika zwyczajnego. Oznacza to, że pomimo różnych preferencji środowiskowych i odmiennej historii ewolucyjnej, oba gatunki wykazują ten sam wzorec zmienności genetycznej uzyskanej z analizy mikrosatelitów DNA. Co więcej, wzorce zmienności uzyskane z mtDNA i mikrosatelitów, zarówno u nornika zwyczajnego, jak i nornika burego, nie są zgodne. Wyniki te sugerują zatem, że na zaobserwowane współcześnie zróżnicowanie genetyczne u obu gatunków wpływ miały czynniki inne niż historia ewolucyjna, na przykład warunki klimatyczne i środowiskowe. Wykonane przeze mnie analizy mikrosatelitów DNA dla populacji nornika zwyczajnego z Rosji, Czech, Węgier, Słowenii i Serbii potwierdziły stwierdzoną w Polsce strukturę genetyczną.

Rozmieszczenie grup genetycznych u obu gatunków sugeruje, że decydujący wpływ na zaobserwowane zróżnicowanie mogły mieć duże koryta rzeczne, stanowiące barierę dla przepływu genów. W Polsce barierę tę stanowić mogło koryto rzeki Wisły, natomiast w przypadku populacji nornika zwyczajnego z obszarów zlokalizowanych poniżej Karpat, zaobserwowaną tam strukturę genetyczną kształtować mogło koryto rzeki Dunaj.

## NAGRODA NAUKOWA

Aby sprawdzić wpływ klimatu na opisane wyżej rozmieszczenie i strukturę genetyczną nornika zwyczajnego i nornika burego, wykorzystane zostało modelowanie GLM. Analiza ta wykazała, że spośród kilku analizowanych zmiennych klimatycznych najbardziej istotny wpływ na opisane wyżej rozmieszczenie grup genetycznych u obu gatunków norników miała wartość średniej minimalnej temperatury stycznia. W przypadku nornika burego dodatkowo istotną wartością okazała się średnia roczna wysokość opadów, co jest zgodne z biologią gatunku. Z kolei analiza MAXENT (modelowanie nisz genetycznych) wykazała, że klimat istotnie wpływał na rozmieszczenie i zasięgi obu gatunków norników w Europie w ciągu ostatnich 25 tysięcy lat. Badania te dostarczają pośrednich dowodów na to, że zmieniający się klimat może kształtować rozmieszczenie i strukturę genetyczną zarówno lokalnie, jak i globalnie. Co więcej, porównanie wymagań środowiskowych obu gatunków norników z warunkami klimatycznymi panującymi w Europie w trakcie ostatniego zlodowacenia potwierdziło lokalizację ich refugium glacialnych.

Moje badania znacząco poszerzają wiedzę dotyczącą lokalizacji refugium glacialnych i dynamiki procesu rekolonizacji Europy z tych terenów. Żyjemy w czasach, gdzie klimat zmienia się nieustannie, zatem badania te pomagają także zrozumieć, w jaki sposób różne gatunki (nie tylko małe ssaki) reagują na ocieplenie lub ochłodzenie klimatu, co może być wykorzystane w prognozowaniu odpowiedzi tych gatunków na przyszłe zmiany. Modelowanie nisz genetycznych stanowi również cenne narzędzie m.in. w ochronie bioróżnorodności genetycznej, przewidywaniu potencjalnego wymierania gatunków czy przesuwania się zasięgów populacji.

Dr Joanna Stojak – asystent w Zakładzie Genetyki i Ewolucji  
Instytutu Biologii Ssaków PAN w Białowieży

Badania były finansowane przez Narodowe Centrum Nauki, granty N N304 058340 oraz UMO-2013/09/N/NZ8/03205. Część analiz została wykonana podczas półrocznego stypendium wyjazdowego do Cornell University (Ithaca, NY, USA) w ramach grantu Etiuda 3, finansowanego przez Narodowe Centrum Nauki (DEC-2015/16/T/NZ8/00015).

## LAUREATKA

w kategorii *Nauki ścisłe, techniczne i nauki o Ziemi*

## Marta Eliza Płońska-Brzezińska



Fot. Archiwum prywatne M. Płońska-Brzezińska

**Marta Eliza Płońska-Brzezińska** jest doktorem habilitowanym nauk chemicznych. Stopień doktora uzyskała w 2005 r. na Uniwersytecie w Białymstoku, a stopień doktora habilitowanego w 2014 r. na Uniwersytecie A. Mickiewicza w Poznaniu, za co została wyróżniona przez Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego Nagrodą I stopnia. Przez prawie 20 lat była pracownikiem Uniwersytetu w Białymstoku, a od tego roku (2018) jest zatrudniona na Uniwersytecie Medycznym w Białymstoku, gdzie kieruje Zakładem Chemii Organicznej na Wydziale Farmaceutycznym. W swojej pracy badawczej zajmuje się takimi zagadnieniami jak synteza nanomateriałów, głównie węglowych, o nietypowych właściwościach fizykochemicznych i biologicznych oraz wykorzystaniem ich w elektrochemii, katalizie, naukach farmaceutycznych i medycznych.

## „Cebulkowy” przedstawiciel nanostrukturalnych materiałów węglowych

Wielowarstwowe fulereny, częściej w literaturze nazywane nanocebulkami węglowymi (z ang. *carbon nano-onion*, CNO), które zawierają fulereny koncentrycznie zamknięte jeden

w drugim, to warstwy grafenowe z pustym rdzeniem w środku, oddalone od siebie o 0,334 nm, tak jak w pirolitycznym graficie. W zależności od metody stosowanej do otrzymywania tych