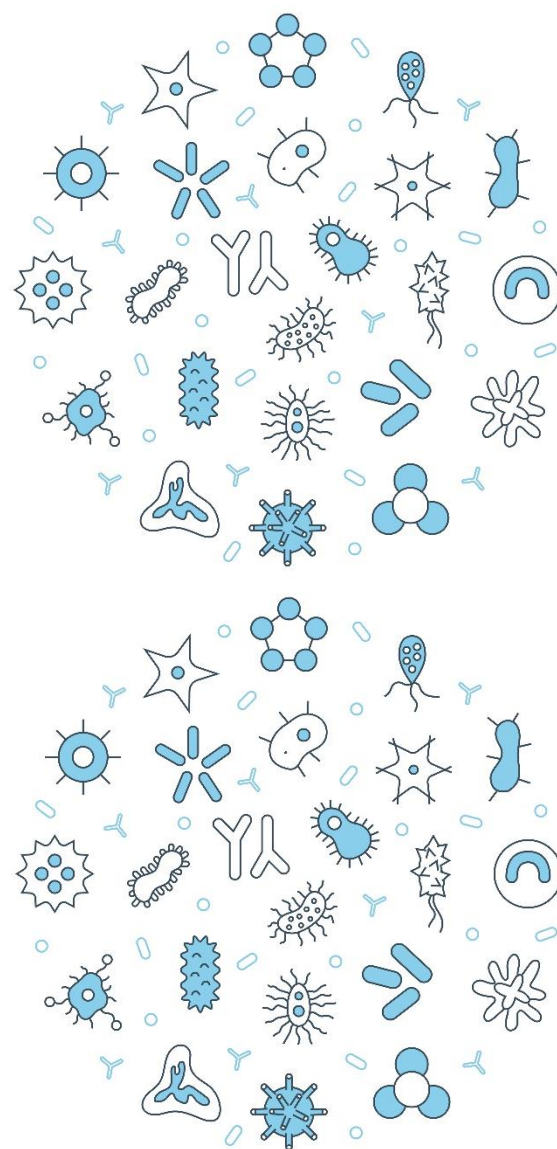


SYMPOZJUM MIKROBIOTA Abstrakty



22 MARCA 2023

POLSKIE TOWARZYSTWO BIOCHEMICZNE
INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI PAN



INSTYTUT
BIOCHEMII
I BIOFIZYKI
POLSKIEJ
AKADEMII NAUK

Od czego zależy ewolucja mikrobioty jelitowej po urodzeniu ?

Janusz Książyk

Klinika Pediatrii, Żywienia i Chorób Metabolicznych, CENTRUM ZDROWIA DZIECKA, Warszawa

Ludzki mikrobiom składa się z około 100 bilionów drobnoustrojów. Większość drobnoustrojów żyje w naszych jelitach. Mikrobiom człowieka pełni rozległe funkcje, takie jak: rozwój odporności, obrona przed patogenami, produkcja krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych, synteza witamin (B, B12), wpływ na zachowanie człowieka.

Na mikrobiom jelitowy niemowlęcia ma wpływ: wiek ciążowy (donoszony lub przedwczesny), sposób porodu (poród drogami natury lub cesarskie cięcie), rodzaj karmienia (mleko matki lub mieszanki przemysłowe), stan odżywienia matki (nadwaga lub niedożywienie), stosowanie antybiotyków.

Hospitalizacja (interwencje okołoporodowe lub środowisko szpitalne) może wpływać na mikroflorę pochwy i początkową kolonizację podczas porodu, z efektami, które mogą utrzymywać się w jelitach niemowląt 1 miesiąc po urodzeniu. W zdrowych ludzkich jelitach jest co najmniej 1000 różnych gatunków bakterii, w tym dwa główne typy: *Bacteroides* i *Firmicutes*.

Bacteroides, zwłaszcza *Bacteroides fragilis*, są bardziej dominujące po porodzie drogami natury.

Planowe i pilne cięcie cesarskie oraz śródporodowe antybiotyki skutkują inną mikroflorą przewodu pokarmowego, ale także mleka matki.

Różnica w rozwoju mikroflory bakteryjnej między cięciem cesarskim wykonanym w trybie planowym a nagłym może być związana z różnicą w stężeniu progesteronu, ponieważ progesteron sprzyja rozwojowi *Bifidobacterium* w późnym okresie ciąży.

Różnice między mikrobiomem jelitowym wcześniaków i noworodków urodzonych o czasie wynikają nie tylko z różnych stężeń oligosacharydów (Human Milk Oligosaccharides) w mleku matki, ale przede wszystkim z niedojrzałości narządów, częstego stosowania antybiotyków i pobytu w szpitalu na oddziałach intensywnej terapii noworodków.

Poza niską liczebnością *Bifidobacteria* i *Bacteroides*, mikroflora jelitowa wcześniaków charakteryzuje się niską różnorodnością i zwiększoną kolonizacją potencjalnie patogennych bakterii z rodziny Gram-ujemnych *Enterobacteriaceae* z typu *Proteobacteria*.

Wysokotłuszczowa dieta matki podczas ciąży zmniejszyła różnorodność mikroflory jelitowej potomstwa u młodych zwierząt w wieku 1 roku i trwale kształtuje mikrobiom jelitowy w młodości.

Skład mikrobiologiczny kału niemowląt jest skorelowany z masą ciała i przyrostem masy ciała matek w czasie ciąży. Wykazano istotny wpływ otyłości matki na skład mikrobiomu jelitowego potomstwa.

Większa liczba i różnorodność współmieszkańców i opiekunów może ułatwiać przenoszenie pożytecznych bakterii do przewodu pokarmowego niemowlęcia poprzez wspólne środowisko lub poprzez bezpośredni kontakt fizyczny i społeczny między matką a innymi domownikami.

Badania wskazują na wpływ palenia tytoniu na skład mikroflory jelitowej niemowląt oraz na możliwy wpływ palenia przez matkę na późniejszą nadwagę dziecka.

Karmienie piersią było istotnie związane z wyższym poziomem *B. bifidum*, *B. breve*, *B. dentium*, *Lactobacillus rhamnosus* i *Staphylococcus epidermidis* oraz niższym poziomem *Escherichia coli*.

Bakterie istnieją żywotnie w mleku matki, a *Staphylococcus spp.* kolonizują skórę brodawki piersi, dzięki czemu gatunki te mogą być bezpośrednio przenoszone z matki na niemowlę.

Stwierdzono, że większość szczepów *B. longum* zawiera geny z klastra genów oligosacharydów ludzkiego mleka (HMO), a po zaprzestaniu karmienia piersią większość szczepów *B. longum* nie nosiła już tych genów. Potencjalnie odzwierciedla to zdolność *B. longum subsp. infantis* i *subsp. longum* do wykorzystania oligosacharydów pochodzenia matczynego. Niemowlęta karmione mieszanką charakteryzowały się większym bogactwem gatunkowym z nadreprezentacją *Clostridium difficile*.

I jeszcze ... probiotyki ! O nich też warto powiedzieć.

Modyfikacje mikrobioty przewodu pokarmowego u dzieci: co mówią dane naukowe ?

Hanna Szajewska

Klinika Pediatrii Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego

„Czy probiotyki to pieniądze spuszczone w toalecie? Albo gorzej?” – pytają autorzy artykułu w JAMA – jednego z najlepszych czasopism medycznych. „Probiotyki nie działają. Dla większości z nas to tylko zbędny wydatek.” – donoszą media. To tylko dwa przykłady krytycznego podejścia do probiotyków, które pojawiły się w ostatnim czasie. Czy to prawda czy fałsz?

Zainteresowanie probiotykami, jak również prebiotykami, synbiotykami, postbiotykami oraz transferem mikrobioty, wynika z ogólnego zainteresowania mikrobiotą przewodu pokarmowego. Mikrobiota, czyli wszystkie mikroorganizmy (bakterie, archeony, eukarionty i wirusy) zasiedlające organizm człowieka, odgrywa kluczową rolę w programowaniu metabolizmu oraz układu odpornościowego. Zaburzenia w tej równowadze mogą mieć zarówno natychmiastowe, jak i długotrwałe konsekwencje dla zdrowia człowieka. Wpływają na ryzyko takich chorób jak martwicze zapalenie jelit (u wcześniaków), alergii, nadwagi i otyłości, cukrzycy oraz zaburzeń ze spektrum autyzmu.

W trakcie prezentacji zostaną przedstawione dane dotyczące czynników wpływających korzystnie i niekorzystnie na rozwój mikrobioty jelitowej we wczesnym okresie życia. Omówione zostaną również aktualne wytyczne dotyczące stosowania biotyków, szczególnie probiotyków. Warto zauważyć, że wytyczne te nie zawsze są zgodne, dlatego zostanie również zaproponowane, co robić w przypadku sprzecznych zaleceń różnych towarzystw naukowych. Podczas prezentacji omówione zostaną również kierunki aktualnych badań dotyczących mikrobioty oraz możliwości jej modyfikacji w wczesnym okresie życia.

Choroba Parkinsona a mikrobiota jelitowa - oś jelito-mózg i jak na nią wpływać

Monika Figura

Klinika Neurologii Wydziału Nauk o Zdrowiu Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego

Choroba Parkinsona (ChP) jest postępującą chorobą neurodegeneracyjną, dotykającą ponad 60 tys. chorych w Polsce. Jest to druga po chorobie Alzheimera najczęstsza choroba neurodegeneracyjna na świecie. Jej rozpoznanie opiera się na występowaniu charakterystycznych objawów klinicznych oraz dobrej odpowiedzi na leczenie lewodopą. Brak w chwili obecnej leków lub interwencji mogących spowalniać postęp choroby. Zwoje nerwowe przewodu pokarmowego zaangażowane są w patogenezę choroby Parkinsona na wczesnym etapie, przed rozwinięciem objawów ruchowych (drżenie, sztywność mięśniowa, spowolnienie ruchowe). Manifestacją kliniczną zajęcia zwojów nerwowych w przewodzie pokarmowym są zaparcia, zaburzenia motoryki żołądka, czy dysfagia. W związku z obecnością ciał Lewy'ego w obwodowym układzie nerwowym osób z ChP, zostały one wskazane jako możliwy potencjalny biomarker choroby na etapie przed zajęciem centralnego układu nerwowego. Nieznany jest czynnik spustowy wyzwalający ChP. Dysbioza jelitowa oraz wzmożona przepuszczalność jelit są jednym z elementów wskazywanych jako potencjalnie wyzwalające zapalenie. Określone szczepy bakterii jelitowych mogą wpływać przeciwzapalnie na oś jelito- mózg poprzez produkcję krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych, regulujących m.in. dojrzewanie mikrogleju, czy wytwarzanie mucyn modyfikujących przepuszczalność jelita. W dotychczas przeprowadzonych badaniach opisywano m.in. znamienne większą liczebność bakterii ze szczepów *Lactobacillaceae*, *Enterobacteriaceae* i *Enterococcaceae* i niższą *Lachnospiraceae* u chorych z ChP w porównaniu ze zdrową grupą kontrolną. Zmiany te korelowały z gorszym stanem ruchowym chorych. Transfer mikrobioty jelitowej (TMJ) jest obecnie uznaną metodą leczenia dysbiozy jelitowej w przypadkach infekcji *Clostridioides difficile*. Anegdotyczne dane z opisów przypadków i serii przypadków oraz badań na modelach zwierzęcych wskazują na potencjalnie korzystny wpływ krótko- i długoterminowy TMJ na objawy ruchowe i pozaruchowe ChP. W czasie wykładu przedstawione zostaną obecnie dostępne dane na temat roli mikrobioty jelitowej w patogenezie i leczeniu ChP oraz omówione zostaną doświadczenia własne ośrodka dotyczące trwającego badania wpływu TMJ na progresję ChP.

Wpływ dysbiozy mikrobiomu skóry na rozwój łuszczycy – terapeutyczne działanie probiotyków

Joanna Bogusławska

Zakład Biochemii i Biologii Molekularnej, Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego, Warszawa

Łuszczyca jest przewlekłą dermatozą zapalną o podłożu autoimmunologicznym. Histologicznie charakteryzuje się nadmierną proliferacją keratynocytów, oraz ich przedwczesnym dojrzewaniem. Patogeneza łuszczycy jest złożona, odgrywają w niej rolę m.in. zaburzenia immunologiczne i genetyczne oraz czynniki środowiskowe. Łuszczyca to nie tylko choroba skóry, ale także przewlekła, ogólnoustrojowa, autoimmunologiczna choroba zapalna, która dotyczy wielu narządów i tkanek. Niestety, w chwili obecnej nie ma molekularnych wystandaryzowanych i wiarygodnych markerów przebiegu tej choroby oraz oceny jej aktywności. Dotychczasowe badania sugerują, że analizy mikrobiomu skóry mogą dostarczyć takich potencjalnie użytecznych markerów. Skład gatunkowy tego mikrobiomu nie został w pełni poznany, uważa się jednak, że tworzą go głównie: *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes* i *Proteobacteria*, oraz grzyby z rodzaju *Malassezia*, *Aspergillus* i *Penicillium*, a także roztocza i wirusy. Główna rola mikrobiomu skóry polega na ochronie organizmu przed mikroflorą patogenną, wpływa również na funkcjonowanie układu odpornościowego w tym narządzie (SIS, z ang. Skin Immune System). Do tej pory opublikowano tylko kilka prac analizujących mikrobiom skórny pacjentów z łuszczycą, i we wszystkich wykazano jego dysbiozę. Co ciekawe, zaobserwowano również korelację między ilością niektórych mikroorganizmów a parametrami klinicznymi. Na duże znaczenie mikrobiomu w tej chorobie wskazuje obserwacja, że u myszy, którym podawano antybiotyki, lub trzymano je w sterylnym środowisku nie rozwijało się zapalenie skóry i rzadziej rozwijała się łuszczyca. Przywrócenie homeostazy mikrobiomu skóry może być skutecznym narzędziem terapeutycznym wspomagającym leczenie pacjentów z łuszczycą. Jedną z metod, która może w tym pomóc jest stosowanie probiotyków. Co ciekawe, nie badano jeszcze stosowania probiotyków bezpośrednio na skórę pacjentów z łuszczycą. Tego typu preparaty z sukcesem stosuje się w leczeniu atopowego zapalenia skóry. Nasze własne badania wykazały wpływ probiotyków na proliferację keratynocytów wyprowadzonych ze zmian łuszczycowych pacjentów z tą chorobą.

Leki a mikrobiota jelitowa - relacje dwustronne

Dorota Książczyńska

Katedra i Zakład Farmakologii, Uniwersytet Medyczny im. Piastów Śląskich we Wrocławiu

Zagadnienia związane z wpływem mikrobioty jelit na zdrowie budzą duże zainteresowanie, znacznie wykraczające poza świat nauki. Istnieją dowody wskazujące na możliwy udział zaburzeń jakościowych i/lub ilościowych mikrobioty jelitowej (określanych mianem dysbiozy) w etiopatogenezie wielu chorób, nie tylko w obrębie przewodu pokarmowego. Wtórnie, mnożą się publikacje o możliwych sposobach przywracania eubiozy, np. za pomocą probiotyków, prebiotyków, synbiotyków, eubiotyków czy transferu materiału pochodzenia kałowego.

Leki należą do najbardziej znanych egzogennych czynników modyfikujących mikrobiotę. Zwykle omawiane są w kontekście przyczyn dysbiozy jelitowej i jej typowych manifestacji klinicznych, np. zapalenia jelit wywołanego przez *C. difficile* czy zespołu przerostu bakteryjnego jelita cienkiego. Do niedawna w publikacjach podnoszono przede wszystkim wpływ antybiotykoterapii i inhibitorów pompy protonowej na ryzyko dysbiozy. O ile decyzja o włączeniu antybiotykoterapii pozostaje w zdecydowanej większości w gestii lekarzy, preparaty zmieniające pH w świetle przewodu pokarmowego, powszechnie dostępne bez recepty, należą do najczęściej używanych i nadużywanych leków w ramach samoleczenia. Obecnie wiadomo, że zależności między farmakoterapią a mikrobiotą są bardziej złożone niż pierwotnie zakładano, a lista farmaceutyków wpływających na mikrobiotę wykracza poza leki przeciwdrobnoustrojowe czy hamujące wytwarzanie kwasu solnego i obejmuje m.in. niektóre leki przeciwcukrzycowe czy statyny. Co więcej, nie są to relacje jednostronne, bowiem mikrobiota może również, pośrednio i bezpośrednio, oddziaływać na losy leków w organizmie i zmieniać oczekiwaną odpowiedź na leczenie. Nie można wykluczyć, że lepsze poznanie interakcji lek - mikrobiota nie tylko pomoże zrozumieć różnice osobnicze w odpowiedzi na leczenie, ale również w przyszłości ułatwi indywidualizację farmakoterapii.

Sztuczny przewód pokarmowy jako kluczowe narzędzie w badaniach mikrobioty

Piotr Kaczka

PRO-NOO-BIOTICS Sp. z o.o.

Dynamiczny, wielokomorowy model przewodu pokarmowego ssaków monogastrycznych wykonany w aktualnie najbardziej zaawansowanej technologii TWINSHIME® odwzorowuje gros procesów zachodzących w układzie pokarmowym, stanowiąc kluczowe narzędzie wspomagające pracę naukowców poruszających się w obszarze badawczym mikrobioty przewodu pokarmowego.

Opatentowany, zwalidowany TWINSHIME® pozwala na niezwykle wierną symulację fizjologicznych i patologicznych warunków począwszy od żołądka i jelita cienkiego (z możliwością wydzielenia odcinka dwunastnicy, jelita czczego i krętego), aż po jelito grube, które również można konfigurować celem symulacji warunków panujących w okrężnicy wstępującej, poprzecznej, zstępującej oraz esowatej. Możliwość wariantów konfiguracji jest ogromna i pozwala na dużą swobodę badawczą. Możemy, bowiem, skupić się na holistycznym podejściu do procesów trawienia i wchłaniania składników pokarmowych oraz homeodynamiki mikrobioty przewodu pokarmowego lub tylko na jego poszczególnych odcinkach.

Odcinki TWINSHIME® symulujące pracę żołądka i jelita cienkiego stanowią nieocenione narzędzie do analizy efektywności trawienia produktów pokarmowych i biodostępności substancji aktywnych wchodzących w skład żywności konwencjonalnej, ale także suplementów diety, żywności funkcjonalnej czy produktów leczniczych podawanych w różnych formach (tj. proszki, tabletki, kapsułki, itp.). Pozwala to m.in. na opracowywanie formułacji o przewidywalnej i dokładnie zaplanowanej kinetyce wchłaniania substancji aktywnych. Odcinki TWINSHIME® symulujące pracę jelita grubego pozwala na odwzorowanie krótko- i długoterminowych, fizjologicznych i patologicznych warunków trawienia, fermentacji i biologii (homeodynamiki) mikroflory w obszarze jelita grubego. Dodatkowo analizie mogą być poddawane zmiany w wydzielaniu i biodostępność metabolitów wtórnych mikrobiomu, czy zmiany profilu proporcji pomiędzy gatunkami drobnoustrojów symbiotycznych, a patogennych.

Bardzo wysoki współczynnik korelacji pozwala na maksymalne ograniczenie badań na zwierzętach i na ludziach ograniczając ich udział w badaniach klinicznych czy eksperymentach badawczych do niezbędnego minimum.

Przeszczepy mikrobioty w medycynie - szanse i ograniczenia

Paweł Grzesiowski

Ośrodek Badań i Przeszczepiania Mikrobioty Jelitowej, Centrum Medycyny Zapobiegawczej i Rehabilitacji, Fundacja Instytut Profilaktyki Zakażeń

Mikrobiom to zespół mikroorganizmów zasiedlających ludzki organizm, powiązanych z nim ewolucyjnie i funkcjonalnie. Przed wprowadzeniem molekularnych metod, poznano zaledwie ok. 1% gatunków drobnoustrojów symbiotycznych znajdujących się w ludzkim organizmie. W ostatnich latach dokonał się ogromny postęp w badaniach mikrobioty w różnych obszarach, takich jak układ pokarmowy, drogi moczowo-płciowe, drogi oddechowe, skóra. Mikrobiota stanowi niezbędny element homeostazy organizmu, może być uznana za „wielogatunkowy organ” zaangażowany w liczne procesy biologiczne, w tym aktywność metaboliczną, immunologiczną, neurologiczną, a także regulacją funkcji nabłonków, modulowanie odporności pierwotnej i nabytej. Wiele przewlekłych schorzeń określanych jako choroby cywilizacyjne, to przewlekłe choroby zapalne, takie jak otyłość, nieswoiste zapalenie jelit, cukrzyca, miażdżyca, których występowanie może być powiązane z pierwotnymi lub wtórnymi zaburzeniami mikrobioty. Liczne badania wykazały, że sposób odżywiania, leki, skażenie środowiska wpływają niekorzystnie na mikrobiom jelitowy, co może być przyczyną tych schorzeń.

Proces podawania kału od zdrowych dawców osobom chorym ma wielowiekową historię, był realizowany celem rekonstrukcji uszkodzonego mikrobiomu. Intensywny rozwój tej dziedziny obejmuje ostatnie 20 lat dzięki dostępności biologii molekularnej. Zabiegi transferu mikrobioty jelitowej, polegające na podaniu biorcy, wyizolowanej ze stolca, mikrobioty od zdrowego dawcy mają najsilniejsze dowody skuteczności w leczeniu nawrotowego zakażenia *Clostridioides difficile*. Pierwsze przeszczepy mikrobioty jelitowej w Polsce zrealizowano w naszym zespole w 2012 r. osiągając ponad 90% skuteczności klinicznej. Stosowanie przeszczepów mikrobioty w innych stanach, w tym w nieswoistych zapaleniach jelit, chorobach autoimmunologicznych czy zespole metabolicznym budzi kontrowersje ze względu na niejednoznaczne wyniki badań. Zachęcające są efekty tej metody u pacjentów z wrzodziejącym zapaleniem jelita grubego, chorobą Leśniowskiego-Cronha oraz nosicielstwem bakteryjnych szczepów wieloopornych, jednak upowszechnienie tej metody leczenia wymaga szerokich badań klinicznych.

Nowe trendy w badaniach probiotyków

Magdalena Kowalczyk¹, Olha Kostiuhenko^{1,2}, Julia Kopczyńska¹,
Tawakalt Ayodele^{1,3}, Monika Słomka^{1,3}, Martyna Godowska^{1,3},
Kinga Malczewska^{1,3}

1 Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Pracownia Biotechnologii Bakterii Mlekowych

2 Instytut Fizjologii im. O. Bohomolca Narodowej Akademii Nauk Ukrainy, Zakład Cytologii

3 Politechnika Warszawska, Wydział Chemiczny

Probiotyki i mikrobiom jelitowy stały się w ostatnich latach jednymi z bardziej gorących tematów w świecie nauki. Dzięki ogromnemu wzrostowi wiedzy na temat mikrobioty człowieka i znaczenia zaburzenia równowagi mikroorganizmów jelit, tzw. dysbiozy, w wielu chorobach i zespołach chorobowych, probiotyki zyskały nową rolę w przywracaniu równowagi ekosystemu jelitowego.

Aktualne trendy w badaniach probiotyków wskazują na możliwość wykorzystania do przywracania homeostazy w przewodzie pokarmowym również bakterii komensalnych. Ten typ probiotyków może mieć ponadto zastosowanie do odtwarzania naturalnego, zdrowego stanu innych ekosystemów m.in. jelita, pochwy, skóry. Probiotyki nowej generacji, oparte na szczepach wyizolowanych od ludzi, zidentyfikowane na podstawie porównawczych analiz mikrobiomu pomiędzy osobnikami zdrowymi i chorymi, ukierunkowane na konkretne choroby stanowią niewątpliwie przyszłość na rynku preparatów terapeutycznych. Niosą one ze sobą ogromny potencjał, m.in. ze względu na możliwość ich wykorzystania w medycynie spersonalizowanej. Jednakże ich szersze wprowadzenie na rynek wymagać będzie regulacji i ujednolicenia przepisów oraz przeprowadzenia szczegółowej oceny bezpieczeństwa. Probiotyki nowej generacji nie mają bowiem długiej historii bezpiecznego stosowania, a ich bezpieczeństwo nie jest jeszcze do końca udowodnione.

Równoległe cały czas prowadzi się badania nad tzw. tradycyjnymi probiotykami pozyskując z rozmaitych źródeł nowe mikroorganizmy reprezentujące różne rodzaje, również te dotychczas rzadko wykorzystywane. Selekcja i charakterystyka probiotycznych szczepów opiera się obecnie na klasycznych metodach mikrobiologicznych oraz analizie probiogenomicznej, których celem jest dokładne poznanie mechanizmów działania poszczególnych probiotyków.

Prezentowane badania są finansowane z Narodowego Centrum Nauki grant nr 2021/41/B/NZ9/02236 oraz przez IBB PAN - Mikrogrant: MG-1/21-17.

Dlaczego żywność bogata w przeciwutleniacze przewyższa suplementy diety zawierające te substancje w zachowaniu homeostazy redoks organizmu ludzkiego

Monika Kuczyńska, Patrycja Jakubek, Izabela Koss-Mikołajczyk,
Klaudia Suliborska, Barbara Kusznierevicz, Agnieszka Bartoszek

Wydział Chemiczny, Politechnika Gdańska

Sukces medialny przeciwutleniaczy, który obserwujemy od początku XXI wieku, zainicjowały doniesienia naukowe wiążące zagrożenie tzw. chorobami cywilizacyjnymi ze stresem oksydacyjnym powodowanym przez reaktywne formy tlenu (ROS). Nadmiarowi ROS w organizmie miałyby przeciwdziałać przeciwutleniacze obecne w żywności. Przeciwutleniacze zaczęły być utożsamiane z bioaktywnymi składnikami żywności, często nawet z pominięciem ich rzeczywistej reaktywności chemicznej. Niespotykane szybką odpowiedzią przemysłu było zaproponowanie konsumentom wciąż rosnącej liczby suplementów diety zawierających wyizolowane związki fitochemiczne jako remedium na dolegliwości powiązane ze stresem oksydacyjnym. Komercyjnym działaniom towarzyszył systematyczny rozwój badań nad homeostazą redoks, który bezlitośnie ujawnił niedostatki naszej wiedzy co do roli ROS w funkcjonowaniu ludzkiego organizmu i jego mikrobioty. Dotychczasowe badania pokazały też, że podejście farmakologiczne polegające na wykorzystaniu wyizolowanego "czynnika aktywnego", w tym przypadku jako antidotum na zaburzenia homeostazy redoks w przypadku składników żywności może się nie sprawdzać. Jak wykorzystać rosnącą wiedzę na potrzeby rekomendacji żywieniowych służących zachowaniu dobrostanu konsumenta?

POLSKIE TOWARZYSTWO BIOCHEMICZNE

www.ptbioch.edu.pl

INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI PAN

www.ibb.edu.pl

2023