

Polskie Towarzystwo Przyrodników
im. KOPERNIKA

KOSMOS

Seria A
BIOLOGIA



ROK XXV

WARSZAWA 1976

ZESZYT 6 (143)

PAŃSTWOWE WYDAWNICTWO NAUKOWE

POLSKIE TOWARZYSTWO PRZYRODNIKÓW im. KOPERNIKA

ROK XXV

Seria A BIOLOGIA

ZESZYT 6 (143)

K O S M O S

DWUMIESIĘCZNIK



WARSZAWA 1976

PAŃSTWOWE WYDAWNICTWO NAUKOWE

KOMITET REDAKCYJNY

prof. dr Tadeusz Gorczyński, prof. dr Kazimierz Petrusiewicz
prof. dr Adam Urbanek
redaktor naczelny: *prof. dr Włodzimierz Michajłow*
sekretarz: *mgr Jadwiga Kwiatkowska*

Adres redakcji: 00-901 Warszawa, Pałac Kultury i Nauki
(tel. 20-02-11, wewn. 2544)

Państwowe Wydawnictwo Naukowe — Warszawa, Miodowa 10

Nakład 1142+108, ark. wyd. 8,0, ark. druk. 6,125

Papier druk. sat. kl. III, 80 g. 70×100.

Oddano do składania 16.IX.76 r. Podpisano do druku 23.XII.76 r.

Druk ukończono w styczniu 1977

Zam. 634/76

J-47

Cena zł 15,—

Warszawska Drukarnia Naukowa, Warszawa, Śniadeckich 8

SPRAWOZDANIE I MATERIAŁY Z PLENARNEGO POSIEDZENIA WYDZIAŁU II I KOMITETU BIOCHEMII I BIOFIZYKI PAN POŚWIĘCONEGO PROBLEMOM BIOFIZYKI

Wrocław 4 marca 1976 r.

Wraz z rozwojem biochemii uczeni w coraz większym stopniu byli zainteresowani w stosowaniu koncepcji i metod fizycznych dla rozwiązywania problemów biologicznych. W ostatnich kilkudziesięciu latach wyłania się formalnie nowa dziedzina badań — biofizyka. Ale istotne dla dalszego rozwoju nauk biologicznych obserwacje biofizyczne były poczynione jeszcze w ubiegłym stuleciu. H. L. F. Helmholtz był tym, który szczególnie dużo wniósł zarówno do fizyki, jak i biologii. Badał m.in. skurcz mięśni, mierzył szybkość przebiegu impulsów nerwowych, potwierdził prawo zachowania energii w ustrojach żywych, sformułowane wcześniej przez J. R. Mayera, przedstawił logiczną teorię widzenia barw, skonstruował oftalmoskop dla obserwacji siatkówki oka, i inne. Podobnie duży wkład do biofizyki zwłaszcza drobnoustrojów wniósł J. Tyndall, m.in. przez odkrycie zjawiska rozproszenia światła przez obiekty submikroskopijne i proces sterylizacji poprzez ogrzewanie i oziębianie pokarmów.

Od początku lat 30 naszego stulecia biofizyka rozwija się z nowym impetem. A. V. Hill zainicjował badania na temat efektów energetycznych w mięśniach, W. Astbury przez zastosowanie dyfrakcji promieniowania X wyjaśnia wewnętrzną strukturę białek włókienkowych, a J. L. Loofbourov i E. R. Holiday wprowadzili badanie widm absorpcyjnych związków biologicznie czynnych. Badania elektrofizjologiczne rozwinęły na wielką skalę K. S. Cole, E. D. Adrian i D. Bronk, natomiast D. E. Lea zastosował promieniowanie jonizujące do badania kształtu i struktury enzymów, wirusów, chromosomów i genów. Zdobytcze naszych lat w dziedzinie biofizyki będą prezentowane podczas dzisiejszego posiedzenia Wydziału II i Komitetu Biochemii i Biofizyki PAN.

Celem tego posiedzenia jest przegląd osiągnięć i kierunków dalszego rozwoju biofizyki na świecie i w Polsce. Dziedzina ta, obok biochemii i biologii molekularnej jest uprawiana w naszym kraju w szeregu placówek badawczych, przeto niezbędna staje się ocena poziomu tych badań, omówienie trudności w ich realizacji, szkolenia kadr, polityki wydawniczej itp. W programie posiedzenia mamy przeto referat prof. dr L. K. Wierzchowskiego na temat problemów biofizyki molekularnej, prof. dr A. Morawieckiego o stanie badań biofizycznych w Polsce i prof. dr W. Leyko o działalności Polskiego Towarzystwa Biofizycznego. Po przerwie wysłuchamy wystąpień prof. dr B. Jeżowskiej-Trzebiatowskiej, prof. dr S. Przestalskiego i prof. dr W. Leyko na temat badań biofizycznych w reprezentowanych przez referujące osoby placówkach badawczych.

W. O.

PROBLEMY BIOFIZYKI MOLEKULARNEJ

Szybki postęp jaki dokonywał się w ciągu minionego ćwierćwiecza w większości dyscyplin biologicznych, m.in. dzięki rosnącemu w wielu z nich udziałowi metod i podejść fizykochemicznych i fizycznych, stworzył podstawy do analizy zjawisk na poziomie molekularnym organizacji komórek i doprowadził do ukształtowania się nurtu współczesnych badań obejmowanego mianem biologii molekularnej. Szczególne znaczenie dla rozwoju tego nurtu miało poznanie chemicznej budowy i podstawowych właściwości konformacyjnych cząsteczek białek i kwasów nukleinowych. Umożliwiało to zaproponowanie pierwszych modeli przestrzennej organizacji łańcuchów polipeptydowych i polinukleotydowych i stworzyło podstawy do podjęcia badań zmierzających do wyjaśnienia związków pomiędzy budową cząsteczek białek enzymatycznych, DNA i RNA a ich funkcjami w komórce. Równolegle z postępem prac nad budową podstawowych klas biopolimerów i organizacją zbudowanych z nich nadmolekularnych struktur komórkowych spełniających określone funkcje (rybosomy, chromosomy, błony białkowo-lipidowe, mitochondria) badania współzależności pomiędzy budową i funkcją obejmują stopniowo coraz bardziej złożone układy. W rozwiązywaniu poszczególnych zagadnień z tego zakresu coraz większy i samodzielny udział mają badania fizykochemiczne i fizyczne. Ich wyniki umożliwiają ilościową interpretację mechanizmów molekularnych procesów zachodzących w komórce na gruncie pojęć tych dyscyplin pogłębiając ich fenomenologiczny opis. Kształtuje się stopniowo na tej drodze dziedzina badań umownie określona biofizyką molekularną. Jej podstawę doświadczalną stanowią odpowiednio adaptowane fizyczne metody badania struktury związków wysokocząsteczkowych w fazie stałej i w roztworach, ich dynamiki konformacyjnej i kinetyki procesów relaksacji konformacyjnej oraz różnego typu oddziaływań międzycząsteczkowych. Narzędziem badań teoretycznych są elementy powstającej dopiero teorii budowy i własności biopolimerów opartej o metody statystyki konformacyjnej, mechaniki statystycznej oraz mechaniki kwantowej.

Ogólny problem biofizyki stanowi poznanie fizycznych podstaw i stworzenie ilościowej teorii samoorganizacji układów biologicznych oraz korelacji zachodzących w nich procesów warunkujących ich rozwój i samoodtwarzanie. Jego rozwiązanie wymaga wyjaśnienia wielu trudnych problemów cząstkowych o charakterze zarówno molekularnym, jak i systemowym. Zagadnienia budowy biopolimerów i jej związku ze spełnianymi przez nie funkcjami, mechanizmy molekularne procesów biochemicznych, ich regulacji i funkcjonalnej integracji w komórce są przedmiotem badań biofizyki molekularnej. Natomiast ilościowy i logiczny opis regulacji zintegrowanych procesów wewnątrzkomórkowych, procesów regulacji międzykomórkowych w organizmach

wielokomórkowych, a zwłaszcza w organizmach wyższych wyposażonych w układy regulacji hormonalnej i nerwowej, ze względu na złożoność układów wymaga zastosowania aparatu pojęciowego i matematycznego teorii informacji, termodynamiki procesów nieodwracalnych, cybernetycznych teorii układów wielkich itp. Dziedzina ta należy do działu biofizyki nazywanego *biofizyką systemów*. Zagadnienia tego działu biofizyki wykraczają poza ramy niniejszego artykułu.

Głównym przedmiotem badań biofizyki molekularnej od czasu zaproponowania przez Paulinga na początku lat 50 pierwszych modeli budowy łańcuchów polipeptydowych oraz przez Cricka i Watsona modelu budowy cząsteczki DNA jest struktura i właściwości cząsteczek głównych grup biopolimerów — białek, kwasów nukleinowych, a ostatnio również fosfolipidów i polisacharydów. W miarę bowiem postępu prac stawało się coraz bardziej oczywiste, że klucza do zrozumienia budowy molekularnej komórki jako podłoża przebiegających w niej tysięcy procesów metabolicznych należy poszukiwać w szczególnych właściwościach budowy łańcuchów biopolimerów, genetycznie zakodowanych i ewolucyjnie wyselekcjonowanych do spełniania określonych funkcji. Okazało się, że budowa ta determinuje ich konformację (organizację przestrzenną) i oddziaływania z innymi cząsteczkami, poprzez które realizują się spełniane przez nie funkcje.

Wyniki dotychczasowych badań wyłoniły ogólny, fenomenologiczny opis właściwości budowy cząsteczek biopolimerów w roztworach wodnych, którego szczegółowa weryfikacja i teoretyczne ujęcie jest celem badań podejmowanych współcześnie przez biofizykę. W świetle tego opisu cząsteczki białek i kwasów nukleinowych mogą przyjmować zależnie od chemicznej budowy łańcuchów (pierwszorzędowej) i warunków zewnętrznych określone konformacje cechujące się wytworzeniem struktury drugo- i trzeciorzędowej (helikalne organizacje łańcuchów polipeptydowych i polinukleotydowych oraz stan globularny białek i analogiczne konformacje cząsteczek tRNA i informacyjnego RNA). Konformacje te powstają w wyniku skorelowanych w czasie i przestrzeni (procesy kooperatywne) zmian kątów konformacyjnych pomiędzy poszczególnymi ogniwami monomerycznymi oraz wewnątrz tych ogniw kątów pomiędzy tworzącymi je ugrupowaniami atomów połączonymi pojedynczymi wiązaniami. Procesy te mają wielostopniowy charakter przy czym poszczególne stadia formowania się końcowej konformacji mają określone następstwo czasowe i drogę przebiegu w przestrzeni konformacyjnej. Szczególnie dobitnie jest to wyrażone w procesach samoorganizacji cząsteczek z wytworzoną strukturą trzeciorzędową jak np. białka globularne, tRNA. Przyjęta przez cząsteczkę końcowa konformacja nie musi odpowiadać upakowaniu odpowiadającego osiągnięciu przez układ minimum energii swobodnej, ponieważ w danych warunkach i przy danej budowie pierwszorzędowej łańcucha może być od niej oddzielona zbyt wysokimi barierami energetycznymi. Trwałość konformacji określona jest sumą bardzo wielu słabych oddziaływań wewnątrz- i międzycząsteczkowych ze składnikami roztworu (woda, jony elektrolitów) spośród których tylko część ma charakter oddziaływań kierunkowych (wiązania wodorowe) i służy rozpoznawaniu wzajemnemu określonych fragmentów łańcucha. W rezultacie w cząsteczce występują termiczne fluktuacje konformacyjne i dyskretne stany energii swobodnej odpowiadające konformacjom odchyłonym od konformacji przeciętnej. Te właściwości budowy cząsteczek biopolime-

rów nadają im cechy zbliżone do układów mechanicznych, których parametry budowy określone są kinetycznie. Jest to zapewne ich najistotniejsza cecha ogólna ściśle związana ze spełnianymi przez nie funkcjami.

Określenie na drodze doświadczalnej współrzędnych wszystkich atomów makrocząsteczki w danej konformacji oraz funkcji opisujących zależność tych współrzędnych od różnych parametrów budowy i parametrów zewnętrznych a następnie na podstawie znajomości takich zależności dla wielu cząsteczek w danej klasie chemicznej stworzenie ogólniejszej teorii ich samoorganizacji stanowiłoby rozwiązanie problemu. Takie totalne rozwiązanie jest jednak obecnie niemożliwe wobec braku metody określania parametrów konformacji makrocząsteczek w roztworach z dokładnością pozwalającą na podanie współrzędnych atomów oraz wobec braku odpowiednio rozwiniętego aparatu teoretycznego mechaniki statystycznej, koniecznego dla matematycznego opisu uporządkowanych konformacji cząsteczek złożonych z bardzo dużej liczby atomów i cechujących się obecnością wielu dyskretnych stanów.

W tej sytuacji w badaniach stosowane są dwie strategie metodyczne umożliwiające stopniową i bardziej szczegółową weryfikację założeń leżących u podstaw przyjętych poglądów na budowę cząsteczek biopolimerów i ich właściwości. Jedna z nich zakłada badania za pomocą metod dyfrakcji promieniowania rentgenowskiego struktury cząsteczek w kryształach w celu określenia ich współrzędnych atomowych w danej statycznej konformacji a następnie badanie jej właściwości dynamicznych w roztworze. Druga dąży do uproszczenia badanych układów i zmniejszenia liczby obserwowanych parametrów poprzez badania fragmentów budowy naturalnych cząsteczek (monomerów, oligomerów) oraz syntetycznych modeli o znanej budowie pierwszorzędowej. Określenie najbardziej prawdopodobnych konformacji i równowagi konformacyjnej, dynamiki konformacji, parametrów energetycznych i termodynamicznych nawet najprostszych układów jakimi są monomery i oligomery wymaga zastosowania wielu najbardziej zaawansowanych technik doświadczalnych: spektroskopowych w różnych obszarach widma, relaksacyjnych połączonych z obserwacją parametrów spektroskopowych, kinetycznych przy podstawach czasu rzędu 10^{-6} — 10^{-12} sek. oraz mikrokalorymetrycznych. Zadania stawiane przez biofizykę molekularną przed technikami pomiarowymi stanowią poważne wyzwanie dla leżących u ich podstaw technologii i źródło inspiracji dla ich rozwoju. Przykładem mogą tutaj służyć techniki jądrowego rezonansu magnetycznego, które w obecnym stanie rozwoju, osiągniętego w stosunkowo krótkim okresie czasu, pozwalają na wyróżnianie rezonansów pochodzących od określonych atomów poszczególnych ogniw monomerycznych łańcuchów dając wgląd w szczegóły ich budowy, jakościowo porównywalny tylko z technikami dyfrakcji rentgenowskiej.

Te ostatnie były dotychczas i pozostaną niewątpliwie jedynym źródłem informacji o absolutnych wartościach współrzędnych atomów cząsteczek w różnych realizujących się w stanie krystalicznym postaciach konformacyjnych. Interpretacja obrazów dyfrakcyjnych otrzymywanych przy niższej niż atomowa rozdzielczości a także obrazów otrzymywanych dla obiektów parakrystalicznych i włóknistych stworzyła podstawy współczesnych poglądów na przestrzenną organizację cząsteczek białek, kwasów nukleinowych, polisacharydów. Mimo ogromnych jednak postępów w technice otrzymywania i interpretacji obra-

zów dyfrakcyjnych oraz w oczyszczaniu i krystalizacji cząsteczek spośród kilkudziesięciu zbadanych dotychczas białek tylko w kilkunastu przypadkach struktura ich została ustalona z rozdzielczością rzędu 2,0—1,5 Å, pozwalającą na określenie współrzędnych atomowych. Z rozdzielczością tą udaje się określić strukturę tylko stosunkowo małych cząsteczek białek zawierających związane w znany sposób atomy ciężkich pierwiastków. W większości przypadków udaje się tylko ustalić położenia grup atomów pozostających w kontaktach vanderwaalsowskich a tym samym ułożenie łańcucha polimeru w przestrzeni konformacyjnej, jeżeli znana jest jego budowa pierwszorzędowa. Ograniczenia te powodują, że badania krystalograficzne nie mogą zastąpić badań konformacyjnych w roztworach. Natomiast istotnym problemem napotykanym przy posługiwaniu się wynikami badań krystalograficznych w interpretacji danych dotyczących konformacji cząsteczek w roztworach jest brak możliwości doświadczalnej, bezpośredniej weryfikacji w jakim stopniu statyczna konformacja cząsteczki w stanie krystalicznym zachowuje się w roztworze. Oddziaływania międzycząsteczkowe w sieci krystalicznej oraz zmieniona w stosunku do roztworu struktura warstw hydratacyjnych niewątpliwie powodują pewne odchylenia konformacji krystalicznych cząsteczek od konformacji realizujących się w roztworze.

Szczególna rola wody, w roztworach której jedynie ujawniają się unikalne właściwości konformacyjne biopolimerów, jest od wielu lat przedmiotem doświadczalnych prac i teoretycznych dociekań. Ujawniły one, że cząsteczki wody wiążą się w określony sposób poprzez wiązania wodorowe i oddziaływania vanderwaalsowskie zarówno z polarnymi, jak i niepolarnymi grupami atomów biopolimerów co pociąga za sobą zmiany w strukturze głębiej położonych warstw rozpuszczalnika. W procesie fałdowania się łańcuchów w struktury drugo- i trzeciorzędowe zachodzą zmiany w stanie hydratacji tych ugrupowań oraz w strukturze wody wnosząc korzystne energetyczne i entropowe przyczynki do energii swobodnej konformacji uporządkowanych oraz powodując pojawienie się kierujących procesem ich samoorganizacji oddziaływań hydrofobowych między grupami niepolarnymi. Jednakże molekularne mechanizmy tych procesów, ich energetyka i termodynamika są wciąż bardzo mało poznane. Jedną z podstawowych przyczyn takiego stanu rzeczy jest brak adekwatnej teorii struktury i właściwości wody i roztworów wodnych. Istniejące termodynamiczno-statystyczne i mechaniczno-statystyczne teorie mają charakter przybliżony. Inną przyczyną są duże luki w wiedzy o fizykochemicznych właściwościach roztworów wodnych cząsteczek stanowiących elementy budowy polimerów. Postęp w zrozumieniu i ilościowym ujęciu oddziaływań biopolimerów z cząsteczkami wody będzie wymagał uzupełnienia tych luk i rozwoju badań teoretycznych.

Doświadczalnym badaniom konformacji biopolimerów w roztworach towarzyszą podejmowane coraz szerszym frontem teoretyczne badania konformacji cząsteczek tworzących je monomerów oraz prostych oligomerów (dwupeptydy, dwunukleotydy itp.). W badaniach tych znajdują zastosowanie klasyczne metody obliczania energii potencjalnej układu, przy różnych dopuszczalnych sterycznie jego konformacjach, jako sumy międzycząsteczkowych oddziaływań vanderwaalsowskich, elektrostatycznych, poprzez wiązania wodorowe itd., a także metody mechaniki kwantowej. Na tej drodze otrzymuje się tzw. mapy konfor-

macyjne określające dopuszczalne sterycznie i energetycznie kąty konformacyjne łańcucha polimeru w przestrzeni konformacyjnej. Mieszczą się one zazwyczaj dobrze w przedziałach wartości tych kątów wyznaczonych doświadczalnie z danych dyfrakcji promieniowania rentgenowskiego. Ze względu jednak na półempiryczny charakter podejść teoretycznych a zwłaszcza wobec nieuwzględniania dotychczas w tych obliczeniach efektów hydratacji cząsteczek, decydującej o parametrach konformacji z rozwiniętą strukturą drugo- i trzeciorzędową, otrzymywane wyniki mają raczej charakter orientacyjny. Główna wartość wyników badań teoretycznych polega na tym, że dostarczają one lepszych podstaw do zrozumienia związku pomiędzy budową chemiczną i elektronową podstawowych elementów budowy cząsteczek biopolimerów a ich właściwościami konformacyjnymi determinującymi w dużym stopniu formy pofałdowań przyjmowane przez łańcuchy. Dalszy postęp w badaniach teoretycznych będzie uzależniony niewątpliwie od powodzenia w podejmowanych obecnie próbach uwzględnienia oddziaływań z cząsteczkami wody, protonami i innymi jonami elektrolitów obecnych w roztworach wodnych a także od opanowania technik umożliwiających obliczenia większych cząsteczek czy kompleksów.

Drugim szybko rozszerzającym się polem zainteresowań badawczych biofizyki molekularnej są fizyczne podstawy i mechanizmy specyficznego rozpoznawania i wiązania przez cząsteczki biopolimerów mało- i wielkocząsteczkowych ligandów a także wzajemnego rozpoznawania się cząsteczek, należących do tej samej lub różnych klas budowy chemicznej, w procesach samoorganizacji w funkcjonalne biochemiczne kompleksy i struktury nadmolekularne. Zagadnienia te blisko wiążą się problemowo i metodycznie z badaniami konformacyjnymi i mechanizmów samoorganizacji poszczególnych klas biopolimerów. Podejmowane są one w celu wyjaśnienia molekularnych mechanizmów funkcji spełnianych przez cząsteczki biopolimerów oraz mechanizmów regulacji tych funkcji i sprzężeń funkcjonalnych pomiędzy różnymi procesami, których fenomenologiczny opis wynika z badań innych dyscyplin takich jak biochemia, genetyka molekularna, immunologia itp. Wśród nich szczególnie wiele uwagi skupiają mechanizmy katalizy enzymatycznej, funkcjonowania aparatu genetycznego, aparatu biosyntezy białek, procesów bioenergetycznych, transdukcji energii chemicznej w mechaniczną w procesie skurczu włókien mięśniowych i procesach transportu makrocząsteczek w komórkach, transdukcji energii chemicznej w elektryczną w procesach generacji sygnałów nerwowych i transporcie substancji przez błony komórkowe, mechanizmów reakcji immunologicznej czy rozpoznawania przez cząsteczki białkowe o funkcji receptorowej różnych sygnałów hormonalnych i sensorycznych. Rola doświadczalnych badań biofizycznych w każdym z tych zagadnień sprowadza się do poszukiwania metod umożliwiających ilościowy opis konformacji oddziałujących ze sobą cząsteczek oraz budowy ich nadmolekularnych kompleksów w powiązaniu z energetyką i dynamiką oddziaływań międzycząsteczkowych. Na podstawie znajomości parametrów budowy, energii i kinetyki podejmowane są próby wyjaśnienia wzajemnego związku między przemianami konformacyjnymi, chemicznymi, osmotycznymi leżącymi u podstaw procesów biochemicznych, transportu aktywnego, bioenergetycznych czy bioelektrycznych. Złożoność badanych układów, niepełne rozpoznanie składników ich budowy oraz ograniczenia metodyczne napotymane przy pomiarach niewielkich, lecz

znaczących dla przebiegu procesów, zmian w badanych parametrach powodują, że próby bardziej całościowego ustalenia związków między budową i funkcjami kompleksów nadmolekularnych mogą być obecnie podejmowane tylko w odniesieniu do stosunkowo najprostszych układów o znanej budowie z badań krystalograficznych. Należą do nich przede wszystkim kompleksy enzym—substrat (lub analog substratu nie ulegający reakcji) oraz białka transportujące takie jak mioglobina i hemoglobina. Jakkolwiek nie udało się do tej pory otrzymać dla żadnego układu wystarczająco spójnego opisu molekularnego mechanizmu jego funkcjonowania, weryfikowalnego na drodze doświadczalnej, wyniki przeprowadzonych w tym zakresie badań i ich interpretacja z punktu widzenia stochastycznego, mechanicznego modelu właściwości cząsteczek biopolimerów, zwłaszcza białek, wskazują na kierunki dalszych poszukiwań.

Cząsteczki białek ze względu na różnorodność spełnianych przez nie funkcji: mechaniczno-strukturalnych, transdukcji energii chemicznej w chemiczną, chemicznej w mechaniczną, chemicznej w elektryczną, informacyjnych i ochronnych, są szczególnie przystosowane budową chemiczną i organizacją przestrzenną łańcuchów polipeptydowych do oddziaływań z bardzo różnymi ligandami mało- i wielocząsteczkowymi. Prawa fizykochemiczne rządzące tymi oddziaływaniami i ich skutki konformacyjne, energetyczne i kinetyczne leżą u podstaw biologicznej specyficzności i biologicznych funkcji białek. Podobny charakter sił i rząd wielkości energii występujących w fizycznych oddziaływaniach wewnątrz cząsteczki białkowej i w oddziaływaniach międzycząsteczkowych z różnymi ligandami ma istotne konsekwencje dla zachowania się złożonych układów. Całkowita energia oddziaływań ligand—białko, proporcjonalna do liczby kontaktów międzyatomowych na powierzchni granicznej między obu składnikami kompleksu, zależy krytycznie od kształtu oddziałujących cząsteczek. Jednocześnie w trakcie powstawania kompleksu mogą zachodzić zmiany w konformacji jego składników. W przypadku cząsteczki białka lub innej makrocząsteczki zmiany te mogą mieć charakter lokalny lub mogą prowadzić do kooperatywnej przemiany konformacyjnej w obrębie jakiegoś większego fragmentu lub nawet całej cząsteczki. W białkach katalicznych tego typu wzajemne dopasowanie konformacyjne centrum katalitycznego enzymu i związanego w nim substratu prowadzi najprawdopodobniej do polaryzacji ulegającego reakcji chemicznej wiązania zbliżając konformację substratu do konformacji właściwej stanowi przejściowemu o obniżonej energii aktywacji i umożliwiając zajście reakcji. Przesłanek doświadczalnych na rzecz takiego konformacyjno-elektronowego mechanizmu katalizy enzymatycznej dostarczają porównawcze badania krystalograficzne struktury kompleksów enzym—substrat i wolnych enzymów w powiązaniu z energetyką i kinetyką elementarnych stadiów procesów wiązania i przemiany chemicznej.

Najprostszymi ligandami występującymi zawsze w równowadze asocjacyjnej z białkami są cząsteczki wody, protony oraz kationy i aniony elektrolitów wiążące się elektrostatycznie ze zjonizowanymi resztami aminokwasowymi. Tak więc zmiany w stanie hydratacji, jonizacji czy elektrostatycznej kompensacji ładunków przez przeciwjony elektrolitu mogą być przyczyną przemian konformacyjnych i vice versa. Oczywiście tego typu zmiany w wielkości ładunku powierzchniowego białek mogą być również wywołane poprzez zmiany konformacyjne spowo-

dowane wiązaniem innych specyficznych ligandów. Tego rodzaju procesy cechujące się wysokim stopniem kooperatywności leżą niewątpliwie u podstaw regulacji funkcji wielu białek i ich kompleksów z innymi cząsteczkami, zwłaszcza białek transportujących, informacyjnych i enzymów występujących w kompleksach fosfolipidowych w błonach komórkowych. Same błony komórkowe zbudowane z podwójnych warstw fosfolipidowych stanowią uporządkowaną fazę ciekłą w której zachodzą kooperatywne przemiany konformacyjne charakteryzujące się zmianą upakowania łańcuchów węglowodorowych wewnątrz warstwy i polarnych, ujemnie naładowanych grup fosfolipidowych na ich powierzchni. Tym zmianom strukturalnym towarzyszą zmiany w ilości związanych z powierzchnią błony protonów oraz kationów jedno- i dwuwartościowych (Na^+ , K^+ , Ca^{++}). Oddziaływania międzycząsteczkowe białko—fosfolipid w błonach sprzęgają przejścia konformacyjne właściwe dla każdej klasy cząsteczek. Ich zależność od stanu otoczenia jonowego sugeruje ogólny mechanizm wyzwalań i regulacji funkcji błon i związanych z nimi białek przez zmiany w składzie tego otoczenia.

Rozważania energetyczne i termodynamiczne prowadzą do wniosku, że w układach katalitycznych w których jeden z ligandów jest substratem przejściowo związanym kowalencyjnie z cząsteczką białka, jak to ma miejsce w przypadku sprzężonych reakcji enzymatycznych połączonych z przeniesieniem grup funkcjonalnych, swobodna energia oddziaływań między ligandami może być wykorzystana dla przebiegu potencjalnie odwracalnej przemiany energii chemicznej w osmotyczną. Przemiany takie są obserwowane np. w procesach aktywnego transportu substancji przez błony komórkowe. Odwrotny proces — przemiany energii osmotycznej w chemiczną — nie został dotychczas doświadczalnie zaobserwowany. Wydaje się jednak, że addycja swobodnej energii osmozy i reakcji chemicznej może stanowić fizykochemiczną podstawę sprzężenia reakcji endergonicznej z egzergoniczną w procesach oksydatywnej fosforylacji ADP i innych tego typu procesach bioenergetycznych.

Przedstawione skrótowo poglądy na wybrane elementarne mechanizmy molekularne leżące prawdopodobnie u podstaw funkcjonalnych właściwości nadmolekularnych struktur komórkowych nie są bynajmniej ustabilizowane ze względu na ciągle jeszcze dalece niepełny opis właściwości i zachowania się w oddziaływaniach międzycząsteczkowych uczestniczących w nich makrocząsteczek. Postęp w kompleksowości tego opisu i w doskonaleniu technicznych metod doświadczalnych wnosi istotne korekty do proponowanych modeli i hipotez. Jednocześnie wysuwane są jednak istotne problemy zasadniczej natury zarówno w odniesieniu do doświadczalnej, jak i teoretycznej strony badań. W układach biologicznych nawet o najprostszej organizacji mamy do czynienia przy dużych rozmiarach cząsteczek z bardzo niewielkimi zmianami ogromnej liczby parametrów konformacji i energii słabych oddziaływań międzycząsteczkowych. Przynuszcza się, że w układach w których występują duże cząsteczki i małe energie obowiązuje swojego rodzaju zasada nieoznaczoności, analogiczna do obowiązującej w układach cząsteczek elementarnych i wielkich energii. Może ona ograniczać realność pomiaru wszystkich odległości międzyatomowych i energii z wystarczającą dokładnością dla analitycznego opisu zachowania się układu; nawet wówczas gdyby metody pomiarowe osiągnęły konieczną doskonałość techniczną. Druga część problemu wynika z wielkości ba-

danych układów ocenianych liczbą mierzalnych parametrów, których wzajemne związki mogą być przedmiotem analitycznego opisu. W miarę doskonalenia metod pomiarowych tak rozumiana wielkość układów, złożonych nawet z pojedynczych cząsteczek biopolimerów i otaczającego ich wodnojonowego środowiska, szybko rośnie. Jeżeli nie zostaną znalezione prawidłowości pozwalające na redukcję wielkości takich układów do rozmiarów poddających się analizie, wówczas być może będą one traktowalne tylko za pomocą metod cybernetycznych jako układy duże z punktu widzenia tej dyscypliny. Nadchodzące lata mogą więc wnieść wiele zmian w podejściach metodologicznych stosowanych w badaniach biofizycznych na poziomie molekularnym.

STAN BADAŃ Z ZAKRESU BIOFIZYKI W POLSCE

Biofizyka jest dyscypliną naukową zazębiającą się z wieloma dziedzinami: z jednej strony biologii — z drugiej zaś fizyki bądź fizykochemii. Ponieważ zaś wyodrębniła się ona jako samoistna dziedzina wiedzy stosunkowo niedawno, istnieją liczne kontrowersje na temat co jest, a co nie jest biofizyką. Jest to sytuacja typowa dla wielu innych dyscyplin granicznych we wczesnych stadiach ich rozwoju.

Międzynarodowa Unia Biofizyki Czystej i Stosowanej (International Union of Pure and Applied Biophysics — IUPAB) opracowała tabelę przedstawiającą działy biofizyki oraz te działy innych gałęzi nauki, do których biofizyka wnosi obecnie swój wkład.

Tabela 1

Dziedziny biofizyki

(tabela opracowana przez Międzynarodową Unię Biofizyki Czystej i Stosowanej (IUPAB))

1. Biofizyka molekularna

1.1.1. Struktura białek

1.1.2. „ kwasów nukleinowych

1.1.3. „ polisacharydów

1.1.4. „ lipidów

1.2.1. Funkcje białek (włączając aktywność enzymatyczną, wraz z kinetyką)

1.2.2. „ kwasów nukleinowych

1.2.3. „ polisacharydów

1.2.4. „ lipidów

1.4.1. Biosynteza białek (wraz z mechanizmami kontrolnymi)

1.4.2. „ kwasów nukleinowych (wraz z kodem genetycznym)

1.4.3. „ polisacharydów

1.4.4. „ lipidów

1.5. Różnicowanie (na poziomie molekularnym)

1.6. Immunologia (na poziomie molekularnym)

1.7. Wirusy — struktura i funkcja

1.8. Genetyka molekularna

1.9. Inne

2. Przenoszenie i przemiany energii

2.1. Fotosynteza

2.2. Kwantowo-mechaniczne aspekty biofizyki

2.3. Termodynamika układów biologicznych

2.4. Inne

3. Biofizyka komórek i organizmów

3.1.1. Struktura komórek — zagadnienia ogólne

3.1.2. „ „ — organelle

3.2 Przepuszczalność błon i mechanizmy aktywnego transportu

3.3 Przewodzenie nerwowe i synaptyczne

3.4. Centralny system nerwowy

3.5. Mechanizmy narządów zmysłowych

3.6.1. Procesy skurczu w mięśniach

3.6.2. „ „ w protoplazmie

3.6.3. „ „ w innych układach

3.7. Mechanizmy homeostazy

3.8. Krążenie i oddychanie

3.9. Inne

4. Biofizyka radiacyjna

4.1. Elementarne procesy radiacyjne

4.2. Wpływ promieniowania na enzymy i inne makrocząsteczki

4.3. Wpływ promieniowania na organizmy (mikroorganizmy, rośliny, zwierzęta)

4.4. Inne

5. Mechanika biofizyczna

5.1. Bioreologia

5.2. Hemoreologia

5.3. Mechaniczne podstawy układów biologicznych

5.4. Inne

6. Biofizyka środowiska

7. Biomatematyka

7.1. Modele matematyczne

7.2. Cybernetyka

7.3. Inne

8. Techniki

9. Nauczanie biofizyki i fizyki medycznej

10. Różne

Jak widać z tego zestawienia, biofizyka zazębia się ściśle z biochemią, wirusologią, immunologią, genetyką — jeśli chodzi o biofizykę molekularną oraz z fizyką, fizjologią, cytologią, bioniką — jeśli chodzi o biofizykę systemów wyżej zorganizowanych. O przynależności określonych badań do biofizyki decyduje nie badany obiekt, i nie zawsze nawet zastosowane eksperymentalne metody badawcze, ale sposób ujęcia zagadnienia i używany aparat pojęciowy. Zasadniczym bowiem celem biofizyki jest wytłumaczenie zjawisk biologicznych za pomocą praw i pojęć fizyki.

Omawiając stan badań z zakresu biofizyki w Polsce napotyka się ze szczególną wyrazistością problem, które prace należy zaliczyć do tej dziedziny, a które do innych dziedzin nauki. Wynika to stąd, że w Polsce biofizyka jako samodzielna dyscyplina jest jeszcze dość słabo rozwinięta i nie posiada głębokich tradycji. Mogą więc w tym omówieniu znaleźć się prace badaczy, którzy sami nie określają siebie jako biofizyków, tym niemniej ich badania wnoszą ważny wkład do różnych gałęzi biofizyki.

Najlepiej rozwiniętym w Polsce działem biofizyki jest biofizyka molekularna, która wyrosła w oparciu o placówki biochemiczne wyposażone w odpowiednią aparaturę badawczą, a zajmujące się problematyką biologii molekularnej. Przede wszystkim należy tu wymienić badania nad kwasami nukleinowymi — ich strukturą i fizycznymi podstawami ich funkcji. Badania te prowadzone są głównie w ośrodku warszawskim: w Instytucie Biochemii i Biofizyki PAN oraz w Katedrze Biofizyki Wydziału Fizyki Uniwersytetu Warszawskiego. Badania te mają tam wieloletnią tradycję i prowadzone są za pomocą dość dobrze wyposażonego warsztatu badawczego. Tematyka ich grupuje się wokół kilku zagadnień:

1. Helikalna struktura polinukleotydów; zależność pomiędzy budową chemiczną zasad azotowych a wtórnymi strukturami łańcuchów polinukleotydowych.

2. Konformacje nukleotydów i zasad azotowych oraz wpływ modyfikacji chemicznych na te konformacje.

3. Oddziaływania pomiędzy nukleotydami. Rodzaje oddziaływań pomiędzy równoległe ułożonymi pierścieniami zasad azotowych; oddziaływania między nukleotydami sąsiadującymi wzdłuż łańcucha polinukleotydowego w heliksie.

4. Stany wzbudzone zasad azotowych. Struktura i konformacje tych substancji w stanach wzbudzonych przez pochłonięcie kwantu promieniowania.

5. Fizyczne i fizykochemiczne podstawy mutacji w kwasach nukleinowych wywołane promieniowaniem ultrafioletowym i jonizującym. Zmiany struktur pierwszo- i drugorzędowych pod wpływem mutagenów.

Z problematyką tą związane są prace teoretyczne z zakresu chemii kwantowej prowadzone w ośrodkach: warszawskim (Wydział Chemii Uniwersytetu Warszawskiego) i toruńskim (Wydział Fizyki UMK) nad strukturą, konformacją i oddziaływaniami pomiędzy składnikami kwasów nukleinowych.

W Śląskiej Akademii Medycznej prowadzone są godne uwagi badania nad hydratacją i właściwościami hydrodynamicznymi kwasów nukleinowych.

Jak widać problematyka biofizycznych badań kwasów nukleinowych obejmuje szeroki wachlarz zagadnień: struktura i konformacja, fizyczne podstawy mechanizmów funkcjonowania kwasów nukleinowych, niektóre aspekty genetyki molekularnej i fotobiologii. Pracom tym towarzyszą też badania typu bardziej chemicznego na tych układach.

Jako drugie z kolei zagadnienie wymienię prace z zakresu fotobiologii, które należą do dość dobrze rozwijających się w Polsce. Oprócz wzmiankowanych wyżej badań nad kwasami nukleinowymi, badania nad fizycznymi mechanizmami fotosyntezy prowadzone są na szerszą skalę w ośrodkach: poznańskim, (Instytut Fizyki Politechniki Poznańskiej), wrocławskim (Instytut Biochemii Uniwersytetu Wrocławskiego i krakowskim (Instytut Biologii Molekularnej UJ).

Poznański ośrodek prowadzi prace na temat udziału biliprotein w przekazywaniu energii kwantów świetlnych na chlorofil, oraz badania wzajemnych oddziaływań pomiędzy barwnikami układów fotosyntetyzujących w aspekcie przenoszenia energii.

Zbliżone tematycznie, lecz prowadzone na prostszych układach modelowych są prace prowadzone w Instytucie Biochemii Uniwersytetu

Wrocławskiego. Także w tym ośrodku — przy współpracy z Instytutem Fizyki Uniwersytetu Wrocławskiego — zostały zapoczątkowane ciekawie zapowiadające się prace nad anihilacją pozytonów w układach fotosyntetyzujących.

W ośrodku krakowskim prowadzone są badania nad mechanizmem fototaktycznych ruchów chloroplastów.

Z innych badań wymienię tutaj prace nad luminescencją układów biologicznych prowadzone w ośrodku szczecińskim.

Prace z dziedziny biofizyki radiacyjnej prowadzone są w kilku ośrodkach w Polsce, głównie jednak w Instytucie Badań Jądrowych w Warszawie oraz w ośrodku łódzkim. Badania te dotyczą wpływu promieniowania jonizującego na makrocząsteczki biologiczne oraz na elementy komórki.

Prace ośrodka łódzkiego są przedstawione szczegółowo w opracowaniu prof. W. Leyko — nie będę więc ich tu bliżej omawiał.

Tematyka biofizyczna Instytutu Badań Jądrowych od lat koncentruje się na wpływie promieniowania jonizującego na kolagen tkanki łącznej. W ostatnich latach, przy współpracy Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej w Warszawie, przeprowadzono ciekawe badania nad powstawaniem rodników paramagnetycznych — wykrywanych metodą EPR — w tkance kostnej.

Zagadnienia występowania centrów paramagnetycznych w biopolimerach oraz w żywych komórkach normalnych i nowotworowych badane są od wielu lat w Instytucie Biologii Molekularnej UJ w Krakowie. Szczególnie interesujące wydają się badania tego rodzaju nad układami zawierającymi barwniki melaninowe.

Badania nad białkami, które można zaliczyć do dziedziny biofizyki, prowadzone są w Warszawie w Instytucie Biologii Doświadczalnej PAN, we Wrocławiu w Instytucie Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN, w Instytucie Chemii Uniwersytetu Wrocławskiego, w Instytucie Biochemii i Biofizyki Akademii Medycznej we Wrocławiu, oraz w Krakowie — w Instytucie Biochemii Lekarskiej Akademii Medycznej.

W Instytucie Biologii Doświadczalnej PAN w Warszawie prowadzone są od wielu lat prace nad białkami mięśniowymi, a zwłaszcza nad białkami wiążącymi wapń. Badania te rozpoczęte jako badania biochemiczne, ewoluują w kierunku biofizyki. Dotyczą one wzajemnych oddziaływań białek układu troponina—tropomiozyna—aktyna, biorących udział w procesie skurczu mięśniowego oraz w regulacji tego procesu przez jony wapnia.

Prace prowadzone w pozostałych wymienionych ośrodkach dotyczą badań nad konformacją białek oraz nad ich asocjacją. Badania te prowadzone są głównie za pomocą metod spektroskopowych oraz hydrodynamicznych. Zapoczątkowane zostały badania rentgenograficzne kryształów białkowych.

Do pogranicza biofizyki i enzymologii należą niektóre prace prowadzone w Instytucie Chemii Uniwersytetu Wrocławskiego. Obejmują one badania modelowe układów katalitycznych — zwłaszcza katalizatorów procesów oksydoredukcji i przenoszenia tlenu. Badania te zostały przedstawione bardziej szczegółowo przez prof. B. Jeżewską-Trzebiatowską.

Badania nad błonami biologicznymi skupione są głównie we Wrocławiu w Instytucie Biologii i Biofizyki Akademii Rolniczej, oraz w pewnym stopniu w Instytucie Biochemii i Biofizyki Akademii Medycz-

nej. Badania te dotyczą przenikania jonów przez błony komórkowe naturalne i modelowe oraz oddziaływań pomiędzy błonami modelowymi. Prowadzone są też prace teoretyczne dotyczące termodynamiki procesów transportu przez błony. Prace te zostały szczegółowo omówione w referacie prof. St. Przestalskiego.

Z problematyką błon wiążą się zagadnienia ich właściwości elektrycznych. Zagadnieniami elektroforezy komórek i układów modelowych oraz zagadnieniami przewodnictwa elektrycznego powierzchni komórek zajmują się: Instytut Biologii Medycznej Akademii Medycznej w Gdańsku, Instytut Biologii Molekularnej UJ w Krakowie i Instytut Fizyki UMCS w Lublinie. W tym ostatnim ośrodku prowadzono też badania nad potencjałami komórek roślinnych, stosując techniki mikroelektrodowe i badając mechanizmy powstawania potencjałów i przewodzenia prądów w żywych komórkach.

Ten pobieżny przegląd tematyki biofizycznej rozwijanej w Polsce ograniczyłem do zagadnień będących przedmiotem zainteresowań Wydziału II Nauk Biologicznych PAN oraz Komitetu Biochemii i Biofizyki PAN. Z pewnością pomiąłem niektóre zagadnienia, które ewentualnie można byłoby zaliczyć do biofizyki. Jak wspomniałem na wstępie granica pomiędzy biofizyką a innymi dyscyplinami jest niekiedy trudna do przeprowadzenia. Pomiąłem m.in. niektóre prace z pogranicza fizjologii oraz z zakresu fizyki medycznej, gdyż dziedzinami tymi zajmują się bardziej inne komitety PAN.

Oceniając ogólnie stan biofizyki w Polsce widać zapóźnienia w rozwoju tej dyscypliny w porównaniu z jej stanem w krajach rozwiniętych. Zapóźnienia te są wyraźniejsze w przypadku biofizyki niż w niektórych innych dyscyplinach, np. w biochemii. Przyczyn tego stanu rzeczy jest kilka. Szczególnie dotkliwie odczuwalne są braki w zakresie wyposażenia aparaturowego, zwłaszcza w aparaturę wysokiej jakości. Z tego względu stosunkowo lepiej rozwinęła się u nas biofizyka molekularna, mając oparcie w placówkach biochemicznych, lepiej wyposażonych. Dalszą poważną przyczyną jest brak odpowiedniego programu szkolenia w zakresie biofizyki w większości ośrodków w Polsce. Wydziały Fizyki naszych uniwersytetów nie mają tradycji szkolenia w tym kierunku i bardzo wielu fizyków nie zetknęło się z możliwościami wykorzystania ich wiedzy do rozwiązywania problemów biologicznych. Do niedawna jeszcze dawał się zauważyć brak kontaktu pomiędzy stosunkowo nieliczną grupą fizyków, zainteresowanych głównie biofizyką wyższych układów, a badaczami zajmującymi się biofizyką molekularną, którzy wywodzili się z grona biochemików.

Stan ten ulega obecnie wyraźnej poprawie, do czego wydatnie przyczynia się od kilku lat działalność Polskiego Towarzystwa Biofizycznego zmierzająca do zintegrowania środowiska biofizyków polskich.

POLSKIE TOWARZYSTWO BIOFIZYCZNE I JEGO DZIAŁALNOŚĆ

Historia Polskiego Towarzystwa Biofizycznego (PTBF) obejmuje dwa okresy: okres organizacyjny (1970—1973) i okres od I Zjazdu PTBF (1973) do chwili obecnej. W okresie organizacyjnym najważniejszymi wydarzeniami były:

- projekt powstania Towarzystwa i wybór członków założycieli na II Sympozjum Biofizyki w Kazimierzu n/Wisłą (16—18.III.1970),
- zebranie członków założycieli w Lublinie 17.IV.1971, na którym ustalono statut i przeprowadzono wybór Zarządu Tymczasowego,
- Tymczasowy Zarząd zarejestrował Towarzystwo w Urzędzie Spraw Wewnętrznych PWRN w Lublinie w dniu 31.XII.1971 (decyzja SW.V. — 900/2/72).

Członkami założycielami PTBF byli: doc. B. Adamczyk, prof. J. Dobrowolski, prof. D. Frąckowiak, doc. J. S. Kwiatkowski, doc. S. Łukiewicz, prof. W. Leyko, prof. A. Morawiecki, prof. A. Paszewski, prof. S. Przestalski, doc. J. Skierczyńska, prof. P. Strebeyko, prof. M. Subotowicz, doc. E. Trembaczowski, prof. K. L. Wierzchowski, doc. T. Wilczok.

Skład Zarządu Tymczasowego przedstawiał się następująco: prezes — prof. A. Paszewski, wiceprezes — doc. J. Skierczyńska, członkowie — prof. W. Leyko, prof. S. Przestalski, prof. P. Strebeyko. W omawianym okresie powstało 9 oddziałów terenowych: w Białymstoku, Gdańsku, Katowicach, Lublinie, Łodzi, Poznaniu, Szczecinie, Warszawie i Wrocławiu.

Zarząd Tymczasowy PTBF powierzył zorganizowanie Zjazdu Oddziałowi Łódzkiemu. I Zjazd PTBF odbył się w Uniejowie w dniach 30.V.—1.VI.1973 r. Na I Walnym Zebraniu w dniu 30.V.1973 r. przeprowadzono wybór zarządu, który działa w chwili obecnej w składzie: prezes — prof. W. Leyko, wiceprezes — prof. S. Przestalski, sekretarz — doc. R. Gondko, skarbnik — dr M. Koter, członkowie — prof. A. Morawiecki, doc. J. Skierczyńska (do 1975 r.), prof. K. L. Wierzchowski. Siedzibą Zarządu Głównego zgodnie ze statutem jest Łódź. Obecnie działają następujące oddziały: w Białymstoku, Gdańsku, Katowicach, Krakowie, Lublinie, Łodzi, Olsztynie, Poznaniu, Szczecinie, Warszawie i Wrocławiu, obejmujące ogółem 265 członków.

Działalność PTBF polega, zgodnie ze statutem, na popieraniu rozwoju i popularyzacji biofizyki poprzez posiedzenia naukowe, zjazdy, odczyty i in. Członkowie PTBF biorą czynny udział w Kongresach Biofizyki organizowanych przez Międzynarodową Unię Czystej i Stosowanej Biofizyki. Można podać dla przykładu, że w IV Międzynarodowym Kongresie Biofizyki w Moskwie, 1972, uczestniczyło 35 członków PTBF, zaś w V Międzynarodowym Kongresie Biofizyki w Kopen-

hadze, 1975, wzięło udział 16 Polaków, z których 13 jest członkami PTBF.

Działalność PTBF, mająca na celu zintegrowanie środowiska biofizycznego w Polsce obejmuje Zjazdy (I Zjazd 1973, II Zjazd 1976), wydawnictwa z zakresu biofizyki, wspólne badania naukowe, nagrody za najlepsze prace eksperymentalne i przeglądowe i in. Szczególnie duże znaczenie dla rozwoju biofizyki w Polsce posiada wydawnictwo „Zagadnienia biofizyki współczesnej”, sybsydiowane przez Wydział Nauk Biologicznych Polskiej Akademii Nauk, którego pierwszy tom ukaże się w lipcu br.

W roku 1975 nagrody PTBF otrzymali: Prof. dr A. Paszewski, dr T. Zawadzki za pracę „Action potentials in *Lupinus angustifolius* L. skoobs”, opublikowaną w *J. Experimental Botany*, 24, 804—809 (1973). Dr W. Wnuk za pracę — „Siły oddziaływań między komórkami”, opublikowaną w *Postęпах Biochemii* 20, 425—458 (1974).

ROLA METALI W UKŁADACH BIOLOGICZNYCH

Jony metali odgrywają podstawową rolę w wielu procesach biologicznych, stanowiąc ok. 30% organizmu człowieka. Mała koncentracja jonów metali, szczególnie metali grup przejściowych nastroczała zawsze znaczne trudności w ujawnieniu ich roli i dopiero gwałtowny rozwój fizycznych metod badawczych pozwolił precyzyjniej określić ich miejsce w procesach biologicznych.

Spektroskopia w całym zakresie fal, a więc elektronowa i oscylacyjna, spektroskopia rezonansów magnetycznych (EPR i NMR), rentgenografia strukturalna etc. umożliwiły znakomitą obserwację jonów metali, ich zmiennych stanów elektronowych i strukturalnych oraz poznanie ich miejsca i roli w dużych biomolekułach złożonych nieraz z wielu tysięcy atomów. Złożoność części biomolekuł zawierającej metal zasadniczo utrudnia badania i można powiedzieć, że otrzymane dotychczas wyniki są dopiero wstępem do poznania roli i mechanizmu metali w procesach życiowych. Trudności jakie nastroczą badania układów naturalnych doprowadziły do rozwoju badań nad układami modelowymi częstokroć o wiele bardziej prostymi niż układ naturalny. Badając układy modelowe należy w miarę możliwości dążyć do tego, by otoczenie było jak najbardziej podobne do naturalnego a wszelkie odstępstwa uwzględnić we wnioskach. W tym krótkim referacie chcę dać pewien pogląd na badania jakie podjęłam wraz z grupą współpracowników nad układami modelowymi i oddziaływaniem metali z biomolekułami organicznymi i ze związkami naśladującymi układy naturalne.

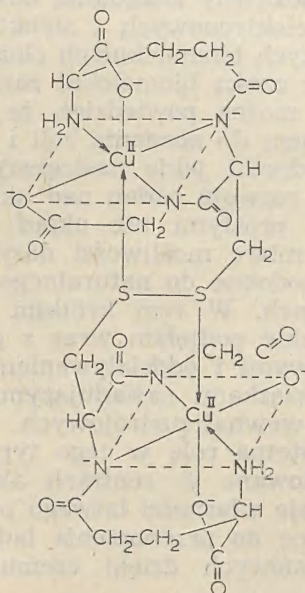
Zdecydowana większość wewnątrzustrojowych reakcji nosi cechę biokatalizy enzymatycznej. Istotną rolę w tego typu reakcjach odgrywają jony metali. Skoordynowane w centrach aktywnych systemów biokatalitycznych poprzez swoje własności łatwego przechodzenia w różne stany walencyjne są zdolne do przenoszenia ładunków, elektronów, atomów a nawet grup atomowych dzięki czemu sterują procesami biologicznymi.

ODDZIAŁYWANIE METALI Z POLIPEPTYDAMI

Jednym z kierunków naszych badań jest wszechstronne poznanie oddziaływania jonów metali z podjednostkami białek i kwasów nukleinowych tzn. aminokwasami, peptydami, polipeptydami, nukleozydami, nukleotydami itp. Mają one m.in. na celu określenie sposobu koordynacji metalu z cząsteczką organiczną, wpływu koordynacji metalu na konformację liganda oraz specyfiki metali w oddziaływaniu z różnymi grupami funkcyjnymi liganda. Badania paramagnetycznego rezonansu elektronowego (EPR) serii kompleksów miedzi (II) z aminokwasami [7—9] pozwoliły nam określić charakter wiązań metal—ligand oraz strukturę tych układów. Widma EPR i pomiary podatności magnetycz-

nej do temperatur helowych wykazały również występowanie słabych oddziaływań ferro- i antyferromagnetycznych par jonów Cu/II/ w kompleksach w ciele stałym.

Bardziej skomplikowanym zagadnieniem są badania układów metal—peptyd. Cząsteczka peptydu czy polipeptydu posiada wiele grup funkcyjnych zdolnych do koordynacji jonu metalu, i jednym z podstawowych problemów jest określenie miejsc koordynacji w układzie jon metal—ligand. Jednym z badanych przez nas polipeptydów jest glutation. W jego cząsteczce znajduje się reszta cysteinowa, która może być ważnym elementem koordynacji jonów metali w proteinach. Wyniki otrzymane przez nas dla układu Cu/II/-glutathion [10], Ni/II/-glutathion [12] i Co/II/-glutathion [11] wykazały, że siarka reszty cysteinowej bierze aktywny udział w koordynacji jonów tych metali w wyższych zakresach pH. Jednocześnie zastosowanie magnetycznego rezonansu jądrowego (NMR) i spektroskopii elektronowej pozwoliło również określić specyfikę oddziaływań metali z glutationem. Poszczególne składowe glutathionu koordynują w różny sposób z metalem w zależności od rodzaju metalu. Na przykład tylko w przypadku jonów kobaltu część



Rys. 1

glicynowa oddziałuje z metalem w wysokich pH. Również koordynacja w środkowej części peptydu (cysteina) jest inna dla jonów Co/II/ niż dla Ni/II/ i Cu/II/. Jony Ni/II/ i Cu/II/ koordynują z siarką i z wiązaniem peptydowym między kwasem glutaminowym i cysteiną, tworząc kompleksy płaskie o symetrii zbliżonej do kwadratu. Natomiast w przypadku jonów Co/II/ jedno miejsce koordynacyjne zajmuje siarka, drugie natomiast wiązanie peptydowe między kwasem glutaminowym i cysteiną (azot) lub też drugie wiązanie peptydowe (grupa CO) cząsteczki glutathionu. W roztworze obserwuje się równowagę między formami tetraedrycznymi [11]. Dla wszystkich trzech metali jednak ważnym czynnikiem koordynującym jest grupa siarkowa.

Badania nad oddziaływaniem metali z utlenionym glutationem [13] również wnoszą nowe informacje o układach naturalnych. Badania

przeprowadzone przez nas [13] i przez Kronecka [28] pozwoliły na zaproponowanie struktury układu Cu/II/-glutation utleniony, gdzie istotnym elementem molekuly jest układ mostkowy Cu—S—S—Cu.

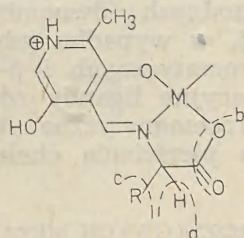
W przypadku tym mostek S—S powoduje występowanie oddziaływań antyferromagnetycznych, czyli częściowe wygaszanie spinów elektronowych jonów Cu/II/, podobnie jak w niebieskich oksydazach. Przewiedzone przez nas badania nad układami Zn/II/ i Cd/II/ — leucyloglicyna [14], Pd/II/, Zn/II/ i Cu/II/ — kwas glicylo-L-asparaginowy [29—30] pokazały także jak jon metalu może modyfikować konformację cząsteczki peptydu w zależności od swego charakteru i rodzaju peptydu. Zastosowanie metod rezonansowych (EPR, ^1H NMR, ^{13}C NMR) pozwoliło dokładnie opisać równowagi koordynacyjne i konformacyjne w roztworach dla różnych wartości pH. Badania te mają istotne znaczenie dla poznania wpływu jonu metalu na konformację białka, względnie wyjaśnienie miejsc koordynacji metalu w polipeptydach. Są one zatem fundamentalne dla poznania biologicznej aktywności molekuł zawierających w sobie jony metalu oraz roli samego jonu metalu w procesach biokatalitycznych.

MODELOWE KOMPLEKSY WITAMINY B₆

Biologicznie aktywną lub koenzymową formę witaminy B₆ stanowi fosforan pirydoksalu. Funkcjonuje on w nieutleniającej, enzymatycznej transformacji aminokwasów i katalizuje szereg niezwykle ważnych fizjologicznie reakcji metabolizmu aminokwasów, jak dekarboksylacja, racemizacja, transaminacja, β -eliminacja i σ -eliminacja [6].

Stwierdzono, że w każdym przypadku tego typu reakcji, początkowa aktywacja aminokwasu odbywa się poprzez jego kondensację z pirydoksałem, z utworzeniem aldiminy — (zasady Schiffa). Postuluje się, że metal obecny w takich układach ułatwia tworzenie się chelatowej cząsteczki, pełniąc rolę aktywnych postaci enzymatycznych.

Dzięki szczególnym własnościom pirydoksalu lub enzymu zawierającego pirydoksal ułatwiona jest w chelacie labilizacja wiązań wórkół α -atomu węgla aminokwasu i w zależności od warunków następuje zerwanie jednego z trzech wiązań a, b lub c. Prowadzi to w rezultacie do odpowiedniego typu reakcji.



Rys. 2

W procesie transaminacji, właśnie w chelatowanej aldiminie utworzonej z pirydoksalu, aminokwasu i metalu możliwe jest takie wyciąganie elektronu z α -wodoru, że powodują jego labilizację prowadzi do powstawania pirydoksaminy i nowego ketokwasu, dzięki temu w dalszym toku reakcji może utworzyć się nowy aminokwas.

Reakcja nieenzymatycznej transaminacji jest przy tym katalizowana jonamimetalem tak dalece, że staje się wielokrotnie bardziej efektyw-

na [31, 32] niż reakcja bez udziału jonów metalu. Z drugiej strony, w reakcjach nieenzymatycznej dekarboksylacji prowadzących do powstawania amin pełniących bardzo ważne funkcje fizjologiczne metal pełni rolę inhibitora [25].

Jednym z istotniejszych czynników aktywności katalitycznej utworzonych kompleksów jest ich struktura elektronowa a zatem ich trwałość termodynamiczna oraz kinetyka.

Duże znaczenie ma przy tym rodzaj podstawników w aldehydzie i aminokwasie odpowiednio modyfikujących przesunięcia elektronowe.

Ścisła zależność pomiędzy strukturą elektronową molekuł a efektywnością biologicznych przemian skłania do poszukiwania ogólnych prawidłowości strukturalnych dla całego szeregu ligandów i różnych metali.

Badania nasze przeprowadzone były nad kompleksami miedzi II z ligandami, które utworzone zostały z aldehydu salicylowego, jego bromo- i metoksypochodnych, pirydoksalu i β -dwuketonów kondensowanych z aminami, dwuaminami i aminoalkoholami.

Obliczone na podstawie uzyskanych z widm EPR parametrów hamiltonianu spinowego, współczynniki orbitali molekularnych, wykazują ścisłą zależność od natury liganda.

Zależność ta okazuje się nie być jednak prostą funkcją zdolności do wyciągania elektronów przez podstawniki w ligandzie.

Korelacja parametrów wiązania σ z współczynnikami M.O. — α^2 i parametrów wiązania π w płaszczyźnie, współczynników M.O. β^2 , dowodzi, że tendencja ich zmian nie zawsze przebiega równolegle [15].

Wyznaczone bowiem metodą EPR współczynniki orbitali molekularnych są miarą względnego i sumarycznego wiązania pomiędzy metalem i ligandem, które może być funkcją nie tylko związanego z własnościami indukcyjnymi ligandów wiązania donorowego, ale odpowiednio przez te własności modyfikowanego wiązania akceptorowego oraz koniugacji pierścienia chelatowego z arylowym. Duże znaczenie ma też trwałość termodynamiczna związana m.in. z wielkością chelatującego pierścienia.

Ilość miejsc koordynacyjnych ligandów, a zatem właśnie utworzony pierścień chelatowy, wpływa zasadniczo na rozkład gęstości elektronowej w cząsteczce — szczególnie wysoki stopień kowalencyjności wiązania obserwuje się dla pochodnych dwuamin tworzących ligand czterokoordynacyjny. Co więcej, w wypadku gdy produktami kondensacji α -hydroksy aldehydów aromatycznych i β -dwuketonów z alkilaminoalkoholami są trójkoordynacyjne ligandy zdolne do tworzenia dimerów, ich własności antyferromagnetyczne lub ferromagnetyczne uwarunkowane są charakterem pierścienia chelatowego [16].

BIOLOGICZNE ASPEKTY NITROZYLOWYCH METALOORGANICZNYCH KOMPLEKSÓW ŻELAZA

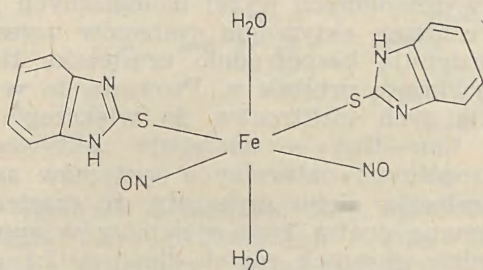
W organizmach żywych powstawać mogą i istnieć nitrozyłowe kompleksy żelaza. Kompleksy te są znane jako inhibitory szeregu enzymów np. rybonukleazy, dehydrogenazy mlekowej i alkoholowej, karboksylazy [12]. Anion soli Roussina, $\text{Fe}_4\text{S}_3/\text{NO}_7^-$, działa już w stężeniu 10^{-7}m/l , hamując procesy oddychania i fermentacji drożdży [2]. Jeśli mikroorganizmy pozostają w styczności z Fe^{+2} i NO_2^- , zachodzi synteza

kompleksów nitrozylowych, powstałe związki stają się czynnikami hamującymi wzrost mikroorganizmów, co zaobserwowano m.in. dla *Clostridium sporogenes* [33, 34].

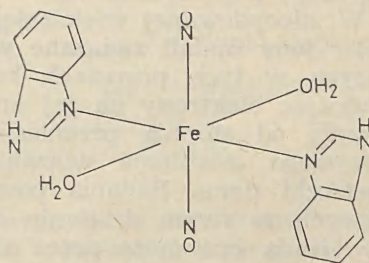
Organizmy tkankowe wytwarzają kompleksy nitrozylowe analogicznie, również z Fe^{+3} i NO_3^- w obecności reduktora (np. kwas askorbinowy) i grupa NO może ponadto wiązać się z cytochromem C i hemoglobina [1, 3, 27].

Zainteresowanie biologiczną rolą kompleksów nitrozylowych wiąże się z ich obecnością w tkankach nowotworowych, w szczególności nitrozylowych kompleksów żelaza niehemowego [36, 38]. Wykazano, że w wątrobie w której przebiegają procesy kancerogenne, powstają nitrozylowe kompleksy uczestniczące w hamowaniu wzrostu nowotworu [38]. Jest to zrozumiałe z uwagi na rolę tych związków jako inhibitorów szeregu enzymów, co w konsekwencji hamuje procesy biokatalizy w tkankach nowotworowych.

Naturalne związki występują w bardzo niewielkich stężeniach, są ponadto nietrwałe, co uniemożliwia wyodrębnienie ich bez rozkładu. Zrozumiałe stają się zatem trudności w oznaczaniu ich struktury, a więc również poznania zależności struktury i aktywności biokatalicznej tych właśnie kompleksów. Ponieważ kompleksy nitrozylowe przejawiają własności pośrednie — między typowym kompleksem metalicznym a wolnym rodnikiem organicznym długie czasy relaksacji spinowej (10^{-7} — 10^{-8} sek.) umożliwiają obserwację sygnału elektronowego rezonansu paramagnetycznego dla naturalnych nitrozylowych kompleksów żelaza. Co więcej, ich linie ERP są na tyle wąskie i charakterystyczne, że nie ma potrzeby oddzielania tych związków od zanieczyszczeń paramagnetycznych (np. Fe^{+3}). Niestety, informacje uzyskane tą drogą ograniczają się jedynie do anizotropowych wartości g [37, 38]. Wynika stąd potrzeba badań modelowych, uzyskania na tej drodze ważnych uogólnień i przeniesienia ich na układy naturalny. Badania nasze dotyczyły serii modelowych związków o anizotropowych parametrach g identycznych z naturalnymi.



Rys. 3



Rys. 4

Obserwacja struktury nadsubtelnej widm ERP stała się dla związków modelowych możliwa, uzyskano tą drogą szereg dodatkowych informacji. W oparciu o analizę parametrów hamiltonianu spinowego wykazano, że: związkami modelowymi i naturalnymi są związki dwunitrozylowe, typu $\text{Fe}(\text{NO}/_2\text{L})_2/\text{H}_2\text{O}/_2$, gdzie L oznacza dodatkowy ligand organiczny; od natury liganda L zależą własności utworzonego kompleksu. Jeśli L jest ligandem koordynującym przez siarkę (pochodna tiomocznika, anion merkaptanowy itp.), wtedy $g_I = 2,04$, $g_{II} = 2,01$.

Jeśli L jest jednokoordynacyjnym ligandem koordynującym przez azot (np. amina, heterocykl azotowy), wtedy $g_x=2,01$, $g_y=2,02$, $g_z=2,04$ [17, 19, 20], przy czym szczególne własności elektronowe $/A^{14}N/NO/ = A^{14}N$ (azol) i szczególną stabilność wykazują związki gdzie L jest 1,3 — dwuazolem (np. imidazol) [28].

Dwa typy powyższych kompleksów w pełni odpowiadają dwom typom układów naturalnych. Można więc uznać, iż pierwszy typ kompleksu odpowiada wzorowi Fe/NO_2 (polipeptydy koordynujące przez siarkę cysteinową), drugi — Fe/NO_2 (polipeptydy polihistydynowe koordynujące przez azot imidazolowy). Przeprowadzone przez nas badania dla kompleksów Fe/NO_2 (merkaptazol)₂ udowodniły ponadto, że koordynacja przez siarkę jest łatwiejsza, a jedynie wysokie pH sprzyja koordynacji przez azot [17, 19, 20]. Rezultat ten w pełni odpowiada układowi naturalnym [37, 38]. Przejście grupy $/NO/$ w $/NOOR/$ lub $/NO_2/$, obserwowane przez nas dla cyjanonitrozyłowych kompleksów żelaza [18] odpowiada i w pełni wyjaśnia analogiczne przejście dla nitrozyłowych kompleksów hemoglobiny i innych hemoprotein [27].

NATURALNE I SYNTETYCZNE PRZENOŚNIKI TLENU MOLEKULARNEGO

Decydującą rolę odgrywają jony metali również w tak podstawowych czynnościach życiowych organizmu jakimi są procesy z udziałem tlenu molekularnego a mianowicie:

1) transporcie tlenu, od narządów oddechowych poprzez krew do komórek ustroju (myoglobina, hemoglobina, chlorokruoryna, hemerytryna — $/Fe/$, hemocyjanina — Cu , hemowanadyna — V);

2) w energetycznych procesach spalań komórkowych (metaloflawoproteidy, oksydaza cytochromowa — $/Fe, Cu/$;

3) całej gamie specyficznych enzymatycznych reakcji utlenień substratów komórkowych bezpośrednio angażujących molekułę tlenu (monooksydazy, peroksydazy itp. — $/Cu, Fe/$.

W zdecydowanej większości wymienionych wyżej biologicznych procesów jony metali związane w centrum aktywnym systemów uczestniczących w tych procesach koordynują bezpośrednio cząsteczkę tlenu, donorując elektrony na jej antywiążące orbitale π . Prowadzi to w zależności od stopnia przeniesienia tych elektronów do większego lub mniejszego osłabienia wiązania tlen—tlen — następuje „aktywacja” cząsteczki tlenu. Badania poszczególnych naturalnych systemów angażujących w swym działaniu cząsteczkę tlenu wykazały, że cząsteczka ta wiązana być może przez aktywne centra tych systemów w sposób:

- 1) dimeryczny, mostkowy, gdzie stosunek metal—tlen = 2:1 oraz
- 2) monomeryczny, gdzie stosunek metal:tlen wynosi 1:1.

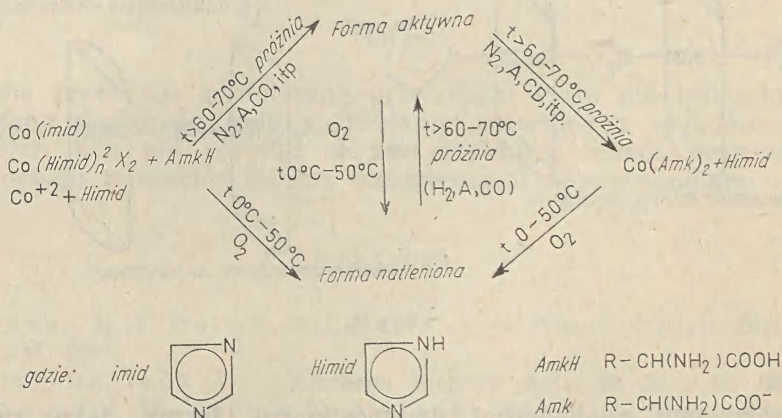
Opracowano dotychczas stosunkowo dokładnie wiele zagadnień związanych z omawianymi procesami zarówno z punktu widzenia mechanizmu, kinetyki, termodynamiki, jak i struktury poszczególnych układów posiadających nieraz bardzo skomplikowaną budowę (metaloproteidy, hemoproteidy itp.) [4, 5].

Duży udział mają w tym badania modelowe. Możliwość imitowania działania poszczególnych naturalnych systemów uczestniczących w procesach z udziałem molekularnego tlenu wyzwoliło ogromne zainteresowanie badaniami nad syntetycznymi modelami tych systemów [35].

Wiążą one podobnie jak ich naturalne analogi cząsteczkę tlenu w dwójki sposób dając z nią: 1) połączenia dimeryczne oraz 2) połączenia monomeryczne.

Prace nasze w tym kierunku pozwoliły na wykrycie i syntezę nowych syntetycznych przenośników tlenu molekularnego, wiążących odwracalnie ten gaz w roztworach wodnych w zakresie temperatur od 0°C do $40\text{--}50^{\circ}\text{C}$ przy pH ok. 6—9 [21—24]. Są to kompleksy kobaltu (II) zawierające w charakterze ligandów dwie chelatowo związane cząsteczki aminokwasu oraz cząsteczkę imidazolu lub jego alkilo pochodnej.

Szóste miejsce zajmowane jest w aktywnych oraz natlenionych postaciach przez odpowiednio: cząsteczkę wody lub tlenu, (rys. 6). Omawiane kompleksy zdolne są do wielokrotnego cyklicznego wiązania i odłączania tlenu molekularnego doskonale naśladując pewne naturalne przenośniki tlenu — barwniki oddechowe. Wiązanie tlenu przez te kompleksy dokonuje się jak już wspomniano w temp. od $0\text{--}50^{\circ}\text{C}$ przy pH od 6—9. Natomiast jego uwalnianie z natlenionych form następuje poprzez przyłożenie próżni, przepuszczanie przez roztwór tych form gazu obojętnego lub podwyższenie temperatury takiego roztworu powyżej $60\text{--}70^{\circ}\text{C}$ (rys. 5).

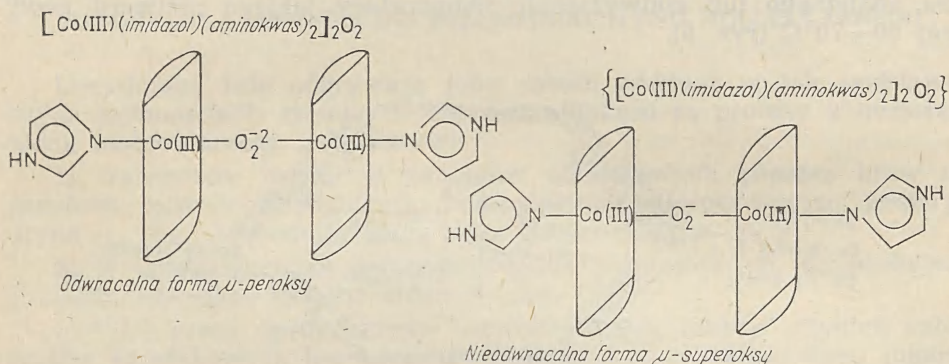
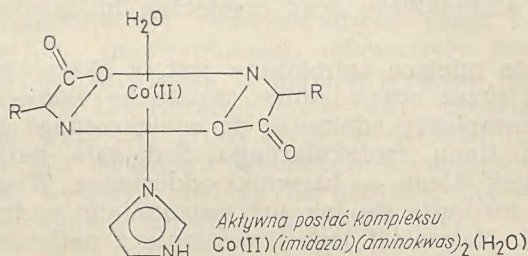
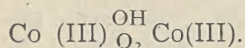


Rys. 5

Rysunek 5 ilustruje obok opracowanych przez nas metod otrzymywania form natlenionych i aktywnych również odwracalność systemów. Natlenione, diamagnetyczne postacie kompleksów mogą być dalej utleniane w temperaturze 0°C w kwaśnym środowisku z silnymi utleniaczami np. jonami Ce^{+4} , MnO_4^- , Cl_2 itp., dając paramagnetyczne produkty zawierające nieodwracalnie związaną cząsteczkę tlenu. Jak wykazały badania metodami: spektroskopią elektronową, elektronowym rezonansem paramagnetycznym, wolumetrią, polarografią itp. obie postacie odwracalna i nieodwracalna są dimerycznymi kompleksami kobaltu (III) z cząsteczką tlenu związaną w postaci mostka odpowiednio typu:

- μ -peroksy $\text{Co(III)O}_2\text{--}^2\text{Co(III)}$ oraz
- μ -superoksy $\text{Co(III)O}_2\text{--Co(III)}$

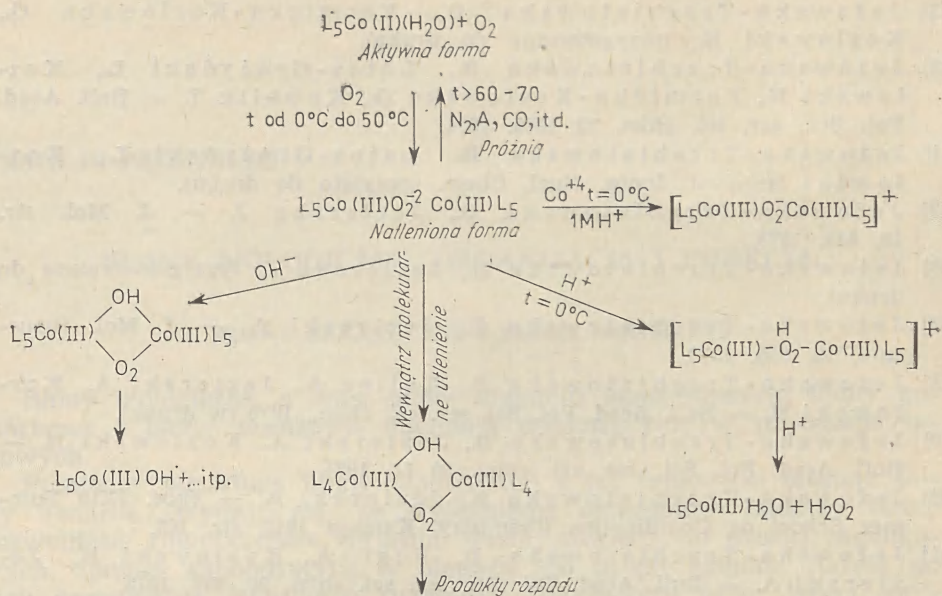
Postać z mostkiem μ -peroksy istniejąca w zakresie pH od 3—9 podczas zwiększania zasadowości środowiska powyżej pH 10 przechodzi w słabo odwracalną postać dwumostkową typu μ -peroksy — μ -hydroksy



Rys. 6

Powstawanie analogicznej dwumostkowej formy jako produktu przejściowego postuluje się dla dezaktywujących system procesów wewnątrzmolekularnego utlenienia przebiegających zarówno podczas przechowywania roztworów natlenionych postaci kompleksów, jak i w czasie cyklicznego wiązania i odłączania tlenu przez system. Z kolei zakwaszenie roztworu prowadzi w niskiej temperaturze od -3 — 0°C do protonacji mostka μ -peroksy.

Powstający przejściowy produkt $[\text{Co(III)}\frac{\text{H}^+}{\text{O}_2}{}^{-2}\text{Co(III)}]$ ulega szybkemu rozpadowi z wytworzeniem jonów kobaltu (III) oraz nadtlenu wodoru. Wydzielenie z roztworów natlenionych postaci kompleksów z mostkiem μ -peroksy towarzyszy częściowy ich rozpad do monomerycznej paramagnetycznej formy typu superoksy, $\text{Co(III)}/\text{O}_2^-$. Wyizolowany w fazie stałej system nie jest już zdolny do odwracalnego wiązania molekularnego tlenu. Omawiane wyżej procesy ujęto w schematycznej formie na rys. 7.



Rys. 7

Badane przez nas syntetyczne przenośniki tlenu nie tylko jak już wspomniano doskonale imitują działanie naturalnych układów transportujących tlen ale również w ich strukturze można doszukać się wielu analogii z niektórymi ich biologicznymi odpowiednikami.

LITERATURA

- [1] Brennan M. J., Cole T., Singley J. A. — Proc. Soc. Exptl. Biol. Med. 123, 715, 1966.
- [2] Dobry-Duclaux A. — Biochem. Biophys. Acta, 39, 33 i 44, 1960.
- [3] Emanuel N. M., Saprin N. A., Shabalkin V. A., Kozłova L. E., Kruglyakova K. E. — Nature 222, 165, 1969.
- [4] Florkin M., Stotz E. H. — Editors, Comprehensive Biochemistry, vol. 14, Elsevier Scientific Publish. Comp., 1964.
- [5] Hill H. A. — Inorganic Biochemistry, vol. 2, Ed. by Gunther Eichhorn, Elsevier Scientific Publish. Comp.
- [6] Holm R. H. — Inorganic Biochemistry, vol. 2, Ed. G. L. Eichhorn, p. 1148, 1973.
- [7] Jeżowska-Trzebiatowska B., Antonów A., Kozłowski H. — Bull. Acad. Pol. Sci., ser. sci. chim. 22, 415, 1974.
- [8] Jeżowska-Trzebiatowska B., Antonów A., Kozłowski H. — Bull. Acad. Pol. Sci., ser. sci. chim. 22, 499, 1974.
- [9] Jeżowska-Trzebiatowska B., Antonów A., Kozłowski H. — Bull. Acad. Pol. Sci., ser. sci. chim. 22, 399, 1974.
- [10] Jeżowska-Trzebiatowska B. Formicka-Kozłowska G., Kozłowski H. — J. Inorg. Nucl. Chem. (przyjęto do druku).
- [11] Jeżowska-Trzebiatowska B. Formicka-Kozłowska G., Kozłowski H., Chem. Phys. Letters 42, 242, 1976.

- [12] Jeżowska-Trzebiatowska B., Formicka-Kozłowska G., Kozłowski H., (przygotowana do druku).
- [13] Jeżowska-Trzebiatowska B., Latos-Grażyński L., Kozłowski H., Formicka-Kozłowska G., Kowalik T. — Bull. Acad. Pol. Sci., ser. sci. chim. 22 1075, 1974.
- [14] Jeżowska-Trzebiatowska B., Latos-Grażyński L., Kozłowski H. — J. Inorg. Nucl. Chem. (przyjęto do druku).
- [15] Jeżowska-Trzebiatowska B., Jezierska J. — J. Mol. str. 19, 627, 1973.
- [16] Jeżowska-Trzebiatowska B., Jezierska J., (przygotowywana do druku).
- [17] Jeżowska-Trzebiatowska B., Jezierski A. — J. Mol. Structure, 19, 635, 1973.
- [18] Jeżowska-Trzebiatowska B., Keller A., Jezierski A., Kozłowski H. — Bull. Acad. Pol. Sci. ser. sci. chim., 1976 (w druku).
- [19] Jeżowska-Trzebiatowska B., Jezierski A., Kozłowski H. — Bull. Acad. Pol. Sci., ser. sci. chim. 20 11, 1974.
- [20] Jeżowska-Trzebiatowska B., Jezierski A. — Proc. IXth Summer School on Coordination Chemistry, Karpacz 1975, str. 105.
- [21] Jeżowska-Trzebiatowska B., Vogt A., Kozłowski H., Jezierski A. — Bull. Acad. Pol. Sci. ser. sci. chim. 20, 187, 1972.
- [22] Jeżowska-Trzebiatowska B., Vogt A. — Proc. XIV ICCS 306, 1972 Toronto.
- [23] Jeżowska-Trzebiatowska B., Vogt A. — Proc. XVI ICCS 1974 Dublin.
- [24] Jeżowska-Trzebiatowska B., Vogt A. — Proc. Vth Conf. Coord. Chem. 119, 1974.
- [25] Kalyankar D. O., Snell E. E. — Biochemistry I 1962, 594.
- [26] Kon H. — Biochem. Biophys. Res. Commun, 35, 423, 1969.
- [27] Kon H., Kataoka N. — Biochemistry, 8, 4757, 1969.
- [28] Kroneck P. — J. Am. Chem. Soc., 97, 3889, 1975.
- [29] Kozłowski H., Jeżowska-Trzebiatowska B. — Chem. Phys. Letters 42, 246, 1976.
- [30] Kozłowski H., Jeżowska-Trzebiatowska B. (wysłane do druku).
- [31] Metzler D. E., Snell E. E. — J. Am. Chem. Soc. 74, 979, 1952.
- [32] Metzler D. E. — J. Am. Chem. Soc., 79, 485, 1957.
- [33] Perigo J. A., Roberts T. A. — J. Fd. Technol. 3, 91, 1968.
- [34] Van Roon P. S. — Proc. Int. Symp. Nitrite Meat Prod. Zeitst., 1973, Pudoc, Wageningen, p. 117.
- [35] Sykes A. G., Weil J. A. — Progr. Inorg. Chem. 13, 1, 1970.
- [36] Vanin A. F., Blumenfeld L. A., Chetverikov A. G. — Biofizika 12, 829, 1967.
- [37] Woolum J. C., Commoner B. — Biochim. Biophys. Acta 201, 131 1970.
- [38] Woolum J. C., Tiezzi E., Commoner B. — Biochim. Biophys. Acta 160, 311, 1968.

BŁONY BIOLOGICZNE, ORGANIZACJA I FUNKCJA

1. BŁONY BIOLOGICZNE I BŁONY MODELOWE

Błony biologiczne, a więc błony organelli komórkowych, błony komórkowe i błony tkankowe spełniają doniosłą rolę w procesach życiowych.

Pomiędzy strukturą błony biologicznej i jej funkcjami istnieje ścisły związek. Wydaje się, że wyjaśnienie szczegółów budowy błony pozwoliłoby równocześnie wyjaśnić wiele, niekiedy do dzisiaj zagadkowych, zjawisk zachodzących w błonach lub dzięki błonom. Należą do nich zagadnienia transportu substancji odżywczych przez błony, problemy powstawania i rozchodzenia się impulsów nerwowych, pewne problemy farmakodynamiczne, immunologiczne, zagadnienia fotosyntezy i wiele innych o podstawowym znaczeniu dla biologii, medycyny i rolnictwa. To wszystko tłumaczy szerokie zainteresowanie budową błon biologicznych. Wyniki badań struktury błony do chwili obecnej nie są w pełni zadowalające.

Badania błon biologicznych realizuje się różnymi sposobami. Stosowane metody można podzielić na trzy grupy. Do pierwszej zaliczam badania żywych błon w stanie nieuszkodzonym. W tym przypadku można wymienić tylko jedną metodę, metodę przenikania, która polega na określaniu pewnych właściwości błon poprzez badania charakteru transportu substancji przez te błony. Błona w tego typu badaniach pozostaje w stanie naturalnym, jeśli doświadczenia prowadzi się w warunkach fizjologicznych. Metoda ta stosowana jeszcze przez Nägeli'ego w latach pięćdziesiątych zeszłego stulecia do dzisiaj odgrywa zasadniczą rolę. Od ponad trzydziestu lat badania tego typu prowadzi się na ogół za pomocą atomówznaczonych (najczęściej izotopów promieniotwórczych). Dzięki metodzie przenikaniowej stwierdzono m.in., że błona ma charakter przegrody selektywnie przepuszczalnej (a nie półprzepuszczalnej) i że w stanie naturalnym posiada ona szczególną zdolność podtrzymywania aktywnego transportu wielu substancji. W szczególności metoda ta służy do weryfikacji wyników otrzymywanych innymi metodami.

Do drugiej grupy metod można zaliczyć te wszystkie metody fizyczne i chemiczne, które zaburzają błonę, a w granicznych przypadkach niszczą całkowicie jej strukturę. Metod tych jest wiele: chemiczne metody identyfikacji elementów składowych błony, metody mikroskopii elektronowej, rentgenograficzne, spektroskopowe, fluorescencyjne, magnetycznego rezonansu jądrowego i inne. Metody te pozwoliły m.in. wykazać, że głównymi składnikami błon są lipidy i białka i zasugerować, że faza lipidowa występuje w błonie biologicznej w postaci warstwy dwumolekularnej.

Do trzeciej grupy metod można, jak sądzę zaliczyć badania nad błonami modelowymi.

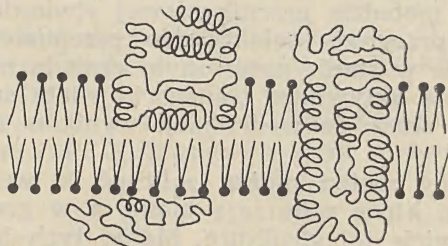
Błonami modelowymi są, w zależności od potrzeb i możliwości, błony różnego rodzaju. Mogą to być błony kolodionowe, celofanowe lub lipidowe, jonowymienne lub nie posiadające elektrycznych ładunków związanych, stałe lub ciekłe. W badaniach modelowych bywają stosowane błony pojedyncze i układy błon [14, 22, 23, 25] imitujące działanie nabłonków lub układów błona plazmatyczna — ściana komórkowa, w komórkach roślinnych. Najczęściej wykorzystuje się jednak błony modelowe typu błon czarnych i błon liposomów. Są to dwumolekularne warstwy fosfolipidowe (rys. 1), często formowane z lecytyny.



Rys. 1. Schemat dwumolekularnej warstwy lipidowej

Błony czarne wytwarza [1] się poprzez wprowadzenie kropli lecytyny do małego otworu w przesłonie teflonowej oddzielającej odpowiednie dwa wodne roztwory. Liposomy [17], w postaci kulistych pęcherzyków (jedno- lub wielowarstwowych) otrzymuje się m.in. dzięki sonifikowaniu lecytyny w roztworze wodnym. Błony fosfolipidowe modyfikuje się często (choć nie zawsze z powodzeniem) za pomocą białek tak, aby upodobnić je jeszcze bardziej do błon biologicznych. Błony fosfolipidowe wykorzystuje się do badań zarówno ich właściwości transportowych, jak i ich struktury, opierając się na założeniu, że błony te rzeczywiście modelują błony biologiczne.

Bardzo rozległe badania doprowadziły do powstania licznych modeli błony biologicznej. Najbardziej znanym modelem błony jest model Donielli'ego-Dawsona [7, 8], a najbardziej obecnie uznanym modelem jest jego modyfikacja w postaci modelu mozaikowego [24]. Ten ostatni został zaproponowany dzięki badaniom za pomocą metody tzw. trawienia sublimacyjnego (freeze-etching) i za pomocą metod rentgenograficznych, a także ze względu na właściwości transportowe błon żywych. W modelu tym (rys. 2) amfililne białka są zagłębione swoimi



Rys. 2. Mozaikowy model błony

hydrofobowymi końcami w fazie lipidowej błony, a hydrofilnymi końcami są skierowane na zewnątrz. Dwumolekularna warstwa lipidowa tego modelu ma, w większym lub mniejszym stopniu, charakter ciekły

(ciekłość błony określona jest ruchliwością łańcuchów węglowodorowych cząsteczek lipidów). Wydaje się, że nawet różne fragmenty tej samej błony mogą się różnić stopniem płynności. Przejścia od stanu mniej ciekłego do bardziej płynnego, a więc swoiste przejścia fazowe [5] są uzależnione od lokalnych wartości temperatury, pH ośrodka i jego siły jonowej oraz od oddziaływań z różnego rodzaju substancjami (m.in. z lekami). Coraz więcej argumentów przemawia również za asymetrycznym rozkładem zarówno lipidów, jak i, przede wszystkim, białek, pomiędzy dwiema powierzchniami błony. Potwierdzeniem omawianej asymetrii są m.in. wyniki badań [3], które wskazują, że np. w zewnętrznej części błony erytrocytów człowieka skoncentrowane są fosfatydylocholina i sfingomielin, a w części wewnętrznej (od strony cytoplazmy) — fosfatydyloetanolamina i fosfatydyloseryna.

Mozaikowy model błony (jak i każdy inny) będzie mógł być w pełni zaakceptowany, jeśli potrafi on wytłumaczyć specyficzne właściwości błony, a przede wszystkim zjawiska biernego i aktywnego transportu przez błony.

2. PRZENIKANIE

Badania transportu substancji przez błony biologiczne są prowadzone nie tylko ze względu na poznanie struktury błony, lecz, i to przede wszystkim, ze względu na znaczenie samego procesu przenikania. Poznanie procesu przenikania substancji przez błony ma zasadnicze znaczenie zarówno poznawcze, jak i aplikacyjne. Określenie praw przenikania pozwoliłoby zrozumieć te procesy i, w konsekwencji, pozwoliłoby na nie wpływać (np. na transport substancji odżywczych, leków, nawozów). Charakterystyczne, regulacyjne właściwości żywych błon mogłyby być celowo sterowane przez człowieka.

Transport substancji przez błony jest opisywany za pomocą zależności pomiędzy strumieniem J przenikającej substancji i bodźcami X_1 , X_2 , które wywołują dany strumień:

$$(1) \quad J = f(X_1, X_2, \dots)$$

np. J jest strumieniem elektrodyfuzyjnym, X_1 jest gradientem stężenia, X_2 — gradientem potencjału elektrycznego.

Prawo (1), po zapisaniu go w postaci pełnej, a nie tylko symbolicznej, zawiera różnorodne współczynniki uzależnione m.in. od struktury błony. Dlatego też, w większości przypadków, sformułowanie konkretnego równania typu (1) wymaga znajomości tej struktury. Tak więc opisanie i poznanie procesów przenikania wiąże się ściśle z poznaniem struktury błony.

Pewne cechy charakterystyczne procesów przenikania można jednak określić bez pełnej znajomości struktury błony. A więc np. można odróżnić procesy aktywne od procesów biernych. Pierwsze z nich zachodzą tylko dzięki dodatkowej energii pochodzącej z procesów chemicznych odbywających się w samej błonie, drugie — bez nakładu dodatkowej energii. Jednym z wielu przykładów ilustrujących zagadnienie jest transport jonów fosforanowych przez błony czerwonych krwinek krwi różnych ssaków. Do lat 60 traktowano ten proces jako proces aktywny (m.in. [18]) ze względu na to, że przenikające jony fosforanowe biorą udział w reakcjach chemicznych wewnątrz krwinek

wchodząc w skład estrów fosforanowych. W następnych latach wykazano [2, 9, 21, 27, 28] drogą wyłączenia mechanizmów aktywnego transportu (poprzez obniżenie pH ośrodka, obniżanie temperatury, stosowanie trucizn metabolicznych), że ten proces, wbrew pozorom, jest procesem biernym.

Zakwalifikowanie danego procesu do procesów przenikania biernego nie wyjaśnia wszystkich wątpliwości. Otóż do chwili obecnej nie wiadomo czy substancje przenikające biernie przechodzą przez błonę drogą dyfuzji poprzez fazę błony, czy też są transportowane przez hipotetyczne kanały (pory) wypełnione wodą i pokryte ładunkiem elektrycznym, czy też wreszcie dzięki mechanizmom nośnikowym. Pewne rozważanie na ten temat Czytelnik może znaleźć m.in. w pracach [19, 20]. Rozstrzygnięcie wątpliwości dotyczących mechanizmu transportu biernego byłoby poważnym krokiem naprzód w badaniach procesów transportu przez błony w ogólności.

Większość substancji o fizjologicznym znaczeniu przenika jednak przez błony żywe w sposób aktywny (niezależnie od tego substancje te mogą równocześnie przechodzić przez błonę biernie). Ponieważ transport aktywny polega na powiązaniu procesu dyfuzji z reakcją chemiczną wewnątrz błony, więc zgodnie z uniwersalną zasadą Curie, sprzężenie takie może mieć miejsce tylko w układach o szczególnej asymetrii. Z tego też względu istnieje duże zainteresowanie asymetrią w rozkładzie białek i lipidów w błonach biologicznych. Tego rodzaju asymetria stwierdzona w żywych błonach jest zapewne odpowiedzialna za istnienie procesów aktywnego przenikania. Transport aktywny odbywa się, zgodnie z powszechnie przyjętymi poglądami, w sposób nośnikowy. Z tego względu prowadzi się liczne badania w celu identyfikacji substancji nośnikowych.

Naszkicowane w tym przeglądzie pewne problemy „membranologii” nie wyczerpują oczywiście zagadnienia ani nawet nie stanowią spisu wątpliwości odnoszących się do naszej wiedzy o strukturze błony i do jej zasadniczej funkcji, jaką jest regulacja procesów przenikania. A więc np. do dzisiaj nie zidentyfikowano większości białek występujących w błonach, ani też nośników odpowiedzialnych (jak się sądzi) za pewne procesy przenikania biernego i aktywnego. Do chwili obecnej nie jest w pełni jasna ani rola wody w błonach, ani też jej struktura w błonie. Nie wiadomo ostatecznie, jakie znaczenie posiada warstwa niemieszająca się ośrodka na powierzchni komórki. Nie wiadomo czy stosowane metody w większości eksperymentów nie niszczą struktury błony w takim stopniu, że otrzymane wyniki mogą być zasadniczo wątpliwe. Do dzisiaj istnieją poważne wątpliwości dotyczące oddziaływań między lipidami i białkami w błonie i ich ruchliwości. Do chwili obecnej jedynie w najbardziej prostych przypadkach opisano procesy przenikania w kategoriach matematyczno-fizycznych, stosując najczęściej jedynie formalizm liniowej termodynamiki procesów nierównowagowych. W artykule niniejszym pragnąłem jedynie zwrócić uwagę na ten problem, który znajduje się obecnie w centrum zainteresowania współczesnej biofizyki, a też w dużym stopniu biochemii i biologii w ogóle. Problem ten jest atakowany przez liczne ośrodki biofizyczne na całym świecie oraz przez kilka ośrodków w Polsce. Istnieje obszerna literatura przedmiotu. Dla osób, które zaczynają interesować się zagadnieniem podaję kilka opracowań o charakterze monograficznym [4, 6, 10, 11, 12, 13, 15, 17, 26].

LITERATURA

- [1] Bangham A. D., Standish M., Watkins I. G. — *Diffusion of univalent ions across the lamellae of swollen phospholipids*, J. Mol. Biol., t. 13, s. 238—252, 1965.
- [2] Bieliński E., Gomul'kiewicz J., Przestalski S. — *The influence of pH on the phosphate ions permeability into erythrocytes*, Studia biophysica, t. 4, s. 217—224, 1969.
- [3] Bretcher M. S. — *Membrane structure: some general principles*, Science t. 181, 622—629, 1973.
- [4] Cerijido M., R. Rotuno C. A. — *Introduction to the study of biological membranes*, s. 261, USA, 1970.
- [5] Chapman D. — *The phase transitions of lipids and cell membranes*, Biophysics of Membrane Transport, School Proceedings (III Winter School on Biophysics of Membrane Transport, Poland, February 17—26.1976) red. J. Kuczera, S. Przestalski t. I, s. 126—141.
- [6] Christensen H., N. — *Biological transport*, s. 514, USA, 1975.
- [7] Danielli J., F., Davson H. A. — *A contribution to the theory of permeability of thin films*, J. Cell. Comp. Physiol., t. 5, s. 495—508, 1935.
- [8] Davson H., A., Danielli I. F. — *Structure of plasma membranes*, w „Permeability of natural membranes”, red. I. F. Danielli, Cambridge, 1952.
- [9] Gomul'kiewicz J., Przestalski S., Kuczera J., Bieliński E. — *The influence of ionic strength on the permeability of phosphate ions into erythrocytes*. Studia biophysica, t. 3, s. 117—124, 1969.
- [10] Jain M. K. — *The biomolecular lipid membrane: a system*, s. 470, USA, 1972.
- [11] Katchalsky A., Curran P., F. — *Nonequilibrium thermodynamics in biophysics* s. 248, USA, 1967.
- [12] Kotyk J. A., Janaček K. — *Cell membrane transport*, s. 583, USA, 1975.
- [13] Markin W. C., Chizmadjev J. A. — *Inducirovannyj jonnyi transport*, s. 250, ZSRR, 1974.
- [14] Mazgis B., Ludwikow F. — *Calculations for a non-stationary water pumping process realized by a twomembrane arrangement in the gravitational field*, Studia biophysica, t. 34, z. 1, str. 51—61.
- [15] Moscona A., A. — *The cell surface in development*, str. 334, USA, 1974.
- [16] Mueller P., Rudin D. O., Tien H. T., Wescott W., C. — *Reconstitution of excitable cell membranes structure in vitro*, Circulation, t. 26, s. 1167—1171, 1962.
- [17] Nikolskij N., N., Troszin A., S. — *Transport sacharow czerez kletocznyje membrany*, s. 222, ZSRR, 1973.
- [18] Pranker T., Altman K. — *A study of the metabolism of phosphorus in mammalian red cells*, Bioch. J. t. 58, s. 622—633, 1955.
- [19] Przestalski S. — *On the mechanism of the phosphate ions permeation across erythrocyte membrane*, Biophysics of Membrane Transport, School Materials (I Winter School on Biophysics of Membrane Transport, Poland, February 18—27, 1974 red. S. Mięksiz, J. Gomul'kiewicz) t. 3, s. 335—350.
- [20] Przestalski S. — *Opis zjawiska transportu przez błony biologiczne*, Postępy Biologii komórki, t. 2, z. 2, s. 165—179, 1975.
- [21] Przestalski S., Gomul'kiewicz J., Bieliński — *The ionic strength and permeation of phosphate ions into erythrocytes*, First European Biophys. Congr. Baden near Vienna, September 1971, s. 395—397.

- [22] Przestalski S., Kargol M. — *Graviosmotic volume flow through membrane systems*, *Studia biophysica*, t. 34, z. 1 s. 7—14, 1972.
- [23] Przestalski S., Kargol M. — *Composite membranes*, *Biophysics of Membrane Transport*, School Proceedings IV Winter School on Biophysics, Poland, February 17—26 red. J. Kuczera, S. Przestalski, t. II, s. 53—70.
- [24] Singer S. J., Nicolson G. L. — *The fluid mosaic model of the structure of cell membranes*, *Science* t. 175, s. 720—731, 1972.
- [25] Tomicki B., Ludwików F. — *Further properties of the two-membrane system. Pressure in the middle compartment*, *studia biophysica*, 26, z. 1, s. 21—30, 1971.
- [26] Troszin A. S. — *Struktura i funkcje biologicznych membran*, s. 348, ZSRR, 1975.
- [27] Vestergaard-Bogind B. — *The transport of phosphate ions across the human red cell membrane*, *Biochim. Biophys. Acta*, t. 66, s. 93—109, 1963.
- [28] Zipursky A., Israels L. — *Transport of phosphate into erythrocyte*, *Nature*, t. 189, s. 1013—1015, 1961.

GLÓWNE KIERUNKI BADAŃ PROWADZONYCH W ZAKŁADZIE BIOFIZYKI INSTYTUTU BIOCHEMII I BIOFIZYKI UŁ.

Zakład Biofizyki UŁ został utworzony 1.I.1968 r. W pierwszym okresie tematyka badawcza Zakładu Biofizyki stanowiła w znacznym stopniu kontynuację prac prowadzonych w Zakładzie Biochemii Analitycznej Katedry Biochemii UŁ. Prace te dotyczyły zawartości kwasu adenozyntroójfosforowego (ATP) w erytrocytach krwi ludzkiej w różnych przypadkach patologicznych i we krwi konserwowanej oraz wpływu związków adeninowych na biologiczne funkcje hemoglobiny.

Badania Zakładu Biofizyki UŁ wchodzą w zakres biofizyki radiacyjnej. Obejmują one badanie struktury i funkcji wybranych modelowych makrocząsteczek, modyfikowanych działaniem promieniowania jonizującego oraz wpływu promieniowania jonizującego na metabolizm energetyczny komórek krwi ze szczególnym uwzględnieniem błon komórkowych. Głównym białkiem modelowym, stosowanym w badaniach jest hemoglobina. Omówię tu pokrótce wyniki zakończonej obecnie I serii badań, dotyczących wpływu promieniowania gamma na strukturę i funkcję hemoglobiny. Badano potencjały oksyredukcyjne (reakcje redox) oraz fizykochemiczne i funkcjonalne własności 5% wodnych roztworów hemoglobiny. Przy dawkach przekraczających 1Mrad obserwowano koagulację małych ilości białka. Hemoglobina, która pozostała w roztworze stanowiła mieszaninę HbO_2 i MetHb. Przy dawkach 4 i 5 Mrad stwierdzono obecność hemochromogenu. Odpowiednie parametry hydrodynamiczne — masa cząsteczkowa, stała sedymentacji, wartość lepkości granicznej nie różnią się od wartości kontrolnych od dawek nie przewyższających 1 Mrad. Przy wyższych dawkach wzrastają stałe sedymentacji i lepkości graniczna. Zmniejszenie wartości drugiego współczynnika wirialnego i zachowanie się podczas elektroforezy na żelu poliakrylamidowym sugerują zmianę ładunku cząsteczki. Jednocześnie znaczna część cząsteczek wykazuje zwiększone powinowactwo do tlenu i zmniejszoną interakcję „hem-hem” (Experientia Suppl 18, 407, 1971, Bioelectrochemistry and Bioenergetics 1, 118, 1974, Radiation Research 65, 50, 1976). Należy dodać, że mimo wieloletnich badań natura interakcji „hem-hem” nie została dotychczas wyjaśniona.

Drugą badaną makrocząsteczką modelową jest dysmutaza ponadtlenkowa, E.C.1.15.1.1, białko miedziowo-cynkowe, które katalizuje reakcję dysmutacji anionorodników ponadtlenkowych. Białko to uczestniczy w enzymatycznej obronie przed działaniem promieniowania jonizującego. Sugeruje się również, że łącznie z katalazą reguluje zawartość tzw. „aktywnego” tlenu w komórkach.

Trzecią cząsteczką modelową jest kwas dezoksyrybonukleinowy

(DNA), którego uszkodzenia strukturalne badane są z punktu widzenia niektórych procesów naprawczych.

Badania nad wpływem promieniowania jonizującego na metabolizm energetyczny komórek (głównie zawartości ATP) doprowadziły do określenia aktywności ATP-azy oraz dalszych badań błon erytrocytów. Działaniu promieniowania poddawane są zarówno izolowane cienie erytrocytów, uważane za błony modelowe, jak i komórki erytrocytarne w różnych warunkach i w obecności różnych radioprotektorów enzymatycznych i chemicznych. Przeprowadza się następujące badania: powstawania wolnych rodników met. EPR, ultrastruktury met. ME, frakcji białkowych metodami elektroforetycznymi i in. Ostatnio wspólnie z Instytutem Chemii UŁ rozpoczęto prace nad syntezą i zastosowaniem znaczników spinowych w badaniach błon. Wstępne prace przeprowadzone z kilkoma znacznikami spinowymi, używanymi do badania białek oraz z kilkoma, używanymi do badań lipidów, wskazują na dużą przydatność znaczników spinowych w badaniach nad zmianami konformacyjnymi elementów strukturalnych błon, wywołanych różnymi czynnikami chemicznymi i fizycznymi. Można dodać, że badania nad strukturą i funkcją błon biologicznych wydają się być obecnie jednym z głównych trendów rozwojowych biofizyki na świecie.

DOBÓR NATURALNY, OGRANICZONY WZROST I REGULACJA WIELKOŚCI POPULACJI

Stwierdzenia naukowe bywają lepsze lub gorsze i słuszne wydaje się mniemanie, że są one tym bardziej wartościowe im bardziej ogólne, czyli opisujące szerszą grupę zjawisk i bardzo w tym opisie precyzyjne. Darwinowska teoria doboru naturalnego dotyczy bardzo obszernej grupy zjawisk, a mianowicie wszystkich zjawisk biologicznych. Można powiedzieć, że dobór naturalny jest wcześniejszy niż samo życie, jako że dla powstania życia potrzebny był dobór. Trudno sobie wyobrazić, aby życie mogło powstać i istnieć na innej zasadzie niż dobór, który za pewnia nie tylko rozwój ewolucyjny i różnicowanie się form, ale także homeostazę wśród form istniejących.

Darwinowskiej teorii doboru naturalnego nie brakuje zatem ogólności, ale brakuje precyzji, precyzji takiej jaką mają teorie fizyczne. Darwin obliczał co prawda prędkość rozrodu różnych gatunków, zwracając uwagę, że jest to wzrost geometryczny, ale nie próbował ujmować liczbowo innych aspektów doboru. Zdawał sobie z tego sprawę mówiąc, że nieznamość matematyki uniemożliwia mu dokonanie pewnych interesujących obliczeń w kwestii doboru. Precyzyjny opis darwinowskiej teorii w języku matematyki rozpoczął się dopiero po odkryciach Mendla i był dziełem genetyków populacyjnych XX wieku.

Nie posiadamy obecnie lepszej metody precyzyjnego opisu ewolucji niż metoda matematyczna. Matematyka ma jednak pewną poważną wadę, że nie znosi opisów zbyt skomplikowanych i trudno za jej pomocą opisać zjawiska, których nie można wyrazić ilościowo. Oczywiście każdy, nawet najbardziej skomplikowany układ można zapisać pewnymi zestawami równań, ale najczęściej analityczne rozwiązanie takiego układu jest niemożliwe. Rozwiązując taki układ numerycznie w maszynie cyfrowej możemy określić jego konsekwencje, ale tylko dla wąskiej grupy zjawisk, którym odpowiada dany przykład numeryczny. Zyskujemy zatem na precyzji, ale tracimy na ogólności teorii. Jedyne wyjście, to drastyczne uproszczenie badanego układu, odpowiedni wybór zjawiska najważniejszego lub podstawowego i jego dokładna analiza. Podręcznik Crowa i Kimura'y [2] i inne podręczniki genetyki populacyjnej pokazują jak duży postęp dokonany został w ostatnich 50 latach w precyzyjnym opisie zjawisk doboru naturalnego.

ZAŁOŻENIA KLASYCZNYCH MODELI DOBORU

Czym jest dobór? Zróżnicowaną reprodukcją i przeżywaniem osobników genetycznie różnych, czyli różnych genotypów. Przy teoretycznym badaniu doboru najczęstsze uproszczenia polegają na: (1) bada-

niu populacji z nie zachodzącymi na siebie pokoleniami, (2) z nie zmieniającymi się w poszczególnych pokoleniach reprodukcją i przeżywaniami.

W populacji, gdzie pokolenia nie zachodzą na siebie zmiany w liczbie osobników N między dwoma pokoleniami t i $t+1$ wyrazić można równaniem

$$N_{t+1} = RN_t,$$

gdzie R oznacza współczynnik wzrostu populacji na pokolenie. Współczynnik R określić można bliżej wzorem

$$R = SB,$$

gdzie S oznacza prawdopodobieństwo przeżycia lub frakcję osobników przeżywających do chwili urodzenia do chwili wydania potomstwa, zaś B liczbę osobników potomnych przypadających na jednego członka populacji. Jest sprawą intuicyjnie jasną, że dobór naturalny prowadzi do zwiększenia proporcji tych genów, których genotypy mają wyższe wartości współczynnika R . W modelach genetyki populacyjnej nie stosuje się zwykle współczynnika R , ale współczynnik dostosowania W , który w zasadzie jest współczynnikiem R dla danego genotypu, dzielonym przez współczynnik R dla jednego z wybranych genotypów, zwykle tego, który jest najwyższy. Dla przykładu, jeśli trzem genotypom AA , Aa i aa przypiszemy trzy współczynniki przyrostu populacji na pokolenie:

$$R_{AA}$$

$$R_{Aa}$$

$$R_{aa}$$

to wyrazić to można też trzema współczynnikami dostosowania

$$W_{AA} = 1$$

$$W_{Aa} = R_{Aa}/R_{AA}$$

$$W_{aa} = R_{aa}/R_{AA}$$

albo też trzema współczynnikami doboru s

$$W_{AA} = 1$$

$$W_{Aa} = 1 - s_{Aa}$$

$$W_{aa} = 1 - s_{aa}.$$

Istnieją pewne powody dla których klasyczna genetyka populacji posługuje się współczynnikami dostosowania W i doboru s , zamiast współczynnika wzrostu R . Współczynnik R jest pojęciem ekologicznym dla przewidywania zmian w liczebności populacji, zaś klasyczne modele genetyki populacyjnej abstrahuja od liczebności populacji, z wyjątkiem sytuacji, gdy liczebność określa dryft genetyczny. Operując współczynnikami przystosowania W i doboru s , skonstruowano w genetyce populacyjnej wiele modeli, które w sposób precyzyjny pozwalają opisać i przewidywać przebieg doboru w uproszczonych sytuacjach. Z modeli tych wynikają między innymi dwa ważne wnioski, że dobór naturalny maksymalizuje dostosowanie W , a przyrost dostosowania jest wprost proporcjonalny do genetycznej zmienności populacji. Modele te pozwalają na określenie prędkości zmian frekwencji genów w różnych sytuacjach i warunków dla istnienia w populacjach polimorfizmu genetycznego, a tym samym stanowią teoretyczną podstawę dla badania procesów mikroewolucyjnych.

Posługując się prostymi modelami doboru opisać można bardziej specyficzne zjawiska ewolucyjne, których mechanizm nie był dotychczas zupełnie jasny, takich jak na przykład ewolucja odporności na działanie roślinożerców, drapieżników i pasożytów [11].

Konstruując modele doboru w oparciu o współczynnik dostosowania W , trzeba mieć na uwadze, że pod współczynnikiem tym kryje się

współczynnik przyrostu R określony przez szansę przeżycia i liczbę wydanego na świat potomstwa. Można zatem powiedzieć, że w sytuacji nieograniczonego wzrostu (bo taką sytuację opisują proste modele doboru) dobór naturalny maksymalizuje R .

Gdy badane genotypy różnią się czasem trwania jednego pokolenia, lub gdy pokolenia zachodzą na siebie, współczynnik R staje się miarą mało użyteczną. Najlepszą i najbardziej ogólną miarą jest tempo przyrostu populacji r , na jednego osobnika na jednostkę czasu, zdefiniowane równaniem różniczkowym

$$\frac{dN}{dt} = rN, \quad (1)$$

gdzie N oznacza liczebność populacji zaś dN/dt zmianę liczebności w czasie. W tej sytuacji dobór naturalny maksymalizuje tempo przyrostu populacji na osobnika r .

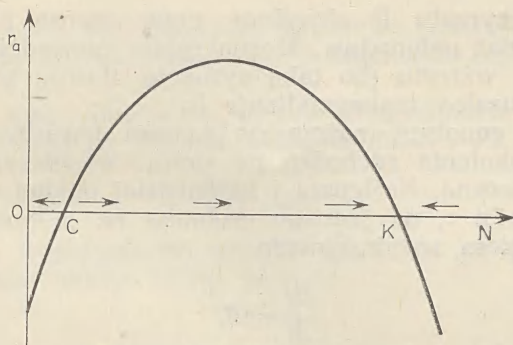
W tym miejscu należy sobie zdać jasno sprawę, że obydwie miary wzrostu populacji maksymalizowane przez dobór: współczynnik R i tempo r maksymalizowane są tylko w warunkach nieograniczonego wzrostu populacji, gdy obie te miary są niezależne od liczebności populacji. W warunkach laboratoryjnych dobór może być łatwo prowadzony, tak jakby wzrost był nieograniczony, ale w warunkach naturalnych wzrost nieograniczony trwać może tylko przez krótki okres czasu, ponieważ zagęszczenie populacji musi prędzej lub później wpłynąć na jej dalszy wzrost.

Jest też rzeczą ważną, że miary przyrostu populacji r i R są zdefiniowane tak przez rozrodczość, jak i przez śmiertelność. Dobór naturalny może zatem maksymalizować rozrodczość tylko wówczas, gdy nie powoduje to wzrostu śmiertelności. Gdy wzrost rozrodczości pociąga za sobą wzrost śmiertelności, taki że w ostatecznym rachunku miary przyrostu r i R maleją, wówczas rozrodczość nie może być maksymalizowana. Znajduje to ładne empiryczne potwierdzenie w badaniach nad wielkościami lęgów u ptaków [9].

OGRANICZONY WZROST POPULACJI

W warunkach naturalnych liczebność roślin i zwierząt zmienia się w czasie, niekiedy w sposób bardzo wyraźny. Niemniej jednak stwierdzić można, że w okresie czasu rzędu 10 pokoleń przeważająca większość roślin i zwierząt występujących w warunkach naturalnych nie rośnie w liczbę, ani nie maleje, innymi słowy, że średnie wartości miar przyrostu wynoszą $R = 1$, zaś $r = 0$. Można zatem powiedzieć, że regulacja wielkości naturalnych populacji jest w przyrodzie zjawiskiem powszechnym, niezależnie od tego jaki jest mechanizm tej regulacji, zaś dobór naturalny działa w przyrodzie w warunkach ograniczonego wzrostu populacji.

Najbardziej ogólny model regulacji wielkości lub zagęszczenia naturalnych populacji zaproponowany przez Haldene'a [7] przedstawia się następująco (rys. 1). Przyrost populacji wyrażony aktualnym tempem przyrostu r_a zależy od zagęszczenia populacji, z tym że istnieje pewne optymalne zagęszczenie przy którym osiąga ono maksimum, spadając przy zagęszczeniach zbyt małych lub zbyt dużych.



Rys. 1

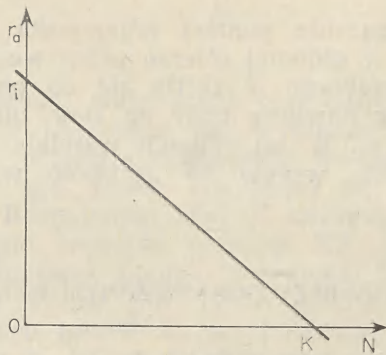
Z równania (1) jasno wynika, że jeśli tempo przyrostu r_a spada poniżej zera wówczas liczebność N , a tym samym zagęszczenie maleje. W przedziale od zera do $N = C$ może to być spowodowane brakiem partnera do reprodukcji lub wszelkimi innymi skutkami zbyt małego zagęszczenia osobników. Tak na przykład u organizmów, które dodatkowo modyfikują swoje siedlisko, wzrost następować może dopiero po przekroczeniu pewnego krytycznego zagęszczenia C . Obniżanie się tempa przyrostu r_a wraz z wzrostem zagęszczenia jest zjawiskiem znacznie ważniejszym i lepiej poznanym, spowodowanym ogólnie rzecz biorąc wyczerpywaniem się zasobów, niezależnie od tego czy będzie to pokarm, przestrzeń czy inne zasoby występujące w ograniczonej ilości. Jest rzeczą oczywistą, że powyżej pewnego zagęszczenia liczonego w stosunku do dostępnych zasobów populacja musi maleć, zatem r_a jest mniejsze od zera. Punkty przecięcia funkcji $r_a(N)$ z osią N , gdzie $r_a = 0$ wyznaczają dwa punkty równowagi: nietrwałą C i trwałą K . Jeśli N leży poniżej punktu C populacja wyginie, powyżej tego punktu wzrost prowadzić będzie do osiągnięcia punktu równowagi trwałej K . Punkt K wyznacza tu pojemność siedliska mierzoną liczbą lub zagęszczeniem osobników. Formy wzrostu populacji mogą być bardzo różne, populacja może nie osiągać punktu równowagi trwałej, a jedynie oscylować wokół niego, niemniej jednak ogólna zasada wzrostu wielu naturalnych populacji jest dobrze oddana przez przedstawiony powyżej model.

Dla badania procesu wzrostu ograniczonego najważniejszy jest ten przedział, w którym $r_a(N)$ jest funkcją malejącą. W zależności od właściwości biologicznych gatunku i sytuacji ekologicznej spadek ten kształtować się będzie może różnie, jednak najprostszym przybliżeniem jest założenie, że jest to spadek prostolinijny (rys. 2) dany równaniem

$$r_a = r_i \left(1 - \frac{N}{K}\right), \quad (2)$$

gdzie r_i oznacza wewnętrzne tempo wzrostu populacji określone dla danego gatunku w danych warunkach siedliskowych i dla danej jakości zasobów, przy założeniu że zagęszczenie populacji jest optymalne, zaś ilość zasobów przypadających na jednego osobnika nieograniczona.

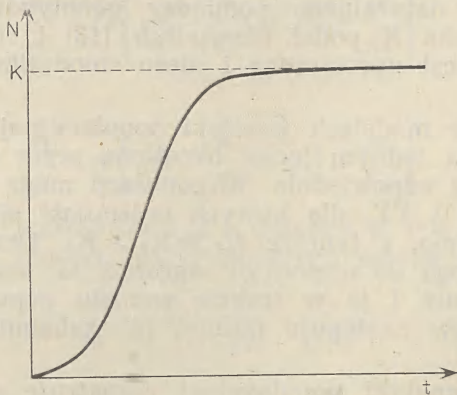
Z równań (1) i (2) otrzymać można ogólnie znane równanie logistyczne, opisujące ograniczony wzrost populacji



Rys. 2

$$\frac{dN}{dt} = r_i N \left(1 - \frac{N}{K}\right). \quad (3)$$

Równanie to wyprowadzić można także używając nieco innych argumentów [3]. Równanie logistyczne pozwala na dokładne przewidywanie wzrostu tylko niewielu gatunków i dlatego było wielokrotnie krytykowane [1], niemniej jednak stanowi najprostszy i matematycznie bardzo dogodny zapis zjawiska wzrostu ograniczonego. Przy znanych parametrach pozwala ono przewidywać zmiany wielkości populacji w czasie (rys. 3), zgodnie z postacią zcałkowaną równania logistycznego



Rys. 3

$$N_t = \frac{K}{1 + \frac{K - N_0}{N_0} e^{-rt}},$$

gdzie N_0 oznacza wielkość populacji w chwili początkowej, N_t — wielkość populacji po upływie czasu t , zaś e jest podstawą logarytmu naturalnego.

Równanie (3) wyraźnie wskazuje, że jego parametry r i K odgrywają różną rolę, zależnie od fazy wzrostu. W początkowej fazie, gdy liczba

osobników N jest znacznie poniżej pojemności siedliska K przyrost zdeterminowany jest w głównej mierze przez wewnętrzne tempo przyrostu r_i , gdy zaś liczebność N zbliża się do pojemności siedliska K wówczas wyrażenie w nawiasie dąży do zera, niezależnie od tego jak duża byłaby wartość r_i . W tej sytuacji wszelkie zmiany parametru K mają znacznie większy wpływ na szybkość wzrostu populacji, niż zmiany r_i .

DOBÓR NATURALNY PRZY OGRANICZONYM WZROŚCIE POPULACJI

Darwinowska teoria doboru naturalnego w swej z matematyzowaną XX-wiecznej formie rozpatrywała w głównej mierze dobór wynikły z genetycznych różnic determinujących wewnętrzne tempo wzrostu r_i . W sytuacji wzrostu ograniczonego znacznie ważniejsze wydaje się rozpatrywanie różnic genetycznych determinujących pojemność siedliska K . Różnice genetyczne determinować mogą pojemność siedliska K na różne sposoby. Jeśli osobniki jednego genotypu lepiej wykorzystują pokarm lub posiadają pewne źródła pokarmu niedostępne dla drugiego genotypu, jeśli bardziej sprawnie odnajdują cząstki pokarmu, jeśli potrafią odnaleźć więcej odpowiednich miejsc do gniazdowania lub ogólnie rzecz biorąc, jeśli są bardziej odporne na zmiany w siedlisku wynikające z nadmiernego zagęszczenia, to wówczas pojemność siedliska dla tego genotypu jest wyższa niż dla innych genotypów.

Model doboru naturalnego pomiędzy genotypami różniącymi się pojemnością siedliska K podał MacArthur [13] i rozumowanie przedstawione poniżej jest uproszczoną i nieco zmodyfikowaną wersją jego modelu.

Podobnie jak w modelach genetyki populacyjnej rozważmy zmienność genetyczną na jednym locus, określoną przez dwa allele X i Y , o frekwencji p i q odpowiednio. W populacji mogą zatem istnieć trzy genotypy XX , XY i YY , dla których pojemność siedliska wynosi K_1 , K_2 i K_3 odpowiednio, z tym że $K_1 \geq K_2 > K_3$. Oznacza to, że dominanty wzrastać mogą do większego zagęszczenia, zanim ich wzrost nie zostanie zahamowany i że w trakcie wzrostu populacji zahamowanie wzrostu dominantów następuje później niż zahamowanie wzrostu recesywów.

W modelach genetyki populacyjnej rozpatruje się frekwencje genów p i q , w modelach ekologicznych wielkość lub zagęszczenie populacji N . Model tu przedstawiony wymaga wprowadzenia pojęcia liczby genów w populacji, oznaczonej x i y , zdefiniowanej wzorami

$$x = 2pN, \quad y = 2qN, \quad (4)$$

z czego wynika, że

$$x + y = 2N.$$

W podobny sposób jak rozpatruje się zmiany wielkości populacji można za pomocą równania logistycznego określić zmiany w liczbie genów x i y przy wzroście ograniczonym. Logistyczne ograniczenie wzrostu liczby genotypów XX , XY i YY dane jest odpowiednio wyrażeniami:

$$1 - \frac{N}{K_1},$$

$$1 - \frac{N}{K_2},$$

$$1 - \frac{N}{K_3}$$

Jeśli przyjąć założenie, takie jakie przyjmuje się w prawie Hardy'ego i Weinberga, że kojarzenie par w populacji jest losowe, wówczas p i q nie tylko określają frekwencję genów, ale też prawdopodobieństwo czy dany gen będzie znajdował się w homozygotie, czy też w heterozygotie. Rozpatrując allel X stwierdzić można, że px genów tego allelu będzie tworzyło genotyp XX , zaś qx genotyp XY . Łatwo to wykazać, ponieważ zgodnie z prawem Hardy'ego i Weinberga liczba dominantów wynosi p^2N , liczba heterozygot $2pqN$, dominanty są nosicielami dwóch genów X , zaś heterozygoty jednego genu X . Zatem frakcja genów X , które znajdują się w homozygotach wynosi

$$\frac{2(p^2N)}{2(p^2N) + (2pqN)} = p.$$

Rozpatrując allel Y w podobny sposób stwierdzić można, że qy genów znajdować się będzie w genotypach YY zaś py genów w genotypach XY .

Przyrost liczby genów idzie drogą przyrostu liczby osobników, zatem logistyczne ograniczenie wzrostu liczby genów jest średnią ograniczenia wzrostu genotypów, ważoną przez proporcje p i q , w których geny te występują w genotypach. Założywszy, że wewnętrzne tempo przyrostu r jest identyczne dla wszystkich genotypów zmiany liczby genów w czasie określić można równaniami różniczkowymi

$$\frac{dx}{dt} = rx \left[p \left(1 - \frac{N}{K_1} \right) + q \left(1 - \frac{N}{K_2} \right) \right], \quad (5)$$

$$\frac{dy}{dt} = ry \left[q \left(1 - \frac{N}{K_3} \right) + p \left(1 - \frac{N}{K_2} \right) \right].$$

Po podstawieniu wartości x i y w miejsce p , q i N , zgodnie z równaniami (4) zestaw równań (5) przekształcić można w zestaw

$$\frac{dx}{dt} = rx \left(1 - \frac{x}{2K_1} - \frac{y}{2K_2} \right), \quad (6)$$

$$\frac{dy}{dt} = ry \left(1 - \frac{x}{2K_2} - \frac{y}{2K_3} \right). \quad (7)$$

Podany powyżej zestaw równań różniczkowych nie ma rozwiązania efektywnego, jednakże zmiany liczby genów w czasie zapisane tymi równaniami można badać w tak zwanej przestrzeni fazowej i określić do czego zmierzają te zmiany w liczbie genów. Rozpatrzmy w pierwszej kolejności równanie (6), które podaje warunki, w jakich liczba genów X maleje, a w jakich rośnie. Podaje ono też warunki, w których liczba genów x pozostaje bez zmian, czyli że $dx/dt = 0$. Z prawej strony równania (6) można odczytać, że $dx/dt = 0$, gdy

$$r = 0, \quad (8)$$

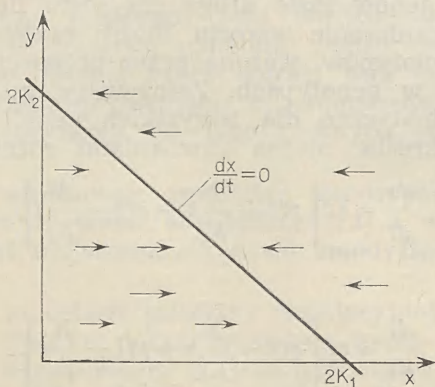
$$\text{lub} \quad x = 0, \quad (9)$$

$$\text{lub} \quad 1 - \frac{x}{2K_1} - \frac{y}{2K_2} = 0. \quad (10)$$

Zależność (8) nie wchodzi w rachubę, ponieważ zakładamy, że gdyby populacja nie była ograniczona pojemnością siedliska wzrastałaby, a nie malała, czyli że wewnętrzne tempo wzrostu populacji $r > 0$. Przypadek opisany równaniem (9) jest trywialny: ponieważ model nie obejmuje procesu mutacji, zatem jeśli allel X nie istnieje w populacji jego liczba nie może ani wzrastać ani maleć. Równanie (10) można zapisać w formie

$$y = 2K_2 - \frac{K_2}{K_1} x.$$

Wyznacza ono prostą na wykresie, którego współrzędnymi są liczby genów x i y (rys. 4). W podobny sposób analizuje się równania konkurencji, używając jako współrzędnych liczby osobników dwóch różnych gatunków. Jakakolwiek para liczb genów x i y przedstawiona



Rys. 4

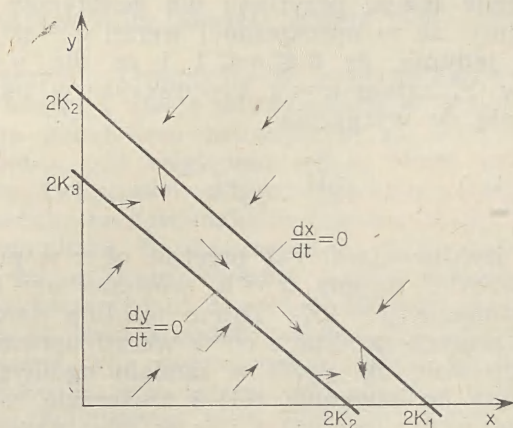
może być na wykresie (rys. 4) jako punkt. Biologiczny sens mają oczywiście tylko wartości $x \geq 0$ i $y \geq 0$. Czytelnik nieprzywykły do matematyki może na przykład założyć, że $K_1 = 100$, $K_2 = 80$, a następnie dobrać różne wartości x i y , aby zbadać zachowanie się układu. Dla $x = 50$ i $y = 120$ spełnione jest równanie (10), czyli że punkt wyznaczony przez tę parę liczb genów leży na prostej określonej równaniem (10), $dx/dt = 0$, zaś liczba genów x ani nie wzrasta, ani nie maleje. Jeśli $x = 60$, $y = 120$ wówczas punkt wyznaczający tę parę liczb leży na prawo i ku górze od izokliny wyznaczonej przez równanie (10), a z równania (6) łatwo można stwierdzić, że wówczas liczba genów x będzie maleć. W podobny sposób można sprawdzić punkt wyznaczony przez parę $x = 40$, $y = 100$ i stwierdzić, że $dx/dt > 0$, czyli że x będzie wzrastać. W ten sposób można stwierdzić, że jeśli liczby genów x i y wyznaczają punkt leżący na lewo i ku dołowi izokliny $dx/dt = 0$, to wówczas liczba genów x wzrasta, gdy zaś na prawo i ku górze od tej izokliny, wówczas maleje. Przedstawiono to strzałkami na rysun-

ku 4, które to strzałki wyznaczają zmiany x w zależności od wielkości x i y .

Dla uzyskania pełnego obrazu określić trzeba warunki, w których następują zmiany liczby genów Y . Postępujemy tu tak jak przy badaniu zmian genu X i z równania (7) wyprowadzamy równanie izokliny gdy $dy/dt = 0$, które dane jest przez

$$1 - \frac{x}{2K_2} - \frac{y}{2K_3} = 0.$$

Równanie to wyznacza następną izoklinę, czyli prostą na prawo i ku górze od której $dy/dt > 0$, zaś na lewo i ku dołowi $dy/dt < 0$. Tu także można narysować wykres analogiczny do wykresu na rysunku 4, który obrazowałby zmiany y w zależności od kombinacji liczb x i y , z tym że tutaj strzałki winny być umieszczone pionowo.



Rys. 5

Obie izokliny przedstawić można na jednym wykresie (rys. 5) zwanym wykresem fazowym. Ponieważ na początku założyliśmy, że $K_1 \geq K_2 > K_3$, izoklina $dx/dt = 0$ jest położona powyżej izokliny $dy/dt = 0$. Izokliny te dzielą płaszczyznę, gdzie $x \geq 0$ i $y \geq 0$ na trzy części. Poniżej izokliny $dy/dt = 0$ tak liczba genów X , jak i liczba genów Y wzrasta, pomiędzy izoklinami liczba genów X wzrasta, genów Y maleje, powyżej izokliny $dx/dt = 0$ liczby obu genów maleją. Gdy dany punkt leży na izoklinie liczba jednego genu wzrasta lub maleje, drugiego pozostaje bez zmian. Z wykresu tego wyraźnie wynika, że jakkolwiek parę liczb x i y założymy na początku, układ po pewnym czasie doprowadzi do $x = 2K_1$, $y = 0$. Oznacza to, że wszystkie geny Y zostaną wyeliminowane, a populacja składać się będzie z homozygot XX . Wynika z tego, że dobór naturalny przy ograniczonym wzroście faworyzuje genotypy utrzymujące w danym siedlisku wyższą liczbę osobników, a eliminuje te dla których pojemność siedliska K niższa.

Rozumowanie podobne do przedstawionego powyżej powtórzyć można dla sytuacji, gdy $K_1 < K_2 > K_3$ i stwierdzić, że dobór prowadzi do utrzymywania się zrównoważonego polimorfizmu, tak jak ma to

miejsce w klasycznych modelach, gdy heterozygota ma wyższe dostosowanie niż obie homozygoty. Gdy heterozygota ma gorsze dostosowanie niż obie homozygoty wówczas $K_1 > K_2 < K_3$ i wynik doboru zależy będzie od początkowej liczby genów X i Y .

Model doboru naturalnego przy wzroście ograniczonym przedstawiono tu w formie uproszczonej. Idąc za MacArthurem [13] przedstawić go można w formie ogólnej bez założenia losowego kojarzenia się osobników w populacji i z wewnętrznym tempem wzrostu r różnym dla każdego genotypu. Bez tych założeń zmiany liczby genów X w czasie wyrażają się równaniem

$$\frac{dx}{dt} = x \left[r_1 \alpha \left(1 - \frac{x+y}{2K_1} \right) + r_2 (1-\alpha) \left(1 - \frac{x+y}{2K_2} \right) \right], \quad (11)$$

gdzie α jest frakcją genów X , które tworzą genotyp XX , zaś r_1 i r_2 oznaczają wewnętrzne tempo przyrostu dla genotypów XX i XY odpowiednio. Zauważmy, że w uproszczonej wersji $\alpha = p$, tu zaś nie jest określone, wiemy jedynie, że $0 \leq \alpha \leq 1$ i że dla $y = 0$, brak jest w populacji genów Y , zatem $\alpha = 1$ i wyrażenie w nawiasie kwadratowym upraszcza się do wyrażenia

$$r_1 \left(1 - \frac{x}{2K_1} \right).$$

Wynika z tego, że izoklina $dx/dt = 0$ przetnie oś x w punkcie $x = 2K_1$. Można łatwo stwierdzić, że gdy $x = 0$, wówczas $\alpha = 0$ i izoklina ta przetnie oś y w punkcie $y = 2K_2$. Zatem izoklina $dx/dt = 0$ przecina oś x i y w tych samych punktach co w wersji uproszczonej opisanej równaniem (6). Równanie dla dy/dt w modelu ogólnym można skonstruować analogicznie do równania (11) i stwierdzić, że punkty przecięcia izokliny $dy/dt = 0$ z osiami x i y są identyczne jak w wersji uproszczonej.

Zasadnicza różnica między modelem uproszczonym a ogólnym polega na tym, że izokliny nie są w modelu ogólnym liniami prostymi lecz krzywymi. Jeśli tylko krzywe te nie przecinają się dla dodatnich wartości x i y , przy założeniu że $K_1 > K_2 > K_3$, wówczas układ ten zachowa się tak jak układ dany modelem uproszczonym. Jest to sprawa ważna, bowiem gdy w podanych powyżej warunkach, jeśli heterozygota ma w stosunku do obu homozygot pośrednią wartość K , izokliny nie przetną się nawet przy różnych wartościach tempa wzrostu r , dowodzi to, że w warunkach ograniczonego wzrostu maksymalizowana przez dobór jest zawsze pojemność siedliska K , a tempo wzrostu r nie ma znaczenia. MacArthur [13] nie podał analitycznego dowodu, że izokliny te nie przetną się, jest to zresztą bardzo uciążliwe do analitycznego wykazania. Intuicyjnie można się spodziewać, że przecięcie takie może nastąpić, gdy między genotypami istnieją duże różnice w tempie wzrostu r oraz małe różnice w pojemności siedliska dla danego genotypu K i gdy wysokie r występuje w jednym genotypie z niskim K . Zbadano to numerycznie dla bardzo krańcowego przykładu zakładając losowe kojarzenie osobników w populacji oraz $K_1 = 101$, $K_2 = 100$, $K_3 = 99$, $r_1 = 1$, $r_2 = 2$, $r_3 = 4$ i stwierdzono, że izokliny $dx/dt = 0$ oraz $dy/dt = 0$ nie przecinają się, czyli, że układ zachowuje się tak jak układ przedstawiony na rys. 5. Jeśli w tak krańcowym

przypadku nie nastąpiło skrzyżowanie izoklin przyjąć można bez analitycznego dowodu, że przy ograniczonym wzroście K zastępuje r jako miara dostosowania.

Rozważania tu przedstawione oparte są na opisie wzrostu ograniczonego za pomocą równania logistycznego, które to równanie, jak wspomniano poprzednio, opisuje rzeczywistość w sposób często zbyt uproszczony. Można jednak przypuścić, że podstawowe mechanizmy ograniczenia wzrostu są dobrze przybliżone przez równanie logistyczne, szczególnie gdy zagęszczenie populacji N jest bliskie pojemności siedliska K , a wtedy właśnie mamy do czynienia z doborem przy wzroście ograniczonym. Eksperymentalny dowód na potwierdzenie tezy, że dobór naturalny maksymalizuje K podał Ayala dla muszek owocowych w 1965 r. [15].

KONSEKWENCJE DOBORU: DOBÓR TYPU r I TYPU K

Każde doskonalenie organizmu w jednym kierunku pociągać musi za sobą pewne koszty i utratę dostosowania w innych kierunkach. Jest to dobrze znane genetykom zajmującym się doskonaleniem zwierząt hodowlanych: dobór pod względem jednej cechy prowadzi zwykle do ogólnego spadku żywotności całego organizmu. Mając to na uwadze przypuszczać można, że doskonalenie organizmu prowadzące do wzrostu pojemności siedliska K dla populacji tych organizmów, pogorszy przystosowania warunkujące wysokie tempo wzrostu populacji r .

Taka idea wyboru jednej z dwóch strategii ewolucyjnych typu r i typu K trafiła na bardzo podatny grunt. Od lat w ekologii wyróżnia się dwa ekologiczne typy organizmów: gatunki środowisk nietrwałych, zdolne do szybkiego zajęcia terenu, ale ustępujące w konkurencji wewnętrznej i międzygatunkowej oraz gatunki siedlisk stabilnych, o małych możliwościach rozrodczych i dużych zdolnościach konkurencyjnych. Wyróżnienie to przeprowadzić można teraz w oparciu o model wzrostu dany równaniem logistycznym, wyprowadzając właściwości ekologiczne tych gatunków z założeń równania i doboru w siedliskach o różnym stopniu nasycenia pojemności siedliska K przez liczbę osobników N .

Jeśli siedliska są nietrwałe, klimat zmienny i nie do przewidzenia, wówczas wielkości populacji są często poniżej pojemności siedlisk, konkurencja wewnętrzna i międzygatunkowa jest słaba. Dobór naturalny prowadzi w tych warunkach do maksymalizowania r , czyli że faworyzuje szybki rozwój ontogenetyczny, wczesną i występującą raz w życiu reprodukcję, dużą liczbę potomstwa, małe wymiary ciała i stosunkowo krótkie życie. Osobniki podlegające doborowi typu r są produktywne, ale mało wydajne w wykorzystywaniu zasobów siedliska. Dobór typu K przebiega w przeciwnych do wymienionych tu sytuacjach i daje przeciwne niż dobór typu r efekty. Pełny zestaw cech charakteryzujących te dwa typy doboru znaleźć można u Pianki [15].

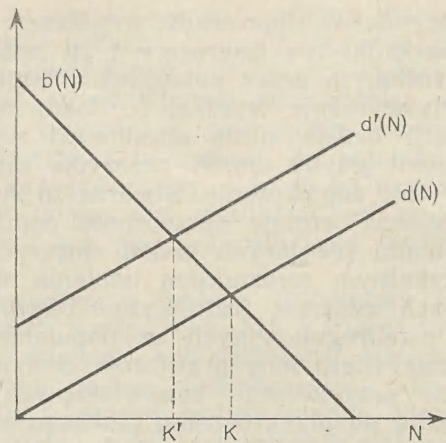
Opisane tu dwa typy doboru pozwalają na ogólną klasyfikację różnych organizmów pod względem ekologicznym, z tym że jest to oczywiście klasyfikacja względna: jedne organizmy podlegają silniej doborowi r , inne doborowi K , ale nie ma między nimi ścisłej granicy. Przy przyjęciu tej klasyfikacji jest sprawą jasną, że wczesne stadia sukcesji charakteryzują się przewagą organizmów typu r , podczas gdy

w późniejszych stadiach przeważają organizmy typu K, o mniejszych zdolnościach reprodukcyjnych, ale lepiej przystosowane do znoszenia obecności innych roślin i zwierząt. W podobny sposób siedliska arktyczne i strefy umiarkowanej powinny mieć więcej organizmów typu r, zaś obszary tropikalne i subtropikalne większą liczbę organizmów typu K.

Znaczenie koncepcji doboru typu r i typu K polega na stworzeniu teoretycznej podstawy dla ekologicznej klasyfikacji roślin i zwierząt, a co więcej jest bodźcem do tworzenia nowych hipotez i prowadzenia nowych badań. Z wielu różnych publikacji poświęconych tym dwóm typom doboru warto wybrać opracowanie Gadgila i Solbriga [5] opisujące różne ekotypy mniszka lekarskiego (*Taraxacum officinale sensu lato*), występujące w trzech różnych stadiach sukcesji, których zróżnicowanie wynika z różnego nasilenia doboru typu r i K. Ekotypy mniszka podlegające doborowi K występują liczniej w późniejszym stadium sukcesji, mają większą biomasę i liście z mniejszymi wrębami. Jest to opis zróżnicowania jednego gatunku, znacznie więcej prac dotyczy zróżnicowań międzygatunkowych. Tak na przykład gatunki słoneczników (*Helianthus*) występujące w późniejszych stadiach sukcesji mają proporcjonalnie do całej swej biomasy mniejszą biomasę części generatywnych [6].

Rozpowszechnienie się w ekologii koncepcji doboru typu r i typu K nie powinno przesłaniać braków tej koncepcji. Tak na przykład organizmom podlegającym doborowi typu K przypisuje się większą odporność na działanie konkurencji międzygatunkowej, mimo że konkurencja ta nie jest opisywana równaniem logistycznym, lecz odrębnymi równaniami opisującymi konkurencję między gatunkami. Stąd też propozycja, aby wyodrębnić dobór typu *alfa*, określający przystosowanie do konkurencji międzygatunkowej. Rozumując w ten sposób trzeba by jeszcze określić odrębnie dobór chroniący przed drapieżnikami, pasożytami itp., tak że cała koncepcja stałaby się wkrótce mało klarowna.

Dobór typu r i typu K pociąga za sobą cały kompleks przystosowań, które opisał Pianka [15], trzeba się jednak zdecydować co leży u podstawy istnienia tych dwóch typów doboru i jakie powinno być kryterium dla ustalenia, które rośliny i zwierzęta należą do którego z tych dwóch typów. Tempo wzrostu populacji r jest miarą dostosowania, gdy zagęszczenie populacji N jest poniżej poziomu nasycenia, czyli gdy wzrost nie jest ograniczony przez czynniki od zagęszczenia zależne. W warunkach naturalnych sytuacja taka w stanie czystym jest trudna do wyobrażenia, ponieważ liczebność takiej populacji nie byłaby zupełnie regulowana. Wzajemne oddziaływanie czynników zależnych i niezależnych od zagęszczenia przedstawić można na wykresie (rys. 6) obrazującym tempo rozrodu b i tempo wymierania d , jako funkcje zagęszczenia populacji N . Ponieważ aktualne tempo wzrostu populacji $r_a = b - d$, zatem w punkcie przecięcia prostych (lub krzywych) opisujących $b(N)$ i $d(N)$ rozrodczość równoważy śmiertelność, innymi słowy punkt ten na osi N odpowiada pojemności siedliska K, określonej przez czynniki zależne od zagęszczenia. Jeśli osobniki wchodzące w skład populacji podlegają dodatkowej śmiertelności niezależnej od zagęszczenia, to ta dodatkowa śmiertelność może być opisana przez zmianę $d(N)$ na $d'(N)$. Ponieważ ta dodatkowa śmiertelność nie zależy od N , zatem linie $d(N)$ i $d'(N)$ są równoległe względem siebie.



Rys. 6

Jeśli rozrodczość spada wraz ze wzrostem zagęszczenia, to dodatkowa śmiertelność powodując obniżenie stanu równowagi z K na K' powoduje równocześnie wzrost rozrodczości b w stanie równowagi. Idąc za Gadgilem i Solbrigiem [5] uznać można nasilenie śmiertelności od zagęszczenia niezależnej i idący za nią wzrost rozrodczości oraz spadek K , za kryteria doboru typu r . Populacja w dalszym ciągu jest regulowana, czyli że dla danego nasilenia śmiertelności tak od zagęszczenia zależnej, jak i niezależnej, osiąga maksymalną dostępną pojemność siedliska K , z tym że osiąganie tej pojemności idzie drogą wzrostu rozrodczości, która równoważy dodatkową śmiertelność. Dobór typu r nie polega tu zatem na maksymalizacji r w warunkach nieograniczonego wzrostu, ale na wzroście rozrodczości, który ma zrównoważyć śmiertelność niezależną od zagęszczenia. Zatem nasilenie śmiertelności niezależnej od zagęszczenia należałoby przyjąć jako główne kryterium doboru typu r . Dobór typu K odnosiłby się do sytuacji, gdy śmiertelność związana jest głównie ze wzrostem zagęszczenia.

KONSEKWENCJE DOBORU: REGULACJA WIELKOŚCI NATURALNYCH POPULACJI

Model doboru przy ograniczonym wzroście populacji wskazuje, że jeśli pewne siedlisko utrzymać może zagęszczenie K osobników, to niemożliwe jest powstanie takich przystosowań, które spowodują zatrzymanie reprodukcji lub wzrost śmiertelności, tak aby populacja osiągała niższe zagęszczenie L ($L < K$). Odnosi się to szczególnie do sytuacji, w których regulacja wielkości populacji poniżej pojemności siedliska K odbywa się przez emigrację części osobników, gdy populacja osiągnie zagęszczenie L . Ponieważ powszechną cechą organizmów jest zmienność genetyczna wywoływana przez mutację, a utrzymywana w dużej mierze przez reprodukcję płciową, zatem w każdej populacji mogą istnieć osobniki, które zaczną migrować później, powiemy przy zagęszczeniu L' ($L' > L$) lub też nie będą zupełnie migrować. Gdy populacja osiągnie poziom L cały jej przyrost będzie eliminowany przez emigrację osobników, które migrują na poziomie L . W populacji pozostaną osobniki, które migrują na wyższych

poziomach. Ten ostry dobór doprowadzi ostatecznie do tego, że w populacji pozostaną osobniki nie migrujące i że będzie ona regulowana na poziomie K , określonym przez pojemność siedliska.

Z rozważań tych wyraźnie wynika, że dobór naturalny w obrębie pojedynczej populacji będzie silnie eliminował wszelkie mechanizmy autoregulacyjne, nawet gdyby szansa przeżycia całej populacji zagrożona była przez zbytne zagęszczenie. Stwarza to sytuację bardzo płodną poznawczo, ponieważ istnieje sprzeczność pomiędzy ogólnie przyjętą teorią a wynikami niektórych badań empirycznych.

Najbardziej radykalnym rzecznikiem istnienia samoregulacji w naturalnych populacjach zwierząt jest Wynne-Edwards [17], ale istnienie mechanizmów samoregulacyjnych w populacjach zwierząt przyjmowane jest też przez wielu innych autorów. Samoregulacja realizować się może na drodze przystosowań behawioralnych [14, 16], bądź też prosto przez emigrację po przekroczeniu pewnego zagęszczenia [12, 18]. Badań nad regulacją wielkości populacji przez emigrację jest bardzo niewiele, prawdopodobnie dlatego, że zjawisko to jest wyraźnie sprzeczne z teorią doboru naturalnego.

Rozwiązania opisanych powyżej sprzeczności między teorią a danymi empirycznymi spodziewać się można na dwóch drogach: (1) poprzez krytyczne ustosunkowanie się do obecnie przyjętych interpretacji danych terenowych i laboratoryjnych lub (2) skonstruowanie teorii zdolnej wyjaśnić powstanie i utrzymywanie się samoregulacji drogą doboru naturalnego.

Nasze obecne rozumienie procesów regulacyjnych w naturalnych populacjach zwierząt opiera się na trzech członach: (1) równaniu logistycznym, z jego różnymi modyfikacjami, (2) badaniach laboratoryjnych, w których organizmy umieszczone w zamkniętym pomieszczeniu mogą wzrastać do czasu gdy zabraknie pokarmu lub innego rekwizytu środowiska, dostarczonego w ograniczonej ilości, (3) badaniach terenowych, które wskazują na względną stałość liczby osobników, w stosunku do ich możliwości rozrodczych i niewielkie zagęszczenie w stosunku do zasobów siedliska, a szczególnie do zasobów pokarmowych. Można to ująć krótko, że mimo istnienia wielu gatunków roślinożerców świat jest zielony, a gołozery są raczej wyjątkiem niż regułą.

Poszukując słabych stron teorii ekologicznej opartej o te trzy człony, warto postawić kilka pytań.

1. Czy zjawiska, które w warunkach laboratoryjnych prowadzą do zrównoważenia śmiertelności z rozrodczością, zachodzą w warunkach naturalnych w wolnej przyrodzie, czy też są to artefakty powstałe w laboratorium? Pierwszą reakcją zwierząt w warunkach naturalnych na zbytne zagęszczenie i pogorszenie się warunków życia jest ucieczka z miejsc przegęszczonych. Z sytuacją, gdy nie ma możliwości ucieczki zwierzęta spotykają się w laboratorium po raz pierwszy od wielu pokoleń i dlatego ich reakcje mogą być produktem ubocznym ich fizjologii i behawioru, nie mającym nic wspólnego z naturalną regulacją liczebności.

2. Czy we właściwy sposób oceniamy pojemność siedliska K w warunkach naturalnych? Zwierzęta hodowane przez człowieka lub trzymane w laboratorium są narażone na znacznie mniej niebezpieczeństw ze strony drapieżników, trudnych warunków klimatycznych itp., dlatego mogą przeżywać i rozmnażać się wykorzystując cały podany im

pokarm. Być może w warunkach naturalnych dla utrzymania się przy życiu wymagany jest pokarm znacznie wyższej jakości, że jest on z różnych powodów niedostępny lub że zwierzętom brakuje po prostu czasu na znalezienie odpowiedniego schronienia, ochronę przed drapieżnikiem, pobranie pokarmu i inne ważne czynności życiowe. Jeśli tak jest w rzeczywistości, to znaczy że pojemność siedlisk *K* jest znacznie niższa niż przypuszczamy, i że to co nazywamy autoregulacją zagęszczenia poniżej pojemności siedliska jest reakcją na osiągnięcie tego poziomu, odbywającą się w chwili, gdy dalszy wzrost populacji jest już niemożliwy.

3. Być może wyjaśnienie niskich liczebności zwierząt roślinożernych leży w odporności roślin [4, 8, 11], z której to odporności w bardzo małym stopniu zdajemy sobie sprawę. Hipoteza ta tłumaczy w sposób prosty masowe pojawy roślinożerców, jako wynik fizjologicznego osłabienia roślin i idącego za tym spadku odporności lub też jako wynik doboru sztucznego roślin uprawnych maksymalizującego wysokie plony, a nie odporność. Hipotezie tej brak efektownych rozważań o różnorodności, naturalności i regulacyjnych właściwościach ekosystemów, ale jest ona stosunkowo łatwa do sprawdzenia, a gdyby sprawdziła się, to wnioski z niej wypływające łatwo wprowadzić do praktyki.

4. Czy ekologowie przez podkreślanie wielorakich i silnych związków między organizmami, a następnie porównywanie populacji lub ekosystemu do superorganizmu nie doprowadzili do zupełnego usunięcia z ekologii metody redukcjonistycznej? Ostatecznie pojedynczy organizm jest łatwiejszy do określenia i szczegółowego zbadania niż jakakolwiek populacja lub ekosystem. Należy zatem wysunąć postulat metodologiczny, aby właściwości populacji i ekosystemów przewidywać z właściwości osobników i relacji zachodzących między osobnikami. Przewidywanie takie jest o tyle trudne, że wymaga zastosowania metod matematycznych, ale przy obecnym rozpowszechnieniu się maszyn cyfrowych jest dostępne dla wielu badaczy. Można sądzić, że przyrównywanie populacji lub ekosystemu do organizmu i podkreślanie, że są to zwarte jednostki przestało być płodne poznawczo i nie ułatwia wyjaśniania zjawisk ekologicznych.

Uwagi tu przedstawione nie wykluczają potrzeby teoretycznych poszukiwań odpowiedzi na pytanie: czy w warunkach naturalnych dobór prowadzić może do powstania i utrzymywania się mechanizmów regulujących wielkość populacji poniżej pojemności siedliska *K*? Jest sprawą oczywistą, że odpowiedzi na to pytanie nie można szukać w pojedynczej populacji, w której dobór prowadzić będzie do utrzymania maksymalnie możliwej liczby osobników. Maksymalizacja taka może w warunkach naturalnych zwiększyć prawdopodobieństwo wymarcia populacji w danym siedlisku, gdy dostępne zasoby zostaną zbyt szybko wyczerpane, gdy zbyt gęste zagęszczenie przyciągnie drapieżników lub spowoduje epidemię. Ponieważ w grę wchodzi tu sprawa przeżycia całej populacji, opis powstawania i utrzymywania się mechanizmów samoregulacyjnych prowadzić trzeba dla systemu wielu populacji, z uwzględnieniem tempa ich wymierania, odnawiania się siedliska, losów osobników opuszczających jedną populację i tych które kolonizują inną. Mamy tu zatem do czynienia nie tylko z doborem indywidualnym wewnątrz pojedynczych populacji, ale także z doborem grupowym między populacjami. W ostatnich latach nastąpił duży postęp

w dziedzinie teoretycznych dociekań nad doborem grupowym, które jak dotychczas wskazują, że dobór grupowy jest słabszy od doboru indywidualnego, z czego wynika, że samoregulacja występować może w naturalnych populacjach w ograniczonym zakresie. Opis tych dociekań i perspektywy dalszych badań nad doborem grupowym przekraczają jednak ramy tego artykułu.

LITERATURA

- [1] Andrewartha H. G., Birch L. C. — *The distribution and abundance of animals*. Univ. of Chicago Press, Chicago, 1954.
- [2] Crow J. F., Kimura M. — *An introduction to population genetics theory*. Harper and Row, New York, 1970.
- [3] Dmowski R. M. — *Modele i modelowanie*. Kosmos A, 24, 145—150, 1974.
- [4] Freeland W. J. — *Vole cycle: another hypothesis*. Amer. Natur. 108, 238—245, 1974.
- [5] Gadgil M., Solbrig O. T. — *The concept of r and K selection: evidence from wild flowers and some theoretical considerations*. Amer. Natur. 106, 14—31, 1972.
- [6] Gaines M. S., Vogt K. J., Hamrick J. L., Cadwell J. — *Reproductive strategies and growth patterns in sunflowers (Helianthus)*. Amer. Natur. 108, 889—894, 1974.
- [7] Haldane J. B. S. — *Population genetics*. New Biology 18, 34—51, 1955.
- [8] Haukioja E., Hakala T. — *Herbivore cycles and periodic outbreaks, formulation of a general hypothesis*. Rep. Kevo Subarctic Res. Sta. 12, 1—9, 1975.
- [9] Lack D. — *Ecological adaptations for breeding in birds*. Methuen, London, 1968.
- [10] Łomnicki A. — *Wybrane zagadnienia genetyki wolno żyjących populacji zwierząt*. Kosmos A, 19, 299—309, 1970.
- [11] Łomnicki A. — *Evolution of the herbivore-plant, predator-prey, and parasite-host systems: a theoretical model*. Amer. Natur. 108, 167—180, 1974.
- [12] Łomnicki A., Slobodkin L. B. — *Floating in Hydra littoralis*. Ecology 47, 881—889, 1966.
- [13] MacArthur R. H. — *Some generalized theorem of natural selection*. Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A. 48, 1893—1897, 1962.
- [14] Petrusiewicz K. — *Population growth induced by disturbance in the ecological structure of the population*. Ekol. Pol. A, 11, 87—125, 1963.
- [15] Pianka E. R. — *On r- and K-selection*. Amer. Natur. 104, 592—597, 1970.
- [16] Strandgaard H. — *The roe deer (Capreolus capreolus) population at Kalø and the factors regulating its size*. Danish Rev. Game Biol. 7(1), 1—205, 1972.
- [17] Wynne-Edwards V. C. — *Animal dispersion in relation to social behaviour*. Oliver and Boyd, Edinburgh, 1962.
- [18] Żyromska-Rudzka H. — *Abundance and emigration of Tribolium in a laboratory model*. Ekol. Pol. A, 14, 491—518, 1966.

PIERWSZY PEŁNY KOD GENETYCZNY „ŻYWEGO ORGANIZMU”

Na początku 60 lat bieżącego stulecia kod genetyczny wirusów i plazmid mógł wydawać się rodzajem polinukleotydowego fragmentu wzorcowego DNA infekowanej komórki. Wirusy i plazmidy byłyby w tym wejrzeniu uwolnionymi i uzbrojonymi w białka operonami genomu komórki, zdolnymi do autonomicznego replikowania się w cytoplazmie właściwego sobie gospodarza i do zakażenia innych komórek. Tworzył się pogląd, że zasadniczym dziedzicznym elementem wszelkich żywych jednostek jest kodowa molekula podwójnej spirali DNA, która w ciągu ewolucji ulegała mutacyjnym zmianom i organizacyjnym wewnątrzmolekularnym asocjacyjnym przeistoczeniom.

Ten prosty model stał się trudniejszy do utrzymania od czasu, gdy w 1961 r. T. Loeb i M. D. Linder wykryli, że bakteriofag f2 w swym genetycznym kodzie nie ma wcale DNA. Kodem jego okazała się pojedyncza nić RNA. Wkrótce potem stwierdzono, że — obok niektórych wirusów roślinnych — także liczne inne małe bakteriofagi eukariotów zwierzęcych zawierają kod w takiej właśnie postaci.

Jak wiadomo, cistrony albo operonowe zespoły cistronów kodowego DNA są transkrybowane na mesendżerowy RNA. Ten mRNA ma postać pojedynczej nici i służy jako wzorzec dla procesu translacji, według którego rybosomy cytoplazmy syntetyzują molekuly białkowe (polipeptydy). Kodowe molekuly wirusów RNA byłyby więc rodzajem gotowych do translacji mesendżerowych wzorców. Zgodnie z tym, po przedostaniu się do cytoplazmy komórki, a więc po jej infekcji, ulegają one od razu zespoleniu się z rybosomami. Genom wirusa RNA jest wzorcem RNA, na którym zachodzi synteza wirusowego białka.

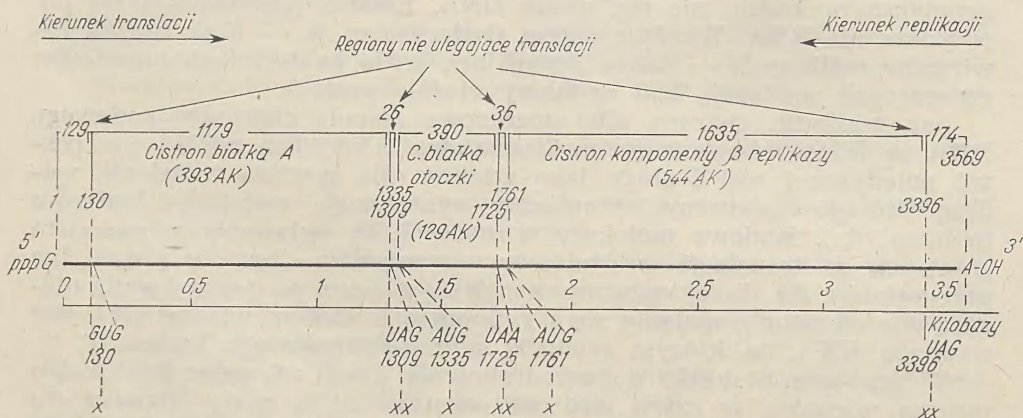
W ten sposób doszło do wyodrębnienia klasy wirusów RNA, albo picorna wirusów, w czym pico ma oznaczać że są małe. Masa wielu takich wirionów wynosi tylko 3—5 mln, zaś masa ich RNA — około miliona daltonów [5]. Zwykle wirusy DNA mają molekulę kodową kilkadziesiąt razy większą.

Jednym z picorna wirusów jest wymieniony w tytule „żywy organizm”. Tak nazywają go W. Fiers i wsp. w swej ostatniej publikacji. Autorzy ci, pracujący w Laboratorium Biologii Molekularnej Uniw. w Gandawie, od lat zajmowali się wirusem MS2, bytującym w pałeczce okrężnicy (*E. coli*). W roku 1975 badacze ci przedstawili ciąg nukleotydów połowy wiriona MS2, w ostatniej publikacji z kwietnia 1976 r. przytaczają ciąg także i drugiej połowy tego faga.

MS2 należy do tzw. I grupy picorna, której jednostki cechują się szeregiem osobliwości. Wszystkie są ze sobą blisko spokrewnione strukturą i immunologicznie. Także sekwencje zasad ich RNA cechują się bliską homologią. Bytują one, co jest szczególne, jedynie w bakteriach *E. coli* zakażonych męskim czynnikiem płciowym F, nawet jeśli ten

znajduje się w postaci zintegrowanej (szczep Hfr). Nie mogą one zakażać bakterii F^- [2]. Mnożenie się i rozwój co najmniej niektórych nie zależy od całości komórki bakterii. Mogą mnożyć się także w „protoplastach” [6], tj. w sztucznych pęcherzykach membranowych, tworzących się po rozbiciu komórek bakteryjnych, nawet nie zawierających bakteryjnego DNA.

Wszystkie picorna I grupy mają ciężar około 4 mln daltonów. W ich skład wchodzi molekula kodowa o pojedynczej nici RNA, mająca ciężar około miliona daltonów. Wiriony są uzbrojone w otoczkę (kapsydę) zbudowaną z ok. 180 molekuł białka otoczki oraz z jednej molekuly białka A. Dla doświadczalnego zainfekowania bakterii wystarczają nie tylko dojrzałe wiriony, ale izolowane molekuly samego RNA. Jeśli działaniem roztworów soli o odpowiednim stężeniu wyługować białko A, wiriony stają się prawie niezdolne do życia i infekowania [3]. Znane są mutanty wirusa niezdolne do syntezy białka A. W razie infekcji ulegają one replikacji i formują się wiriony potomne, ale nie mające kompletnego wykończenia. Białko ich otoczki otacza wprowadzone molekule RNA wirionów potomnych, ale kapsyda nie jest zamknięta i koniec nici RNA wystaje z niej w postaci ogonka. Takie wiriony nie są zdolne do infekowania bakterii *in vivo* [3]. Dają się one „poprawić” dodatkiem izolowanego białka A.



Rys. 1. Schemat struktury genomu bakteriofaga MS2

Pojedyncza nić RNA bakteriofaga jest wyobrażona grubą kreską ciągnącą się od pppG 5' do A-OH 3'. Pod kreską znajduje się skala w kilobazach (tysiącach nukleotydów). Poniżej tej skali uwidocznione są (w znacznym powiększeniu) kodony inicjalne (x) każdego cistronu oraz kodony stop (xx) odcinków nie ulegających translacji. Liczby pod kodonami oznaczają kolejność pierwszego nukleotydu w całości genomu. Ponad kreską genomu klamry wydzielały poszczególne elementy genomu. Liczby w obrębie klamer podają liczbę nukleotydów segmentu. Kolejność pierwszego nukleotydu w odniesieniu do całości genomu podana jest dla każdego odcinka poniżej klamer. Liczby w nawiasach oznaczają liczbę aminokwasów białka kodowanego przez cistron. Całość struktury ciągu zasad polinukleotydu genomu MS2 znaleźć można w publikacji W. Fiers i wsp. z 1975 i 1976 r. W tychże publikacjach znajduje się próba ustalenia II struktury molekuly genomu. A, G w kodonach oznaczają nukleotydy purynowe, C, U — nukleotydy pirymidynowe. Całość struktur każdego z tych nukleotydów, jak też sposób ich parzystego zespinalania się (A—U i G—C) za pomocą wiązań wodorowych znaleźć można w każdym podręczniku biochemii lub biologii molekularnej. 5' i 3' są konwencjonalnymi oznaczeniami końców odpowiednio fosforanowego i rybozowego polinukleotydu. ppp oznacza typowe zakończenie terminusa 5'.

Rysunek 1 przedstawia schemat budowy nici kodowej MS2. Długość jej mierzy 3,569 kilobaz (albo 3569 nukleotydów), co odpowiada ok. 2 mikronom wyprostowanej molekule RNA. Molekuła w naturze nie jest wyprostowana, ale drogą zwinięcia tworzy strukturę II i III-rzędową. Struktura ta dotąd znana jest tylko przypuszczalnie. Sekwencję nukleotydów tej molekule poznano natomiast całkowicie. Ciąg mononukleotydów zawiera 3 cistrony dla trzech rodzajów białka (rys. 1):

1. Cistron A dla wspomnianego białka A, będącego polipeptydem złożonym z 393 aminokwasów. Białko zawiera znaczną ilość argininy (25% aminokwasów), czym w pewnej mierze przypomina histony. Wiąże się też silnie z RNA. Ma również szereg „gron” aminokwasów hydrofobnych (20%), co może zabezpieczać mechanizm wiązania się z białkiem otoczki i prowadzić do zamknięcia kapsydy.

2. Cistron c dla białka otoczki, mającego łańcuch 129 aminokwasów i ciężar ok. 12 000 d.

3. Cistron R dla białkowej podjednostki beta enzymu replikazy, liczącej 544 reszt aminokwasowych i ciężar ok. 63 000 d.

Z rysunku 1 widać, że ciąg RNA wiriona nie stanowi operonu, tj. jego cistrony nie ciągną się bezpośrednio jeden za drugim, lecz są oddzielone segmentami nie ulegającymi translacji. Na początku każdego międzycistronowego segmentu znajduje się kodon nonsensowy (rys. 1), albo inaczej sygnał stop dla translacji. Każdy cistron musi więc być oddzielnym, translacyjnie niezależnym wzorcem. Począwszy od terminusa 5' (pppG) znajdujemy ciąg 129 nukleotydów nie ulegających translacji, dalej idzie ciąg 1179 nukleotydów białka A. Rozpoczyna się on kodonem inicjalnym GUG. Dalej znajdujemy 26 nukleotydów nie ulegających translacji, których sekwencja rozpoczyna się kodonem nonsensowym UAG. Następnie pojawia się 390 nukleotydów cistronu białka otoczki, rozpoczynających się kodonem inicjalnym AUG. Dalej mamy znowu sekwencję 36 nukleotydów nie ulegających translacji, rozpoczynających się kodonem nonsensowym UAA, przerywającym translację cistronu c. Za tym segmentem znajduje się cistron R liczący 1635 nukleotydów rozpoczynających się kodonem inicjalnym AUG. Koniec 3' jest zajęty przez ciąg 174 nukleotydów nie ulegających translacji, rozpoczynający się nonsensowym sygnałem UAG. Ostatnim, z kolei 3569, jest nukleotyd adeninowy (A).

Powyższe dane charakteryzują częściowo znaczenie trzech cistronów faga. Białko otoczki chroni molekulę kodową. Białko A w jakiś sposób zamyka całość kapsydy. Prawdopodobnie białko A bierze również udział w zabezpieczaniu infekcji, być może działając jako czynnik immunologiczny. Białko R jest składnikiem replikazy, która syntetyzuje potomne jednostki kodowe. Całość replikazy faga zawiera 4 podjednostki białkowe: alfa, beta, gamma i delta. Tylko beta (białko R) jest syntetyzowane według kodu zawartego w wirionie. Pozostałe są składnikami cytoplazmy samej bakterii [9].

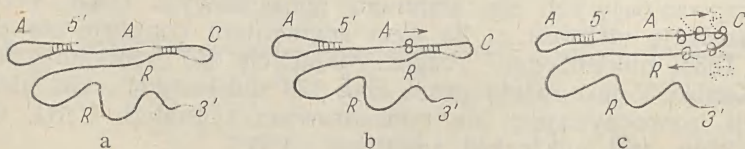
Jak widać, nić genetycznego RNA zabezpiecza dwa procesy: 1) syntezę specyficznego białka niezbędnego dla reprodukcji faga i dla jego infektywności — RNA stanowi tu rodzaj mRNA oraz 2) syntezę fagowego RNA, czyli reprodukcję kodu genetycznego — RNA fagowy jest tu wzorcem dla polimerazy syntetyzującej polinukleotyd. Oba te procesy przedstawiają szereg osobliwych cech.

Wirion zawiera 180 molekuł białka otoczki, ale tylko jedną molekulę białka A. Białka R wirion nie zawiera wcale. W procesie repli-

kacji potrzebne są tylko nieliczne molekuly. Translacja każdego cistronu musi być więc inaczej sterowana. Część takich wpływów wyświetlono.

Jak wiadomo, synteza białka jest przeprowadzana przez organelle cytoplazmy zwane rybosomami. Rybosom przyłącza mRNA i według jego polinukleotydowego ciągu syntetyzuje ciąg nici polipeptydu białkowego. Zgodnie z teorią J. Shine i L. Dalgarno związanie się obu elementów zachodzi drogą „rozpoznania się” chemicznego i szepienia się komplementarnych sekwencji RNA rybosomowego z mRNA wzorcowym. Rybosom zawiera specyficzny ciąg nukleotydów (obfitujący w pirymidyny), zwany przez biologów molekularnych mesendżerowym „site”. Z drugiej strony mRNA zawiera odpowiedni ciąg komplementarny (obfitujący w zasady purynowe), zwany „site” rybosomowym. Oba te ciągi wzajemnie komplementarne, mesendżerowy i rybosomowy, „ciąży” ku sobie fizykochemicznie, rozpoznając się najpierw i ustawiając się względem siebie, a potem zespalają się wiązaniami wodorowymi, tworząc strukturę podwójnej spirali sparowanych zasad. Po takim wstępnym uchwyceniu mRNA, rybosom rozpoczyna „odczytywanie” jego kodonów, czyli translację: syntetyzuje polipeptyd według trypletów (kodonów) mRNA. Ciągi komplementarnych zasad powyższych „sites” nie zostały wprowadzić dostatecznie poznane, ale mechanizm wydaje się w zasadzie ustalony.

Okazuje się, że każdy z trzech cistronów wiriona ma własny purynowy ciąg komplementarny dla rybosomów *E. coli* [7]. Każdy więc może ulegać translacji niezależnie. Mimo to, jak stwierdzono, natychmiast po dostaniu się do cytoplazmy, rybosomy wiążą się tylko z cistronem c faga. Toteż białko otoczek jest natychmiast syntetyzowane. Synteza ta zachodzi i później przez cały czas reprodukcji wirionów potomnych [11]. Cistrony A ani T nie ulegają natomiast początkowo translacji. Powstaje pytanie dlaczego?



Rys. 2. Schemat tłumaczący część zjawisk translacji.

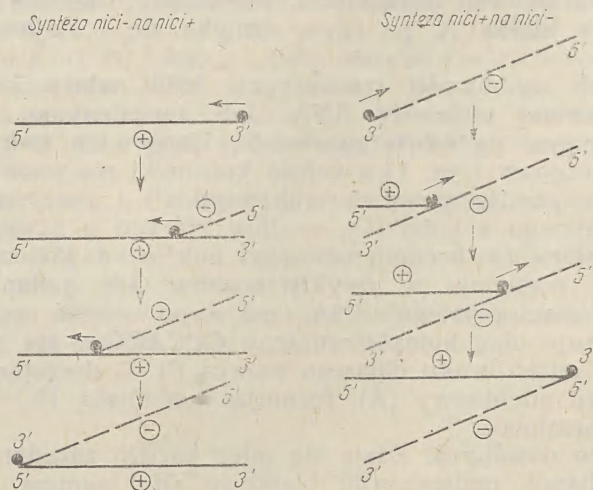
a, b, c — poszczególne fazy procesu. Cistrony A (białko A), C (białko otoczek) i R (białko komponenty beta replikazy) są w genomie pociągnięte grubszą kreską, odcinki nie ulegające translacji — cieńszą kreską. Odcinki te fizycznie nie różnią się od siebie w genomie. Końce 5' i 3' odpowiadają tymże z rys. 1. Kierunek translacji (strzałki) zawsze od 5' ku 3'. Drabinki w miejscu zbliżenia nici genomu wyobrażają komplementarne sparowanie zasad nukleotydów zamykające rybosomom dostęp do inicjalnych kodonów cistronów A i R. Odsłonięty dla rybosomów jest tylko inicjalny kodon cistronu C (schemat b). Proces translacji cistronu C otwiera komplementarne zespolenie (schemat c), odsłaniając inicjalny kodon cistronu R, do którego wówczas doczepia się rybosom produkujący białko R. Rybosomy są wyobrażone jako podwójne kółeczka usadowione na nici polinukleotydu RNA. Fragmenty białka częściowo zsintetyzowanego są przedstawione ciągami kropek, co odpowiada obrazom elektronoskopowym polisomów.

Tłumaczy się to (H. F. Lodish, p. C. Weissmann i wsp.) II i III-rzędową strukturą molekuly RNA. Oto ciąg fagowego RNA zawiera liczny szereg segmentów komplementarnych umożliwiających intramolekularne odcinkowe parowanie się nukleotydów, m. in. (rys. 2) inicjalne kodony cistronów A i R są w ten sposób „zamaskowane”. Dostęp dla

rybosomów jest u nich zablokowany. Dopiero rozszczepieniu par połączonych wiązaniami wodorowymi może odsłonić inicjalne kodony. Mechanizm nie jest tu jeszcze dostatecznie wyświełtłony, ale stwierdzono, że rybosomy doczepiają się do dalszych cistronów po denaturacji RNA wirionowego, a więc po doświadczalnym rozszczepieniu sparowanych odcinków.

Białko A, o ile wiadomo, nie ulega w ogóle syntezie na molekułach kodowej macierzystej, która spowodowała infekcję. Jej cistron zdaje się na stałe zablokowany. Inaczej jest z cistronem R (rys. 2). Jego kodon inicjalny jest w molekułach zablokowany przez komplementarne zespolenie się z pewnym odcinkiem cistronu c. Toteż dopiero, gdy ten ostatni ulega translacji przez rybosomy, dochodzi do rozszczepienia par zasad i do odsłonięcia kodonu AUG dla fMet (aminokwasu inicjalnego formylometioniny) w cistronie R. Obok tego mechanizmu muszą istnieć jeszcze inne wzajemne wpływy cistronów c i R, mało jeszcze znane, regulujące wzajemne tempo produkcji białka.

Skoro cistron A jest na stałe zablokowany, jak powstaje białko A? Sprawa nie jest pewna, ale różne dane wskazują, że synteza białka A nie zachodzi w ogóle na macierzystym wzorcu RNA, a tylko na „dziewicznych” potomnych molekułach, i to tylko jednokrotnie, natychmiast po powstaniu każdej potomnej molekuły RNA (rys. 3). Natychmiast po jednym skopiowaniu cistronu A zamyka się, aby już nie otworzyć się więcej. U faga dojrzałego cistronu A jest „zapieczętowany”. Stanowi składnik genomu konieczny tylko jako wzorzec replikacyjny.



Rys. 3. Schemat przedstawiający kolejne fazy najpierw syntezy nici minus na nici plus, potem następne fazy syntezy nici plus RNA potomnych wirionów na wzorcu nici minus.

Enzym replikaza przedstawiony jako czarne kółko. Kierunek odczytywania wskazują strzałki: na każdym z wzorców od terminusa 3' ku 5'. Synteza potomnego RNA plus (lewa strona schematu) rozpoczyna się od końca 3' nici RNA minus. Pierwszym syntetyzowanym cistronem ciągu potomnego RNA plus jest cistron A (białka A). Prawdopodobnie natychmiast po syntezie, zanim całość potomnego RNA plus zostanie utworzona i dojdzie do konformacji struktury II-rzędowej maskującej część kodonów pierwszy cistron A ulega translacji przez rybosom, co prowadzi do utworzenia się molekuły białka dojrzewania dla jednego wiriona (por. tekst).

Proces translacji, jak widać z rys. 1, ciągnie się od strony 5' ku 3' [8]. Proces replikacji natomiast rozpoczyna się od końca 3' i zmierza ku terminusowi 5'. W przeciwieństwie do translacji, transkrybowana tu jest całość ciągu polinukleotydu. I ten proces przedstawia szereg osobliwości.

Enzym, zwany replikazą RNA na wzorcu RNA, jest specyficzny dla faga. Może transkrybować tylko RNA MS2 i niektóre inne o pokrewnych cechach. Nić RNA jest pojedyncza. Aby dokonać syntezy potomnych RNA, nić macierzysta musi być najpierw transkrybowana na odpowiedni wzorec komplementarny i dopiero ten ostatni może być transkrybowany na nici potomne. Zgodzono się [11] macierzystą nić infekującą bakterię nazywać nicią plus (+). Na niej syntetyzowana jest komplementarna nić minus (—), której transkrypcja daje z kolei molekuły potomnego RNA plus (rys. 3).

Gdy translacja białka otoczki doprowadza do odmaskowania inicjalnego kodonu cistronu R, natychmiast przyczepia się doń rybosom i rozpoczyna translację. Gdy proces ten dobiega końca, molekula podjednostki beta jest gotowa. Wówczas natychmiast przyczepiają się do niej obecne w cytoplazmie podjednostki alfa, gamma i delta, i gotowa replikaza przejmuję molekułę macierzystą RNA dla swej syntezy [1]. Replikaza ta tłumi czynność translacji cistronu c [11]. Rozpoczyna się teraz synteza komplementarnej nici minus (rys. 3). Gdy tylko proces dobiega końca, ta sama replikaza „przesiada się” na koniec 3' ledwo właśnie zakończzonego RNA potomnego i rozpoczyna transkrypcję tej molekuły (rys. 3). Pierwszym odtworzonym cistronem potomnego RNA plus jest cistron A. Ten prawdopodobnie ulega z miejsca translacji [4], dając molekułę białka A, po czym zamyka się i staje się nieczynny translacyjnie.

Do dalszych osobliwości transkrypcji MS2 należy formowanie się końca 3' potomnej molekuły RNA. Jak nadmieniono, proces transkrypcji rozpoczyna się od terminusa 3'. Końcowym nukleotydem jest nukleotyd adeninowy (rys. 1), a całość końcówki ma wzór ...CCCA—OH. Otóż replikaza pomija pierwszy nukleotyd (!) i zaczyna syntezę dopiero od następnego z kolei (C), według którego u kopiowanego RNA pojawia się pierwszy komplementarny nukleotyd końcowy pppG 5'. Dalej synteza postępuje w zwykły sposób. Gdy jednak dojdzie do terminusa 5' macierzystego RNA, mającego postać pppGGGUGG..., replikaza formuje ciąg komplementarny CCCACC..., ale nie zatrzymuje się, lecz — mimo braku dalszego wzorca (!) — doczepia jeszcze końcowy nukleotyd adeninowy (A), formując końcówkę HO—ACCCACC..., typową dla terminusa 3'.

Inna jeszcze osobliwość zdaje się mieć bardzo zasadnicze znaczenie. Jak nadmieniliśmy, podjednostki białkowe alfa, gamma i delta replikazy fagowej są dostarczane przez bakterię. Wszystkie składniki bakteryjne są w komórce normalnie czynne w syntezie białka na rybosomach. Podjednostka alfa (70 000—74 000 d) jest jedną z ok. 20 komponent (S1) mniejszego składnika rybosomu (30 S) *E. coli*. Składniki gamma (45 000 d) i delta (35 000 d) są normalnie czynnikami elongacji, o symbolach EF-Tu i EF-Ts, od których zależy ciągłość doczepiania aminokwasów do syntetyzowanego polipeptydu. Replikacja MS2 zdaje się nie wymagać więcej składników, ale u pokrewnego picorna Qbeta inicjacja replikacji wymaga jeszcze dalszego czynnika bakteryjnego nazwanego HF (host factor). I ten czynnik [1, 3] jest elementem czyn-

nym w syntezie bakteryjnego białka na rybosomach. Tak więc proces replikacji picorna wirusów wymaga zespołu podjednostek białkowych niezbędnych normalnie dla procesów syntezy białka na mesendżerym RNA. Zachodzi tu jakieś „skrzyżowanie” procesów syntezy białka (translacji) i syntezy RNA (replikacji). Mamy tu coś niezrozumiałego jeszcze, ale na pewno bardzo istotnego dla stosunku między polinukleotydami a polipeptydami. Zaś całość danych biologii wskazuje obecnie na to, że istota procesów życia zachodzi w otoczeniu zespołu utworzonego przez te dwa rodzaje makromolekuł, polinukleotydów i polipeptydów. Wydaje się, że znajdujemy się tu blisko czegoś bardzo istotnego dla zrozumienia elementarnych zjawisk życia.

LITERATURA

- [1] Carmichael G. G., Weber K. — *The host factor required for RNA phage Qbeta replication in vitro*. J. Biol. Chem. 250, 3607—3612, 1975.
- [2] Davis J. E. i wsp. — *Bacteriophage MS2*. Science 134, 1427, 1961.
- [3] Fiers W. i wsp. — *A-protein gene of bacteriophage MS2*. Nature 256, 273—278, 1975.
- [4] Fiers W. i wsp. — *Complete nucleotide sequence of bacteriophage MS2 RNA*. Nature 260, 500—507, 1976.
- [5] Gesteland R. F., Boedtker H. — *Some physical properties of bacteriophage R17 and its ribonucleic acid*. J. Mol. Biol. 8, 496—507, 1964.
- [6] Guthrie G. D., Sinsheimer R. L. — *Infection of protoplasts of E. coli by subviral particles of bacteriophage phiX174*. J. Mol. Biol. 2, 297—305, 1960.
- [7] Jeppesen P. G. N. i wsp. — *Gene order in the bacteriophage R17 RNA*. Nature 226, 230—237, 1970.
- [8] Kolakofsky D., Weissmann C. — *Possible mechanisms for transition of viral RNA from polysome to replication complex*. Nature 231, 42—46, 1971.
- [9] Kondo K. i wsp. — *Subunit structure of Qbeta replicase*. Nature 228, 525—527, 1970.
- [10] Srine J., Dalgarno L. — *Determinant of cistron specificity in bacterial ribosomes*. Nature 254, 34—38, 1975.
- [11] Weissmann C. i wsp. — *Structure and function of phage RNA*. Ann. Rev. Bioch. 42, 303—328, 1973.

GERTRUDA BIERNAT

GEOLOGICZNO-PALEONTOLOGICZNE KOLEKCJE INSTYTUTÓW NAUKOWYCH I MUZEÓW w POLSCE

W roku 1974, na I Naukowej Konferencji Paleontologów we Wrocławiu podjęta została sprawa dokumentalnych kolekcji geologiczno-paleontologicznych znajdujących się w naszych instytutach naukowych i muzeach. Jak ogólnie wiadomo, jesteśmy w posiadaniu licznych i bardzo cennych kolekcji geologiczno-paleontologicznych w obrębie których szczególną wagę posiadają okazy typowe nowych gatunków. Odczuwa się jednak brak ogólnodostępnej informacji głównie o liczebności zbiorów, stanie ich zachowania a często również i miejscu ich przechowywania. Problem ten jako niezmiernie ważny powinien stać się obecnie przedmiotem szczególnej uwagi i troski wszystkich instytucji krajowych posiadających tego rodzaju kolekcje.

W związku z powyższym została powołana (na okres 1 roku) przy Paleontologicznej Sekcji Polskiego Towarzystwa Geologicznego Komisja Geologicznych Kolekcji Dokumentalnych, w skład której weszli przedstawiciele kilku geologiczno-paleontologicznych placówek naukowych oraz muzeów posiadających znaczne zbiory skamieniałości, mianowicie: Instytut Geologiczny — Warszawa, Muzeum Ziemi — Warszawa, Zakład Paleozoologii PAN — Warszawa, Zespół Pracowni Zakładu Nauk Geologicznych PAN — Kraków, Muzeum Okręgowe — Częstochowa. Komisji tej zostało powierzone zadanie — przede wszystkim zorientowanie się w ogólnym stanie zbiorów dokumentalnych w skali całego kraju, ze szczególnym uwzględnieniem stopnia ich zabezpieczenia, zainwentaryzowania oraz skatalogowania. Komisja Geologicznych Kolekcji Dokumentalnych odbyła 3 posiedzenia, których tematem były:

- sieć placówek posiadających geologiczno-paleontologiczne kolekcje dokumentalne, oraz zasady ich gromadzenia,
- inwentaryzacja, katalogowanie i udostępnianie zbiorów dokumentalnych w placówkach naukowych,
- wyposażenie kadrowe, finansowe i techniczne działu zbiorów dokumentalnych w placówkach naukowych.

Posiedzenia Komisji odbyły się kolejno w 3 ośrodkach naukowych posiadających i stale gromadzących kolekcje geologiczno-paleontologiczne — mianowicie: Muzeum Zakładu Nauk Geologicznych PAN w Krakowie, Muzeum Ziemi w Warszawie oraz Muzeum Instytutu Geologicznego w Warszawie. Na posiedzeniach tych, poza członkami Komisji uczestniczyli członkowie Zarządu Sekcji Paleontologicznej oraz przedstawiciele placówek naukowych posiadających zbiory geologiczno-paleontologiczne jak: Uniwersytet Warszawski, Uniwersytet Jagiel-

łoński, Akademia Górniczo-Hutnicza, Zakład Zoologii Systematycznej i Doświadczalnej w Krakowie, Uniwersytet im. B. Bieruta we Wrocławiu.

W wyniku swej działalności Komisja stwierdziła co następuje. Odczuwa się brak dokładniejszego rozeznania w ilości zgromadzonych dotąd w Polsce geologiczno-paleontologicznych kolekcji dokumentalnych. Prawie każdy ośrodek naukowy prowadzi w miarę swoich możliwości, według wypracowanych przez siebie metod, inwentaryzację zbiorów, niemniej jednak brak jest dostępnej informacji o tym, gdzie i jakie zbiory naukowe się znajdują. Dotyczy to szczególnie zbiorów starych, tym samym niezmiernie cennych. Ponadto stan zachowania, stopień uporządkowania i zabezpieczenia tych kolekcji jest, w większości przypadków, daleki od zadowalającego, na co mają niemalże wpływ przede wszystkim trudności kadrowe, finansowe oraz lokalowe, jakie odczuwają działy zbiorów dokumentalnych w poszczególnych placówkach. Stwierdzono, że stosunkowo najlepsza pod tym względem sytuacja istnieje zaledwie w kilku placówkach naukowych na terenie Polski, przede wszystkim tych, które dysponują odpowiednim lokalem oraz częściowo kadrą sprawującą opiekę nad zbiorami naukowymi. Należy tu wymienić: Muzeum Instytutu Geologicznego (łącznie z oddziałami terenowymi), które od 1949 r. prowadziło inwentaryzację i katalogowanie zbiorów a w 1966 r. jako jedyne w Polsce, przystąpiło do publikacji katalogów zbiorów paleontologicznych. Należy dodać, że obecnie wszystkie zbiory paleontologiczne Muzeum Instytutu Geologicznego są zainwentaryzowane. Muzeum Ziemi w Warszawie prowadzi intensywną inwentaryzację bogatych zbiorów paleontologicznych od lat kilkunastu. Muzeum Zakładu Nauk Geologicznych PAN w Krakowie, Muzeum Uniwersytetu Jagiellońskiego w Krakowie, Zakład Paleozoologii PAN w Warszawie (mimo znacznych trudności lokalowych) podjęły te prace od lat kilku.

Komisja zakończyła swoje prace w 1975 r., przedstawiając Zarządowi Sekcji Paleontologicznej PTG propozycje uchwał dotyczących charakteru i znaczenia geologiczno-paleontologicznych kolekcji dokumentalnych, obowiązku ich gromadzenia przez poszczególne instytucje naukowe oraz ich zainwentaryzowania i właściwego zabezpieczenia.

Geologiczno-paleontologiczne kolekcje dokumentalne zostały określone jako zbiór okazów, który stał się podstawą przy wykonywaniu opublikowanej pracy naukowej i stanowi jej materialną dokumentację. W skład tych kolekcji wchodzi okazy typowe, które stanowią wspólne dobro nauki, a nie danej instytucji czy osoby prywatnej. Powinna być ściśle przestrzegana obowiązująca zasada umieszczania w publikacjach naukowych informacji o miejscu przechowywania dokumentujących je okazów i ich sygnatura, tj. skrót nazwy instytucji w której przechowywane są okazy, numer kolekcji i numer okazu. W uchwale podkreślono, że z uwagi na specyficzny charakter geologiczno-paleontologicznych kolekcji dokumentalnych i ich rolę dla prac naukowych, nie jest wskazane zbytnie ich rozpraszanie. Kolekcje te powinny być gromadzone w ośrodkach posiadających rozbudowaną lub rozbudowującą się sieć geologiczno-paleontologicznych placówek naukowych. Kolekcje te powinny być udostępniane we własnym lokalu danej placówki i tylko w rzadkich przypadkach placówka może wyrazić zgodę na wypożyczenie części lub całości żądanej kolekcji. Zwrócono też uwagę, między innymi, na duże trudności lokalowe, kadrowe

i finansowe, co bardzo utrudnia a czasami wręcz uniemożliwia prowadzenie jakichkolwiek prac porządkujących kolekcje dokumentalne.

Treść uchwał Komisji przekazana została przede wszystkim placówkom naukowym posiadającym kolekcje geologiczno-paleontologiczne, oraz Zarządowi Głównemu Polskiego Towarzystwa Geologicznego i Zarządom wszystkich oddziałów Towarzystwa. Ponadto, uchwały te zostaną opublikowane w kilku czasopismach.

Należy mieć nadzieję, że uchwały te spotkają się z pełnym zrozumieniem i zostaną czynnie zaakceptowane przez instytucje naukowe, w których posiadaniu znajdują się kolekcje dokumentalne, mając na uwadze ochronę zbiorów naukowych stanowiących wspólne dobro nauki o nieprzemijającej wartości naukowej.

Zarząd Sekcji Paleontologicznej PTG podjął decyzję o konieczności kontynuowania prac mających na celu realizację uchwał proponowanych przez Komisję Geologicznych Kolekcji Dokumentalnych. W tym też celu, na rozszerzonym posiedzeniu Zarządu Sekcji jakie odbyło się 12.5.1976 r. w Muzeum Ziemi w Warszawie, powołany został, na okres 4 lat, 12-osobowy Zespół do Spraw Kolekcji Geologiczno-paleontologicznych, rekrutujący się z przedstawicieli placówek o profilu geologiczno-paleontologicznym, jak, Uniwersytet Warszawski, Muzeum Ziemi, Instytut Geologiczny, Zakład Paleozoologii, Ogród Botaniczny w Warszawie, Uniwersytet Jagielloński, Zespół Pracowni ZNG PAN i Akademia Górnicza w Krakowie, Uniwersytet im. B. Bieruta we Wrocławiu, Muzeum Okręgowe w Częstochowie.

Zadaniem Zespołu nałożonym przez Sekcję Paleontologiczną jest:

- czuwanie nad realizacją poszczególnych punktów uchwały Komisji Geologicznych Kolekcji Dokumentalnych,

- opracowanie wykazu Instytucji i rodzaju gromadzonych przez nie zbiorów geologiczno-paleontologicznych,

- podanie do ogólnej wiadomości przez poszczególnych członków zespołu w formie publikowanej zakresu gromadzonych zbiorów geologiczno-paleontologicznych w poszczególnych komórkach muzealnych,

- czuwanie nad bieżącym publikowaniem przez poszczególne komórki muzealne katalogów zbiorów dokumentalnych mając na uwadze przygotowanie w niedalekiej, być może, przyszłości katalogu centralnego zbiorów,

- spowodowanie, by rozpoczęta została inwentaryzacja tych zbiorów, które dotychczas w Instytutach nie były katalogowane,

- informowanie na bieżąco o przebiegu prowadzonych prac Przewodniczącą Sekcji Paleontologicznej PTG i każdorazowo składanie sprawozdania z działalności na rocznym posiedzeniu Zarządu Sekcji Paleontologicznej oraz na Konferencji Paleontologów, organizowanej co 2 lub 3 lata.

Powołany zespół do spraw Geologiczno-paleontologicznych kolekcji Dokumentalnych na bazie ramowego programu działania przekazanego przez Zarząd Sekcji Paleontologicznej, opracuje szczegółowy program prac, mając na uwadze stopniowe realizowanie uchwał Komisji Dokumentalnych Kolekcji. Program ten zostanie przedstawiony Zarządowi Sekcji Paleontologicznej oraz Zarządowi Głównemu Polskiego Towarzystwa Geologicznego.

WIRUSOSTATYCZNE WŁAŚCIWOŚCI KWASU ASKORBINOWEGO*

W roku 1974 A. Murata donosi o stosunkowo silnym działaniu wirusostatycznym witaminy C, które polega na zahamowaniu rozwoju różnych wirusów chorobotwórczych, jak np. odry (morbili) i świnki (parotitis). Również F. Morishige (dane nie opublikowane) stosuje kwas askorbinowy w leczeniu wirusowego zapalenia wątroby ($3-7 \text{ g/d}^{-1}$ przez okres 1-2 tygodni od momentu przetaczania krwi).

Uzyskane dane prowadzą do generalnego wniosku, że witamina C odznacza się szczególnymi właściwościami wirusostatycznymi w odniesieniu i do innych odmian wirusów nawet silnie chorobotwórczych, m.in. i wścieklizny (rabies; S. Banic, 1975).

Pięciu grupom po 10 świnek morskich w każdej oraz pięciu grupom kontrolnym po 10 zwierząt wstrzyknięto 1 ml 10% emulsji mózgu królika, zawierającej $DL_{50} - DL_{00}$ utrwalonego wirusa wścieklizny (virus fixe). Witaminę C (100 mg/kg wagi ciała) stosowano domięśniowo 2 razy dziennie przez okres 7 dni. Natomiast zwierzęta kontrolne otrzymały roztwór soli fizjologicznej.

U większości zwierząt doświadczalnych zaobserwowano charakterystyczne objawy paraliżu od 5 do 10 dnia od chwili wprowadzenia wirusów do ustroju. Częstotliwość wypadków śmiertelnych w badanych 5 grupach wynosiła:

Zwierzęta zakażone — 5/10, 2/9, 6/9, 1/10, 3/10

(współczynnik śmiertelności 35,42%)

Zwierzęta kontrolne — 9/10, 6/10, 9/10, 6/10, 5/10

(współczynnik śmiertelności 70%)

S. Banic (1975) potwierdza zatem wirusostatyczne właściwości kwasu askorbinowego. Natomiast u zwierząt, u których wystąpiły już objawy uszkodzenia mózgu (porażenia), lek ten nie wykazuje powyższego działania.

Uzyskane dane sugerują ścisłą zależność działania wirusostatycznego witaminy C od stosowanej dawki leku. Obniżenie dawki (25 i 50 mg/kg) nie daje zadowalających wyników.

W celu stwierdzenia toksycznego wpływu wyciągów z tkanki mózgowej, 30 świnkom morskim wstrzyknięto 1 ml 10% emulsji mózgu zdrowego królika. Wszystkie zwierzęta doświadczalne przetrzymały bez objawów ubocznych 14-dniowy okres obserwacji.

Wiktor Janusz Pajor

FIZJOLOGICZNE PARAMETRY WRAŻLIWOŚCI USTROJU RYB NA ZMIANY ODCZYNU ŚRODOWISKA WODNEGO**

Znaczny niepokój wywołuje zjawisko wymierania szlachetnych gatunków ryb, jak łososi czy pstrągów, w nawet zupełnie czystych wizualnie rzekach i jeziorach południowej części Norwegii (K. W. Jensen i E. Snekvik, 1972; S. Odén,

* S. Banic — Prevention of rabies by vitamin C. Nature, 258, 153—154, 1975.

** H. Leivestad, I. P. Muniz — Fish kill at low pH in a Norwegian river. Nature, 259: 391—392, 1976.

1972; J. Nordoe, 1974). Analogiczny problem występuje również i w innych krajach: Kanadzie, Szwecji i USA (R. J. Beamish i H. H. Harvey, 1972; G. E. Likens i F. H. Bormann, 1974; B. Almer, W. Dickson, E. Ekstroem, E. Hoernstroem i U. Miller, 1974).

W celu ostatecznego wyjaśnienia istotnych przyczyn tego ujemnego zjawiska przeprowadzono szereg badań ekologicznych, biochemicznych i fizjologicznych. Pierwszymi obserwacjami objęto rzekę Tovdal w południowej części Norwegii. Otoczenie tej rzeki stanowią skały, głównie granity i gnejsy, ponadto dolina jest rzadko zamieszkała i nie posiada rozwiniętego przemysłu. A zatem rzeka Tovdal mogłaby spełniać hipotetyczne założenia ochrony przyrody. Pomimo to na przełomie kwietnia i maja 1975 r. zaobserwowano masowe śnięcie ryb w częściowo pokrytej lodem rzece na odcinku ok. 30 km.

Analiza chlorków sodu, potasu, magnezu i wapnia w krwi zarówno martwych, jak i żywych ryb wykazała znaczny spadek zawartości NaCl osocza. A zatem obniżenie poziomu chlorków plazmy towarzyszy spadkowi zawartości sodu, przy czym na każdy jon Cl^- przypada 0,75 jonu Na^+ . Zawartość magnezu, potasu i wapnia nie uległa zmianom. Najniższą ilość NaCl w osoczu krwi ryb stwierdzono w próbkach pobranych w dniu 15 maja, a zatem bezpośrednio po stopieniu się śniegów.

Analiza wody rzeki pozwoliła na wykazanie ogólnego wzrostu jej kwasowości (spadek pH w granicach od 5,2 do 4,65, a w niektórych odcinkach rzeki nawet do $\text{pH}=4,0$).

Analiza topniejącego śniegu wykazała zanieczyszczenia związkami siarkowymi emitowanymi w postaci dwutlenku siarki do atmosfery przez wielki przemysł, zlokalizowany w dalekich regionach kraju. Z atmosfery związki te przedostają się wraz ze śniegiem do wody rzeki, gdzie tworzą kwas siarkowy.

Zdaniem fizjologów nabłonek skrzel ryb ma szczególne właściwości regulowania procesów wymiany jonów (D. A. Whitelaw, 1975). Sód ulega wymianie na wodór, natomiast chlorki na kwaśne węglany (D. E. Evans, 1975), przy czym zwiększone stężenie wodoru w komórkach nabłonka skrzel hamuje przemianę sodu (R. K. Packer i W. A. Dunson, 1970; J. Maetz, 1971).

Żywe ryby przetrzymywano w specjalnych zbiornikach z wodą zneutralizowaną do $\text{pH}=6,0$ przez dodatek wodorotlenku potasowego. Już po upływie dwóch tygodni stwierdzono w krwi tych ryb normalną zawartość chlorku sodowego.

Wyniki badań H. Leivestada i I. P. Muniza (1976) prowadzą do wniosku, że organizm ryb jest bardzo czuły na wahania w zawartości NaCl w krwi. Zahamowanie przebiegu procesów normalnej przemiany tego związku przez nadmiar jonów wodorowych jest jedną z głównych przyczyn śnięcia ryb.

Wiktor Janusz Pajor

PRACE ZAKŁADÓW I INSTYTUTÓW NAUKOWYCH

WYNIKI BADAŃ W PROBLEMACH POLSKIEJ AKADEMII NAUK, UZYSKANE W 1975 R.

PROBLEM WĘZŁOWY 09.1.7: ZWIĘKSZENIE PRODUKCJI BIOMASY POPRZECZ BADANIA NAD PRODUKTYWNOŚCIĄ EKOSYSTEMÓW

Problem ten był koordynowany przez Instytut Ekologii PAN, przewodniczącym zespołu koordynacyjnego był prof. dr Romuald Klekowski. Głównym celem problemu było opracowanie podstaw optymalizacji produkcji biomasy poprzez poznanie zasad funkcjonowania głównych ekosystemów Polski i — w konsekwencji — stworzenie podstaw sterowania nimi w pożądanym kierunku oraz opracowanie wytycznych dla uniknięcia negatywnych ubocznych skutków towarzyszących intensyfikacji produkcji.

W latach 1971—1975 uzyskano cenne wyniki w zakresie badań podstawowych, które umocniły pozycję polskiej ekologii w nauce światowej. Opracowano również wiele cennych rozwiązań utylitarnych, szczególnie w zakresie rekultywacji wód śródlądowych, walki ze szkodnikami, intensywnej uprawy roli i racjonalnego gospodarowania zwierzyzną łowną, zapewniając dalsze wdrażanie tych wyników. Opracowano syntezy wyników, które są lub będą publikowane w wydawnictwach Instytutu Ekologii PAN lub za granicą.

W roku 1975 wykonano pięć zadań wchodzących w skład Narodowego Planu Społeczno-Gospodarczego, a mianowicie:

1. Ustalono ekologiczne efekty intensywnej uprawy roli (kierownik zespołu: doc. dr L. Ryszkowski, Instytut Ekologii PAN). Jest to całościowa analiza podstawowych procesów określających produktywność ekosystemów polnych, pozwalająca również na ocenę zmian środowiskowych wywołanych intensyfikacją rolnictwa. Opracowano model przemian energetycznych agrocezozy, pozwalający na wskazanie waloryzacji stosowanych obecnie zmian rotacji.

2. Prześlędzono wpływ chemicznych zabiegów przeciwnostkowych na agroceozę ziemniaka (kierownik zespołu: prof. dr H. Sandner, Instytut Ekologii PAN). Stwierdzono, że skuteczność zabiegów przeciwnostkowych zależy, oprócz zabójczych właściwości pestycydu, również (i głównie) od ekologicznych i agrotechnicznych warunków jego stosowania, oraz że stosowane pestycydy wpływają na pozostałą faunę owadów w mniejszym, niż przypuszczano, stopniu.

3. Ustalono ekologiczne efekty intensywnego nawożenia łąk (kierownik zespołu: doc. dr T. Traczyk, Instytut Ekologii PAN). Wykazano, że łąki są ekosystemem zdolnym do wchłaniania stosunkowo wysokich dawek nawozów, a zarazem świetnym filtrem biologicznym powstrzymującym spływ nawozów mineralnych do wód powierzchniowych.

4. Przedstawiono wyniki badań ekologicznych i fizjologicznych skutków nawożenia łąk ściekami miejsko-przemysłowymi (kierownik zespołu: prof. dr K. Izdebski, Akademia Rolnicza w Lublinie). Zbadano możliwości zastosowania łąk położonych w dolinach rzecznych do oczyszczania ścieków komunalnych. Stwierdzono dwukrotny wzrost zbioru siana z łąk nawożonych w ten sposób. Skład chemiczny siana uległ korzystnym zmianom. W glebie wzrosła ilość przy-

swajalnych. makro- i mikroelementów, wzmogła się amonifikacja i aktywność enzymatyczna.

5. Zbadano wpływ nawożenia mineralnego na strukturę i procesy biologiczne w ekosystemach jeziornych (kierownik zespołu: doc. dr Z. Kajak, Instytut Ekologii PAN). Nawożono eksperymentalnie cztery jeziora, uzyskując modelową symulację nasilającego się w kraju dopływu nawozów mineralnych do jezior. Stwierdzono, że większość naszych jezior znajduje się w stanie poważnego zagrożenia, a niektórym grozi w krótkim czasie katastrofa ekologiczna. Badania te były prowadzone wspólnie z Instytutem Rybactwa Śródlądowego, który podjął się doprowadzić je do wdrożeń.

Poza Narodowym Planem Społeczno-Gospodarczym uzyskano również szereg ważnych wyników:

1. Opracowano kompleksowe zabiegi agrotechniczne na nieurodzajnych pastwiskach górskich (kierownik zespołu: prof. dr B. Smyk, Akademia Rolnicza w Krakowie). Ustalono wysokość nawożenia na terenach nieurodzajnych pastwisk górskich w Bieszczadach i Pieninach. Wyniki wdrożono na 3000 ha w PGR Moszczenice-Czystohorb, uzyskując wyższą produkcję siana o 90000 q.

2. Ustalono wpływ eksperymentalnego zwiększenia obsady ryb na biocenozę jeziora (kierownik zespołu: doc. dr Z. Kajak, Instytut Ekologii PAN). Introdukcja ryb do jezior eutroficznych spowodowała, dzięki intensywnemu wyjadaniu organizmów planktonowych i mieszanii osadów dennych, łańcuch przemian prowadzących do spadku produkcji glonów (a zwłaszcza ich form niepożądanych), co wpłynęło na polepszenie stanu czystości wód. Badania te były prowadzone wspólnie z Instytutem Rybactwa Śródlądowego, który wykorzysta wyniki części biologicznej do całościowego opracowania i wdrożenia.

3. Przeprowadzono badania kinetyki biodegradacji związków fenolowych (kierownik zespołu: prof. dr J. Chmielewski, Uniwersytet Śląski). Ustalono metody bakteryjnego oczyszczania ścieków fenolowych w biologicznych oczyszczalniach ścieków. Uzyskano dane o optymalnych parametrach rozkładu fenoli.

4. Opracowano normy optymalnych zagęszczeń zwierzyny w różnych typach lasu oraz opracowano metodę taksacji liczebności zwierzyny w lasach (kierownik zespołu: prof. dr W. Grodziński, Uniwersytet Jagielloński). Praca została skierowana do wdrożenia na terenie Puszczy Niepołomickiej, z perspektywą upowszechnienia na terenie całego kraju.

5. Określono sytuację zoologiczną Bałtyku (kierownik zespołu: prof. dr L. Żmudziński, Morski Instytut Rybacki). Zbadano skażenia antropogenne Bałtyku, wykazując, że są one bliskie dopuszczalnych granic, co spowodowało już wytworzenie się rozległych stref pozbawionych życia. Stwierdzono, że bardzo czułym wskaźnikiem toksyczności ropy naftowej jest intensywność metabolizmu i produkcja hormonów u wybranych gatunków skorupiaków. Wykazano intensywne procesy kumulowania się DDT w mięsie ryb użytkowych Bałtyku.

6. Przeprowadzono kompleksowe badania nad wzrostem i rozwojem pourodzeniowym małych ssaków (kierownik zespołu: dr M. Gębczyński, Zakład Badania Ssaków PAN). Stwierdzono, że koszt energetyczny budowy tkanek jest w tym okresie bardzo niski, gdyż w pierwszych dniach życia małe ssaki mogą odkładać ponad połowę pobieranej energii. Wyniki te mają znaczenie teoretyczne oraz mogą znaleźć zastosowanie w praktyce hodowlanej.

W roku 1975 opracowano również syntezę z realizacji problemu, jest ona publikowana w częściach głównie w czasopismach Instytutu Ekologii PAN, w postaci tomów i zeszytów problemowych.

PROBLEM WEZŁOWY 09.3.1: BADANIA NAD INFORMACJĄ GENETYCZNĄ U DROBNOUSTROJÓW, ROŚLIN I ZWIERZĄT, W CELU DOSKONAŁENIA ICH CECH UŻYTKOWYCH

Jednostką koordynującą ten problem był Instytut Biochemii i Biofizyki PAN; przewodniczącym zespołu koordynującego był prof. dr Wacław Gajewski. Zadaniem problemu było poznawanie struktury aparatu genetycznego i jego funkcji w przekazywaniu informacji genetycznej oraz — w oparciu o wyniki tych badań — uzyskanie nowych odmian drobnoustrojów, roślin i zwierząt, o ulepszonych cechach produkcyjnych. W trakcie realizacji problemu uzyskano szereg cennych wyników w zakresie badań nad strukturą i rolą kwasów nukleinowych, biosyntezą białek, mutagenezą i regulacją podstawowych procesów życiowych.

W roku 1975 zostały zrealizowane dwa zadania włączone do Narodowego Planu Społeczno-Gospodarczego:

1. W ramach grupy tematycznej „Molekularne podstawy genetyki” opracowano technologiczne wskazówki do kilku zastosowań gospodarczych grzyba bocznika ostrygowatego. Na podstawie doświadczeń w skali półtechnicznej, przeprowadzonych w Niedomickich Zakładach Celulozowych, ustalono szereg praktycznych wskazówek dla efektywnego wykorzystania technologii oczyszczania odcieków posulfitowych z toksycznych związków lignosulfonowych. Opracowano ponadto wskazówki technologiczne do produkcji biomasy bocznika na wywarze gorzelnianym i na serwatce. Przydatność tej biomasy jako paszy sprawdzono w doświadczeniach na chomikach i szczurach (kierownik zespołu: prof. dr J. Trojanowski, UMCS w Lublinie).

2. W ramach grupy tematycznej „Genetyka drobnoustrojów”, zakończono opracowanie oryginalnej metody analizy genetycznej chromosomów wiążących azot atmosferyczny bakterii glebowych *Rhizobium* i wykazano jej stosowalność u dwu gatunków bakterii. W szczególności, zlokalizowano na mapach genetycznych tych gatunków geny, których produkty są niezbędne dla wiązania azotu atmosferycznego. Wyniki tych badań mają znaczenie poznawcze oraz doniosłe znaczenie praktyczne dla opracowania podstaw biologicznych optymalizacji wykorzystania azotu atmosferycznego przez rośliny uprawne (kierownik zespołu: prof. dr Z. Lorkiewicz, UMCS w Lublinie).

Poza Narodowym Planem Społeczno-Gospodarczym zrealizowano następujące ważne zadania:

Grupa tematyczna: Genetyka drobnoustrojów

1. Opracowano model rekombinacji materiału genetycznego, zachodzącej w czasie koniugacji bakterii gram-ujemnych. Jego zasadniczymi elementami są: pozachromosomalna, trójniciowa struktura DNA i jej właściwości w cyklu rekombinacyjnym (kierownik zespołu: prof. dr W. Kunicki-Goldfinger, Uniwersytet Warszawski).

2. Zidentyfikowano czynniki genetyczne i fenotypowe ważne dla integracji procesów replikacji materiału genetycznego i podziału komórkowego u bakterii gram-ujemnych. Na tej podstawie skonstruowano model powyższej zależności (kierownik zespołu: prof. dr T. Kłopotowski, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN).

3. W oparciu o analizę właściwości kilkuset uzyskanych eksperymentalnie mutantów grzyba *Aspergillus nidulans* oraz po zbadaniu funkcji genów, które u nich uległy przekształceniu, opracowano model regulacji katabolizmu argininy,

obrazujący zależności pomiędzy mechanizmem regulacji swoistym dla tego aminokwasu a mechanizmami nadrzędnymi, uruchamianymi w zależności od stanów metabolizmu energetycznego lub azotowego. Model ten może mieć znaczenie w próbach wyjaśnienia procesów regulacji genetycznej u wyższych organizmów (kierownik zespołu: doc. dr P. Węgleński, Uniwersytet Warszawski).

4. Droga intensyfikacji produktów działania enzymów litycznych dwu fałgów: „Vi” oraz „Lambda”, na mureinę, wykryto dwa różne mechanizmy molekularne lizy bakterii w cyklu namnażania tych bakteriofagów (kierownik zespołu: doc. dr A. Taylor, Instytut Medycyny Morskiej i Tropikalnej w Gdańsku).

5. W badaniach nad rolą związków poliprenolowych u bakterii jelitowych wykazano, że poliprenolofosforany pełnią funkcję koenzymów przy przenoszeniu glukozy z urydyłodwufosfoglukozy do elementów strukturalnych antygeny „O” (kierownik zespołu: prof. dr T. Chojnacki, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN).

Grupa tematyczna: Genetyka roślin

1. Uzyskano preparaty podjednostek 40S i 60S z rybosomów kielków pszenicy. Podjednostki 40S miały zdolność tworzenia kompleksu inicjatorowego z RNA wirusa mozaiki tytoniowej w obecności metionyl-tRNA i kompletu czynników inicjatorowych. Podjednostki 60S były aktywne w procesie transferu peptydów (kierownik zespołu: doc. dr A. Legocki, Akademia Rolnicza w Poznaniu).

2. W układzie syntezy białek *in vitro* z RNA wirusa mozaiki tytoniowej jako matrycy wykazano przy pomocy elektroforezy na żelu poliakrylamidowym, syntezę białka o parametrach białka płaszcza wirusa (kierownik zespołu: doc. dr A. Legocki, Akademia Rolnicza w Poznaniu).

3. Opracowano zindywidualizowane metody metagenizacji jęczmienia, pszenicy, pomidora i tytoniu. Różnią się one rodzajem i dawką mutagenu oraz rodzajem czasu traktowania roślin mutagenami. Praca ma duże znaczenie praktyczne dla otrzymywania nowych odmian roślin uprawnych (kierownik zespołu: doc. dr M. Małuszyński, Zakład Genetyki Roślin PAN).

4. Scharakteryzowano białka ziarniaków kilku form jęczmienia pod względem zawartości lizyny i innych aminokwasów egzogennych. Zidentyfikowano frakcje i podfrakcje o zrównoważonym pod względem zawartości odżywczej składzie aminokwasów. Wyniki znajdują zastosowanie przy selekcji odmian o zwiększonej wartości odżywczej (kierownik zespołu: prof. dr J. Przybylska, Zakład Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN).

5. Z analizy interakcji między populacjami świerka a miejscami wysadzenia wywnioskowano, że poszczególne rasy regionalne świerka w Polsce mogą się dobrze rozwijać w nowych dla siebie regionach. Stwierdzono większą odporność na przymrozki wiosenne u świerka z Puszczy Świętokrzyskiej, w porównaniu ze świerkiem z Puszczy Białowieskiej. Praca ta ma znaczenie praktyczne dla hodowli genetycznej i produkcji nasiennej drzew użytkowych (kierownik zespołu: doc. dr M. Giertych, Instytut Dendrologii PAN).

Grupa tematyczna: Genetyka zwierząt

1. Opracowano wskazówki dotyczące selekcji buhajów przekazujących swemu potomstwu takie cechy korzystne gospodarczo jak zdolność wydajowa i odporność na zapalenie wymion. Praca ta ma znaczenie praktyczne przy selekcji hodowlanej bydła (kierownik zespołu: prof. dr L. Bassalik-Chabielska, Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN).

2. Opracowano sposób żywienia kur zwiększający wylęgowość ich jaj (kierownik zespołu: prof. dr E. Potemkowska, SGGW-AR).

3. Uzyskano nową odmianę kur mięsnych „Białe Brwinowskie”, charakteryzującą się niskim zużyciem paszy, wysoką wydajnością rzeźną, dobrym stosunkiem masy mięśni do kości i wysokim udziałem mięśni piersiowych w tuszce. Doświadczenia potwierdzające te własności wykonano w skali populacyjnej (kierownik zespołu: prof. dr E. Potemkowska, SGGW-AR).

4. Zbadano wpływ stopnia intensywności żywienia kurcząt na ich proporcje anatomiczne, wielkość niektórych gruczołów wewnętrznego wydzielania i własności białek mięśniowych. Wnioski z tych badań znajdują zastosowanie przy selekcji brojlerów o zmniejszonym zużyciu paszy (kierownik zespołu: doc. dr J. Keller, Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN).

5. Udoskonalono technikę badań immunologicznych krwi przez opracowanie urządzeń zwiększających dokładność wyników i oszczędzających czas pracy. Urządzenia te zgłoszono do Urzędu Patentowego (kierownik zespołu: prof. dr M. Żurkowski, Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN).

Grupa tematyczna: Molekularne podstawy genetyki

1. W badaniach nad fizykochemicznymi podstawami funkcji kwasów nukleinowych opracowano model międzycząsteczkowych oddziaływań warstwowych. W szczególności wykazano, że kompleksy asocjacyjne pirymidyn o dominującej stabilizacji hydrofobowej są uprzywilejowaną formą asocjacji przy podwyższonych temperaturach (kierownik zespołu: prof. dr K. Wierzchowski, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN).

2. W badaniach nad mechanizmem translacji RNA faga f2 wykazano, że synteza replikazy jest kontrolowana przez oddziaływanie białka kapsydu z odpowiednim miejscem RNA. Dane te, wraz z wcześniejszymi wynikami dotyczącymi roli struktur przestrzennych RNA w procesie syntezy białka, umożliwiły sformułowanie modelu translacji RNA faga f2 (kierownik zespołu: prof. dr P. Szafranski, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN).

3. W wyniku analizy procesów przekazywania informacji genetycznej u rozwijających się roślin stwierdzono, że zewnętrzne czynniki działające podczas kiełkowania pszenicy uruchamiają wybiórczą transkrypcję unikalnych sekwencji RNA. Kompleksy białkowe produktu tej transkrypcji mogą być prekursorami cytoplazmatycznego mRNA (kierownik zespołu: prof. dr J. Buchowicz, Instytut Biochemii i Biofizyki PAN).

PROBLEM WEZŁOWY 09.4.1: STRUKTURA I FUNKCJA UKŁADU NERWOWEGO

Jednostką kordynującą ten problem był Instytut Biologii Doświadczałnej im. M. Nenckiego PAN, zaś przewodniczącym zespołu koordynacyjnego — prof. dr Kazimierz Zieliński. Celem problemu było poznanie roli mózgu w mechanizmach sterowania zachowaniem dowolnym u ludzi i zwierząt oraz w regulacji podstawowych procesów życiowych organizmu; poznanie mechanizmów biologicznej reakcji tkanki nerwowej na działanie czynników uszkodzających, jako podłoża chorób układu nerwowego, wreszcie poznanie wpływu środków psycho- i neurotropowych na funkcję ośrodkowego układu nerwowego. Cel ten należy uważać za osiągnięty: w latach 1971—1975 realizacja problemu przyniosła szereg cennych wyników, rozszerzających w istotnym stopniu zakres poznania budowy i funkcji układu nerwowego oraz przynoszących odkrycia dotyczące nowych leków.

W 1975 r. uzyskano następujące wyróżniające się wyniki:

Grupa tematyczna: Integracyjna działalność mózgu

1. W badaniach nad ośrodkową kontrolą złożonych aktów ruchowych u psów opisano dwa nowe objawy po uszkodzeniach cząstkowych kory przedczołowej mózgu: dysocjację zjawisk szerokiej generacji instrumentalnej reakcji pokarmowej i upośledzenia procesu jej wygasania (kierownik zespołu: prof. dr K. Zieliński, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN) oraz silny wpływ kory orbitalnej na różnicowanie asymetryczne, w którym stosowano bodźce dźwiękowe jakościowo podobne (kierownik zespołu: doc. dr J. Dąbrowska, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN). Wykazano, że rozległe uszkodzenia kory przedczołowej upośledzają wybór reakcji instrumentalnej zarówno na kierunkowe, jak i na niekierunkowe bodźce dźwiękowe (kierownik zespołu: doc. dr I. Stępień, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN), mimo iż w warunkowaniu instrumentalnych reakcji kierunkowych na bodźce słuchowe, jakość i lokalizacja bodźców wykluczają się wzajemnie, jeśli występują w roli określającej reakcje ruchowe (kierownik zespołu: doc. dr W. Ławicka, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

2. W badaniach nad wyborem reakcji na warunkowe bodźce somatyczne wykazano, że dla bodźców dotykowych stosowanych na tułowi psa podstawowe znaczenie odgrywa ośrodkowa reprezentacja ipsilateralna, natomiast dla bodźców stosowanych na dystalnych częściach kończyn — reprezentacja kontralateralna (kierownik zespołu — dr Cz. Dobrzecka, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

3. W badaniach nad układem ruchowym opisano u kotów zespoły objawów występujących po uszkodzeniach okolicy przyrbakowej mózdzku (kierownik zespołu: doc. dr R. Tarnecki, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN) i po uszkodzeniu jądra czerwienego (kierownik zespołu: doc. dr T. Górską, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN) oraz stwierdzono wzajemne powiązania między zespołami. Wykazano, że w kompensacji zespołu mózdkowego odgrywa rolę układ piramidowy. Ponadto opracowano metodę automatycznej rejestracji ruchów lokomocyjnych (kierownik zespołu: dr Z. Afelt, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

4. W badaniach nad układem wzrokowym stwierdzono, że koty pozbawione od urodzenia widzenia przedmiotowego wykorzystują w niewielkim stopniu korę wzrokową w dyskryminacji wzrokowej (kierownik zespołu: prof. dr B. Żernicki, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN). W oparciu o dane fizjologiczne z układu wzrokowego opracowano model sieci neuronalnych realizujących odpowiedzi typu „on” i „off” (kierownicy zespołu: doc. dr R. Gąwroński i dr W. Zmysłowski, Instytut Biocybernetyki PAN).

5. W badaniach nad układem napędowym zespół prac dotyczył struktury i funkcji jądra migdałowego. Wykazano, że do ciała migdałowego u szczura biegną połączenia rozpoczynające się w najbardziej bocznej części pola przedwzrokowego i podwzgórza (kierownik zespołu: prof. dr O. Narkiewicz, Akademia Medyczna w Gdańsku). Określono obszar ciała migdałowego kontrolujący zachowanie łowcze kota oraz za pomocą metody podwójnych uszkodzeń uzyskano nowe dane świadczące o antagonistycznych wpływach bocznej i przysiódkowej części ciała migdałowego (kierownik zespołu: prof. dr M. Fonberg, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN). Stwierdzono, że pokarbacholowa reakcja agresji u kota uzyskiwana jest najłatwiej przy drażnieniu centralnego obszaru istoty szarej śródmózgowia (kierownik zespołu: prof. dr A. Ro-

maniuk, Uniwersytet Łódzki). Wykazano, że podanie pokarmu bezpośrednio do żołądka szczura nie może być wzmocnieniem odruchu instrumentalnego (kierownik zespołu: doc. dr J. Cytawa, Akademia Medyczna w Gdańsku).

Grupa tematyczna: Neuroregulacja podstawowych czynności życiowych ustroju

1. W badaniach nad neuroregulacją oddychania określono zasady interakcji dodatnich i ujemnych sprzężeń zwrotnych wagalnych i ich udział w kształtowaniu wzorca oddechowego (kierownik zespołu: prof. dr W. Karczewski, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN).

2. Stwierdzono, że podstawowe mechanizmy generacji rytmu i integracji odruchów Heringa-Breuera znajdują się na poziomie opuszki (kierownik zespołu: doc. dr K. Kiczka, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN).

3. Wykryto komponentę „pamięciową” w kompleksie oddechowym pnia mózgu, indukowaną przez nerwy błędne. Przebadano rolę krtani w odpowiedziach układu oddechowego na szereg bodźców (kierownik zespołu: prof. dr W. Karczewski, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN).

4. W badaniach nad neuroregulacją krążenia zmodelowano odczyn adrenergiczny (pozawałowy) stwierdzając obniżenie poziomu insuliny i trójiodotyroniny, wzrost wolnych kwasów tłuszczowych i glukozy, spadek aktywności dehydrogenazy bursztynianowej i ATP-azy oraz glikogenu, a także cechy hipoksji w EKG. Wykazano uwalnianie prostaglandyn w pracującej kończynie i wzrost ich poziomu w warunkach krążenia pozaustrojowego (kierownik zespołu: dr K. Herbaczyńska-Cedro, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN).

5. Osiągnięto zasadniczy postęp w rozumieniu mechanizmów odruchu z baroreceptorów, wykryto konwergencję pobudzeń z chemoreceptorów i hamowań z baroreceptorów w przedzwojowych włóknach sympatycznych, wykazano hamowanie aktywności sympatycznej na poziomie rdzenia kręgowego (kierownik zespołu: prof. dr A. Trzebski, Akademia Medyczna w Warszawie).

6. Wysłunięto i doświadczalnie potwierdzono oryginalną hipotezę, że ujemne inotropowe działanie acetylocholino jest skutkiem hamowania przez nią wolnego kanału wapniowego (kierownik zespołu: prof. dr B. Lewartowski, Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego).

7. W badaniach nad neuroregulacją gruczołów wydzielania wewnętrznego wykryto enzym polipeptydazę degradującą neurohormon LH—RH i substancję blokującą ten enzym. Stwierdzono, że proces biosyntezy neurohormonu odbywa się tylko przy zachowanej czynności układu rybosomalnego neuronu (kierownik zespołu: prof. dr E. Domański, Instytut Fizjologii i Żywienia Zwierząt PAN).

8. Wykazano, że czynnik osmotyczny podobnie oddziałuje na biosyntezę, transport i uwalnianie wazopresyny i oksytocyny i że mediatorem pośredniczącym między osmoreceptorami i neuronami neurosekrecyjnymi jest acetylocholina. Wykazano, że układ limbiczny wywiera istotny wpływ na transport wazopresyny z podwzgórza do przysadki i jej uwalnianie z przysadki do krwi (kierownik zespołu: prof. dr W. Traczyk, Akademia Medyczna w Łodzi).

9. W badaniach nad mechanizmami adaptacji wysiłkowej i termicznej wyjaśniono rolę aktywacji układu adrenergicznego podczas wysiłków u ludzi oraz opisano glukostatyczny mechanizm aktywacji tego układu podczas długotrwałych wysiłków. Wysłunięto koncepcję jego roli w kształtowaniu zdolności do pracy. Wykazano, że termoregulacja podczas pracy kształtowana jest między innymi przez zmiany osmotyczne i jonowe oraz hormon tarczycy. Opisano specyfikę kontroli metabolizmu i temperatury wewnętrznej podczas wysiłków u cho-

rych z nadczynnością tarczycy (kierownik zespołu: prof. dr S. Kozłowski, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN). Wyniki te znajdują zastosowanie przy terapii schorzeń tarczycy oraz w medycynie pracy.

10. Wykryto i opisano podstawowe mechanizmy utrzymywania homeotermii mózgu królika (kierownik zespołu: prof. dr J. Narębski, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu).

Grupa tematyczna: Reakcja tkanki nerwowej na działanie wewnętrz- i zewnętrznych czynników uszkodzających

Wyniki badań w tej grupie mają — oprócz poznawczego — również doniosłe znaczenie w diagnostyce i terapii chorób układu nerwowego.

1. W badaniach nad wpływem niedotlenienia na ośrodkowy układ nerwowy scharakteryzowano rolę układowych zaburzeń krążenia dla rozwoju poischemicznych uszkodzeń mózgu oraz wykazano nieprawidłowości w aktywności kluczowych enzymów toru glikolitycznego. Wykazano obecność zaburzeń mikrokrażenia i nieprawidłowości funkcji przekaźnikowych w rdzeniu kręgowym w następstwie jego niedokrwienia. Stwierdzono zmiany w aktywności cykazy adenylowej w następstwie różnych typów niedostatku tlenowego. W zatruciu tlenkiem węgla wykazano przejściowy spadek zawartości noradrenaliny i adrenaliny z jej następczym kompensacyjnym wzrostem oraz stwierdzono zmiany w aktywności dwu- i trójfosfataz w elementach złącza naczyniowo-tkankowego. Ponadto wykazano, że wzrost aktywności alkalicznej rybonukleazy w zatruciu tlenkiem węgla może być jednym z czynników leżących u podłoża zaburzeń biosyntezy białka oraz stwierdzono zróżnicowanie zmian w aktywności glikolitycznej neuronów o różnej wrażliwości na niedotlenienie (kierownik zespołu: prof. dr M. Mosakowski, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN). Zmiany spoczynkowych potencjałów błonowych w komórkach nerwowych i glejowych zależą od typu komórki i stopnia jej dojrzałości. Wykazano, że w gliopatii cyjankowej dominują zmiany w przepuszczalności błon komórkowych i uszkodzenia mitochondriów (kierownik zespołu: doc. dr M. Kraśnicka, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN). Stwierdzono, że napady padaczkowe u ciężarnych prowadzą do opóźnień rozwoju ośrodkowego układu nerwowego u ich potomstwa (kierownik zespołu: doc. dr M. Dąmbaska, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN).

2. W badaniach nad egzogennymi encefalopatiami scharakteryzowano rodzaj i dynamikę zmian złącza naczyniowo-tkankowego w uciskowym obrzęku naczyniopochodnym mózgu oraz określono dynamikę zaburzeń mikrokrażenia mózgowego leżących u ich podłoża. Wykazano, że w miarę narastania obrzęku mózgu dochodzi do uszkodzenia synaps korowych i spadku zawartości katecholamin. W naczyniopochodnym obrzęku mózgu wykazano spadek zawartości endogennych białkowych i niebiałkowych grup SH w polu obrzęku oraz stwierdzono łagodzący obrzęk wpływ egzogennego zredukowanego glutationu. W cytoksycznym obrzęku ouabainowym stwierdzono uogólnione i miejscowe zaburzenia mikrokrażenia mózgowego leżące u podłoża nieprawidłowości strukturalnych i metabolicznych tkanki (kierownik zespołu: doc. dr I. Zelman, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN).

3. Stwierdzono, że luminal podawany ciężarnym samicom prowadzi do ogólnego opóźnienia rozwoju i zahamowania rozwoju ośrodkowego układu nerwowego u płodów (kierownik zespołu: doc. dr M. Dąmbaska, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN). Scharakteryzowano zaburzenia biosyntezy białek w demielinizacji wywołanej trójetylkami cyny i cyjankiem, wykazując

różnice między obu procesami oraz określono nieprawidłowości w zawartości i składzie estrów cholesterolu w obu typach zatrucia (kierownik zespołu: prof. dr M. Wender, Akademia Medyczna w Poznaniu). Określono charakter zaburzeń metabolizmu węglowodanowo-energetycznego mózgu w następstwie zatrucia fosforoorganicznymi środkami owadobójczymi (kierownik zespołu: doc. dr W. Bicz, Akademia Medyczna w Warszawie).

4. W badaniach nad biologicznymi właściwościami komórki nerwowej i glejowej wykazano osłaniające działanie penicylaminy na rozwój gliopatii wątrobowej pod wpływem surowicy od chorych ze zwyrodnieniem wątrobowym i śpiączką wątrobową. Działanie osłaniające mają również egzogenne sole miedzi; nie występuje ono w obecności egzogennej amoniaku, wskazując na celowość leczniczego stosowania penicylaminy w przypadkach, gdy miedź odgrywa rolę głównego czynnika patogenetycznego. Wykazano gromadzenie się miedzi zarówno w komórkach nerwowych, jak i w glejowych, w ostrej encefalopatii wątrobowej. Stwierdzono występowanie ognisk demielinizacji u płodu po transłożyskowym działaniu etylnitrozomocznika; ogniska te są odmienne od analogicznych u dorosłych zwierząt. Scharakteryzowano antygeny wzbogaconej frakcji glejowej mózgu, wykazując w niej obecność antygenów narządowo i gatunkowo swoistych. Wykazano, że transport glukozy w elementach glejowych ośrodkowego układu nerwowego (głównie w astrocytach) odbywa się na drodze transportu czynnego nośnikowo-zależnego oraz biernej dyfuzji (kierownik zespołu: prof. dr M. Mossakowski, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN).

5. Scharakteryzowano zmiany w układzie neurosekrecyjnym podwzgórza i komórkach płatu gruczołowego przysadki w następstwie transłożyskowego działania morfiny (kierownik zespołu: doc. dr J. Borowicz). Zbadano procesy dojrzewania i różnicowania się gleju we wczesnych stadiach życia pozamacicznego (kierownik zespołu: doc. dr M. Kozik, Akademia Medyczna w Poznaniu). Przeprowadzono analizę obrazu zakończeń nerwowych po pojedynczym i gromadnym napadzie padaczkowym oraz wykazano różnice aktywności enzymów syntetyzujących i rozkładających GABA u myszy z padaczką audiogenną (kierownik zespołu: doc. dr J. Dymecki, Instytut Psychoneurologiczny).

6. W badaniach nad dziedziczną chorobą układu nerwowego u królików wykazano, że zmiany starcze u królików „pt” są takie same jak u królików zdrowych, lecz występują o 1–2 lata wcześniej i współistnieją u królików „pt” z ostrymi uszkodzeniami neuronalnymi i zwapnieniami neuronalnymi. W badaniach mikroskopowo-elektronowych wykazano, że cechą charakterystyczną dla mózgu królika „pt” jest związek mitochondriów neuroaksonalnych z odkładaniem się w strukturach komórkowych złogów wapniowych, odpowiadających apatytom wapniowym. Wczesne występowanie złogów wskazuje na czynną naturę spichrzania związków wapnia przez neurony (kierownik zespołu: prof. dr E. Osetowska, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN).

7. W badaniach nad reakcją obrzękową mózgu uruchomiono system oceny ciśnienia wewnątrzczaszkowego metodami zautomatyzowanymi w oparciu o układ minikomputera pracujący „on line”. Wykazano, że w szybkiej ocenie stanu klinicznego chorego pomocna jest zależność między średnim poziomem ciśnienia śródczaszkowego a jego wahaniami. Uruchomiono kliniczny i kliniczno-badawczy system intensywnego nadzoru. Stwierdzono, że nagła dekompresja mózgu prowadzi do rozprzestrzenienia się obrzęku mózgu oraz scharakteryzowano regionalne ciśnienie w mózgu, w warunkach jego ogniskowego ucisku i po nagłej dekompresji (kierownik zespołu: prof. dr A. Kunicki, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN).

8. W badaniach nad wewnątrzkomórkowymi mechanizmami regulującymi metabolizm tkanki nerwowej w normie i patologii wykazano, że występujące

w hipoksji dyskretne, a następnie pogłębiające się zaburzenia struktury fosfolipidowej błon komórkowych i elementów subcellularnych są bezpośrednią przyczyną naruszenia wewnątrzkomórkowego systemu współdziałania mechanizmów regulacji przemiany węglowodanowo-energetycznej na poziomie komórkowym, struktur subkomórkowych i molekularnych (kierownik zespołu: dr A. Gromek, Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN).

9. Wykazano, że przemiana pirogronianu w mitochondriach mózgu jest regulowana przez ich stan energetyczny, dostępność akceptora reszty acetylowej i przez ketoanalogi aminokwasów o rozgałęzionym łańcuchu węglowym. Głównymi produktami przemiany są: cytrynian, aksoglutaran lub octan, które w cytoplazmie komórek układu nerwowego mogą być substratem do produkcji acetylokoenzymu A (kierownik zespołu: prof. dr S. Angielski, Akademia Medyczna w Gdańsku).

Grupa tematyczna: Struktura i funkcja układu nerwowego i jego efektora (mięśnia) w stanach normy i patologii

1. Kontynuując badania nad molekularną organizacją cienkich filamentów mięśni i nad mechanizmem regulacji cyklu skurczowo-rozkurczowego, zakończono badania nad wpływem tropomiozyny na interakcję składników troponiny z F-aktyną, prowadzone we współpracy z Instytutem Biofizyki AN ZSRR oraz zbadano warunki fragmentacji poszczególnych białek regulujących mięśni przez trypsynę. Zakończono cykl badań nad wpływem kationów dwuwartościowych na stan fizykochemiczny aktyny, przeprowadzając analizę ultrastruktury polimerów aktyny (kierownik zespołu: prof. dr W. Drabikowski, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN). Zakończono porównawcze badania nad ultrastrukturą, składem i charakterystyką błon sarkoplazmatycznego retikulum w ontogenezie oraz biosyntezą fosfolipidów w tych błonach (kierownik zespołu: dr M. G. Sarzała, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

2. Wykazano, że po uszkodzeniach jednej ze struktur systemu limbicznego po początkowym spadku następuje wzrost aktywności enzymów cholinergicznych w podwzgórzu. Zjawisko to związane jest prawdopodobnie z rozrostem synaps cholinergicznych i jest przejawem kompensacji w obrębie badanego układu. Wykazano, że rola skotofobiny w zjawiskach tzw. transferu wyuczonego zachowania się zwierząt jest wynikiem wtórnym związanym z niespecyficznym działaniem tego peptydu (kierownik zespołu: prof. dr S. Niemierko, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

3. Wykazano trwałe uszkodzenie nerwów obwodowych czuciowych i ruchowych w zapaleniu wielonerwowym Guillain-Barré i uzyskano dane co do charakteru demielinizacji w tym zespole chorobowym. W chorobie Werdnigera-Hoffmana uzyskano wyniki pozwalające na sugestię niedojrzałości nerwów obwodowych. Prześledzono dojrzewanie nerwów obwodowych w różnych etapach życia płodowego (kierownik zespołu: prof. dr I. Hausmanowa-Petrusewicz, Akademia Medyczna w Warszawie).

4. Zakończono badania nad ultrastrukturą zakończeń nerwowo-mięśniowych oraz przeprowadzono porównawczą analizę korelacji między powierzchnią zakończeń a typem włókna mięśniowego (kierownik zespołu: prof. dr W. Kilarski, Uniwersytet Jagielloński).

5. Zbadano własności i oznaczono stałe fizyko-chemiczne dla wysoce oczyszczonego preparatu AMP-dezaminazy z mięśni szkieletowych człowieka. Przeprowadzono obserwacje nad molekularnymi mechanizmami działania hormonów

sterydowych na mięsień (kierownik zespołu: prof. dr M. Żydowo, Akademia Medyczna w Gdańsku).

6. Przeprowadzono badania nad wpływem neurohormonów na przemianę cukrową w mięśniach (kierownik zespołu: prof. dr T. Garbuliński, Akademia Rolnicza we Wrocławiu).

7. Zakończono etap badań nad budową i mechanizmem działania glukooamylazy i amylomaltazy (kierownik zespołu: prof. dr St. Karpiak, Akademia Rolnicza we Wrocławiu).

8. Zbadana wpływ jonów wapnia i magnezu na powstawanie mięśniowych zjawisk elektrycznych u owadów (kierownik zespołu: prof. dr L. Janiszewski, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu).

Grupa tematyczna: Środki psychotropowe i związane z nimi podstawowe reakcje ośrodkowego układu nerwowego

Kontynuując poszukiwania nowych oryginalnych leków psychotropowych i neurotropowych, zsyntetyzowano i zbadano farmakologicznie szereg nowych związków chemicznych. Wyniki pozwalają na ustalenie zależności pomiędzy strukturą chemiczną a działaniem farmakologicznym i wskazują, że kilka związków posiada interesujące właściwości, upoważniające do prowadzenia dalszych badań. Badając mechanizmy działania leków psycho- i neurotropowych, szczególnie wiele uwagi poświęcono roli w tym działaniu amin biogennych, uważanych za fizjologiczne przekaźniki podnieć nerwowych, a także powiązania pomiędzy tymi aminami a innymi ważnymi składnikami mózgu, jak np. cykliczne nukleotydy czy peptydy. Za pomocą różnorodnych metod i substancji modelowych wykazano istotny udział amin biogennych w działaniu szeregu badanych leków, rolę tych amin dla poszczególnych funkcji mózgu, współdziałanie pomiędzy układami monoaminergicznymi.

Równocześnie dokonano szerokiej charakterystyki farmakologicznej niektórych leków i wykryto nie znane dotąd działania innych. Uzyskane wyniki mają znaczenie poznawcze a także praktyczne, pozwalają bowiem na poszerzenie i uściślenie zastosowania klinicznego tych leków, poznanie ich działania terapeutycznego, wyjaśnienie przyczyn objawów ubocznych i ustalenia sposobów przeciwdziałania im.

PROBLEM RESORTOWY PAN-21: OCHRONA I KSZTAŁTOWANIE PRZYRODNICZEGO ŚRODOWISKA CZŁOWIEKA

Problem ten koordynowany był przez Zakład Ochrony Przyrody PAN w Krakowie, zespołowi koordynacyjnemu przewodniczył prof. dr Kazimierz Zaborowski. Zadaniem problemu było stworzenie naukowych podstaw ochrony, kształtowania i rekultywacji przyrodniczego środowiska człowieka, w warunkach postępu cywilizacyjnego.

W roku 1975 uzyskano następujące ważniejsze wyniki:

Grupa tematyczna: Podstawy metodyczne racjonalnego gospodarowania zasobami przyrody

1. Wykonano mapy zróżnicowania warunków klimatycznych, hydrochemicznych, nachyleń i ekspozycji na obszarze zlewni rzeki Bereźnicy. Określono współczesne procesy morfologiczne, ze szczególnym uwzględnieniem sufozji. Wy-

niki zweryfikowano w oparciu o teoretyczne równania zależności między elementami klimatu i rzeźby terenu. Zakończono badania dotyczące kierunków użytkowania ziemi i produkcji rolniczej na tych terenach (kierownik zespołu: prof. dr K. Zabierowski, Zakład Ochrony Przyrody PAN).

2. Sporządzono mapę rozkładu wybranych elementów środowiska przyrodniczego oraz mapę waloryzacji warunków przyrodniczych dla rolnictwa na terenie Wschodnio-Beskidzkiego Obszaru Chronionego Krajobrazu. Zbadano związki między warunkami środowiska przyrodniczego a kierunkami użytkowania ziemi (kierownik zespołu: prof. dr K. Zabierowski, Zakład Ochrony Przyrody PAN). Wyniki prac będą miały znaczenie dla przestrzennego zagospodarowania badanego obszaru.

3. W ramach tematu dotyczącego kształtowania obrzeży parków narodowych na przykładzie Pienińskiego Parku Narodowego wyznaczono obszar obrzeża w dwu ujęciach: dla prac analityczno-syntetycznych i dla prac statystycznych. Celem pracy było umiejscowienie badanego obszaru na tle warunków społeczno-ekonomicznych ziem górskich (kierownik zespołu: dr A. Bogucka, Zakład Ochrony Przyrody PAN).

4. W zakresie badań nad klasyfikacją zniekształceń naturalnej szaty roślinnej w wyniku działalności gospodarczej opracowano fazy degradacji zbiorowisk roślinnych w trzech stopniach dokładności. Przedstawiono kartograficznie proces synantropizacji szaty roślinnej. Dla celów praktycznych wykonano, w oparciu o wyniki prac kartograficznych, projekt sieci różnych kategorii obszarów chronionych dla całego obszaru Wyżyny Krakowskiej, ze szczególnym uwzględnieniem bezpośredniego otoczenia Ojcowskiego Parku Narodowego. Założenia tego projektu są wykorzystywane sukcesywnie w planach zagospodarowania przestrzennego obszaru „Dolinek Podkrakowskich” oraz w planie Leśnych Pasów Ochronnych Ojcowskiego Parku Narodowego (kierownik zespołu: dr S. Michalik, Zakład Ochrony Przyrody PAN).

Grupa tematyczna: Podstawy gatunkowej i rezerwatowej ochrony przyrody żywej i nieożywionej

1. Badania nad biologią, aklimatyzacją i rozprzestrzenianiem się wybranych gatunków roślin zagrożonych wyginięciem (również leczniczych) udowodniły możliwości upraw lub półupraw względnie podsiewów tych roślin. Wskazały one na tereny, w których można pozyskać materiał reprodukcyjny o wysokiej wartości genetycznej. Wyniki badań przekazano do praktyki (kierownik zespołu: doc. dr J. Gawłowska, Zakład Ochrony Przyrody PAN).

2. W zakresie badań nad przyrodą nieożywioną ukończono geologiczne badania terenowe w Gorcach i w części Beskidu Sądeckiego, dotyczące występowania utworów piaskowcowo-zlepieńcowych. W wyniku badań kartograficznych ustalono związek występowania skałek z zespołami grubych ławic piaskowców serii magurskiej. Uzyskane wyniki wyjaśniają prawidłowości rozmieszczenia i genezy skałek w obrębie fliszu karpackiego (kierownik zespołu: dr Z. Alexandrowicz, Zakład Ochrony Przyrody PAN).

Grupa tematyczna: Biologiczne skutki działalności człowieka w środowisku przyrodniczym

W Zakładzie Biologii Wód PAN przygotowano do druku następujące prace:
— Wpływ ścieków bytowych na zbiorowiska bakterii i glonów Rybiego Potoku (B. Kawecka, A. Starzecka),

- Wpływ ścieków schroniska w Morskim Oku na zbiorowiska glonów osiadłych w Rybim Potoku (B. Kawecka),
- Wpływ ścieku schroniska w Morskim Oku na zoocenozy Rybiego Potoku (A. Kownacki).

Prace te mają znaczenie praktyczne dla ochrony wód górskich przed zanieczyszczeniami.

PROBLEM RESORTOWY PAN—22: MORFOFIZJOLOGIA I BIOCHEMIA KOMÓRKI
I STRUKTUR SUBKOMÓRKOWYCH

Problem ten koordynował Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, przewodniczącym zespołu koordynacyjnego był prof. dr Stanisław Dryl. Głównym celem problemu było poznanie organizacji strukturalnej i fizjologicznej komórki, procesów metabolicznych w niej zachodzących oraz mechanizmów regulujących te procesy.

Ważniejsze wyniki, osiągnięte w 1975 r., są następujące:

Grupa tematyczna: Biochemia funkcjonalna komórki zwierzęcej

1. Kontynuowano badania nad współzależnością utleniania kwasów tłuszczowych i syntezą glukozy w wątrobie. Zbadano mechanizmy kontrolowania przez kwasy tłuszczowe przejścia dehydrogenazy pirogronianowej z formy aktywnej w nieaktywną. Wykazano, że na poziomie komórkowym kwasy tłuszczowe działają głównie przez podniesienie potencjału energetycznego, natomiast hamowanie transportu nukleotydów adeninowych przez błony mitochondrialne nie odgrywa decydującej roli w całej komórce (kierownik zespołu: doc. dr A. Wojtczak, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

2. Wykazano, że obecny w cytoplazmie komórek wątroby czynnik białkowy nie tylko pośredniczy w wymianie fosfolipidów między błonami struktur komórkowych, lecz może także prowadzić transport „netto” pewnych fosfolipidów (kierownik zespołu: prof. dr L. Wojtczak, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

3. Zbadano ultrastrukturę i niektóre właściwości tubularnych mitochondriów z trofozoidów ameb (kierownik zespołu: prof. dr J. Michejda, Uniwersytet Adama Mickiewicza w Poznaniu).

4. Badając metabolizm komórek mysich hodowanych *in vitro*, wykazano, że komórki L szybko rosnących hodowli cechuje stosunkowo wysoka aktywność enzymu redukującego kwas foliowy do jego koenzymatycznej formy oraz folianowego enzymu syntetyzującego metioninę. Stwierdzono, że stężenie metioniny w środowisku odżywczym zmniejsza aktywność enzymu syntetyzującego ten aminokwas, obniża też intensywność pobierania kwasu foliowego przez komórki. Wyniki te mają, oprócz poznawczego, również aspekt użyteczny w tym sensie, że wskazują jak bardzo skład środowiska odżywczego komórek wpływać może na intensywność pobierania z niego składników odżywczych lub leków podobnych strukturalnie, a także wpływać na aktywność enzymów zaangażowanych w metabolizmie pobieranych związków (kierownik zespołu: prof. dr K. Zieliński, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

Grupa tematyczna: Morfofizjologia komórek pierwotniaczych i zwierzęcych

1. Przebadano działanie toksyczne detergentów anionowych, kationowych i obojętnych na *Paramecium caudatum*. Wykazano, że skurcz ektoplazmy spowodowany jest uszkodzeniem błony komórkowej przez te czynniki (kierownik zespołu: prof. dr St. Dryl, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

2. Stwierdzono, że ektoplazma ameby nie jest nieruchoma; strumień endoplazmy nie jest zasadniczą przyczyną lokomocji, natomiast komórka pełnie jako całość (kierownik zespołu: doc. dr A. Grębecki, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

3. Określono charakter sterowania i koordynacji ruchów u pierwotniaków poprzez ilościowe badania zjawisk skurczu w kontrolowanych warunkach środowiska oraz poprzez zbadanie ruchów okrężnych cytoplazmy w różnych fazach cyklu życiowego komórki (kierownik zespołu: prof. dr Leszek Kuźnicki, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

4. Określono charakter regulacji ilości elementów struktur powierzchniowych u orzęsków *Dilepus* i *Urostyla* oraz zbadano zależność między kształtem i wielkością ciała a wzorem powierzchniowym (kierownik zespołu: doc. dr M. Jerka-Dziadosz, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

5. Wykazano zależność aktywności matrycowej chromatyny makrojąder *Paramecium* od stopnia powiązania jej z histonami. Na przykładzie błony plazmatycznej oocytów *Galleria mellonella* wykazano, że struktura ta może podlegać bardzo znacznym modyfikacjom funkcjonalnym w czasie rozwoju komórki (kierownik zespołu: prof. dr A. Przełęcka, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN).

Grupa tematyczna: Radiobiologia komórki

1. Pogłębiono znajomość regulacyjnej roli komórkowych receptorów beta-adrenergicznych i roli cAMP w układzie krwiotwórczym. Prześledzono zmiany w układzie krwiotwórczym towarzyszące poprzednio zauważonemu silnemu wzmacnieniu popromiennej śmiertelności przez zabite pałeczki *Bordatella pertussis*, stanowiące szczepionkę krzuścową (kierownik zespołu: prof. dr S. Bitny-Szlachto, Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii).

2. Wykryto, że lipidowy materiał z *Listeria monocytogenes* jest czynnikiem poprawiającym immunopoezę u napromieniowanych zwierząt (kierownik zespołu: prof. dr J. Borowski, Akademia Medyczna w Białymstoku).

3. Wykryto dalsze prawidłowości patogennego efektu promieniowania jonizującego na jajniki myszy (kierownik zespołu: prof. dr T. Rudnicki, Akademia Medyczna w Poznaniu) oraz na nabłonek jelita cienkiego będący, obok układu krwiotwórczego, drugą tkanką krytyczną decydującą o letalnym efekcie promieniowania (kierownik zespołu: prof. dr Z. Lewicki, Centrum Medycznego Kształcenia Podyplomowego).

4. Ustalono zależność popromiennych aberracji chromosomalnych w limfocytach, od czasu ekspozycji i od fazy fizjologicznej (kierownik zespołu: prof. dr J. Liniecki, Akademia Medyczna w Łodzi).

5. Stwierdzono, że zahamowane melanogenezy w modelowych upigmentowanych obiektach biologicznych wzmacnia wyraźnie ich promienioczułość (kierownik zespołu: doc. dr S. Łukiewicz, Uniwersytet Jagielloński). Badania te mo-

gą znaleźć zastosowanie w medycynie przy leczeniu nowotworu czerniaka złośliwego.

6. Zbadano aktywność cykazy adenylowej i reduktazy dihydrofolianowej w trakcie rozwoju po napromieniowaniu tkanki mielopoetycznej pochodzącej z przeszczepionego szpiku, ustalając zależności między aktywnością proliferacyjną tkanki krwiotwórczej a aktywnościami tych enzymów. Stwierdzono w tkankach odpornych na promieniowanie wysoką aktywność peroksydazy glutationowej, enzymu reperacyjnego likwidującego nadtlenki organiczne. Zbadano enzymatyczną redukcję grup dwusiarczkowych chromatyny w jądrach komórkowych śledziony (kierownik zespołu: prof. dr S. Bitny-Szlachto, Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii).

7. Wykazano brak wpływu promieniowania na indukowanie w wątrobie przez obce substancje aromatyczne mikrosomalnych enzymów oksydacyjnych metabolizujących leki i wykazano przyspieszenie przez siarkowe środki radioochronne, utleniania glukozy w organizmie (kierownik zespołu: prof. dr S. Bitny-Szlachto, Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii).

8. Stwierdzono, że środek radioochronny cystamina znosi wpływ napromieniowania na działanie środków psychotropowych (kierownik zespołu: prof. dr A. Chodera, Akademia Medyczna w Poznaniu).

9. Wykazano obniżenie retencji strontu promieniotwórczego przy 1% dodatku alginianu sodu w diecie. Wykazano skuteczność dekontaminacyjną dwu nowo zsyntetyzowanych pochodnych beta-fenylloizopropylaminy u zwierząt skażonych promieniotwórczym cerem. Zbadano rozmieszczenie i retencję różnych związków iterbu-169. Wykazano, że pochodne EDTA i DTPA zmniejszają przenikanie promieniotwórczego iterbu i ceru z organizmu matki do potomstwa podczas ciąży i laktacji u szczurów (kierownik zespołu: doc. dr J. Derecki, Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii).

10. Przeprowadzono syntezę 23 nowych związków zawierających dwuwartościową siarkę (kierownik zespołu: prof. dr J. Tułeczki, Akademia Medyczna w Poznaniu) oraz 21 nowych S-(indolilometylo)merkaptooctanów (kierownik zespołu: prof. dr B. Serafin, Politechnika Warszawska). Część tych związków zbadano wstępnie w aspekcie działania radioochronnego (kierownik zespołu: prof. dr P. Gabryel, Akademia Medyczna w Poznaniu).

11. Wykazano działanie radioochronne imidazolinowych analogów serotoniny (kierownicy zespołu: prof. dr S. Bitny-Szlachto, Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii i prof. dr B. Serafin, Politechnika Warszawska).

12. Zbadano działanie fenitronu oraz popromienne zmiany w aktywności niektórych enzymów lizosomalnych (kierownik zespołu: prof. dr K. Wiśniewski, Akademia Medyczna w Białymstoku).

13. Zakończono kompleksowe badania biochemiczne, histochemiczne, ultrastrukturalne i fizjologiczne nad powiązaniem między cytologicznymi zmianami a zmianami w aktywnościach enzymatycznych w kryptach nabłonka jelitowego królika po napromieniowaniu (kierownik zespołu: prof. dr L. Cieciora, Wojskowa Akademia Medyczna).

PROBLEM RESORTOWY PAN-26: WSPÓŁCZESNA I KOPALNE FLORY POLSKI

Problem ten był koordynowany przez Instytut Botaniki PAN w Krakowie, przewodniczącym zespołu koordynacyjnego był prof. dr Andrzej Śröder. Celem problemu było poznanie flor kopalnych i flory współczesnej Polski oraz ustalenie składu i rozmieszczenia świata roślinnego na obszarze kraju. Osiągnięte wyniki mają duże znaczenie poznawcze oraz znaczenie praktyczne dzięki temu, że podstawowe opracowania monograficzne — „flory” — powstające jako owoc

realizacji problemu stanowią nieodzowne narzędzie pracy w dziedzinie rolnictwa, leśnictwa, ochrony roślin, a także w dziedzinie biologii środowiskowej.

W roku 1975 zostały opublikowane względnie oddane do druku następujące monograficzne opracowania podstawowe:

1. Maǳalski J. — *Atlas Flory Polskiej i Ziem Ościennych. Orchidaceae* (cz. 2), *Sparganiaceae, Typhaceae, Araceae, Lamnaceae*. 5/2, PWN.
2. Maǳalski J. — *Atlas Flory Polskiej i Ziem Ościennych. Liliaceae* (cz. 2), 2/4, PWN.
3. Starmach K. — *Flora Ślodkowodna Polski. Phaeophyta, Rodophyta*. 14, PWN.
4. Nespiak A. — *Flora Polska — Rośliny Zarodnikowe. Grzyby. Cortinari* I. T. VII, PWN.
5. Domański S. — *Mała Flora Grzybów. Aphylloporales*. T. 1, cz. 2, PWN.
6. Wojewoda W. — *Flora Polska — Rośliny Zarodnikowe. Grzyby. Tremellales, Auriculariales, Septobasidiales*. T. VII, PWN.
7. Nowak J., Tobolewski Z. — *Porosty Polskie. Opisy i klucze do oznaczania porostów w Polsce dotychczas stwierdzonych lub prawdopodobnych*. PWN.
8. Boratyński A., Browicz K. — *Atlas Rozmieszczenia Drzew i Krzewów w Polsce*. Nr 17.
9. Gostyńska-Jakuszczyńska A., Zieliński J. — *Atlas Rozmieszczenia Drzew i Krzewów w Polsce*. Nr 18.
10. Boratyńska K., Boratyński A. — *Atlas Rozmieszczenia Drzew i Krzewów w Polsce*. Nr 19.
11. Zieliński J. — *Atlas Rozmieszczenia Drzew i Krzewów w Polsce*. Nr 20.
12. Gostyńska-Jakuszczyńska M. — *Atlas Rozmieszczenia Drzew i Krzewów w Polsce*. Nr 21.
13. Skirgiełło A. — *Fungi. Basidiomycetes, Boletales*. Translated from Polish. PWN.

Opublikowano również, względnie oddano do druku, następujące wyróżniające się rozprawy naukowe:

1. Jentys-Szaferowa J. — *Studies of the Epidermis of Recent and Fossil Fruits of Crapinus and Ostrya and its Significance in the Systematics and History of these Genera*. Acta Palaeobot.
2. Grodzińska K. — *Flora i roślinność Skalic Nowotarskich i Spiskich (Pieniński Pas Skałkowy)*. Fragm. Flor. et Geobot.
3. Czeżczott H. i współpr. — *Flora kopalna Turowa koło Bogatyni*. Cz. II. Prace Muzeum Ziemi PAN.
4. Mrozińska-Webb T. — *Studium glonów poroślowych z rzędu Oedogoniales na podstawie materiałów z południowej Polski*. Fragm. Florist. et Geobot.

PROBLEM RESORTOWY PAN-27: WSPÓŁCZESNA I KOPALNE FAUNY POLSKI

Problem ten koordynował Instytut Zoologii PAN, zaś przewodniczącym zespołu koordynacyjnego był prof. dr Kazimierz Kowalski z Zakładu Zoologii Systematycznej i Doświadczalnej PAN w Krakowie. Głównym celem problemu było poznanie faun kopalnych i współczesnej fauny Polski oraz ustalenie składu i rozmieszczenia świata zwierzęcego na terenie kraju. Podobnie jak w przypadku poprzedniego problemu, podstawowe opracowania monograficzne: klucze, katalogi i „fauny”, mają (oprócz poznawczego) doniosłe znaczenie praktyczne sta-

nowiąc nieodzowne narzędzie pracy w dziedzinie ochrony roślin, ochrony zdrowia ludzi i zwierząt oraz w naukach ekologicznych.

W 1975 r. osiągnięto następujące ważniejsze wyniki:

1. Ukończono monograficzne opracowanie grupy chrząszczy: *Adephaga*, odgrywających poważną rolę w biocenozie wód śródlądowych (doc. dr K. Galewski, Instytut Zoologii PAN).

2. Opracowano klucz do oznaczania mszyc z rodziny *Lachnidae* — producentów spadzi i zarazem szkodników wielu drzew (prof. dr H. Szelęgiewicz, Instytut Zoologii PAN).

3. Opracowano klucz do oznaczania galasówek *Cynipidae*, spośród których wiele jest szkodnikami, zwłaszcza dębów i maku (dr F. Kierych, Instytut Zoologii PAN).

4. Oceniono względne zagęszczenie szkodnika pól nornika na terenie Polski oraz wytypowano rejony o największym i najmniejszym zagęszczeniu (dr K. Caboń-Raczyńska, dr A. L. Ruprecht, Zakład Badania Ssaków PAN).

5. Opracowano charakterystykę ssaków-drapieżców tępiących szkodniki upraw rolnych i leśnych, jako rozdział do podręcznika „Biologiczne metody walki ze szkodnikami roślin” (prof. dr Z. Pucek, Zakład Badania Ssaków PAN).

6. Opracowano klucz do oznaczania chrząszczy z rodziny *Scarabaeidae* — „sanitariuszy” i reducentów odchodów zwierzęcych (Z. Stebnicka, Zakład Zoologii Systematycznej i Doświadczalnej PAN).

7. Zakończono i oddano do druku pracę nad kariotypem *Tetradontophora bielaniensis* (prof. dr M. Jordan, Zakład Zoologii Systematycznej i Doświadczalnej PAN).

8. Zakończono i oddano do druku pracę nad chromosomami płciowymi węgorza europejskiego (mgr T. Passakas, Zakład Zoologii Systematycznej i Doświadczalnej PAN).

9. W Zakładzie Zoologii Systematycznej i Doświadczalnej PAN oddano do druku trzy prace dotyczące *Paramecium*:

— Wpływ promieniowania X na szczepy i syngeny *Paramecium aurelia* różniące się pokrewieństwem genetycznym (Z. Komala),

— Własności antygenowe szczepów *Paramecium aurelia* (H. Kościuszko-Ściśłowska),

— Genetyczne i cytologiczne badania szczepów *Paramecium jenningsi* (F. Przyboś).

10. Opracowano małe otwornice paleoceńskie Polski, na tle materiałów porównawczych z całego świata. Wnioski pracy dotyczą paleoekologii i paleobiogeografii paleocenu na świecie (prof. dr K. Pożaryska i dr J. Szczechura, Zakład Paleozoologii PAN).

11. Wyjaśniono nie znane dotąd mechanizmy wczesnego rozwoju osobniczego amonitów jurajskich, m.in. na drodze badań ultrastruktur ich muszli (mgr C. Kulicki, Zakład Paleozoologii PAN).

PROBLEM RESORTOWY: ANTROPOLOGIA ONTOGENETYCZNA I ANTROPOMETRIA

Jednostką koordynującą dla tego problemu był Zakład Antropologii PAN we Wrocławiu, przewodniczącym zaś zespołu koordynacyjnego — doc. dr Tadeusz Bielicki. Celem problemu było poznanie stanu rozwoju fizycznego ludności Polski oraz kierunku i tempa zmian w nim zachodzących; opracowanie danych dla optymalizacji produkcji niektórych wyrobów przemysłowych i optymalizacji stanowisk pracy; wreszcie wypracowanie lepszych norm rozwoju dzieci i młodzieży i precyzyjniejszych metod oceny podobieństwa rodzice—dzieci

(dla potrzeb sądownictwa). W okresie pięcioletniej realizacji problemu uzyskano szczególnie cenne wyniki w zakresie badań ontogenetycznych — plasują one antropologię polską w ścisłej czołówce światowej. Spośród wyników uzyskanych w 1975 r. na szczególną uwagę zasługują następujące:

1. Zanalizowano budowę ciała w populacji polskiej na podstawie reprezentatywnego materiału I Zdjęcia Antropologicznego, w grupach wieku: 3, 6, 9, 12, 15, 20, 31, 40 i 50 lat, z podziałem na obie płcie i dwa środowiska: miejskie i wiejskie. Okazało się, że ogólna zmienność w budowie ciała zależy głównie od różnic między osobnikami w wielkości i smukłości ciała, a w znacznie mniejszym stopniu od różnic w proporcjach ciała. Wyróżnione w tej analizie czynniki budowy ciała występują w populacji niezależnie od wieku i płci osób oraz od środowiska (kierownicy zespołu: doc. dr Z. Welon i dr H. Waliszko, Zakład Antropologii PAN). Cenne pod względem poznawczym są zwłaszcza wyniki analizy zmienności w budowie ciała metodą składowych głównych.

2. Na podstawie krzywych wzrastania i krzywych przyrostów półrocznych dla wysokości i ciężaru ciała 70 par bliźniąt analizowano czas wystąpienia szczytu pokwitaniowego tych dwu cech. Współczynniki oddziaływania dla wieku szczytu pokwitaniowego są bardzo wysokie, zwłaszcza dla ciężaru ciała, z wyjątkiem wysokości ciała u dziewcząt. Stwierdzono, że bliźnięta pod względem analizowanych cech nie różnią się istotnie od dzieci urodzonych pojedynczo (kierownik zespołu: doc. dr P. Bergman, Zakład Antropologii PAN). Uzyskane w tym temacie wyniki przyczyniają się do dokładniejszego uchwycenia wielkości wpływu czynnika genetycznego i środowiskowego na różne fazy rozwoju dzieci i młodzieży.

3. Opracowano zmienność z wiekiem 50 cech opisowych głowy od 8 do 18 roku życia. Intensywność zmian w cechach morfologicznych głowy zależy od skoku pokwitaniowego w wymiarach głowy i wysokości ciała (dr B. Hulanicka, Zakład Antropologii PAN). Uzyskane wyniki mają przeważnie znaczenie praktyczne, znajdując zastosowanie w ekspertyzach antropologicznych w sprawach o dochodzenie spornego ojcostwa.

4. Zakończono opracowania dotyczące analizy budowy ciała metodą składowych głównych, na materiale longitudinalnym chłopców w wieku szkolnym oraz dzieci przedszkolnych. Uzyskane wyniki wykazały istnienie czterech czynników (składowych) w budowie ciała chłopców: wielkość, smukłość, masywność i czynnik proporcji ciała. Dwa ostatnie czynniki mają mniejsze znaczenie w ogólnej zmienności ciała, wykrywalne dopiero w czasie dojrzewania. W porównaniu do dziewcząt (analiza wcześniejsza), stwierdzono występowanie tych samych czynników w budowie ciała a dymorfizm płciowy wyraża się nieco innymi korelacjami cech z czynnikami. Analiza materiałów dzieci przedszkolnych wykazała pierwszorzędną rolę dwóch pierwszych składowych w zmienności ciała. Interesującym novum tego opracowania jest stwierdzenie korelacji pomiędzy składowymi budowy ciała a cechami motoryki u dzieci w tak wczesnej fazie rozwoju (kierownik zespołu: doc. dr Z. Welon i dr H. Waliszko, Zakład Antropologii PAN). Znaczenie wyników tych badań polega na wykazaniu wielkich walorów metody składowych głównych w opisywaniu budowy ciała oraz na wykazaniu, że dla oceny zmienności w budowie ciała wystarczy zespół ok. 20 cech antropometrycznych, co bardzo uprości przyszłe badania.

5. Na materiale 224 dziewcząt z Wrocławskich Badań Longitudinalnych zbadano współzależności między intensywnością skoku pokwitaniowego wysokości ciała i długości nóg a kilkunastoma miarami tempa dojrzewania. Korelacje te są b. istotne i ujemne, co oznacza, że u dziewcząt dojrzewających wcześniej, skok pokwitaniowy jest z reguły intensywniejszy. Wynik ten da się zinterpretować

jako efekt „nadrabiania” u dzieci, które na ukończenie procesu wzrastania mają do dyspozycji mniej czasu (doc. dr. T. Bielicki, Zakład Antropologii PAN).

6. Dla praktycznej oceny stanu zaawansowania rozwojowego dziecka opracowano duży zbiór norm rozwojowych w postaci charakterystyk przeciętnych i miar rozszewu szeregu cech. Normy zawierają również informacje o zmienności tempa wzrastania i nomogramy do przewidywania ostatecznej wysokości ciała (doc. dr. T. Bielicki i dr H. Waliszko, Zakład Antropologii PAN). Tabele norm rozwojowych są najbardziej kompletną i gruntowną informacją o aktualnym stanie rozwoju fizycznego dzieci i młodzieży polskiej i okazały się bardzo przydatne dla pediatrów, pedagogów, specjalistów WF i dla zainteresowanych rodziców.

7. Zbadano wskaźniki rozwoju fizycznego, otyłości i sposób odżywiania u ponad 1600 chłopców i dziewcząt z rejonu Ciechanowa i Siedlec. Stwierdzono, że w młodszych klasach wieku, dzieci rolników mają istotnie niższą wysokość ciała od dzieci pracowników umysłowych; w wieku 18 lat różnica ta u chłopców pozostaje znaczna, natomiast prawie zanika u dziewcząt. Jednak pod względem otluszczenia ciała i ciężaru córki rolników przewyższają córki pracowników umysłowych. Procent osobników otyłych jest u obydwu płci większy u młodzieży pozawarszawskiej niż u warszawskiej. Gorszy rozwój fizyczny i tendencja do otyłości u młodzieży z rodzin chłopskich jest prawdopodobnie związana z nieprawidłowym sposobem odżywiania i występuje szczególnie często u dzieci chłopskich z kategorii wieku odpowiadającej szkole podstawowej. U dzieci chłopskich uczęszczających do szkół ponadpodstawowych, sposób odżywiania się ulega poprawie, co związane jest z zamieszkiwaniem w internatach (dr J. Charzewska, Instytut Żywności i Żywienia). Opracowanie to ma interesujący aspekt społeczny, ponieważ wskazuje na utrzymujące się nadal nieprawidłowości w odżywianiu dzieci wiejskich.

PROBLEM RESORTOWY PAN-29: BADANIA NAD ZJAWISKAMI PASOŻYTNICTWA ZWIERZĘCEGO W UKŁADACH PASOŻYT-ŻYWICIEL

W problemie tym, koordynowanym przez Zakład Parazytologii PAN, zespołowi koordynacyjnemu przewodniczył prof. dr Włodzimierz Michajłow, zaś głównym celem było poznanie związków między pasożytami zwierzęcymi a ich żywicielami oraz opracowanie skutecznych metod walki z pasożytami człowieka i zwierząt hodowlanych.

W roku 1975 na szczególną uwagę zasługują następujące wyniki:

1. Określono rodzaj zmian w parazytocenozie ryb w jeziorach podgrzewanych wodami zrzutowymi z elektrowni w Koninie oraz zbadano nasilenie bucefalozy u narybku, powodowanej przez przywry w tychże jeziorach (kierownik zespołu: doc. dr T. Pojmańska, Zakład Parazytologii PAN). Badania te mają znaczenie poznawcze i praktyczne: wyniki mogą być wykorzystane przez gospodarstwa rybackie oraz przez Ministerstwo Administracji, Gospodarki Terenowej i Ochrony Środowiska.

2. Stwierdzono rozległe zmiany w metabolizmie i substrukturze komórek zarodków helmintów pod wpływem działania pestycydów z grupy OP, karbamianów i MCPA, a mianowicie: uszkodzeń lizozomów i procesów autolizy pod wpływem własnych enzymów lizozomalnych, zniszczeń w strukturze mitochondriów i retikulum plazmatycznego, przerwania ciągłości reakcji w szlakach metabolicznych, hamowania lub aktywacji niektórych enzymów a także zmian w embriogenezie zarodków (doc. dr A. Guttowa, dr T. Moczko, Zakład Parazytologii PAN). Praca ma znaczenie poznawcze i jest pierwszym tego rodzaju

dokładnym opracowaniem zagadnienia skutków działania środków ochrony roślin na organizmy pasożytnicze.

3. Wyjaśniono mechanizm „samowyleczenia” i rozwoju inwazji mięśniowej we włośnicy myszy oraz rolę mastocydów w procesach obronnych (doc. dr K. Karmańska, Zakład Parazytologii PAN). Praca ma znaczenie poznawcze i reprezentuje nowoczesny i pionierski kierunek badań w tym zakresie.

4. Stwierdzono, że transplantacja nieuczulonych komórek układu obronnego (śledziony, węzłów chłonnych, krezki, wątroby) zwierzętom wrażliwym powoduje wzrost sił obronnych biorcy (prof. dr M. Świetlikowski, Zakład Parazytologii PAN). Badania te, oprócz poznawczego, mają również znaczenie praktyczne dla opracowania metod zwalczania inwazji nicieni płucnych zwierząt hodowlanych.

5. Zakończono badania nad robaczycami żołądkowo-jelitowymi u owiec oraz ich zwalczaniem i przekazano wyniki do Ministerstwa Rolnictwa (doc. dr A. Malczewski, Zakład Parazytologii PAN, przy współudziale Akademii Rolniczej w Krakowie). Praca ma charakter wdrożeniowy.

6. Stwierdzono szkodliwe działanie niskich stężeń karbaminianów na pierwotniaki pasożytnicze (*Euglenoidina*) skorupiaków pasożytujących na skrzelach ryb i wywołujących chorobę — ergasilozę. Większą odporność pasożyta ryb na działanie pestycydu niż regulującego jego populację pierwotnika, może grozić w niektórych bardziej zanieczyszczonych chemicznie zbiornikach wodnych — nasilenie się ergasilozy (prof. dr Włodzimierz Michajłow i dr I. Wita, Zakład Parazytologii PAN). Praca ta ma znaczenie praktyczne i może być wykorzystana przez gospodarstwa rybackie i Ministerstwo Administracji, Gospodarki Terenowej i Ochrony Środowiska.

7. Stwierdzono występowanie organelli typu mikroperoksysomów u pierwotniaków z rodzaju *Trypanosoma* i określono ich rolę w metabolizmie komórkowym tych organizmów — praca ma duże znaczenie naukowe (dr A. Wartoń, Zakład Parazytologii PAN).

8. Wyjaśniono kierunki ewolucji cykli rozwojowych przywrr z rzędu *Plagi-orchidia* na podstawie aktualnie obserwowanych zmian w ich przebiegu — praca ma charakter poznawczy (dr B. Grabda-Kazubska, Zakład Parazytologii PAN).

Barbara Ciesielska

INFORMACJE SYGNALNE WYDZIAŁU II PAN

Po dłuższej — bo od nr 6, 1975 trwającej — przerwie, kontynuujemy wykaz informacji sygnałnych opublikowanych w Polskiej Akademii Nauk a dotyczących osiągnięć naukowych uzyskanych podczas realizacji problemów węzłowych i resortowych koordynowanych przez placówki Wydziału II Nauk Biologicznych PAN. Przypominamy, że informacje te dzielą się na dwie grupy: informacje „ogólne” o znaczeniu nie tylko naukowym, lecz również praktycznym oraz informacje „wewnętrzne” o charakterze specjalistyczno-naukowym, rozsyłane do mniejszego kręgu odbiorców.

W roku 1974 ukazały się (poza wymienionymi w nr 6, 1975 „Kosmosu”) następujące informacje. Zakład Parazytologii PAN opracował informację sygnałną „ogólną” o badaniach nad wpływem robaczyc żołądkowo-jelitowych na produktywność owiec oraz informacje sygnałne „wewnętrzne”: o nowej metodzie wykrywania larw włośni (*Trichinella spiralis*) w tkankach zwierząt, o pierwotniakach z grupy *Euglenoidina* pasożytujących na widłonogu *Ergasilus sieboldi*, o wykorzystaniu pasożytów jako wskaźników mechanizmów rządzących liczebnością populacji żywiciela (na przykładzie nornika *Microtus arvalis*). Instytut

Biochemii i Biofizyki PAN przygotował informacje sygnałne „wewnętrzne” na temat badań nad regulacją biosyntezy aminokwasów siarkowych u grzyba *Aspergillus nidulans* oraz badań nad rybonukleazą zarodków żyta specyficznie rozkładającą cykliczne nukleotydy pirymidynowe, zaś Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN — informację sygnałną „wewnętrzną” o nowych wynikach badań nad budową i rolą kompleksów białek regulujących w mięśniu. Z Zakładu Ochrony Przyrody PAN pochodzą cztery informacje sygnałne „wewnętrzne”: o badaniach nad antropogenicznymi przemianami szaty roślinnej Ojcowskiego Parku Narodowego oraz dotycząca nowej publikacji — katalogu rezerwatów i pomników przyrody nieożywionej w Polsce, o programie ochrony zabytków przyrody nieożywionej w Polsce i wreszcie o studium nad przebiegiem północnej granicy Tatrzańskiego Parku Narodowego. Zakład Paleozoologii PAN przygotował informację sygnałną „wewnętrzną” o monograficznym opracowaniu otwornic z paleocenu Karpat polskich. Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN nadesłał informację „wewnętrzną” o badaniach nad dziedziczną różnorodnością laktoferryiny i jej rolą w systemie obronnym organizmu przed infekcją typu bakteryjnego.

W roku 1975 ukazały się następujące informacje sygnałne „ogólne”. Instytut Ekologii PAN przygotował opracowanie dotyczące dogłębowego stosowania czynników biologicznych w zwalczaniu stonki ziemniaczanej. Zakład Biologii Wód PAN opracował informację na temat wyników badań nad oczyszczaniem i utylizacją ścieków cukrowniczych w stawach rybnych oraz informację dotyczącą badań hydrobiologicznych zbiornika zaporowego w Goczałkowicach. Zakład Ochrony Przyrody PAN nadesłał informację o wynikach badań nad wpływem produktów częściowej neutralizacji SO_2 amoniakiem na własności biochemiczne gleby. Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN nadesłało opracowanie dotyczące automatycznego systemu szybkiej rejestracji i przetwarzania informacji o chorych po urazach czaszkowo-mózgowych i operacjach neurochirurgicznych. Zakład Fizjologii Akademii Medycznej w Łodzi przygotował opracowanie na temat badań nad udziałem peptydu tzw. substancji „P” w patofizjologicznym mechanizmie wstrząsu pourazowego. Klinika Neurologiczna Akademii Medycznej w Warszawie nadesłała informację o wynikach kompleksowych badań nad płodowym charakterem dziecięcego zaniku rdzeniowego (choroba Werdniga-Hoffmanna).

Opublikowano też następujące informacje sygnałne „wewnętrzne”. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN dostarczył dwa opracowania: informację na temat badań nad pozajądrową syntezą DNA jako pierwotnym procesem podczas kiełkowania żyta oraz informację dotyczącą nowej metody enzymatycznej izolacji protoplastów roślin jednoliściennych i ich zastosowania do badań mechanizmów hormonalnej regulacji metabolizmu kwasów nukleinowych. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN opracował informację o wynikach badań nad rolą okolicy tektopretektalnej kota w kodowaniu informacji wzrokowej oraz informację o postępach na polu badań nad ruchami aksoplazmy. Instytut Ekologii PAN przygotował informację o badaniach nad wpływem nawożenia mineralnego na biocenozę jezior różnych typów troficznych oraz informację o cyklu rozpraw poświęconych przepływowi energii i krążeniu materii w ekosystemach pól uprawnych. Zakład Genetyki Roślin PAN nadesłał opracowanie dotyczące metody oczyszczania roślinnych enzymów przy zastosowaniu chromatografii hydrofobowej i chromatografii powinowactwa oraz informację o metodzie optymalizacji dawek mutagenów umożliwiającej uzyskiwanie wysokiej częstotliwości mutacji u roślin uprawnych. Instytut Zoologii PAN opracował informację dotyczącą monografii muchówek z rodziny ślepakowatych (*Tabanidae*). Instytut Botaniki PAN przygotował informację o nowej książce „Mała Flora

Grzybów" t. I. Instytut Farmakologii Akademii Medycznej w Lublinie nadesłał informację o wynikach badań nad rolą 5-Hydroksytryptaminy w działaniu leków przeciwdrgawkowych.

W roku 1976 ukazały się dotychczas następujące informacje sygnałne „ogólne”. Instytut Ekologii PAN opracował informację na temat badań nad wpływem zrzutu wód podgrzanych z Elektrowni „Ostrołęka-B” na biocenozę Narwi i Jeziora Zegrzyńskiego. Zakład Parazytologii PAN przygotował informację dotyczącą wyników badań nad uodparnianiem owiec przeciw robaczycom płucnym. Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii Politechniki Łódzkiej nadesłał informację o metodzie otrzymywania ulepszonych drożdży piekarskich.

Ukazały się dotychczas następujące informacje sygnałne „wewnętrzne”. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN przygotował informację o wynikach badań nad mechanizmem regulacji cyklu skurczowo-rozkurczowego mięśni szkieletowych. Instytut Dendrologii PAN opracował informację o badaniach wartości produkcyjnej ras świerka w Polsce. Instytut Ekologii PAN przesłał dwa opracowania dotyczące: wpływu eksperymentalnego zwiększenia obsady ryb na biocenozę jezior oraz wpływu ryby planktonożernej tołpygi białej na czystość wód. Zakład Paleozoologii PAN przygotował informację o badaniach nad kopalnymi glonami z rzędu *Volvocales* i ich znaczeniu paleobiologicznym i paleoekologicznym. Zakład Parazytologii PAN opracował informację o wynikach badań nad wpływem pestycydów na przeżywanie i rozwój zarodkowy pasożytów. Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN nadesłało informację na temat badań nad wpływem hormonów tarczycy na metabolizm i termoregulację podczas pracy fizycznej. Instytut Fizyki Politechniki Poznańskiej przygotował informację dotyczącą badań nad mechanizmem przekazywania energii wzbudzenia w organizmach fotosyntetyzujących.

Barbara Ciesielska

EKOLOGIA CZŁOWIEKA WSPÓŁCZESNEGO

Dnia 10.V.1976 r. odbyła się w Łodzi sesja naukowa organizowana przez SKN przy Zakładzie Biologii i Parazytologii Lekarskiej IBM AM w Łodzi — „Ekologia człowieka współczesnego”. W sesji wzięli udział pracownicy naukowci i studenci Akademii Medycznej w Łodzi, Akademii Medycznej w Krakowie, Wojskowej Akademii Medycznej w Łodzi oraz Uniwersytetu Łódzkiego. Była to pierwsza tego typu sesja w środowisku łódzkim o szerokim interdyscyplinarnym wachlarzu problemów. Na sesji wygłoszono 19 referatów. Oprócz zagadnień medycznych poruszono problemy metodologiczne, filozoficzne i socjologiczne ekologii człowieka.

Referat wprowadzający w problematykę studenckiego ruchu naukowego zainteresowanego Ochroną Środowiska Sprzyjającego Zdrowiu wygłosił dr J. Dobrowolski, współpracownik prof. J. Aleksandrowicza z Akademii Medycznej w Krakowie. W dalszej części poruszono podstawowe problemy ekologii: metodologii badań strukturalno-systemowych i problem czasu (P. P. Liberski), wpływu zmian ekologicznych na socjosferę człowieka (D. F. Różański, H. Saryusz-Wolska) oraz na uwarunkowanie wad serca nabytych i wrodzonych w kontekście zagęszczenia populacji, zanieczyszczenia atmosfery i stresu (prof. J. Moll), karcinogenezy środowiskowej z uwzględnieniem czynników technologicznych (prof. I. Woźniak), wpływu warunków pracy w niektórych ośrodkach przemysłowych na powstawanie leukoplakii (dr O. Żabińska, P. Piątkowska, J. Młodawska, K. Bielecka), roli żywienia w zaburzeniach stanu uzębienia (dr G. Jeżewska) oraz

znaczenia grzybów wśród czynników biotycznych środowiska (E. Hyjek i E. Małecka).

W czasie dyskusji po pierwszej części wymieniono poglądy na temat karcinogenezy środowiskowej i stanów przedrakowych (doc. A. Kurnatowska, prof. L. Woźniak, dr O. Żabińska).

Część drugą konferencji cechowała większa różnorodność tematyczna. O wpływie promieniowania jonizującego na struktury biologiczne mówił prof. J. Liniecki. Następnie analizowano częstość wymian chromatyd, chromosomów metafazalnych, będącą testem wpływu czynników otoczenia na układ biotyczny (A. Krupniewicz, L. Legan), rolę metali ciężkich w środowisku człowieka (doc. J. Piotrowski), i ksenobiotyków (E. Zielińska), problem hałasu (dr E. Nowacka) oraz adaptacji układu biotycznego do fluktuacji jego otoczenia (A. Kapliński). Szerzej omówiono wpływ czynników środowiska na wystąpienie zaburzeń układu nerwowego: chorobę Minamata, czynnik geograficzny w SM, czynnik pokarmowy w chorobie Guam oraz zatrucie zewnątrzpochodne (J. Fanelak, A. Kapliński, P. P. Liberski, K. Radzyńska, T. Selmaj). Dalszymi zagadnieniami poruszonymi na sesji były filozoficzne oraz socjologiczne aspekty ekologii człowieka (dr P. Tobera, mgr M. Gałuszka) oraz problemy psychotroniki.

Na zakończenie obrad dr J. Dobrowolski poruszył problemy najnowszych trendów w dziedzinie ekologii i ochrony środowiska omawianych na przykładzie tematyki kongresu wielospecjalistycznego w Japonii.

P. P. Liberski

MIĘDZYNARODOWA KONFERENCJA W SPRAWIE SCHISTOSOMATOZY

Na III sesji Rady Zarządzającej UNEP (Program Narodów Zjednoczonych do spraw Środowiska) w 1975 r. wprowadzono do planu pracy zagadnienia pasożytnictwa, jako ważnego czynnika środowiska, a na początek przyjęto trzy tematy: pasożyty bawełny, malarię i schistosomatozę. W wyniku podjętej uchwały odbyły się narady ekspertów, którzy przygotowali w Kairze we wrześniu 1975 r. Międzynarodową Konferencję w sprawie Schistosomatozy. W konferencji tej wzięli udział specjaliści z różnych krajów, przede wszystkim z krajów rozwijających się, którzy dokonali ogólnego omówienia zagadnień związanych ze schistosomatozą.

Schistosomatoza jest jednym z najważniejszych problemów zdrowotnych w wielu krajach tropiku i subtropiku. Wywołwana jest przez trzy gatunki przywr: *Schistosoma japonicum*, *S. haematobium* i *S. mansoni*. U ludzi występuje dojrzała płciowo postać. Chorzy ludzie wydalają do środowiska zewnętrznego jaja przywr z kałem (*S. mansoni* i *S. japonicum*) lub moczem (*S. haematobium*). Z jaj wylęgają się w wodzie miracidia, które zarażają żywicieli pośrednich: kilka gatunków ślimaków z rodzaju *Oncomelania* dla *S. japonicum*, *Bulinus* dla *S. haematobium* i *Biomphalaria* dla *S. mansoni*. Każdy z tych żywicieli ma nieco inne wymagania środowiskowe.

Ślimaki z rodzaju *Bulinus* żyją głównie w wodach stojących lub wolno płynących, bogatych w muł i cząstki organiczne oraz w zbiornikach okresowych, wysychających. *Biomphalaria* żyje w wodach bieżących o niezbyt szybkim prądzie, głównie w strumieniach i kanałach nawadniających. *Oncomelania* jest ślimakiem ziemnowodnym, spotykanym w kanałach nawadniających, rowach przydrożnych, na polach ryżowych itp. Dojrzałe do inwazji cerkarie opuszczają ślimaka i aktywnie atakują ludzi, wnikać do ich organizmu poprzez skórę.

Oblicza się, że schistosomatoza występuje u ok. 200 mln ludzi w 71 krajach Afryki, Środkowego i Bliskiego Wschodu, Południowej Ameryki i na Wys-

pach Karaibskich. Ostatnio dał się zauważyć wzrost zachorowań na schistosomatozę, jak również przeniesienie jej z terenów endemicznych na nowe tereny. Jest to związane z nowymi przedsięwzięciami krajów rozwijających się; rozwija się system nawadniania i melioracji, zdobywa się nowe tereny pod uprawę, wzrasta uprzemysłowienie. Stwarza to z jednej strony warunki sprzyjające rozprzestrzenianiu się ślimaków-żywcili pośrednich *Schistosoma*, z drugiej strony powoduje nie spotykany dotychczas ruch ludności, która przenosi pasożyty na nowe tereny. Dlatego konieczne stało się opracowanie możliwie wszechstronnych i kompleksowych programów zwalczania schistosomatozy, gdyż samo leczenie ludzi chorych nie przyniosło pożądanych rezultatów. W opracowywanych programach szczególną uwagę poświęcono walce ze ślimakami.

Jednym z podstawowych sposobów walki ze ślimakami jest stosowanie środków chemicznych. System ten ma wielu zwolenników, gdyż daje szybkie efekty dzięki zlikwidowaniu jednego z ogniw koniecznych w rozwoju pasożyta i zapobieganiu rozprzestrzeniania się choroby. Jest to również jeden z tańszych środków zwalczania schistosomatozy, a dodatkową korzyścią jest zniszczenie przenosicieli innych chorób ludzi i zwierząt, na przykład fasciolozy, paramfistomatozy i schistosomatozy bydła. Światowa Organizacja Zdrowia subsyduje wiele badań laboratoryjnych i terenowych, co przyczyniło się do znacznego postępu w tej dziedzinie. Opracowuje się coraz to nowe środki chemiczne o zwiększonej efektywności działania przy możliwie słabej koncentracji i możliwie słabym ujemnym oddziaływaniu na środowisko. Jednocześnie prowadzi się badania nad najwłaściwszym doбором środków chemicznych w danym rejonie endemicznym nie tylko z punktu widzenia największej efektywności działania, ale i pod kątem kosztów zwalczania.

Stosowanie moluskocydów ma jednak wielu wrogów. Środki te są silnie toksyczne i w mniejszym lub większym stopniu naruszają biologiczną równowagę środowiska oraz stanowią potencjalne niebezpieczeństwo dla człowieka, zwierząt domowych i roślin uprawnych. Mogą zniszczyć naturalne łańcuchy pokarmowe, szczególnie w odniesieniu do ryb, które w pewnych rejonach są jedynym źródłem białka zwierzęcego dla miejscowej ludności. Dlatego ostatnio coraz większy nacisk kładzie się na badania związane ze zwalczaniem schistosomatozy poprzez odpowiednie kształtowanie warunków środowiska. Ten typ działania ma na celu przerwanie możliwości zamknięcia cyklu rozwojowego pasożyta. Jest to program trudniejszy, nie dający tak szybkich efektów. Wymaga on dogłębnej znajomości cyklu rozwojowego i wymagań pasożyta oraz ekologii jego żywicieli pośrednich, wymaga również znajomości obyczajów miejscowej ludności i ingerencji w te obyczaje poprzez podnoszenie standardu życia i podnoszenie poziomu oświaty sanitarnej.

Jednym z podstawowych działań jest ochrona wód przed zanieczyszczeniem jajami *Schistosoma*. Można to osiągnąć przede wszystkim przez budowę urządzeń sanitarnych i przyzwyczajanie ludności do korzystania z nich. Dodatkowo w celu zabicia jaj stosuje się chlorowanie i utlenianie ścieków oraz długie składowanie odchodów przed użyciem ich do nawożenia. Coraz częściej do melioracji używa się krytych przewodów, buduje się ogrodzenia, uniemożliwiające ludziom dostęp do wody, lokalizuje się nowe osiedla i szkoły z dala od zbiorników wodnych. Działania te są możliwe tylko w tym przypadku, jeżeli jednocześnie doprowadza się do osiedli bieżącą wodę i buduje baseny kąpielowe, pralnie itp., co ogranicza kontakty ludności z wodą w zbiornikach otwartych.

Badania społecznych i religijnych zwyczajów ludności w jednej z prowincji Egiptu, wykazały np., że ludność miejscowa obu płci niemal od urodzenia styka się wielokrotnie w ciągu dnia z wodą. Chłopcy poniżej 10 lat kontaktują się

z wodą głównie podczas pływania i zabawy, przy czym nagminne jest oddawanie moczu do wody. Starsza młodzież męska i dorośli mężczyźni — przy pracach polowych, pojeniu bydła, rytualnych ablucjach (5 razy dziennie). Dziewczynki poniżej 10 lat, podobnie jak chłopcy, chętnie zażywają kąpiele i bawią się w wodzie, kobiety wielokrotnie w ciągu dnia wchodzą do wody, gdzie myją naczynia i piorą. Pracującym w wodzie kobietom najczęściej towarzyszą małe dzieci, które kucając na kamieniach zanurzonych w wodzie narażają ok. 20% powierzchni ciała na atak cercarii. Wszystko to sprzyja zarażaniu się schistosomatozą.

Z kolei w niektórych rejonach Południowej Afryki stwierdzono, że założenie najprostszej kanalizacji doprowadzającej wodę do domów i zbudowanie tanich basenów w kilku wsiach znacznie obniżyło procent zachorowań na schistosomatozę.

Odpowiednie działania inżynierskie mogą stworzyć niekorzystne warunki dla rozwoju ślimaka. Szczególnie ważne jest uregulowanie strumieni oraz budowa kanałów o odpowiednim kształcie, głębokości i szybkości przepływu wody, jak również osuszanie bagien i zasypywanie naturalnych siedlisk dużych kolonii ślimaków, przede wszystkim starych kanałów i rowów. Daje to dodatkowe korzyści, bo osuszone tereny można zająć pod uprawę.

Szybkość przepływu wody w kanałach ma duże znaczenie, gdyż utrudnia lub uniemożliwia osiedlanie się ślimaków. Doświadczalnie stwierdzono, że *Biomphalaria glabrata* przyczepia się do podłoża przy szybkości przepływu wody 33 cm/sec. Przy mniejszej szybkości wędruje pod prąd, natomiast przy szybkości powyżej 65 cm/sec. była spłukiwana przez prąd wody. Optymalną szybkość przepływu wody z punktu widzenia zwalczania ślimaków należy ustalić dla różnych warunków. Będzie ona zależeć od kształtu kanału, jego głębokości, podłoża, roślinności itp.

Dobre rezultaty w zwalczaniu ślimaków uzyskuje się przez betonowanie kanałów, co zapobiega ich zarastaniu a tym samym uniemożliwia osiedlanie się ślimaków.

W niektórych rejonach dobre rezultaty osiągnięto przez zmianę poziomu wody w zbiornikach. Ślimaki pozostawione na brzegu po obniżeniu poziomu wody nie mogą wrócić do wody i wysychają, lub stają się pokarmem ptaków, gryzoni i innych zwierząt, które normalnie nie mają do nich dostępu. Częste i gwałtowne obniżki poziomu wody mogą być szczególnie skutecznym środkiem walki ze ślimakami w kanałach irygacyjnych i sztucznych zbiornikach.

Ostatnie badania wykazały, że nawet na polach ryżowych można pogorszyć warunki bytowania ślimaków. Stwierdzono, że możliwa jest uprawa ryżu bez stojącej wody, pod warunkiem, że utrzyma się wilgotność gleby bliską punktu nasycenia. Na Filipinach obliczono np., że na polu o stojącej wodzie było ok. 220 ślimaków na 1 m² a po wprowadzeniu sporadycznego nawadniania liczba ślimaków spadła poniżej 1 na 1 m², natomiast zbiory ryżu wzrosły o 50%. Przy okazji uległy likwidacji siedliska komarów.

Ekologiczne metody walki ze schistosomatozą nie we wszystkich rejonach dają dobre rezultaty i często należy je stosować w połączeniu ze zwalczaniem ślimaków środkami chemicznymi i leczeniem farmakologicznym chorych ludzi.

Wiele nadziei wiąże się z biologicznymi metodami walki ze schistosomatozą, ale próby wprowadzenia tych metod nie wyszły dotychczas poza laboratorium.

Przez walkę biologiczną rozumie się celowe działanie przy pomocy organizmów antagonistycznych na określoną fazę cyklu rozwojowego gatunku, prowadzące do zachwiania naturalnej równowagi i całkowitego zniszczenia lub zmniejszenia liczebności populacji zwalczanego gatunku.

Skuteczność walki biologicznej jest uzależniona od dobrej znajomości sche-

matu ilościowego przenoszenia schistosomatozy i właściwego określenia roli wszystkich komponentów w cyklu rozwojowym pasożyta. W opracowaniu tych zagadnień może być pomocne modelowanie matematyczne układu.

Walka biologiczna może być prowadzona w kilku płaszczyznach: (a) zwalczanie ślimaków za pomocą drapieżców, pasożytów lub przez konkurencyjne gatunki ślimaków, (b) likwidacja wolno żyjących stadiów *Schistosoma*, (c) wykorzystanie antagonistycznych układów między różnymi gatunkami przywr żyjących w tym samym żywicielu pośrednim, (d) manipulacje genetyczne mające doprowadzić do zastąpienia gatunków żywicielskich przez gatunki odporne na zarażenia. W tych dziedzinach uzyskano już pewne pozytywne rezultaty.

W warunkach laboratoryjnych obserwowano niszczenie ślimaków przez bakterie, pierwotniaki, małżoraczki, pijawki, pluskwiaki i ryby, jeżeli ich zagęszczenie w środowisku było odpowiednio duże. Wszystkie te organizmy występują wprawdzie w naturalnych ekosystemach pozostających w równowadze biologicznej, jednak wprowadzenie na ograniczone tereny większej liczby tych organizmów może być skuteczne w zwalczaniu populacji ślimaków.

Również dobre wyniki może dać wprowadzenie konkurencyjnych gatunków ślimaków. W warunkach laboratoryjnych *Biomphalaria* była wypierana przez *Helisoma duryi*, która charakteryzuje się większą rozrodczością. Stwierdzono też konkurencję między bliskimi gatunkami, zwłaszcza jeśli jeden z nich jest introdukowany do nowego środowiska. Na przykład w Brazylii *B. glabrata* sprowadzony na inny teren wyparł autochtoniczny gatunek *B. tenagophila*, podczas gdy przeniesiony na inne tereny *B. tenagophila* wyparł w ciągu kilku lat autochtoniczny gatunek *B. glabrata*. Podobnie *B. straminea* całkowicie wyparł zasiedlający uprzednio te tereny *B. glabrata*.

Likwidacja wolno żyjących stadiów *Schistosoma* dokonuje się przez kijanki, ryby i inne zwierzęta, które zjadają duże ilości cercarii. Szczególnie dobrym cercariofagiem okazała się w warunkach laboratoryjnych ryba *Lebistes reticulatus*.

Wśród rozwijających się w ślimakach stadiów rozwojowych przywr może wystąpić antagonizm sprowadzający się do drapieżnictwa (niektóre redie zjadają lub uszkadzają redie i sporocysty innych gatunków) lub do ograniczenia produkcji cercarii jednego z gatunków.

Manipulacje genetyczne na ślimakach sprowadzają się głównie do stosowania naświetlania w celu wywołania mutacji oraz do prób uzyskania potomstwa hybrydów. Udało się dotychczas uzyskać płodne potomstwo z krzyżówek między kilku gatunkami *Biomphalaria* oraz między czterema gatunkami *Oncomelania*. Z tych krzyżówek albinotyczny szczep *B. straminea* okazał się odporny na zarażenie *S. mansoni*. Ponieważ *B. straminea* wygrywa jednocześnie walkę konkurencyjną z *B. glabrata*, szczep ten może okazać się skuteczny w walce biologicznej.

Uzyskane dotychczas wyniki w walce biologicznej są raczej niewielkie i nie zostały sprawdzone w warunkach naturalnych. Natomiast inne metody, prowadzone w oparciu o szczegółowo opracowane programy dały w niektórych rejonach pozytywne rezultaty. Na podkreślenie zasługuje program japoński, który przyniósł pełny sukces. W programie japońskim zastosowano jednocześnie różne metody walki; zwalczanie ślimaków środkami chemicznymi; niszczenie siedlisk ślimaków poprzez wybetonowanie kanałów irygacyjnych, meliorację bagien i pól ryżowych; kanalizację osiedli; budowę basenów kąpielowych; zastąpienie nawozów naturalnych nawozami sztucznymi. Realizacja programu kosztowała wprawdzie ok. 3 mln dolarów, ale prócz podniesienia zdrowotności ludności, co było głównym celem programu, uzyskano dodatkowe tereny pod uprawę,

zwiększono plony i dochody z ziemi, co znacznie obniżyło realny koszt prowadzonej walki.

Międzynarodowe organizacje, jak np. WHO/UNDP i FAO propagują międzynarodową współpracę w badaniach nad zwalczaniem schistosomatozy. Pozwoli to na koordynację prowadzonych badań oraz ujednolicenie metod badawczych w laboratorium i w terenie, co powinno uczynić uzyskiwane wyniki bardziej porównywalnymi i podnieść efektywność wysiłków podejmowanych w celu likwidacji tej choroby poważnej, ze społecznego i ekonomicznego punktu widzenia.

Teresa Pojmańska, Bożena Grabda-Kazubska, Katarzyna Niewiadomska

NAGRODY PAŃSTWOWE ZA PRACE W ZAKRESIE NAUK BIOLOGICZNYCH

Nagrody I stopnia otrzymali:

Prof. dr hab. Wacław Gajewski, czł. rzecz. PAN

— za wybitne osiągnięcia w zakresie genetycznej regulacji procesów życiowych u drobnoustrojów.

Prof. dr hab. Adam Urbanek, czł. koresp. PAN

— za stworzenie teorii wyjaśniającej mechanizmy ewolucji wymarłej grupy zwierząt morskich — graptolitów.

СОДЕРЖАНИЕ

<i>Казимеж Лех Вежховски</i> — Проблемы молекулярной биофизики	505
<i>Анджей Моравецки</i> — Исследования в области биофизики в Польше	513
<i>Ванда Лейко</i> — Польское Биофизическое Общество и его деятельность	519
<i>Богуслава Ежовска-Тшебятовска</i> — Роль металлов в биологических системах	521
<i>Станослав Пшестальски</i> — Биологические оболочки, строение и функции	531
<i>Ванда Лейко</i> — Главные направления ведущихся исследований в Заведении Биофизики Биохимического и Биофизического Института Лодзинского университета	537
<i>Адам Ломницки</i> — Естественный отбор, ограниченный рост и регуляция численности популяций	539
<i>Божидар Шабуневич</i> — Первый полный генетический код „живого организма”	555
<i>Гертруда Биернат</i> — Геолого-Палеонтологические Коллекции научно-исследователь- ских Институтов и Музеев в Польше	563

CONTENTS

<i>Kazimierz Lech Wierzchowski</i> — Problems of molecular biophysics	505
<i>Andrzej Morawiecki</i> — Biophysical research in Poland	513
<i>Wanda Leyko</i> — Activities of Polish Biophysical Society	519
<i>Bogustawa Jeżowska-Trzebiatowska</i> — Role of metals in biocatal systems	521
<i>Stanisław Przestalski</i> — Biological membranes, their organization and function	531
<i>Wanda Leyko</i> — Chief fields of research work at the Department of Bio- physics of the Institute of Biochemistry and Biophysics of the Uni- versity of Łódź	537
<i>Adam Łomnicki</i> — Natural selection, limited growth and regulation of animal populations	539
<i>Bożydar Szabuniewicz</i> — The first complete genetic code of a „living organism”	555
<i>Gertruda Biernat</i> — Geological Palaeontological collections in Research Institutes and Museums of Poland	563

SPIS TREŚCI

W. O. — Sprawozdanie i materiały z plenarnego posiedzenia Wydziału II i Komitetu Biochemii i Biofizyki PAN poświęconego problemom biofizyki	503
Kazimierz Lech Wierzchowski — Problemy biofizyki molekularnej	505
Andrzej Morawiecki — Stan badań z zakresu biofizyki w Polsce	513
Wanda Leyko — Polskie Towarzystwo Biofizyczne i jego działalność	519
Bogusława Jeżowska-Trzebiatowska — Rola metali w układach biologicznych	521
Stanisław Przestalski — Błony biologiczne, organizacja i funkcja	531
Wanda Leyko — Główne kierunki badań prowadzonych w Zakładzie Biofizyki Instytutu Biochemii i Biofizyki UŁ	537
Adam Łomnicki — Dobór naturalny, ograniczony wzrost i regulacja wielkości populacji	539
Bożydar Szabuniewicz — Pierwszy pełny kod genetyczny „żywego organizmu”	555

DYSKUSJA I KRYTYKA

Gertruda Biernat — Geologiczno-paleontologiczne kolekcje instytutów naukowych i muzeów w Polsce	563
---	-----

KRONIKA NAUKOWA

Wiktor Janusz Pajor — Wirusostatyczne właściwości kwasu askorbinowego	567
---	-----

PRACE ZAKŁADÓW I INSTYTUTÓW NAUKOWYCH

Barbara Ciesielska — Wyniki badań w problemach Polskiej Akademii Nauk, uzyskane w 1975 r.	569
Barbara Ciesielska — Informacje sygnałne Wydziału II PAN	588
P. P. Liberski — Ekologia człowieka współczesnego	590
Teresa Pojmańska, Bożena Grabda-Kazubska, Katarzyna Niewiadomska — Międzynarodowa Konferencja w sprawie schistosomatozy	591

MISCELLANEA

Nagrody państwowe za prace w zakresie nauk biologicznych	596
--	-----

Tylko prenumerata zapewnia
regularne otrzymywanie
dwumiesięcznika

K O S M O S A

Prenumerata krajowa

Warunki prenumeraty

Cena prenumeraty krajowej

rocznie zł 90,—

półrocznie zł 45,—

Prenumeratę na kraj przyjmują Oddziały RSW „Prasa-Książka-Ruch” oraz urzędy pocztowe i doręczyciele w terminach:

- do dnia 25 listopada na styczeń, I-szy kwartał, I-sze półrocze i na cały rok następny,
- do dnia 10 następnego miesiąca poprzedzającego okres prenumeraty na pozostałe okresy roku bieżącego.

Jednostki gospodarki społecznej, instytucje i organizacje społeczno-polityczne oraz wszelkiego rodzaju inne zakłady pracy składają zamówienia w miejscowych Oddziałach RSW „Prasa-Książka-Ruch”.

Zakłady pracy w miejscowościach, w których nie ma Oddziałów RSW oraz prenumeratorzy indywidualni zamawiają prenumeratę w urzędach pocztowych lub u doręczycieli.

Prenumerata zagraniczna

Prenumeratę ze zleceniem wysiłki za granicę, która jest o 50% droższa od prenumeraty krajowej, przyjmuje RSW „Prasa-Książka-Ruch”, Centrala Kolportażu Prasy i Wydawnictw, ul. Towarowa 28 00-958 Warszawa Konto PKO nr 1531-71 w terminach podanych dla prenumeraty krajowej.

Bieżące i archiwalne numery można nabyć lub zamówić we Wzorcowni Wydawnictw Naukowych PAN-Ossolineum-PWN, Pałac Kultury i Nauki (wysoki parter) 00-901 Warszawa oraz w księgarniach naukowych „Domu Książki”.

A subscription order stating the period of time, along with the subscriber's name and address can be sent to your subscription agent or directly to Foreign Trade Enterprise Ars Polona-Ruch, 00-068 Warszawa, 7 Krakowskie Przedmieście, P.O. Box 1001, Poland. Please send payments to the account of Ars Polona-Ruch in Bank Handlowy S.A., 7 Traugutt Street, 00-067 Warszawa, Poland.

Indeks 36280

Kosmos A., XXV, 6, 503—598, Warszawa, grudzień 1976.