

Ewa Jawień

Streszczenie pracy doktorskiej.

Analityka chemiczna wykorzystywana jest w wielu dziedzinach nauki, m.in. w badaniach fizykochemicznych, środowiskowych, czy w dziedzinach biologiczno-medycznych. W związku z poszukiwaniem nowych technologii autentykacji żywności wykorzystuje się metabolomikę, która opiera się na analityce chemicznej, biochemicznej i biologicznej.

Badania z użyciem narzędzi metabolomicznych już od ponad dekady są szeroko stosowane m.in. w diagnostyce medycznej czy badaniu żywności. Metody analityczne, takie jak spektroskopia magnetycznego rezonansu jądrowego i spektrometria mas w połączeniu z metabolomiką coraz częściej wykorzystywane są również w Polsce.

W ostatnich latach można zauważyć coraz częstsze sytuacje fałszowania żywności i sprzedaży produktów niższej jakości jako towarów pełnowartościowych. Z tego też względu ważnym staje się znalezienie metody, która pozwoliłaby na szybkie, tanie i nieskomplikowane badania produktów spożywczych i płodów rolnych.

Niniejsza dysertacja przedstawia badania z wykorzystaniem spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego, dotyczące metabolomicznej analizy produktów spożywczych i płodów rolnych takich jak: mak spożywczy, jaja kurze oraz zboża. Do największych zalet tych badań należy prostota i szybkość badań, a także fakt, iż w trakcie pojedynczego pomiaru można oznaczyć jakościowo jak i ilościowo wszystkie związki chemiczne bez wstępnego rozdziału poszczególnych grup związków do analizy.

W niniejszej rozprawie doktorskiej przedstawiono nowatorskie w skali kraju podejście do badania procesów jęlczenia oraz parzenia maku spożywczego, jak również do optymalizacji produkcji masy makowej. Stworzono profil przebiegu jęlczenia w oparciu o zmianę składu związków niskocząsteczkowych znajdujących się w maku spożywczym wraz z określeniem biochemicznych podstaw zmian zachodzących w ziarnach maku na skutek procesu jęlczenia.

W niniejszych badaniach skupiono się również na porównaniu profili metabolicznych żółtka i białka pochodzących od kur karmionych różnymi paszami. Jedne z nich były karmione standardową paszą, podczas gdy inne były karmione paszą z dodatkiem ziół o właściwościach przeciwnowotworowych takich jak żyworódka pierzasta (*Kalanchoe daigremontiana*) i lucerna siewna (*Medicago sativa*). Otrzymane wyniki nie wykazały znaczących różnic pomiędzy składem jaj pochodzących od kur karmionych różną paszą.

Drugim aspektem związanym z jajami kurzymi, który został poruszony w dysertacji doktorskiej była próba rozróżnienia profilu metabolicznego jaj ze względu na metodę chowu kur. Porównanie chowu ekologicznego, uważanego za najzdrowszy, z pozostałymi rodzajami chowu (wolnowybiegowego, ściółkowego i klatkowego) wykazało jedynie dwa istotne metabolity różniące omawiane grupy dla żółtka (glutamina, sarkozyna) i białka (kwas mrówkowy, cholina). Porównując między sobą inne rodzaje chowu zaobserwowano więcej różnic między badanymi grupami.

W poniższej pracy doktorskiej badanie pięciu rodzajów zbóż (pszenica, żyto, pszenżyto, owies, jęczmień) umożliwiło stworzenie profili metabolicznych każdego z nich. Badania te potwierdziły wcześniejsze doniesienia o tym, że owies charakteryzuje się największą zawartością kwasów tłuszczowych spośród zbadanych, jak również fakt, iż białko znajdujące się w zbożach jest niepełnowartościowe, pomimo tego najwięcej egzogennych aminokwasów znajduje się w pszenicy. Dodatkowo, udało się przy pomocy narzędzi metabolomicznych potwierdzić, iż pszenżyto jest genetyczną mieszanką pszenicy i żyta. Udowodniono również, że akumulacja różnej zawartości jonów metali ciężkich w odmienny sposób wpływa na profil metaboliczny każdego z badanych zbóż. Stworzono również mapy korelacji zależności stężeń jonów metali ciężkich zawartych w glebie z jonami metali ciężkich zawartych w roślinie. Ostatnim krokiem w badaniach metabolicznych zbóż było stworzenie wykresu z wykorzystaniem aplikacji MetPa, która potwierdziła, że akumulacja jonów metali ciężkich w największym stopniu wpływa na cykl kwasu cytrynowego, metabolizm alaniny, kwasu glutaminowego i kwasu asparaginowego, jak również metabolizmu BCAA.

Powyższa rozprawa doktorska potwierdza, iż badania metabolomiczne z zastosowaniem zaawansowanych metod chemometrycznych i statystycznych mogą być z powodzeniem wykorzystane do badań nad produktami spożywczymi i płodami rolnymi.