



Ελληνική Εταιρεία
Βιολογικών Επιστημών

45^ο Επιστημονικό Συνέδριο

21-23 Μαΐου 2026

Αφιερωμένο στη μνήμη του Καθηγητή Ιωάννη Τσιριπίδη



Πάρκο Καινοτομίας JOIST Λάρισα

ΠΡΑΚΤΙΚΑ PROCEEDINGS

Υπό την αιγίδα των Πανεπιστημίων:
Αθηνών, Θεσσαλονίκης, Θεσσαλίας, Πατρών, Θράκης,
Ιωαννίνων

ΔΕΝ ΤΥΠΩΝΕΤΑΙ

ΕΛΛΗΝΙΚΗ ΕΤΑΙΡΕΙΑ ΒΙΟΛΟΓΙΚΩΝ ΕΠΙΣΤΗΜΩΝ
HELLENIC SOCIETY FOR BIOLOGICAL SCIENCES

45° ΕΤΗΣΙΟ ΣΥΝΕΔΡΙΟ
45th ANNUAL CONFERENCE

ΠΡΑΚΤΙΚΑ PROCEEDINGS

21-23 Μαΐου 2026

May 21-23, 2026

ΛΑΡΙΣΑ

Πάρκο Καινοτομίας Joist

ΕΚΔΟΣΗ

ΕΛΛΗΝΙΚΗ ΕΤΑΙΡΕΙΑ ΒΙΟΛΟΓΙΚΩΝ ΕΠΙΣΤΗΜΩΝ

Πρόεδρος: Καθηγητής Παναγιώτης Παφίλης
Γραμματέας: Καθηγητής Αλέξης Γαλάνης
Διεύθυνση: Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, ΔΠΘ, Αλεξανδρούπολη

Ιστοσελίδα: <https://www.eebe.gr/45o-epistimoniko-synedrio-eeve/>

© Ελληνική Εταιρεία Βιολογικών Επιστημών, 2026

ΧΟΡΗΓΟΙ

- Ο.ΦΥ.ΠΕ.Κ.Α.
- ΠΝΟΗ Κ. ΣΙΣΜΑΝΙΔΗΣ ΕΠΕ
- Novogene
- ANTISEL
- BioAnalytica S.A.
- BIOLine
- Εκδόσεις Π.Χ. ΠΑΣΧΑΛΙΔΗΣ – BROKEN HILL
- LabSupplies Scientific
- Hellamco
- Μουσείο Ζωολογίας Πανεπιστημίου Αθηνών
- Athens International Master's Programme in Neurosciences
- ΑΚΑΔΗΜΑΪΚΕΣ ΕΚΔΟΣΕΙΣ

Διοικητικό Συμβούλιο ΕΕΒΕ (2025-2027)

Πρόεδρος: Παναγιώτης Παφίλης (ppafil@biol.uoa.gr)

Αντιπρόεδρος: Ευστράτιος Βαλάκος (evalakos@biol.uoa.gr)

Γραμματέας: Αλέξης Γαλάνης (agalanis@mbg.duth.gr)

Ταμίας: Κωνσταντίνος Σαγώνας (ksagonas@bio.auth.gr)

Μέλη: Δήμητρα Ντάφου (dafoud@bio.auth.gr)

Ευθυμία Αντωνοπούλου (eantono@bio.auth.gr)

Μαρία Ελένη Χοβαλοπούλου (marilenachon@biol.uoa.gr)

Οργανωτική Επιτροπή

Πρόεδρος: Σ. Παπουτσοπούλου – Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Μέλη: Π. Παφίλης – Εθνικό Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών

Ε. Βαλάκος – Εθνικό Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών

Α. Γαλάνης – Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης

Κ. Σαγώνας – Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

Δ. Ντάφου – Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

Ε. Αντωνοπούλου – Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

Μ. Χοβαλοπούλου – Εθνικό Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών

Χ. Πατεράκη – Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Σ. Μάρρας - Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Ν. Καντσάδη - Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Λ. Σαραφίδου - Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Π. Παπαδοπούλου - Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Σ. Σάρρου – Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Φ. Παρασκευά – Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Γ. Σίμος - Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

ΧΑΙΡΕΤΙΣΜΟΣ ΤΗΣ ΟΡΓΑΝΩΤΙΚΗΣ ΕΠΙΤΡΟΠΗΣ

Με μεγάλη χαρά καλωσορίζουμε όλους τους συνέδρους στο 45^ο Συνέδριο της Ελληνικής Εταιρείας Βιολογικών Επιστημών που διοργανώνεται φέτος στη Λάρισα. Είναι η πρώτη φορά που η πόλη φιλοξενεί το Συνέδριο της ΕΕΒΕ, στοιχείο που καταδεικνύει την υψηλής ποιότητας δραστηριότητα των Τμημάτων και Σχολών του Πανεπιστημίου Θεσσαλίας που έχουν την έδρα τους στην Λάρισα.

Όπως γνωρίζουν όλοι όσοι παρακολουθούν το Συνέδριο, η ιδιαιτερότητά του έγκειται στη «φοιτητοκεντρική» δομή του, καθώς προσφέρει βήμα σε φοιτητές που πραγματοποιούν την πρώτη τους επιστημονική ανακοίνωση. Παράλληλα, στο Συνέδριο παρουσιάζουν το ερευνητικό τους έργο καταξιωμένοι συνάδελφοι με μακρά επιστημονική πορεία. Μέσα στις τρεις ημέρες του Συνεδρίου, οι συμμετέχοντες θα έχουν την ευκαιρία να έρθουν σε επαφή με όλο το ευρύ φάσμα των Βιολογικών Επιστημών.

Το Συνέδριο τελεί και αυτή τη χρονιά υπό την αιγίδα των Τμημάτων Βιολογίας του ΕΚΠΑ, του ΑΠΘ και του Παν. Πατρών, του Τμήματος Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής του ΔΠΘ και βέβαια του Τμήματος Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας του Παν. Θεσσαλίας. Η υλοποίηση μιας απαιτητικής διοργάνωσης στην οποία συμμετέχουν εκατοντάδες συνέδριοι δεν θα ήταν εφικτή δίχως τους χορηγούς και τους υποστηρικτές μας. Θερμές ευχαριστίες για την διαρκή υποστήριξη μέσα στα πολλά χρόνια που οργανώνεται το Συνέδριο.

Από το 45^ο Συνέδριο, η ΕΕΒΕ θεσπίζει δύο βραβεία στη μνήμη του Καθηγητή Ι. Δ. Μπέη, του επί χρόνια Προέδρου της Εταιρείας που αναμόρφωσε τη δομή του συνεδρίου εστιάζοντας στους φοιτητές και τους νέους ερευνητές. Έπειτα από αξιολόγηση από ειδική επιτροπή, θα βραβευθούν η καλύτερη παρουσίαση από προπτυχιακούς φοιτητές (200 ευρώ) και από μεταπτυχιακούς φοιτητές ή υποψήφιους διδάκτορες (300 ευρώ).

Το φετινό Συνέδριο της ΕΕΒΕ είναι αφιερωμένο στην μνήμη του Γιάννη Τσιριπίδη, Καθηγητή Φυτοκοινωνιολογίας Χερσαίων Τύπων Βλάστησης στο Τμήμα Βιολογίας του ΑΠΘ, ενός αφοσιωμένου δασκάλου, παθιασμένου ερευνητή και ζεστού ανθρώπου με χιούμορ και ήθος.

Ευχόμαστε στους συνέδρους ένα επιστημονικά γόνιμο τριήμερο στη Λάρισα, γεμάτο από νέες γνώσεις και καινούργιες γνωριμίες. Καλή επιτυχία στις εργασίες του Συνεδρίου!

Με συναδελφικούς χαιρετισμούς

Η Οργανωτική Επιτροπή

ΣΗΜΕΙΩΜΑ ΜΝΗΜΗΣ ΙΩΑΝΝΗ ΤΣΙΡΙΠΙΔΗ



Ο Γιάννης Τσιριπίδης γεννήθηκε στη Θεσσαλονίκη το 1971 και σπούδασε στο Τμήμα Δασολογίας και Φυσικού Περιβάλλοντος του Αριστοτελείου Πανεπιστημίου Θεσσαλονίκης (ΑΠΘ), λαμβάνοντας το πτυχίο του το 1994. Στη συνέχεια εκπόνησε διδακτορική διατριβή, εργάστηκε ως διδάσκοντας με το Π.Δ. 407/80 στο Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης και το 2004 εντάχθηκε στο Εργαστήριο Συστηματικής Βοτανικής και Φυτογεωγραφίας του Τμήματος Βιολογίας ΑΠΘ, αρχικά ως λέκτορας και από το 2023 ως Καθηγητής, υπηρετώντας το αντικείμενο της βλάστησης. Η διδακτορική του διατριβή επικεντρώθηκε στις φυτοκοινωνίες των δασών οξιάς της Ροδόπης, ενώ στη συνέχεια η ερευνητική του δραστηριότητα επεκτάθηκε σε ένα ευρύ φάσμα ενδιαιτημάτων, που περιλαμβάνει δασικά, λιβαδικά και υγροτοπικά οικοσυστήματα. Επιπρόσθετα, σημαντικό μέρος

του έργου του αφορά στην ανάλυση και ερμηνεία προτύπων φυτοποικιλότητας και μηχανισμών συνάθροισης ειδών. Το δημοσιευμένο έργο του περιλαμβάνει 91 επιστημονικές εργασίες σε διεθνή περιοδικά και 18 βιβλία ή κεφάλαια βιβλίων, κι έναν σημαντικό αριθμό από προφορικές και αναρτημένες ανακοινώσεις σε εθνικά και διεθνή συνέδρια. Το έργο αυτό καλύπτει ένα ευρύ φάσμα θεμάτων της επιστήμης της βλάστησης και της οικολογίας φυτών, στον πυρήνα του οποίου βρίσκονται φυτοκοινωνιολογικές μελέτες που επικεντρώνονται στην περιγραφή και τη συνταξινόμηση της βλάστησης.

Καθ' όλη τη διάρκεια της σταδιοδρομίας του συνέλεξε εκτενή δεδομένα πεδίου, ενώ κεντρικό του όραμα αποτέλεσε η ανάπτυξη της Βάσης Δεδομένων Βλάστησης της Ελλάδας, η οποία θα συγκέντρωνε όσο το δυνατόν περισσότερες δημοσιευμένες δειγματοληπτικές επιφάνειες βλάστησης. Προς αυτή την κατεύθυνση εργάστηκε συστηματικά μαζί με στενούς συνεργάτες, οι οποίοι αναλαμβάνουν πλέον τη συνέχεια και την ολοκλήρωση της προσπάθειας δημοσίευσης του έργου αυτού. Παράλληλα, συμμετείχε ενεργά σε διεθνείς πρωτοβουλίες μεγάλης κλίμακας (π.χ. EVA, sPlot), προωθώντας τη χρήση εκτεταμένων βάσεων δεδομένων βλάστησης. Κατά τα τελευταία χρόνια, το ερευνητικό έργο του επεκτάθηκε στη λειτουργική οικολογία φυτών, μέσω της συλλογής δεδομένων λειτουργικών χαρακτηριστικών της ελληνικής χλωρίδας, θέτοντας τις βάσεις για τη δημιουργία της Βάσης Δεδομένων Λειτουργικών Χαρακτηριστικών της Ελλάδας. Η πρωτοβουλία αυτή αποτελεί σημαντικό βήμα για τη μελέτη της λειτουργικής ποικιλότητας και την υποστήριξη τεκμηριωμένων πρακτικών διαχείρισης οικοσυστημάτων.

Παράλληλα με την ερευνητική του δραστηριότητα, είχε διαχρονική συμβολή σε εφαρμοσμένες δράσεις διαχείρισης και προστασίας της φύσης, μέσω της παρακολούθησης και της αξιολόγησης της κατάστασης διατήρησης των τύπων οικοτόπων στο πλαίσιο του δικτύου Φύση 2000. Σημαντική πτυχή της δραστηριότητάς του στον τομέα αυτό υπήρξε ο συντονισμός και η ουσιαστική συμβολή του στη σύνταξη του επικαιροποιημένου επεξηγηματικού εγχειριδίου των τύπων οικοτόπων της Ελλάδας. Επιπρόσθετα, συμμετείχε σε εθνικές και διεθνείς επιστημονικές επιτροπές, όπως η Επιτροπή «Φύση 2000» και η Ομάδα Εργασίας για την Εθνική Στρατηγική για τα Δάση.

Η ακαδημαϊκή του δραστηριότητα συνδυάστηκε με ουσιαστική συμβολή στην εκπαίδευση νέων επιστημόνων. Μέσα από την επίβλεψη τριών διδακτορικών διατριβών, πολυάριθμων μεταπτυχιακών διατριβών, καθώς και τη συμμετοχή του στη διδασκαλία

προπτυχιακών και μεταπτυχιακών μαθημάτων, συνέβαλε στη διαμόρφωση μιας νέας γενιάς ερευνητών στον τομέα της βλάστησης. Υπήρξε ένας αφοσιωμένος δάσκαλος. Η έμφαση που έδινε στην ανάπτυξη της επιστημονικής σκέψης και στη διατύπωση ερευνητικών ερωτημάτων αποτέλεσε βασικό στοιχείο της εκπαιδευτικής του προσέγγισης. Ιδιαίτερη βαρύτητα έδινε επίσης στη σημασία της έρευνας πεδίου ως αναπόσπαστου μέρους της μελέτης της βλάστησης, συμβάλλοντας στην εξοικείωση των νέων ερευνητών με τις πρακτικές της δειγματοληψίας και της ερμηνείας των φυτοκοινοτήτων.

Στο Τμήμα Βιολογίας ΑΠΘ υπήρξε ένας πολύτιμος συνεργάτης και αξιόπιστος συνάδελφος, προσφέροντας αποτελεσματικά διοικητικό έργο όπου του ζητήθηκε. Υπηρέτησε το Τμήμα από διαφορετικές θέσεις, ως Διευθυντής του Τομέα Βοτανικής, Διευθυντής του Εργαστηρίου Συστηματικής Βοτανικής και Φυτογεωγραφίας και μέλος σημαντικών επιτροπών με έργο καθοριστικό για την πορεία του.

Βασικά χαρακτηριστικά του Γιάννη Τσιριπίδη υπήρξαν η εργατικότητα και η αποτελεσματικότητά του, τα οποία αποτυπώνονταν με συνέπεια σε κάθε πτυχή της επιστημονικής του δραστηριότητας. Εργαζόταν με ιδιαίτερη αφοσίωση και επιμονή, αντιμετωπίζοντας την έρευνα όχι απλώς ως επαγγελματική υποχρέωση αλλά ως κεντρικό άξονα της επιστημονικής του πορείας. Η βαθιά του προσήλωση στην επιστήμη της βλάστησης αποτέλεσε κινητήρια δύναμη για το έργο του και επηρέασε ουσιαστικά τη συνολική του στάση και παρουσία, εντός και εκτός του ακαδημαϊκού χώρου. Υπηρέτησε με συνέπεια και αφοσίωση το ερευνητικό αντικείμενό του συμβάλλοντας καθοριστικά στην κατανόηση της βλάστησης και της φυτοποικιλότητας στην Ελλάδα. Υπήρξε ένας από τους πλέον δραστήριους και παραγωγικούς Έλληνες βοτανικούς των τελευταίων δεκαετιών. Ως άνθρωπος ήταν χαμηλών τόνων αλλά με ισχυρή προσωπικότητα και απόψεις, αποτελεσματικός και επιδραστικός αλλά όχι θορυβώδης. Επικοινωνούσε ουσιαστικά με τους γύρω του, με ευγένεια, ήθος και συχνά παιχνιδιάρικη διάθεση, με το πανταχού παρόν χαμηλότονο χιούμορ του.

Ο Γιάννης Τσιριπίδης απεβίωσε πρόωρα στις 23 Φεβρουαρίου 2026, σε ηλικία 55 ετών. Η ξαφνική απώλειά του βύθισε στη λύπη τους συναδέλφους, συνεργάτες και φοιτητές του. Η πρόωρη απώλειά του άφησε ένα σημαντικό κενό στην ελληνική και διεθνή επιστημονική κοινότητα. Όμως το αποτύπωμά του, τόσο στην επιστήμη όσο και τους ανθρώπους με τους οποίους συνεργάστηκε, είναι ισχυρό. Το έργο του, οι επιστημονικές υποδομές που συνέβαλε να δημιουργηθούν και οι ερευνητές που εκπαιδευσε διασφαλίζουν ότι η συμβολή του θα συνεχίσει να επηρεάζει ουσιαστικά την εξέλιξη της επιστήμης της βλάστησης στην Ελλάδα.

Τα μέλη του Εργαστηρίου Συστηματικής Βοτανικής και Φυτογεωγραφίας
Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης



Η Οργανωτική Επιτροπή δεν φέρει ευθύνη για το περιεχόμενο των περιλήψεων.

The Organizing Committee has no responsibility for the content of the abstracts.

Οι εργασίες έχουν ταξινομηθεί αλφαβητικά με βάση το όνομα του πρώτου συγγραφέα, γραμμένο στην ελληνική γλώσσα. Οι σελίδες 1-22 περιλαμβάνουν τις εργασίες των προσκεκλημένων Ομιλητών ενώ οι σελίδες 23-36 περιλαμβάνουν τις εργασίες των Νέων Ερευνητών

Papers have been arranged alphabetically according to the Hellenic-written name of the first author. Pages 1-22 include the papers of the invited speakers while pages 23-36 include the papers of the Young Researchers.

Επιμέλεια Έκδοσης Πρακτικών

Κωνσταντίνος Σαγώνας

Αλέξης Γαλάνης

Ευστράτιος Δ. Βαλάκος

Από την επιλογή "Bookmarks" μπορείτε να πλοηγηθείτε στις περιλήψεις

ΔΕΝ ΤΥΠΩΝΕΤΑΙ

ΤΟ *MELOIDOGYNE INCOGNITA* ΣΤΑ ΦΥΤΑ: ΜΗΧΑΝΙΣΜΟΙ ΕΓΚΑΤΑΣΤΑΣΗΣ ΚΑΙ ΣΤΡΑΤΗΓΙΚΕΣ ΒΙΟΛΟΓΙΚΗΣ ΑΝΤΙΜΕΤΩΠΙΣΗΣ

Ιωάννης -Δημοσθένης Σ. Αδαμάκης

Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, Ελλάδα,
email: iadamaki@biol.uoa.gr

Στο πλαίσιο της μελέτης της αλληλεπίδρασης του φυτοπαρασιτικού νηματώδους *Meloidogyne incognita* με τα φυτά, διερευνώνται τόσο οι μηχανισμοί εγκατάστασης του παθογόνου όσο και οι δυνατότητες αντιμετώπισής του. Αποτελέσματα από μελέτες στο *Arabidopsis thaliana* και στην τομάτα δείχνουν ότι η εγκατάσταση και η λειτουργία των γιγαντοκυττάρων, τα οποία αποτελούν εξειδικευμένες θέσεις διατροφής του νηματώδους στη ρίζα, συνδέονται με εκτεταμένη αναδιοργάνωση του κυτταρικού τοιχώματος, κυρίως ως προς την κατανομή πηκτινών και ημικυτταρινών, καθώς και με μεταβολές στη ρύθμιση της αυξίνης. Η αυξημένη ευπάθεια του μεταλλάγματος κατανίνης *fra2* του *A. thaliana* υποδηλώνει τον καθοριστικό ρόλο της οργάνωσης των μικροσωληνίσκων και της λειτουργίας της κατανίνης στην άμυνα του φυτού έναντι του νηματώδους. Παράλληλα, η απουσία του μεταφορέα εκροής αυξίνης PIN1 από τις μεμβράνες των γιγαντοκυττάρων της τομάτας υποστηρίζει τη δημιουργία τοπικού μέγιστου αυξίνης, το οποίο φαίνεται να ευνοεί την ανάπτυξη της παρασιτικής δομής. Πέρα από τη διερεύνηση των μηχανισμών παθογένειας, αναδεικνύονται και εφαρμοστικές δυνατότητες αντιμετώπισης του *M. incognita*, όπως η χρήση οξικού οξέος, που ενεργοποιεί αμυντικούς μηχανισμούς της τομάτας και αναστέλλει την ανάπτυξη των γιγαντοκυττάρων, καθώς και η αξιοποίηση ελληνικών στελεχών *Streptomyces* με νηματωδοκτόνο δράση. Συνολικά, η συγκεκριμένη μελέτη συμβάλει στην κατανόηση της αλληλεπίδρασης φυτού–νεματώδους και αναδεικνύουν νέες προοπτικές για βιώσιμες στρατηγικές φυτοπροστασίας.

**MELOIDOGYNE INCOGNITA IN PLANTS: MECHANISMS OF ESTABLISHMENT
AND BIOLOGICAL CONTROL STRATEGIES**

Ioannis-Dimosthenes S. Adamakis

*Section of Botany, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, Greece,
email: iadamaki@biol.uoa.gr*

Within the study of the interaction between the plant-parasitic nematode *Meloidogyne incognita* and plants, mechanisms underlying pathogen establishment and potential strategies for control are being investigated. Results from studies in *Arabidopsis thaliana* and tomato show that the establishment and function of giant cells, which serve as specialized feeding sites in roots, are associated with extensive cell wall reorganization, particularly in the distribution of pectins and hemicelluloses, as well as alterations in auxin regulation. The increased susceptibility of the *fra2* mutant in *A. thaliana* indicates the critical role of microtubule organization and katanin activity in plant defense against the nematode. In parallel, the absence of the auxin efflux carrier PIN1 from giant cell membranes in tomato supports the formation of a local auxin maximum, which appears to favor the development of the parasitic feeding structure. Beyond elucidating pathogenicity mechanisms, promising strategies for the management of *M. incognita* are also highlighted, including the use of acetic acid, which activates tomato defense responses and suppresses giant cell development, as well as the exploitation of Greek *Streptomyces* strains with nematicidal activity. Altogether, these findings contribute to a better understanding of plant–nematode interactions and reveal new perspectives for the development of sustainable crop protection strategies.

Ο ΑΝΑΔΥΟΜΕΝΟΣ ΡΟΛΟΣ ΤΩΝ ΑΣΤΡΟΚΥΤΤΑΡΩΝ ΣΤΗΝ ΠΑΘΟΓΕΝΕΣΗ ΑΥΤΟΑΝΟΣΩΝ ΚΑΙ ΝΕΥΡΟΕΚΦΥΛΙΣΤΙΚΩΝ ΝΕΥΡΟΛΟΓΙΚΩΝ ΝΟΣΗΜΑΤΩΝ

Χάρης Αλεξόπουλος

Τομέας Κυτταρικής Βιολογίας και Βιοφυσικής, Τμήμα Βιολογίας, ΕΚΠΑ

Τα αστροκύτταρα, για δεκαετίες θεωρούμενα απλώς «υποστηρικτικά» κύτταρα του κεντρικού νευρικού συστήματος, κατέχουν πλέον κεντρικό ρόλο στην παθογένεση ενός ευρέος φάσματος νευρολογικών νοσημάτων. Θα εξετάσουμε τον αναδυόμενο ρόλο τους σε αυτοάνοσες και νευροεκφυλιστικές παθήσεις, αναδεικνύοντας μια ουσιαστική επανεκτίμηση της βιολογίας τους.

Σε φυσιολογικές συνθήκες, τα αστροκύτταρα ρυθμίζουν την ομοιόσταση του εξωκυτταρίου χώρου, συντηρούν τον αιματο-εγκεφαλικό φραγμό, διαμορφώνουν τις συναπτικές συνδέσεις και παρέχουν τροφική υποστήριξη στους νευρώνες. Ωστόσο, υπό παθολογικές συνθήκες είτε υφίστανται λειτουργική μετατροπή σε αντιδραστικά αστροκύτταρα — μια διαδικασία γνωστή ως αστρογλοίωση είτε αποτελούν κύτταρα-στόχους της παθολογικής διεργασίας.

Αρχικά, στην Οπτική Νευρομυελίτιδα, τα αστροκύτταρα αποτελούν τον πρωταρχικό στόχο της αυτοάνοσης επίθεσης. Η παρουσία ειδικών αυτοαντισωμάτων έναντι της ακουαπορίνης-4 (AQP4-IgG), ενός διαύλου νερού που εντοπίζεται στις αστροκυτταρικές προεκβολές, πυροδοτεί έναν καταρράκτη φλεγμονής. Η σύνδεση των αντισωμάτων προκαλεί ενεργοποίηση του συμπληρώματος και λύση των αστροκυττάρων, οδηγώντας δευτερογενώς σε απομυελίνωση και σοβαρή νευρωνική βλάβη στο οπτικό νεύρο και το νοτιαίο μυελό.

Τα αστροκύτταρα έχουν επίσης καθοριστικό ρόλο στην λειτουργία του γλυμφατικού συστήματος. Στην νόσο Alzheimer παρουσιάζουν δυσλειτουργία με αποτέλεσμα την μειωμένη κάθαρση του β-αμυλοειδούς, συμβάλλοντας στην εναπόθεσή του. Η έκκριση νευροτοξικών μεσολαβητών από τον A1 φαινότυπο (νευροτοξικά αστροκύτταρα) επιταχύνει τη νευρωνική εκφύλιση, ενώ στη νόσο Parkinson παρατηρείται παρόμοια διαταραχή στην αποδόμηση της α-συνουκλεΐνης.

Ιδιαίτερο ενδιαφέρον παρουσιάζουν οι νέοι βιοδείκτες αστροκυτταρικής βλάβης, ειδικότερα η GFAP (Glial Fibrillary Acidic Protein) στο πλάσμα και το εγκεφαλονωτιαίο υγρό, που αναδεικνύονται ως αξιόπιστοι δείκτες νόσου και θεραπευτικής ανταπόκρισης. Επιπρόσθετα, η στόχευση των αστροκυττάρων αποτελεί πολλά υποσχόμενη θεραπευτική στρατηγική.

THE EMERGING ROLE OF ASTROCYTES IN THE PATHOGENESIS OF AUTOIMMUNE AND NEURODEGENERATIVE NEUROLOGICAL DISORDERS

Harry Alexopoulos

Section of Cell Biology and Biophysics, Dept. of Biology, NKUA

Astrocytes, long considered merely “supportive” cells of the central nervous system, now play a central role in the pathogenesis of a wide range of neurological diseases. We will examine their emerging role in autoimmune and neurodegenerative diseases, highlighting a fundamental reevaluation of their biology.

Under physiological conditions, astrocytes regulate the homeostasis of the extracellular space, maintain the blood-brain barrier, shape synaptic connections, and provide nutritional support to neurons. However, under pathological conditions, they either undergo functional conversion into reactive astrocytes—a process known as astrogliosis—or serve as target cells of the pathological process.

Initially, in Optic Neuromyelitis, astrocytes are the primary target of the autoimmune attack. The presence of specific autoantibodies against aquaporin-4 (AQP4-IgG), a water channel located in astrocyte processes, triggers a cascade of inflammation. Antibody binding causes complement activation and astrocyte lysis, leading secondarily to demyelination and severe neuronal damage in the optic nerve and spinal cord.

Astrocytes also play a crucial role in the function of the lymphatic system. In Alzheimer’s disease, they exhibit dysfunction, resulting in reduced clearance of β -amyloid and contributing to its deposition. The secretion of neurotoxic mediators by the A1 phenotype (neurotoxic astrocytes) accelerates neuronal degeneration, while in Parkinson’s disease a similar disruption in the degradation of α -synuclein is observed.

Of particular interest are the new biomarkers of astrocyte damage, specifically GFAP (Glial Fibrillary Acidic Protein) in plasma and cerebrospinal fluid, which are emerging as reliable indicators of disease and therapeutic response. Furthermore, targeting astrocytes is a promising therapeutic strategy.

Ο ΡΟΛΟΣ ΤΟΥ ΕΝΔΟ- ΚΑΙ ΕΞΩ-ΟΓΚΟΓΕΝΟΥΣ ΜΙΚΡΟΒΙΩΜΑΤΟΣ ΣΤΗΝ ΚΑΡΚΙΝΙΚΗ ΕΞΕΛΙΞΗ ΚΑΙ ΑΝΟΣΙΑ

Μαρία Γαζούλη

Ιατρική Σχολή ΕΚΠΑ

Η ανάδειξη του μικροβιώματος, τόσο του ενδο-ογκογενούς όσο και του εξω-ογκογενούς, ως κεντρικού ρυθμιστή της καρκινογένεσης, μεταβάλλει ριζικά την αντίληψή μας για την εξέλιξη της νόσου και την αντικαρκινική ανοσία. Τα τελευταία ερευνητικά δεδομένα υποδεικνύουν ότι οι μικροοργανισμοί που αποικίζουν το μικροπεριβάλλον του όγκου δεν είναι απλοί «παρατηρητές», αλλά παρεμβαίνουν ενεργά στη βιολογία των καρκινικών κυττάρων, επηρεάζοντας κρίσιμα μεταβολικά μονοπάτια, την αγγειογένεση και τις φλεγμονώδεις αποκρίσεις. Την ίδια στιγμή, το εντερικό μικροβίωμα ασκεί μια συστηματική επίδραση, λειτουργώντας ως απομακρυσμένος ρυθμιστής του ανοσοποιητικού συστήματος μέσω της παραγωγής μεταβολιτών. Η πολυπλοκότητα αυτής της σχέσης επιβεβαιώνεται από τη μελέτη εξειδικευμένων μηχανισμών, όπως τα βακτηριακά συστήματα έκκρισης τύπου III (type III secretion systems), τα οποία φαίνεται να εμπλέκονται στην ανοσορρύθμιση ακόμη και σε υγιείς ιστούς. Σε επίπεδο παν-καρκινικής ανάλυσης, η αλληλεπίδραση των μικροβιακών προϊόντων με τους αντίστοιχους κυτταρικούς υποδοχείς μπορεί είτε να προάγει είτε να αναστείλει την ογκογένεση, προσφέροντας μια νέα οπτική στις θεραπευτικές στρατηγικές. Ιδιαίτερη έμφαση δίνεται πλέον στη συνέργεια μικροβιώματος και ανοσοθεραπείας, καθώς η μικροβιακή σύνθεση του εντέρου αποτελεί πλέον έναν αξιόπιστο προγνωστικό δείκτη για την αποτελεσματικότητα των αναστολέων των σημείων ελέγχου (immune checkpoint inhibitors). Κλινικές δοκιμές, καταδεικνύουν ότι παρεμβάσεις όπως η μεταμόσχευση κοπρανώδους μικροβιώματος (FMT) μπορούν να ενισχύσουν την ανοσολογική απόκριση και να βελτιώσουν την έκβαση της θεραπείας. Συνολικά, το μικροβίωμα αναγνωρίζεται ως ένας δυναμικός και τροποποιήσιμος παράγοντας, η κατανόηση του οποίου ανοίγει τον δρόμο για πραγματικά εξατομικευμένες προσεγγίσεις στη σύγχρονη ογκολογία.

THE ROLE OF INTRA- AND EXTRA-TUMORAL MICROBIOME IN CANCER PROGRESSION AND ANTITUMOR IMMUNITY

Maria Gazouli

Medical School, NKUA

The emergence of the microbiome—both intra-tumoral and extra-tumoral—as a central regulator of carcinogenesis is radically reshaping our understanding of disease progression and antitumor immunity. Recent research indicates that microorganisms colonizing the tumor microenvironment are far from passive bystanders; instead, they actively intervene in cancer cell biology, influencing critical metabolic pathways, angiogenesis, and inflammatory responses. Concurrently, the gut microbiome exerts a systemic effect, functioning as a distal modulator of the immune system through the production of bioactive metabolites. The complexity of this relationship is further evidenced by the study of specialized mechanisms, such as bacterial type III secretion systems, which appear to be involved in immunoregulation even within healthy tissues. Pan-cancer analyses reveal that the interaction between microbial products and their corresponding cellular receptors can either promote or inhibit oncogenesis, offering a fresh perspective on therapeutic strategies. Significant emphasis is now placed on the synergy between the microbiome and immunotherapy, as gut microbial composition has become a reliable prognostic indicator for the efficacy of immune checkpoint inhibitors (ICIs). Clinical trials demonstrate that interventions such as fecal microbiota transplantation (FMT) can bolster the immune response and improve therapeutic outcomes. Ultimately, the microbiome is recognized as a dynamic and modifiable factor, the understanding of which paves the way for truly personalized approaches in modern oncology.

ΓΟΝΙΔΙΩΜΑ ΤΗΣ ΕΛΛΑΔΑΣ (GOG): ΣΥΝΔΕΟΝΤΑΣ ΠΑΡΕΛΘΟΝ, ΠΑΡΟΝ ΚΑΙ ΜΕΛΛΟΝ ΜΕΣΩ ΤΗΣ ΕΠΙΣΤΗΜΗΣ

Δημήτρης Θάνος, Ακαδημαϊκός

Ίδρυμα Ιατροβιολογικών Ερευνών Ακαδημίας Αθηνών

Το πρόγραμμα «Γονιδίωμα της Ελλάδας» (Genome of Greece-GoG) είναι μια πρωτοποριακή εθνική πρωτοβουλία που δημιουργεί την πρώτη μόνιμη ψηφιακή γονιδιωματική υποδομή της χώρας. Στόχος του είναι ο μετασχηματισμός της υγειονομικής περίθαλψης, της βιοϊατρικής έρευνας, της δημόσιας υγείας και της κατανόησης της δημογραφικής ιστορίας της Ελλάδας.

Σήμερα, η γονιδιωματική ιατρική στην Ελλάδα βασίζεται σε γενετικά δεδομένα όπου οι πληθυσμοί της Νότιας Ευρώπης υποεκπροσωπούνται κριτικά. Αυτό καθιστά την ακριβή ερμηνεία των γενετικών παραλλαγών—τη διάκριση μεταξύ καλοήθων και παθογόνων μεταλλάξεων—αναξιόπιστη, υπονομεύοντας τη διάγνωση, πρόληψη και θεραπεία. Χωρίς ένα επικυρωμένο, πληθυσμιακά ειδικό ελληνικό γονιδίωμα αναφοράς, οι κλινικοί γενετιστές αναγκάζονται να χρησιμοποιούν μη αντιπροσωπευτικά δεδομένα, μειώνοντας τη διαγνωστική ακρίβεια και διευρύνοντας τις ανισότητες στην υγειονομική περίθαλψη.

Το GoG θα αλληλουχήσει 11.000 αντιπροσωπευτικά ελληνικά γονιδιώματα και θα τα ενοποιήσει με κλινικά, επιδημιολογικά και ιστορικά δεδομένα, επιτρέποντας την υλοποίηση εξατομικευμένης ιατρικής με βελτιωμένη διαγνωστική ακρίβεια για σπάνιες και πολυπαραγοντικές ασθένειες. Παράλληλα, θα ενισχύσει την ετοιμότητα της δημόσιας υγείας, θα καθιερώσει την Ελλάδα ως ισότιμο εταίρο στις ευρωπαϊκές γονιδιωματικές πρωτοβουλίες και θα δημιουργήσει τον πρώτο ολοκληρωμένο Γονιδιωματικό Άτλαντα της Ελληνικής Ιστορίας.

Αυτή η εθνική γονιδιωματική βάση 11.000 γονιδιωμάτων θα ενδυναμώσει την ικανότητα της Ελλάδας για εξατομικευμένη ιατρική, θα καταλύσει την ανακάλυψη σπάνιων παραλλαγών σε ελληνικούς υποπληθυσμούς, θα εξασφαλίσει την εκπροσώπηση γεωγραφικά απομονωμένων κοινοτήτων και θα παράσχει το απαραίτητο βάθος για ιστορική και δημογραφική ανασυγκρότηση. Μέσω της ενοποίησης σύγχρονων και αρχαίων γονιδιωματικών δεδομένων, το έργο θα τεκμηριώσει επιστημονικά τη γενετική συνέχεια των Ελλήνων από την Εποχή του Χαλκού έως σήμερα, αποκαλύπτοντας τις δημογραφικές διαδρομές που διαμόρφωσαν τον σύγχρονο ελληνικό πληθυσμό.

Για την Ελλάδα, με τη μοναδική ιστορική συνέχεια και γεωγραφική ποικιλότητά της, αυτή η εθνική γονιδιωματική αναφορά θα αποτελέσει θεμέλιο για τη βιοϊατρική έρευνα, τη δημόσια υγεία και την ισότιμη, υψηλής ποιότητας κλινική φροντίδα για τις επόμενες γενεές.

GENOME OF GREECE (GOG): LINKING PAST, PRESENT AND FUTURE THROUGH SCIENCE

Dimitris Thanos, Academician

Biomedical Research Foundation Academy of Athens

The Genome of Greece (GoG) project establishes the nation's first permanent, population-scale genomic infrastructure—a transformative resource for healthcare, biomedical research, public health, and scientific reconstruction of Greece's demographic history.

Current genomic medicine relies on reference datasets that critically underrepresent Southern European populations. Without a validated, population-specific Greek reference genome, accurate interpretation of genetic variants—distinguishing benign from pathogenic mutations—remains unreliable, compromising diagnosis, prevention, and treatment. Clinicians are forced to use non-representative data, reducing diagnostic precision and widening healthcare inequalities.

GoG will sequence 11,000 representative Greek genomes, integrating them with clinical, epidemiological, and historical data to enable precision medicine with improved diagnostic accuracy for rare and complex diseases. The project will strengthen public health preparedness, establish Greece as an equal partner in European genomic initiatives, and create the first comprehensive Genomic Atlas of Greek History.

ΕΚΤΙΜΗΣΗ ΕΠΙΚΙΝΔΥΝΟΤΗΤΑΣ ΣΤΗΝ ΑΣΦΑΛΕΙΑ ΚΑΙ ΠΟΙΟΤΗΤΑ ΤΡΟΦΙΜΩΝ ΣΕ ΣΥΝΘΗΚΕΣ ΚΛΙΜΑΤΙΚΗΣ ΑΛΛΑΓΗΣ

Μυρσίνη Κακαγιάννη

Τμήμα Επιστήμης Τροφίμων και Διατροφής, ΠΘ

Η κλιματική αλλαγή αποτελεί έναν από τους σημαντικότερους παράγοντες που επαναπροσδιορίζουν την ασφάλεια και την ποιότητα των τροφίμων, επηρεάζοντας δυναμικά την οικολογία των μικροοργανισμών και την εμφάνιση χημικών κινδύνων. Η αύξηση της θερμοκρασίας και η μεταβλητότητα των περιβαλλοντικών συνθηκών μπορούν να ευνοήσουν την ανάπτυξη θερμοφίλων μικροοργανισμών και να οδηγήσουν σε αυξημένο κίνδυνο αλλοίωσης ακόμη και σε θερμικά επεξεργασμένα τρόφιμα, ιδιαίτερα κατά τη διανομή και αποθήκευσή τους σε θερμά κλίματα. Παράλληλα, οι μεταβολές στις αγροκλιματικές συνθήκες συνδέονται με αυξημένη εμφάνιση μυκοτοξινών, όπως η δεοξυनिβαλενόλη (DON), ενισχύοντας την έκθεση των καταναλωτών μέσω της κατανάλωσης προϊόντων σίτου.

Στην ομιλία αυτή θα παρουσιαστεί ένα ενοποιημένο ποσοτικό πλαίσιο εκτίμησης επικινδυνότητας, το οποίο βασίζεται στη μοντελοποίηση της μικροβιακής συμπεριφοράς και της διατροφικής έκθεσης, συνδέοντας τη δυναμική του περιβάλλοντος με την εκτίμηση της επικινδυνότητας σε επίπεδο καταναλωτών, αντλώντας παραδείγματα από πρόσφατες ερευνητικές εφαρμογές σε γαλακτοκομικά συστήματα και προϊόντα σίτου. Ιδιαίτερη έμφαση δίνεται στη χρήση μαθηματικών μοντέλων πρόβλεψης και στοχαστικών προσεγγίσεων, που επιτρέπουν την ποσοτική περιγραφή της μεταβλητότητας και της αβεβαιότητας των συστημάτων τροφίμων.

Ενδεικτικά παραδείγματα περιλαμβάνουν την πρόβλεψη της αλλοίωσης θερμικά επεξεργασμένων προϊόντων γάλακτος υπό δυναμικές θερμοκρασιακές συνθήκες, καθώς και την ποσοτική εκτίμηση της διατροφικής έκθεσης σε μυκοτοξίνες σε επίπεδο καταναλωτών. Τα παραδείγματα αυτά αναδεικνύουν πώς διαφορετικοί τύποι κινδύνου, βιολογικοί και χημικοί, μπορούν να προσεγγιστούν μέσω ενός κοινού ποσοτικού πλαισίου.

Συνολικά, η εκτίμηση επικινδυνότητας, όταν ενσωματώνει δυναμικά περιβαλλοντικά δεδομένα και ποσοτικά μοντέλα, μετατρέπεται από ένα εργαλείο εκ των υστέρων αξιολόγησης σε εργαλείο πρόβλεψης και υποστήριξης λήψης αποφάσεων, συμβάλλοντας στη διασφάλιση της ασφάλειας και ποιότητας των τροφίμων σε ένα συνεχώς μεταβαλλόμενο περιβάλλον.

RISK ASSESSMENT IN FOOD SAFETY AND QUALITY IN THE CONTEXT OF CLIMATE CHANGE

Myrsini Kakagianni

Department of Food Science and Nutrition, University of Thessaly, Greece

Climate change is increasingly recognized as a critical driver reshaping food safety and quality, by altering key environmental factors such as temperature and humidity, and consequently affecting both microbial behavior and the occurrence of chemical hazards. Rising temperatures and increased environmental variability can promote the growth of thermophilic microorganisms, leading to an elevated risk of spoilage even in thermally processed foods, particularly during distribution and storage under warm climate conditions. At the same time, changes in agro-climatic conditions are associated with an increased occurrence of mycotoxins, such as deoxynivalenol (DON), thereby enhancing consumer exposure through cereal-based products.

In this presentation, an integrated quantitative framework for risk assessment will be presented, combining modelling of microbial behaviour and dietary exposure, and linking environmental dynamics to consumer-level risk, drawing on recent research applications in dairy systems and cereal-based products. Emphasis will be placed on the application of predictive models and stochastic approaches, which allow the quantitative description of variability and uncertainty inherent in food systems.

Representative case studies include the prediction of spoilage in thermally processed dairy products under dynamic temperature conditions, as well as the probabilistic assessment of dietary exposure to mycotoxins at the consumer level. These examples illustrate how different types of hazards, biological and chemical, can be addressed within a common quantitative framework.

Overall, risk assessment, when integrating dynamic environmental data and quantitative modelling approaches, evolves from a retrospective evaluation tool into a predictive framework that supports decision-making, contributing to the assurance of food safety and quality in a rapidly changing environment.

ΓΟΝΙΔΙΩΜΑΤΙΚΟΙ ΔΙΠΛΑΣΙΑΣΜΟΙ ΚΑΙ ΑΥΞΗΤΙΚΟ ΔΥΝΑΜΙΚΟ ΣΤΟΥΣ ΤΕΛΕΟΣΤΕΟΥΣ

Κατερίνα Μούτου

Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Ο διπλασιασμός γονιδίων και ολόκληρων γονιδιωμάτων έχει σημαντικό ρόλο στην εξέλιξη. Ο διπλασιασμός ολόκληρου του γονιδιώματος (WGD) οδηγεί σε ταχεία επέκταση ολόκληρων γονιδιακών οικογενειών, οι οποίες μπορούν να διατηρηθούν για να εξελιχθούν και να παράγουν γονίδια με παρόμοιες, αλλά όχι ταυτόσημες, λειτουργίες. Δύο γύροι WGD (1R-2R) μπορούν να ανιχνευθούν στα σπονδυλωτά, ενώ ο μεγάλος αριθμός ειδών στους τελεόστεους αποδίδεται σε έναν επιπλέον γύρο WGD (3R). Η εργασία μας διερευνά πώς οι WGD που συνέβησαν στους τελεόστεους έχουν διαμορφώσει τα γονιδιώματά τους και πώς τα νέα γονίδια που αναδύθηκαν συμβάλλουν σε λειτουργίες που διέπουν την ανάπτυξη και την αύξηση. Η κυτταρική ενέργεια, η πρωτεόλυση και η πρωτεϊνική αύξηση είναι οι κύριες λειτουργίες που στοχεύτηκαν.

Τα αποτελέσματά μας παρέχουν στοιχεία ότι το 3R έχει διαδραματίσει κρίσιμο ρόλο στον αριθμό των γονιδίων που φιλοξενούνται στα γονιδιώματα των τελεόστεων. Τα διατηρούμενα παράλογα έχουν πολύ συχνά υποστεί υπολειτουργικοποίηση, δηλαδή κάθε παράλογο διατηρεί μέρος της λειτουργίας του προγονικού γονιδίου ή/και βρίσκεται υπό διαφορετική ρύθμιση κατά την ανάπτυξη, σε διαφορετικούς ιστούς ή από διαφορετικούς βιοτικούς και αβιοτικούς παράγοντες.

Τα μελετημένα παράλογα φαίνεται να συσσωρεύουν μεταλλάξεις με διαφορετικό ρυθμό και οι 3' αμετάφραστες περιοχές (3'UTRs) παρουσιάζουν υψηλό πολυμορφισμό. Στο *Sparus aurata*, η ανάλυση μεμονωμένων SNPs που βρίσκονται στις 3'UTRs των *igf1* και *ghrii* αποκάλυψε συσχετίσεις τόσο με την γονιδιακή έκφραση όσο και με μεταβολικά χαρακτηριστικά, ενώ ο ελάχιστος βαθμός συντήρησης που παρατηρήθηκε μεταξύ των 3' UTR των παραλόγων της ελαφριάς αλυσίδας 2 μυοσίνης, *mylrfα* και *mylrfβ* υποδεικνύουν διαφορετικούς ρυθμιστικούς μηχανισμούς με στόχο τις 3' UTRs. Η διαφορετική ρύθμιση των παραλόγων έχει επίσης συσχετιστεί με διαφορετικό δυναμικό ανάπτυξης. Η συνεπής απόκριση των *mylrfα* και *mylrfβ* σε μια σειρά πειραμάτων με *Sparus aurata* σε εργαστηριακή και εμπορική κλίμακα έχει παράσχει στοιχεία για την αξία τους ως δείκτες ανάπτυξης, που ενισχύεται από παρατηρήσεις σε *Dicentrarchus labrax* και *Seriola dumerili*.

WHOLE GENOME DUPLICATIONS AND GROWTH POTENTIAL IN THE TELEOSTS

Katerina A. Moutou

Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly

Duplication of genes and whole genomes has been attributed an important role in evolution. Whole-genome duplication (WGD) leads to rapid expansion of entire gene families, which can be maintained to evolve and produce genes with similar, but not identical, functions. Two rounds of WGD (1R-2R) can be traced in vertebrates, while the radiation in the teleosts is attributed to an additional round of WGD (3R). Our work explores how the WGDs occurred in the teleosts have shaped their genomes, and how the new genes emerged contribute to functions underlying development and growth. Cellular energetics, proteolysis and protein growth have been the main functions targeted in research in Mediterranean fish species.

Our results provide evidence that 3R has been critical to the number of genes harbored in teleost genomes. The paralogues retained have very often undergone subfunctionalization, i.e. each paralogue retains part of the function of the ancestral gene and/or it is under differential regulation during development, in different tissues or by different biotic and abiotic factors.

Paralogues studied appear to accumulate mutations at a different rate and 3' untranslated regions harbor high polymorphism. In *Sparus aurata*, the analysis of individual SNPs located in the 3'UTRs of *igf1* and *ghrii* revealed locus-specific associations with both gene expression and metabolic traits, highlighting their likely role as functional regulators of endocrine responses, while minimal degree of conservation observed between the 3' UTR sequences of the paralogues of myosin light chain 2, *mylpfa* and *mylpfb* point to different regulatory mechanisms for aspects governed by the 3' UTRs. The differential paralogue regulation has been also correlated with different growth potential. Consistent response of *mylpfa* and *mylpfb* in a series of experiments with *Sparus aurata* at laboratory and commercial scale has provided evidence of their value as growth potential markers, reinforced by observations in *Dicentrarchus labrax* and *Seriola dumerili*.

**ΑΝΑΒΑΘΜΙΣΗ ΜΟΝΤΕΛΩΝ ΜΕΛΕΤΗΣ ΓΕΝΕΤΙΚΩΝ ΑΣΘΕΝΕΙΩΝ ΜΕΣΩ ΤΗΣ
ΧΡΗΣΗΣ ΑΝΘΡΩΠΙΝΩΝ ΠΟΛΥΔΥΝΑΜΩΝ ΒΛΑΣΤΟΚΥΤΤΑΡΩΝ**

Ιωάννης Μπαντούνας

Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης

Τις τελευταίες δύο δεκαετίες, έχει ενταθεί η έρευνα στη διαφοροποίηση ανθρώπινων πολυδύναμων βλαστοκυττάρων, όχι μόνο για παραγωγή ιστών στα πλαίσια της αναγεννητικής ιατρικής αλλά και την ανάπτυξη μοντέλων ασθενειών που εστιάζουν στον άνθρωπο και επομένως τείνουν να έχουν μεγαλύτερη συνάφεια με την πραγματική ασθένεια, σε σύγκριση με ζωικά μοντέλα του παρελθόντος. Εδώ, επικεντρωνόμαστε σε δύο παραδείγματα: (i) Μεταλλάξεις στο γονίδιο *HNF1B* που οδηγούν σε δυσμορφίες του νεφρού κατά την εμβρυϊκή ανάπτυξη και (ii) τις συνέπειες της Νευροϊνωμάτωσης Τύπου 1 (*NFI*) στο κεντρικό νευρικό σύστημα. Μέσω αυτών των παραδειγμάτων, θα δούμε πώς μπορούμε να αναπτύξουμε νέα μοντέλα για τη μελέτη των μοριακών μηχανισμών κάθε ασθένειας, τι πληροφορία μπορούν να μας δώσουν, πώς μπορούμε να βελτιώσουμε την ωρίμανση των ιστών που προκύπτουν και ποιες πιθανές λύσεις μπορεί να έχουν τα ανοικτά προβλήματα αυτού του πεδίου έρευνας.

IMPROVING MODELS FOR THE STUDY OF GENETIC DISEASES THROUGH THE USE OF HUMAN PLURIPOTENT STEM CELLS

Ioannis Bantounas

Department of Molecular Biology and Genetics, Democritus University of Thrace, Greece

Over the past two decades, research into the differentiation of human pluripotent stem cells has intensified, not only for tissue engineering in the context of regenerative medicine but also for the development of human-centred disease models that are therefore more relevant to the actual disease compared to animal models of the past. Here, we focus on two examples: (i) Mutations in the *HNF1B* gene that lead to kidney malformations during embryonic development and (ii) the impact of Neurofibromatosis Type 1 (NF1) on the central nervous system. Through these examples, we will see how we can develop new models for studying the molecular mechanisms of each disease, what information they can provide, how we can improve the maturation of the resulting tissues, and what potential solutions may exist for the open problems in this field of research.

ΒΙΟΔΡΑΣΤΙΚΕΣ ΦΥΤΟΧΗΜΙΚΕΣ ΕΝΩΣΕΙΣ: ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΩΝ ΜΟΡΙΑΚΩΝ ΜΗΧΑΝΙΣΜΩΝ ΤΗΣ ΑΝΤΙΟΞΕΙΔΩΤΙΚΗΣ ΚΑΙ ΧΗΜΕΙΟ-ΠΡΟΦΥΛΑΚΤΙΚΗΣ ΤΟΥΣ ΔΡΑΣΗΣ

Δημήτριος Στάγκος

Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Η χημειοπροφύλαξη θεωρείται μία από τις σημαντικότερες στρατηγικές για την καταπολέμηση του καρκίνου. Η χημειοπροφύλαξη ορίζεται ως η χρήση φυσικών ή συνθετικών ενώσεων για την πρόληψη ή ακόμη και την αναστροφή της καρκινογένεσης. Πολλές μελέτες έχουν καταδείξει τη συσχέτιση μεταξύ του οξειδωτικού στρες και του καρκίνου στον άνθρωπο. Η ανάγκη για νέους χημειοπροφυλακτικούς παράγοντες με αντιοξειδωτική δράση έχει εντείνει την έρευνα και στους θαλάσσιους οργανισμούς.

Αξιολογήθηκαν εκχυλίσματα από 15 μακροφύκη που είχαν συλλεχθεί στην Ελλάδα ως προς το αντιοξειδωτικό και αντικαρκινικό δυναμικό τους. Πραγματοποιήθηκε αρχική εξέταση για τον προσδιορισμό του ολικού πολυφαινολικού περιεχομένου, της *in vitro* αντιοξειδωτικής τους ικανότητας και της ανασταλτικής τους δράσης έναντι της αύξησης καρκινικών κυττάρων του ήπατος και του παχέος εντέρου. Η εξέταση ανέδειξε σημαντική διακύμανση στη βιοδραστικότητα των 15 εκχυλισμάτων με συγκεκριμένα είδη να παρουσιάζουν υψηλή συγκέντρωση πολυφαινολών και χαμηλές τιμές IC₅₀.

Ένα από τα επικρατέστερα εκχυλίσματα ήταν του είδους *Hypnea musciformis*, του οποίου η χημική σύσταση αναλύθηκε μέσω GC-MS και ταυτοποιήθηκαν ενώσεις με γνωστή αντιοξειδωτική δράση. Σε μεσεγγυματικά βλαστικά κύτταρα, το εκχύλισμα περιόρισε σημαντικά τη λιπιδική και πρωτεϊνική οξείδωση, ενισχύοντας τα επίπεδα γλουταθειόνης μέσω της πυρηνικής μετατόπισης του μεταγραφικού παράγοντα Nrf2. Παράλληλα, στα καρκινικά κύτταρα το εκχύλισμα του *Hypnea musciformis* προκαλούσε την επαγωγή προγραμματισμένου κυτταρικού θανάτου μέσω του μιτοχονδριακού μονοπατιού. Η ανάλυση του μεταγραφώματος (RNA-seq) και του πρωτεώματος επιβεβαίωσε την πολυδύναμη δράση του εκχυλίσματος, αποκαλύπτοντας σημαντική ρύθμιση γονιδίων και πρωτεϊνών που σχετίζονται με τον έλεγχο του κυτταρικού κύκλου και την ενεργοποίηση του ογκοκατασταλτικού μονοπατιού p53.

Επιπλέον, διερευνήθηκε η αξιοποίηση εκβρασμάτων (banquettes) από δύο είδη θαλάσσιων αγγειοσπερμών, του *Posidonia oceanica* και του *Ruppia maritima*. Η συγκριτική *in vitro* αξιολόγηση μεταξύ των εκχυλισμάτων των ζωντανών φυτών και των εκβρασμάτων κατέδειξε ότι τα τελευταία διατηρούν σημαντικό μέρος του πολυφαινολικού περιεχομένου και της αντιοξειδωτικής ισχύος, υποδεικνύοντας τη δυνατότητα αξιοποίησής τους ως πηγή βιοδραστικών ενώσεων.

BIOACTIVE PHYTOCHEMICAL COMPOUNDS: INVESTIGATION OF THE MOLECULAR MECHANISMS UNDERLYING THEIR ANTIOXIDANT AND CHEMOPREVENTIVE ACTIVITY

Dimitrios Stagos

Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly

Chemoprevention is considered one of the most critical strategies in the fight against cancer. It is defined as the use of natural or synthetic compounds to prevent or even reverse the process of carcinogenesis. Numerous studies have demonstrated the correlation between oxidative stress and cancer in humans. The urgent need for new chemopreventive agents with antioxidant properties has intensified research into marine organisms.

In the present study, extracts from 15 macroalgae collected in Greece were evaluated for their antioxidant and anticancer potential. An initial screening was conducted to determine their total polyphenolic content, *in vitro* antioxidant capacity, and inhibitory activity against the proliferation of liver and colorectal cancer cells. The screening revealed significant variation in the bioactivity of the 15 extracts, with specific species exhibiting high phenolic concentrations and low IC₅₀ values.

One of the most potent extracts originated from the species *Hypnea musciformis*. Its chemical composition was analyzed via GC-MS, identifying compounds with established antioxidant activity. In mesenchymal stem cells, the extract significantly reduced lipid and protein oxidation while enhancing glutathione levels through the nuclear translocation of the transcription factor Nrf2. Simultaneously, in cancer cells, the *Hypnea musciformis* extract induced programmed cell death via the mitochondrial pathway. Transcriptome (RNA-seq) and proteome analyses confirmed the pleiotropic action of the extract, revealing significant regulation of genes and proteins associated with cell cycle control and the activation of the p53 tumor suppressor pathway.

Furthermore, the utilization of beach wrack (banquettes) from two species of marine angiosperms, *Posidonia oceanica* and *Ruppia maritima*, was investigated. Comparative *in vitro* evaluation between extracts from live plants and beach wrack demonstrated that the latter retain a significant portion of their polyphenolic content and antioxidant potency, suggesting their potential for utilization as a source of bioactive compounds.

Η ΚΥΤΤΑΡΟΓΕΝΕΤΙΚΗ ΥΠΟΓΡΑΦΗ ΤΗΣ ΓΗΡΑΝΣΗΣ

Βαρβάρα Τραχανά

Εργαστήρια Βιολογίας-Τμήμα Ιατρικής, ΠΘ

Η κυτταρική γήρανση ορίζεται ως η κατάσταση μη αναστρέψιμης αναστολής του κυτταρικού κύκλου, που συνοδεύει τη γήρανση αλλά και τις ηλικιοεξαρτώμενες παθήσεις. Πρόσφατα δεδομένα, και από την έρευνά μας, υποστηρίζουν ότι η γήρανση χαρακτηρίζεται και από μια διακριτή κυτταρογενετική υπογραφή. Στην ομιλία αυτή θα παρουσιαστούν αποτελέσματα που δείχνουν ότι το οξειδωτικό στρες αποτελεί βασικό οδηγό συντονισμένης απορρύθμισης τόσο στο επίπεδο των κεντρομεριδίων όσο και των τελομερών, επηρεάζοντας τη χρωμοσωμική σταθερότητα μέσω αλληλένδετων μηχανισμών.

Τα δεδομένα μας καταδεικνύουν ότι το οξειδωτικό στρες μπορεί να υπερκεράσει το μιτωτικό σημείο ελέγχου (spindle assembly checkpoint -SAC), οδηγώντας σε μιτωτική διαφυγή (mitotic slippage), ανωμαλίες κεντροσωμάτων και αυξημένη εμφάνιση σφαλμάτων διαχωρισμού χρωμοσωμάτων (π.χ. μικροπυρήνες). Αυτή η χρωμοσωμική αστάθεια συνοδεύεται από εξαρτώμενες από την αυτοφαγία μεταβολές στις βασικές πρωτεΐνες του checkpoint, όπως η BubR1. Παράλληλα, δείξαμε ότι το οξειδωτικό στρες διαταράσσει την προστασία των τελομερών μέσω μείωσης των επιπέδων των shelterin, TRF1 και TRF2, οδηγώντας σε τελομερική δυσλειτουργία και επίμονη ενεργοποίηση της απόκρισης στη βλάβη DNA, που σταθεροποιεί γηρασμένο φαινότυπο.

Επιπλέον, δείξαμε ότι η αυτοφαγία και η σηματοδότηση μέσω της πρωτεΐνης Caveolin-1 δεν αποτελούν απλούς συνοδούς μηχανισμούς, αλλά ενεργούς ρυθμιστές της εξέλιξης της κυτταρογενετικής βλάβης. Η αυτοφαγία φαίνεται να λειτουργεί ως διττός ρυθμιστής, αρχικά ως ομοιοστατικός μηχανισμός απόκρισης στο στρες, ενώ στη συνέχεια συμβάλλει στη σταθεροποίηση της γηρασμένης κατάστασης. Η Caveolin-1 αναδεικνύεται κρίσιμος κόμβος που συνδέει το οξειδωτικό στρες με αλλαγές στην κυτταρική σηματοδότηση και συμβάλλοντας τελικά στην χρωμοσωμική αστάθεια.

Συνολικά, προτείνουμε ένα ενοποιημένο μοντέλο, όπου η γήρανση χαρακτηρίζεται από διπλή ευαλωτότητα της χρωμοσωμικής αρχιτεκτονικής-στο επίπεδο των κεντρομεριδίων και των τελομερών- και η οποία διαμορφώνεται μέσω απόκρισης στο οξειδωτικό στρες. Η «κυτταρογενετική υπογραφή της γήρανσης» που προτείνουμε αποτελεί ένα νέο εννοιολογικό και πειραματικό πλαίσιο για τη μελέτη της γήρανσης και τις προεκτάσεις της, όπως η συστηματική φλεγμονή και η καρκινογένεση, αλλά και για την ανάπτυξη στοχευμένων παρεμβάσεων.

THE CYTOGENETIC SIGNATURE OF SENESENCE

Varvara Trachana

Department of Biology, Faculty of Medicine, UTh

Cellular senescence is defined as a state of irreversible cell cycle arrest that accompanies ageing as well as age-related diseases. Recent data, including findings from our own research, support the notion that senescence is also characterized by a distinct cytogenetic signature. In this presentation, results will be presented demonstrating that oxidative stress constitutes a key driver of coordinated dysregulation at both the centromeric and telomeric levels, affecting chromosomal stability through interrelated mechanisms.

Our data demonstrate that oxidative stress can override the spindle assembly checkpoint (SAC), leading to mitotic slippage, centrosome abnormalities, and an increased incidence of chromosome segregation errors (e.g., micronuclei). This chromosomal instability (CIN) is accompanied by autophagy-dependent alterations in key checkpoint proteins, such as BubR1. In parallel, we have shown that oxidative stress disrupts telomere protection by reducing the levels of shelterin components, TRF1 and TRF2, leading to telomere dysfunction and persistent activation of the DNA Damage Response, which stabilizes the senescent phenotype.

Furthermore, we have demonstrated that autophagy and signalling mediated by the protein Caveolin-1 are not merely accompanying mechanisms, but active regulators of the progression of cytogenetic damage. Autophagy appears to function as a dual regulator, initially acting as a homeostatic stress-response mechanism, and subsequently contributing to the stabilization of the senescent state. Caveolin-1 emerges as a critical node linking oxidative stress to changes in cellular signalling, ultimately contributing to chromosomal instability.

Overall, we propose a unified model in which senescence is characterised by a dual vulnerability of chromosomal architecture-at the level of centromeres and telomeres- which is shaped through the cellular response to oxidative stress. The “cytogenetic signature of senescence” that we propose represents a new conceptual and experimental framework for the study of senescence and its consequences, such as the systemic inflammation and carcinogenesis, as well as for the development of targeted interventions.

ΑΠΟ ΑΠΟΒΛΗΤΑ ΣΕ ΒΙΟΪΔΙΚΑ: Ο ΡΟΛΟΣ ΤΩΝ ΒΙΟΔΙΥΛΙΣΤΗΡΙΩΝ ΣΤΗΝ ΚΥΚΛΙΚΗ ΒΙΟΟΙΚΟΝΟΜΙΑ

Ερμίντα Τσούκο

Τομέας Γενετικής & Βιοτεχνολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, 15784 Αθήνα, Ελλάδα

Η αυξανόμενη ζήτηση για τρόφιμα και ενέργεια, λόγω της αύξησης του παγκόσμιου πληθυσμού, εντείνει την πίεση στους φυσικούς πόρους και επιδεινώνει τις περιβαλλοντικές επιπτώσεις των συμβατικών παραγωγικών μοντέλων. Παράλληλα, η έντονη εξάρτηση από ορυκτά καύσιμα και τα χαμηλά ποσοστά ανακύκλωσης οδηγούν σε αυξημένες εκπομπές αερίων του θερμοκηπίου και συσσώρευση αποβλήτων. Η παρούσα παρουσίαση εστιάζει στην αξιοποίηση διαφορετικών ροών αποβλήτων και υποπροϊόντων μέσω ολοκληρωμένων βιοδιεργασιών, αναδεικνύοντας τη δυνατότητα μετατροπής τους σε προϊόντα υψηλής προστιθέμενης αξίας. Ειδικότερα, παρουσιάζονται παραδείγματα αξιοποίησης αγροδιατροφικών και βιομηχανικών αποβλήτων, όπως υπολείμματα καφέ, γλυκερόλη από τη βιομηχανία βιοντίζελ και πρωτεϊνούχα ρεύματα, για την παραγωγή βιοδραστικών ενώσεων, βακτηριακής κυτταρίνης και βιοσύνθετων υλικών. Τα παραγόμενα υλικά μπορούν να τροποποιηθούν περαιτέρω σε νανοδομές και να ενσωματωθούν σε βιοδιασπώμενα συστήματα συσκευασίας με βελτιωμένες μηχανικές και λειτουργικές ιδιότητες. Τα βιοδιυλιστήρια αποτελούν μια βιώσιμη προσέγγιση στο πλαίσιο της κυκλικής βιοοικονομίας, λειτουργώντας ως πλατφόρμες ολιστικής αξιοποίησης πόρων, συνδυάζοντας την παραγωγή ενέργειας, βιοδραστικών ενώσεων και καινοτόμων υλικών. Ωστόσο, η αποδοτική προεπεξεργασία των πρώτων υλών και η οικονομική βιωσιμότητα των διεργασιών παραμένουν κρίσιμοι παράγοντες για τη βιομηχανική εφαρμογή των συστημάτων αυτών.

Λέξεις-κλειδιά:

Βιοδιυλιστήρια; Κυκλική βιοοικονομία; Αξιοποίηση αποβλήτων; Βιογενή υλικά

FROM WASTE TO BIOMATERIALS: THE ROLE OF BIOREFINERIES IN THE CIRCULAR BIOECONOMY

Erminta Tsouko

*Department of Genetics & Biotechnology, Department of Biology,
National and Kapodistrian University of Athens, 15784 Athens, Greece*

The increasing demand for food and energy, driven by global population growth, intensifies pressure on natural resources and exacerbates the environmental impacts of conventional production models. At the same time, the strong dependence on fossil fuels and low recycling rates lead to increased greenhouse gas emissions and waste generation. This presentation focuses on the valorization of diverse waste and by-product streams through integrated bioprocesses, highlighting their potential conversion into high value-added products. In particular, case studies are presented on the utilization of agro-industrial residues, such as coffee waste, glycerol from the biodiesel industry, and protein-rich streams, for the production of bioactive compounds, bacterial cellulose, and bio-based composite materials. These materials can be further engineered into nanostructures and incorporated into biodegradable packaging systems with enhanced mechanical and functional properties. Biorefineries represent a sustainable approach within the circular bioeconomy, acting as platforms for the holistic utilization of resources by integrating the production of energy, bioactive compounds, and innovative materials. However, efficient feedstock pre-treatment and economic feasibility remain critical factors for the industrial implementation of such systems.

Keywords: Biorefineries; Circular bioeconomy; Waste valorization; Bio-based materials

**ΑΝΑΠΤΥΞΗ ΟΙΚΟΛΟΓΙΚΩΝ ΔΙΑΔΡΟΜΩΝ ΜΕΤΑΞΥ ΠΕΡΙΟΧΩΝ NATURA 2000
ΣΤΗ ΘΕΣΣΑΛΙΑ**

Διονυσία Χατζηλάκου

Διευθύντρια Διαχείρισης Προστατευόμενων Περιοχών Τομέα Α, Οργανισμός Φυσικού Περιβάλλοντος και Κλιματικής Αλλαγής (Ο.ΦΥ.ΠΕ.Κ.Α.)

Μια από τις σημαντικότερες πιέσεις για την άγρια ζωή σε παγκόσμιο επίπεδο, η οποία σχετίζεται άμεσα με την απώλεια ειδών και με την υποβάθμιση των οικοσυστημικών υπηρεσιών είναι ο κατακερματισμός των φυσικών εκτάσεων. Μία από τις λύσεις που έχουν προταθεί, πέραν της επέκτασης των προστατευόμενων περιοχών, είναι **η διασφάλιση της μεταξύ τους σύνδεσης καθόσον** έτσι διευκολύνονται, μεταξύ άλλων, οι μετακινήσεις των ειδών, αυξάνεται η γενετική ποικιλομορφία τους και αμβλύνονται οι επιδράσεις της κλιματικής αλλαγής σε αυτά, μέσω της δυνατότητας επέκτασης της κατονομής τους σε κλιματικά ευνοϊκότερα περιβάλλοντα. Στο πλαίσιο αυτό θα παρουσιαστούν τα στάδια του σχεδιασμού της πρότασης του ΟΦΥΠΕΚΑ, για την ανάπτυξη οικολογικών διαδρόμων ανάμεσα σε τρεις περιοχές Natura της θεσσαλικής πεδιάδας, από την αρχική σύλληψη μέχρι την οριστικοποίησή της, η οποία έχει ως στόχο την ενίσχυση της δομικής και λειτουργικής συνδετικότητας μεταξύ των προστατευόμενων περιοχών και την σύνθεση ενός «δίκτυου διαδρόμων για την άγρια ζωή», προς όφελος ειδών που προστατεύονται σύμφωνα με τις Ευρωπαϊκές Οδηγίες για τα Πτηνά (2009/147/ΕΚ), τους Οικοτόπους (92/43/ΕΚ) και της βιοποικιλότητας γενικότερα.

DEVELOPMENT OF ECOLOGICAL CORRIDORS BETWEEN NATURA 2000 SITES IN THESSALY

Dionysia Hatzilacou

Head of Directorate for Protected Areas Management- Sector A, Natural Environment and Climate Change Agency (N.E.C.C.A)

One of the most significant pressures on wildlife, at global level, which is directly related to species loss and the degradation of ecosystem services is the fragmentation of natural areas. One of the proposed approaches, apart from the enlargement of protected areas, is to ensure their interconnection. This enables -among others- species movement and increased genetic diversity, while the potential to expand their distribution to more favorable climatic conditions through migration, can reduce the impacts of climate change. Within this context, the Natural Environment and Climate Change Agency (N.E.C.C.A) will present its project on the development of ecological corridors between three Natura 2000 sites in Thessaly -concept and intermediate planning stages- the objective being to reinforce the structural and functional connectivity between protected areas and to create a “network of corridors for wildlife” to the benefit of species protected under the EU Birds and Habitats Directives.

**ΑΠΟΚΡΥΠΤΟΓΡΑΦΗΣΗ ΤΟΥ m6A ΕΠΙΜΕΤΑΓΡΑΦΩΜΑΤΟΣ ΚΑΙ
ΛΕΙΤΟΥΡΓΙΚΗ ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΗΣ ΤΡΟΠΟΠΟΙΗΣΗΣ ΜΕΣΩ ΤΟΥ
ΣΥΣΤΗΜΑΤΟΣ CRISPR/CAS13 ΣΕ ΑΝΘΡΩΠΙΝΑ ΚΥΤΤΑΡΑ**

Κωνσταντίνα Αθανασοπούλου*

*Τομέας Βιοχημείας και Μοριακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο
Αθηνών*

Η Ν6-μεθυλαδενοσίνη (m6A) αποτελεί την πιο άφθονη επιμεταγραφωμική τροποποίηση των ανθρωπίνων mRNAs και επηρεάζει σημαντικά στάδια του μεταβολισμού των mRNAs, όπως η συρραφή, η σταθερότητα και η μετάφρασή τους. Η αναστρέψιμη φύση της m6A, η οποία ρυθμίζεται από μεθυλοτρανσφεράσες και από απομεθυλάσες όπως η ALKBH5, είναι απαραίτητη για τη διατήρηση της κυτταρικής ομοιόστασης, ενώ η απορρύθμισή της συνδέεται με διάφορες ανθρώπινες ασθένειες, συμπεριλαμβανομένου του καρκίνου. Σε αντίθεση με τις παραδοσιακές τεχνικές προσδιορισμού του προφίλ των m6A που βασίζονται στη χρήση αντισωμάτων, η παρούσα μελέτη αξιοποιεί την τεχνολογία απευθείας αλληλούχησης του RNA με χρήση νανοπόρου. Η προσέγγιση αυτή επιτρέπει τη χαρτογράφηση των m6A τόσο σε επίπεδο νουκλεοτιδίου όσο και σε επίπεδο μεταγράφου σε ολόκληρο το μεταγράφο των καρκινικών κυττάρων HeLa. Τα αποτελέσματα φανέρωσαν πως οι περισσότερες θέσεις m6A εντοπίζονται εντός των συντηρημένων μοτίβων 5'-DRACH-3' (όπου D=A/G/U, R=A/G, H=A/C/U), ενώ σημαντικός αριθμός θέσεων βρίσκεται σε μοτίβα non-DRACH. Όσο αφορά την κατανομή τους, οι m6A εντοπίστηκαν κυρίως εντός της 3' αμετάφραστης περιοχής (3' UTR) και της κωδικής περιοχής (CDS) των μεταγράφων. Στη συνέχεια, πραγματοποιήθηκε σχεδιασμός και εφαρμογή ενός καινοτόμου μη ιικού πλασμιδιακού φορέα βασισμένου στο σύστημα CRISPR/Cas13 για τη στοχευμένη απομεθυλίωση θέσεων m6A. Ο φορέας αυτός ενσωματώνει την έκφραση μιας καταλυτικά ανενεργής RfxCas13d (dRfxCas13d) συζευγμένης με την πρωτεΐνη ALKBH5, καθώς και ενός RNA οδηγού (gRNA) υπό τον υποκινητή U6. Η εφαρμογή του συστήματος σε ανθρώπινες κυτταρικές σειρές επιβεβαίωσε την ικανότητά του να προκαλεί στοχευμένη απομεθυλίωση σε συγκεκριμένες θέσεις m6A, χωρίς να επηρεάζονται γειτονικές μεθυλιωμένες θέσεις. Επιπλέον, η λειτουργική διερεύνηση φανέρωσε ότι η στοχευμένη απομεθυλίωση συγκεκριμένων θέσεων m6A αύξησε σημαντικά τη σταθερότητα των αντίστοιχων mRNAs. Η παρούσα μελέτη προτείνει μια ολοκληρωμένη προσέγγιση για την αποκρυπτογράφηση της λειτουργικής πολυπλοκότητας του m6A επιμεταγραφώματος, ενώ ο πλασμιδιακός φορέας που αναπτύχθηκε αποτελεί ένα ισχυρό εργαλείο για μελλοντικές θεραπευτικές εφαρμογές στη βιολογία του RNA.

* (Συν-) συγγραφείς: Γλυκερία Δανέβα, Παναγιώτης Τσιακανίκας, Ανδρέας Σκορίλας, Παναγιώτης Αδαμόπουλος

DECIPHERING THE M6A EPITRANSCRIPTOME AND ITS DYNAMICS THROUGH A CRISPR/CAS13-BASED PLATFORM IN HUMAN CELLS

Konstantina Athanasopoulou*

Department of Biochemistry and Molecular Biology, Faculty of Biology, National and Kapodistrian University of Athens

N6-methyladenosine (m6A) has emerged as the most prominent and dynamically regulated post-transcriptional modification in human mRNAs. As a critical layer of epigenetic regulation, m6A influences various stages of mRNA metabolism, including splicing, stability, and translation efficiency. The reversible nature of this modification, which is orchestrated by "writer" complexes and "eraser" proteins such as ALKBH5, is essential for maintaining cellular homeostasis, whereas its dysregulation is closely linked to the pathogenesis of diverse human diseases, including cancer. To overcome the limitations of traditional antibody-based profiling techniques, the present study employed nanopore direct RNA sequencing to achieve a transcriptome-wide, base-resolution map of m6A in HeLa cells. Although most of the identified highly confident m6A sites primarily reside within conserved 5'-DRACH-3' motifs (where D=A/G/U, R=A/G, H=A/C/U), a significant portion of uncharacterized sites were also detected in non-DRACH contexts. Furthermore, m6A sites were predominantly localized within the 3' untranslated regions (3' UTRs) and coding sequences (CDS) of the mRNAs. To move beyond global epigenetic manipulation, an innovative "all-in-one" non-viral plasmid vector was designed and developed for site-specific m6A demethylation. This system integrates the expression of a catalytically inactive RfxCas13d (dRfxCas13d) fused to the ALKBH5 eraser protein alongside a customizable, U6-driven guide RNA (gRNA). Utilizing a simplified golden gate cloning workflow with the PaqCI restriction enzyme, the system enables rapid and precise targeting of diverse mRNA transcripts. The implementation of this CRISPR/Cas13-based approach on highly confident m6A targets resulted in significant site-specific demethylation without affecting adjacent m6A sites. Functional assays demonstrated that targeted demethylation significantly increased the stability of the corresponding mRNAs. Collectively, this study provides a robust and scalable platform for deciphering the functional complexities of the m6A epitranscriptome and offers a transformative tool for future therapeutic applications in RNA biology.

* (Co-) authors: Glykeria N. Daneva, Panagiotis Tsiakanikas, Andreas Scorilas, Panagiotis G. Adamopoulos

ΧΑΡΑΚΤΗΡΙΣΤΙΚΑ ΕΜΜΟΝΗΣ, ΔΙΑΣΠΑΣΗΣ ΚΑΙ ΕΠΙΚΙΝΔΥΝΟΤΗΤΑΣ ΤΟΥ ΜΙΚΡΟΒΙΩΜΑΤΟΣ, ΤΩΝ ΣΤΟΙΧΕΙΩΝ ΑΝΤΙΒΙΟΑΝΤΟΧΗΣ ΚΑΙ ΟΡΙΖΟΝΤΙΑΣ ΜΕΤΑΦΟΡΑΣ ΧΟΙΡΙΝΗΣ ΚΟΠΡΙΑΣ ΣΕ ΓΕΩΡΓΙΚΑ ΕΔΑΦΗ

Μάριος Βαλμάς*

Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Λάρισα, Ελλάδα

Η λίπανση με κοπριά αποτελεί μια πρακτική βιώσιμης γεωργίας που οδηγεί στη διασπορά παθογόνων και την ανάπτυξη μικροβιακής αντιβιοαντοχής. Στην παρούσα εργασία, μοντελοποιήσαμε τις μικροβιακές εισροές από κοπριά χοίρων. Η κοπριά υποβλήθηκε σε επεξεργασία με αντιβιοτικά σε ρεαλιστικές συγκεντρώσεις, αναμίχθηκε με έδαφος σε αναλογία 2% (w/w) και επώαστηκε στους 25°C. Επιπλέον, τα μείγματα εδάφους/κοπριάς επώαστηκαν σε διάφορες διαδοχικές θερμοκρασίες (25 και 37°C). Αναλύθηκε η συνολική προκαρυωτική ποικιλότητα μέσω αλληλούχησης προϊόντων PCR του 16S rRNA γονιδίου, ενώ τα 16S rRNA, *intI1* και άλλα γονίδια αντιβιοαντοχής (ARGs) ποσοτικοποιήθηκαν με qPCR. Πραγματοποιήθηκε αλληλούχηση τυχαίας προσπέλασης σε βασικά δείγματα, για την πλήρη ανάλυση των στοιχείων παθογένειας, αντιβιοαντοχής και οριζόντιας μεταφοράς. Τέλος, πραγματοποιήσαμε αλληλούχηση Nanopore σε προϊόντα PCR ολόκληρων ιντεγκρονίων τάξης 1. Οι μικροβιακές ταξινομικές ομάδες προερχόμενες από την κοπριά στο λιπασμένο έδαφος αποτελούσαν ~20% της κοινότητας του εδάφους, με κάποιες να εξαφανίζονται αμέσως (e.g. *Pseudomonas*) ή μετά από 5 ημέρες (e.g. *Streptococcus*), ενώ τα κλωστρίδια (μεταξύ άλλων) επέμειναν στο έδαφος για περισσότερο από 25 ημέρες. Οι ταξινομικές ομάδες προερχόμενες από το έδαφος κυριαρχούνταν από *Streptomycota*. Τα ARGs που σχετίζονται με την κοπριά, μειώθηκαν εκθετικά, με όλα, εκτός από το *ermB*, να επιμένουν πέραν των 25 ημερών. Η εφαρμογή αντιβιοτικού ευνόησε τις ομάδες/ARGs της κοπριάς. Κατά τη θερμοκρασιακή διαδοχή, γονίδια όπως τα *tetM* και *tetO*, παρουσίασαν αύξηση της αφθονίας τους με την αύξηση της θερμοκρασίας στους 37°C, μετά από 20 ημέρες στους 25°C. Η ανάλυση γενετικών περιοχών των ARGs ανέδειξε επικίνδυνες παρακείμενες περιοχές, ενώ παρατηρήθηκε επικίνδυνο περιεχόμενο κασετών σε ARGs στα προερχόμενα από την κοπριά ιντεγκρόνια και τα πλασμίδια. Τα γενετικά στοιχεία που προέρχονταν από το έδαφος ήταν φτωχότερα σε ARGs και επικίνδυνα στοιχεία, ενώ μερικά εμπλουτίστηκαν από την εφαρμογή κοπριάς. Συνολικά, αναδεικνύουμε μικροβιακές ομάδες και μηχανισμούς του μικροβιώματος που σχετίζονται με την κοπριά, χρήσιμες για ενημερωμένες μελέτες εκτίμησης κινδύνου και νομορυθμιστικές διεργασίες.

* (Συν-) συγγραφείς: Μυρτώ Βελιγράτη¹, Μαρίνα Ψωμάδου¹, Στεφανία Στεφανοπούλου¹, Κώστας Παπαγιαννίτσης², Τζοάνα Ροδοσθένους³, Χριστιάνα Χατζημιχαήλ³, Μιχάλης Ομήρου³, Δημήτριος Καρπούζας¹, Νικηφόρος Αλυγιζάκης⁴, Σωτήριος Βασιλειάδης¹

¹ Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Λάρισα, Ελλάδα, ² Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Τμήμα Ιατρικής, Λάρισα, Ελλάδα, ³ Τμήμα Αγροβιοτεχνολογίας, Ινστιτούτο Γεωργικών Ερευνών, Λευκωσία, Κύπρος,

⁴ Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, Ινστιτούτο Περιβάλλοντος, Αθήνα, Ελλάδα

PERSISTENCE, DISSIPATION AND HAZARD TRAITS OF THE PIG MANURE MICROBIOME, RESISTOME AND MOBILOME IN AGRICULTURAL SOILS

Marios I. Valmas*

University of Thessaly, Department of Biochemistry and Biotechnology, Larissa, Greece

Manuring is a sustainable agriculture practice leading to pathogen and antibiotic microbial resistance dispersal. Here, we model pig manure microbial inputs. Manure was conditioned with antibiotics at realistic concentrations, mixed with soil at 2% (w/w) and incubated at 25°C. Additionally, soil/manure mixtures were incubated at various temperature succession regimes (25 and 37°C). Total prokaryotic diversity was analysed amplicon sequencing, while the 16S rRNA gene, *intI1*, and an array of antibiotic resistance genes (ARGs) were quantified via qPCR. Shotgun sequencing was performed for key samples, for complete pathobiome, resistome and mobilome analysis. Finally, we performed Nanopore sequencing for complete class 1 integron amplicons. Manure taxa comprised ~20% of the manure-amended soil community, with taxa dissipating immediately (e.g. *Pseudomonas*), or after 5 days (e.g. *Streptococcus*), following exponential decay, whereas clostridia (among others) persisted beyond 25 days. Manure-enriched soil taxa were dominated by *Streptomycota*. Manure-associated ARGs decayed exponentially, with all but *ermB* persisting beyond 25 days. Antibiotic application favoured manure taxa/ARGs. Along temperature successions, abundances of *tetM* and *tetO* increased upon temperature increase to 37°C, after 20 days at 25°C. Manure-introduced ARG locus analysis depicted hazardous flanking regions, while ARG-hazardous cassette content was observed in manure-derived integrons and plasmids. Soil-derived genetic elements were poorer in ARGs and hazardous traits, and some were enriched by manure application. Overall, we delineate manure-associated hazardous microbiome entities and mechanisms, useful for informed risk assessment studies and regulatory action.

* (Co-) authors: Myrto Veligrati¹, Marina Psomiadou¹, Stefania Stefanopoulou¹, Costas C. Papagiannitsis², Johana Rodosthenous³, Christiana Hadjimichael³, Michalis Omirou³, Dimitrios G. Karpouzas¹, Nikiforos A. Alygizakis⁴, Sotirios Vasileiadis¹

¹ *University of Thessaly, Department of Biochemistry and Biotechnology, Larissa, Greece,* ² *University of Thessaly, School of Medicine, Larissa, Greece,* ³ *Department of Agrobiotechnology, Agricultural Research Institute, Lefkosia, Cyprus,* ⁴ *National & Kapodistrian University of Athens, Environmental Institute, Athens, Greece*

**ΤΑΞΙΝΟΜΗΣΗ ΜΑΚΡΩΝ ΟΣΤΩΝ ΣΕ ΠΛΑΙΣΙΑ ΑΝΑΜΕΜΕΙΓΜΕΝΩΝ
ΣΤΟΙΧΕΙΩΝ ΜΕΣΩ 3D ΓΕΩΜΕΤΡΙΚΗΣ ΑΝΑΛΥΣΗΣ**

Γαρούφη Νεφέλη*

Εργαστήριο Φυσικής Ανθρωπολογίας, Τομέας Φυσιολογίας Ζώων και Ανθρώπου, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών

Η οστεολογική ανάλυση ομαδικών ταφών παρουσιάζει ιδιαίτερες δυσκολίες, καθώς η παρουσία αναμεμειγμένων σκελετικών καταλοίπων δυσχεραίνει σε μεγάλο βαθμό την κατασκευή ατομικών βιολογικών προφίλ. Τα τελευταία χρόνια έχει παρατηρηθεί η ανάπτυξη καινοτόμων μεθοδολογιών ταξινόμησης που βασίζονται σε 2D ή 3D χαρακτηριστικά σκελετικών στοιχείων, ιδιαίτερα για τη μελέτη μακρών οστών. Στο πλαίσιο αυτό, αξιοποιήθηκαν γεωμετρικές ιδιότητες εγκάρσιων τομών διάφυσης για την ανάπτυξη και αξιολόγηση μεθοδολογιών ταξινόμησης θραυσμάτων, διαφορετικών μακρών οστών, καθώς και αμφίπλευρων στοιχείων. Για την εκπαίδευση των μεθόδων χρησιμοποιήθηκαν 3D μοντέλα μακρών οστών από τη σύγχρονη σκελετική Συλλογή Αθηνών, ενώ η αξιολόγησή τους πραγματοποιήθηκε σε καταγεγραμμένο αρχαιολογικό και ιστορικό δείγμα ελληνικής και βρετανικής προέλευσης. Ο νέος αλγόριθμος ταξινόμησης θραυσμάτων και διαφορετικών στοιχείων βασίζεται σε μοντέλα πρόβλεψης Μηχανών Διανυσμάτων Υποστήριξης για την εκτίμηση των γεωμετρικών παραμέτρων και το μεταγενέστερο υπολογισμό διανυσματικών αποστάσεων μεταξύ προβλεπόμενων και πραγματικών τιμών, σε συνδυασμό με μία διαδικασία διαλογής πιθανών και μη-πιθανών ζευγών κατά τα αρχικά στάδια ανάλυσης. Τα αποτελέσματα έδειξαν πως και οι δύο εκδοχές του νέου αλγορίθμου εμφάνισαν υψηλότερες τιμές ορθού αποκλεισμού ζευγών σε σχέση με την ακρίβεια ταξινόμησης, υποδεικνύοντας τη χρησιμότητά του κυρίως ως εργαλείο διαλογής. Ωστόσο, στην πλειοψηφία των αναλύσεων, οι τιμές ακρίβειας παρέμειναν υψηλότερες της πιθανότητας τυχαίας ταξινόμησης. Αντίθετα, κατά την ταξινόμηση αμφίπλευρων οστών των άνω άκρων, όλες οι μετρικές αξιολόγησης έλαβαν υψηλές τιμές. Η εφαρμογή των μεθόδων στο αρχαιολογικό και ιστορικό δείγμα έδωσε ενθαρρυντικά αποτελέσματα, κυρίως αναφορικά με την ταξινόμηση αμφίπλευρων οστών, αναδεικνύοντας, ωστόσο, την ανάγκη περαιτέρω βελτιστοποίησης του νέου αλγορίθμου κατά τη μελέτη άγνωστων δειγμάτων. Συμπερασματικά, η αξιοποίηση γεωμετρικών ιδιοτήτων μακρών οστών φαίνεται να έχει προοπτικές για την ανάπτυξη μεθοδολογιών ταξινόμησης, με δυνατότητα εφαρμογής σε χρονολογικά απομακρυσμένα δείγματα. Προτείνεται, ωστόσο, η περαιτέρω αξιολόγησή τους και η συνδυαστική χρήση τους με παραδοσιακές μεθόδους.

* (Συν-) συγγραφέας: Χοβαλοπούλου Μαρία-Ελένη

REASSOCIATION OF LONG BONES IN COMMINGLED CONTEXTS VIA 3D GEOMETRIC ANALYSIS

Garoufi Nefeli*

Physical Anthropology Laboratory, Section of Animal and Human Physiology, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens

Osteological analysis of commingled burials is particularly challenging, as the presence of mixed skeletal remains significantly hinders the construction of individual biological profiles. In recent years, there has been an increase in the development of innovative sorting methodologies based on 2D or 3D features of skeletal elements, particularly for the study of long bones. In this context, geometric properties of diaphyseal cross-sections were used to develop and evaluate methodologies for sorting fragmented and different long bones, as well as bilateral elements. For the training of the methods, 3D models of long bones from the contemporary Athens Collection were used, while their evaluation was carried out on a documented archaeological and historical sample of Greek and British origin. The new sorting algorithm for fragmented and different long bones utilizes Support Vector Machine prediction models for the estimation of geometric parameters and the subsequent calculation of vector distances between predicted and actual values, combined with a screening process for probable and non-probable pairs during the initial stages of the analysis. The results showed that both versions of the new algorithm displayed higher correct exclusion rates rather than sorting accuracy, suggesting its primary utility as a screening tool. Nevertheless, the observed accuracy values remained higher than random chance-level sorting in most analyses. In contrast, all evaluation metrics yielded high values for the sorting of bilateral upper limb elements. Applying the methods to the archaeological and historical samples yielded encouraging results, particularly for bilateral bones, while also indicating a potential need for further optimization of the new algorithm when studying unknown samples. In conclusion, the use of geometric properties of long bones appears as a promising approach for developing sorting methodologies, with potential applicability to chronologically distant samples. However, further evaluation and complementary use alongside traditional methods is recommended.

* (Co-) author: Chovalopoulou Maria-Eleni

Η ΔΙΑΜΕΣΟΛΑΒΟΥΜΕΝΗ ΑΠΟ ΤΗΝ ADAR1 Α-ΠΡΟΣ-I RNA ΣΤΟΙΧΕΙΟΘΕΣΙΑ ΡΥΘΜΙΖΕΙ ΤΟΝ ΕΞΑΡΤΩΜΕΝΟ ΑΠΟ ΤΗΝ ΠΡΩΤΕΪΝΗ ΧΙΑΡ ΜΙΚΡΟΓΛΟΙΑΚΟ ΚΥΤΤΑΡΙΚΟ ΘΑΝΑΤΟ ΣΤΗΝ ΝΕΥΡΟΦΛΕΓΜΟΝΗ

Πέττας Σπύρος

Τομέας Γενετικής, Ανάπτυξης και Μοριακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

Τομέας Φαρμακολογίας, Τμήμα Φαρμακευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

Η Πολλαπλή Σκλήρυνση (ΠΣ) είναι μια χρόνια νευροφλεγμονώδης και απομυελινωτική νόσος που χαρακτηρίζεται από δυσλειτουργία της μικρογλοίας. Η διαμεσολαβούμενη από την ADAR1 Α-προς-I (Αδενοσίνη προς Ινοσίνη) RNA στοιχειοθεσία ρυθμίζει την έμφυτη ανοσία και την ομοιόσταση του κεντρικού νευρικού συστήματος (ΚΝΣ), αλλά ο ρόλος της στην ΠΣ παραμένει ασαφής. Διαμορφώσαμε ένα μικρογλοιακό προφίλ RNA στοιχειοθεσίας ειδικό για κάθε κατηγορία βλάβης στον εγκέφαλο ασθενών με ΠΣ και ανιχνεύσαμε μια συνολική μείωση στην RNA στοιχειοθεσία στις ενεργές, χρόνιες και ανενεργές βλάβες, με αυξημένη στόχευση των 3' αμετάφραστων περιοχών (3'UTR). Τα διαφορετικά στοιχειοθετημένα μετάγραφα συμμετείχαν κυρίως στο μονοπάτι της νεκρόπτωσης και το σηματοδοτικό μονοπάτι των υποδοχέων τύπου NOD, συνδέοντας την RNA στοιχειοθεσία με τον φλεγμονώδη κυτταρικό θάνατο. Μεταξύ αυτών των μεταγράφων, ο αναστολέας της απόπτωσης XIAP, που προηγουμένως είχε συσχετιστεί με την ΠΣ, αναδείχθηκε ως βασικός διαφορετικά στοιχειοθετημένος στόχος, συμμετέχοντας και στα δύο μονοπάτια. Δημιουργώντας μια ανθρώπινη μικρογλοιακή κυτταρική σειρά με καταστολή της ADAR1 (HMC3 ADAR1 KO), δείξαμε ότι η ADAR1 στοιχειοθετεί εκτενώς μια δομή πλούσια σε A/U στο 3'UTR του XIAP, και τα επίπεδα της στοιχειοθεσίας συσχετίζονται αντιστρόφως με την έκφραση του μεταγράφου XIAP στην ΠΣ. Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι η ADAR1 συνδέεται άμεσα και σταθεροποιεί το mRNA του XIAP υπό φλεγμονώδεις συνθήκες, ενώ η απώλεια της στοιχειοθεσίας επιταχύνει την αποσύνθεση του μεταγράφου XIAP, μειώνει τα επίπεδα της πρωτεΐνης XIAP και ευαισθητοποιεί τη μικρογλοία στην απόπτωση μέσω ενεργοποίησης των κασπασών 3/7. Μαζί, αυτά τα ευρήματα ορίζουν έναν άξονα ADAR1-XIAP που διατηρεί την επιβίωση της μικρογλοίας κατά τη διάρκεια της νευροφλεγμονής και διαταράσσεται σε φλεγμονώδεις καταστάσεις, καθιερώνοντας την RNA στοιχειοθεσία ως κρίσιμο ρυθμιστή του φλεγμονώδους κυτταρικού θανάτου στην ΠΣ.

ADAR1-MEDIATED A-TO-I RNA EDITING REGULATES MICROGLIAL XIAP-DEPENDENT CELL DEATH IN NEUROINFLAMMATION

Pettas Spyros

Department of Genetics, Development and Molecular Biology, School of Biology, Faculty of Sciences, Aristotle University of Thessaloniki
Department of Pharmacology, School of Pharmacy, Faculty of Health Sciences, Aristotle University of Thessaloniki

Multiple sclerosis (MS) is a chronic neuroinflammatory and demyelinating disease marked by microglial dysregulation. ADAR1-mediated Adenosine-to-Inosine (A-to-I) RNA editing regulates innate immunity and central nervous system (CNS) homeostasis, but its role in MS remains unclear. We established a lesion-specific microglial editome profile across MS stages and found a global reduction in RNA editing from non-lesional tissue to active, chronic active, and inactive lesions, with increased targeting of 3' untranslated regions (3'UTR). Differentially edited transcripts were enriched in necroptosis and NOD-like receptor signaling pathways, linking RNA editing to inflammatory cell death. Among those transcripts, the X-linked inhibitor of apoptosis (XIAP) emerged as a key edited target, participating in both pathways and previously associated with MS severity. By establishing a human microglial ADAR1 Knock-out cell line (HMC3 ADAR1 KO), we showed that ADAR1 extensively edits an Alu-rich structure in the XIAP 3' UTR, and editing levels inversely correlate with XIAP expression in MS lesions. ADAR1 directly binds and stabilizes XIAP mRNA under inflammatory conditions, whereas loss of editing accelerates XIAP decay, reduces protein levels, and sensitizes microglia to apoptosis via caspase-3/7 activation. Together, these findings define an ADAR1-XIAP axis that sustains microglial survival during neuroinflammation and is disrupted in inflammatory conditions, establishing RNA editing as a critical regulator of inflammatory cell death in MS.

**ΑΠΟ ΤΟ ΔΙΑΣΤΗΜΑ ΕΩΣ ΤΟΝ ΒΥΘΟ: ΚΑΤΑΔΥΣΗ ΣΤΟ ΤΡΟΦΙΚΟ ΠΛΕΓΜΑ
ΤΗΣ ΑΝΤΑΡΚΤΙΚΗΣ, ΥΠΟ ΤΗΝ ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΤΗΣ ΚΛΙΜΑΤΙΚΗΣ ΑΛΛΑΓΗΣ**

Ρηγάτου Διονυσία*

Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, Τμήμα Βιολογίας, Τομέας Ζωολογίας και Θαλάσσιας Βιολογίας, Ομάδα Ωκεανογραφίας και Παρατήρησης της Γης, Πανεπιστημιούπολη, Αθήνα

Η Ανταρκτική βιώνει έναν από τους ταχύτερους ρυθμούς κλιματικής αλλαγής παγκοσμίως, με σημαντικές επιπτώσεις στο θαλάσσιο οικοσύστημα. Η παρούσα έρευνα εξετάζει μεταβολές σε βασικές κλιματικές μεταβλητές και τις επιδράσεις τους στη δομή και λειτουργία του τροφικού πλέγματος της Ανταρκτικής. Χρησιμοποιώντας πάνω από τέσσερις δεκαετίες δορυφορικών δεδομένων και κλιματικών μοντέλων για τη θαλάσσια θερμοκρασία, τον άνεμο και την παγοκάλυψη, διερευνούμε μακροχρόνιες μεταβολές σε ατμοσφαιρικές και ωκεάνιες διεργασίες που επηρεάζουν τη δυναμική του οικοσυστήματος. Κατά τη διάρκεια του καλοκαιριού του νοτίου ημισφαιρίου το 2026 (Ιαν-Φεβ), ταξιδέψαμε στη Βουλγαρική ερευνητική βάση στα στενά Bransfield της Ανταρκτικής για τη διεξαγωγή εργασιών πεδίου. Συλλέξαμε κατακόρυφα προφίλ θερμοκρασίας και φωτοσυνθετικά διαθέσιμης ακτινοβολίας, μαζί με δείγματα νερού, ώστε να αναλυθεί η κατανομή και δομή των φυτοπλακτονικών κοινοτήτων. Οι μετρήσεις αυτές θα συνδυαστούν με δορυφορικά δεδομένα και παλαιότερες επιτόπιες μετρήσεις, με στόχο τη διερεύνηση της χωροχρονικής μεταβλητότητας της βιομάζας του φυτοπλακτονού, των κοινοτήτων του και του χρόνου άνθησης, υπό την επίδραση κλιματικών αλλαγών. Παράλληλα, συλλέξαμε δεδομένα για την αφθονία, τη βιομάζα και τα βιολογικά χαρακτηριστικά οργανισμών ανώτερων τροφικών επιπέδων μέσω επιστημονικών καταδύσεων και υποβρύχιου τηλεχειριζόμενου οχήματος (ROV). Τα πρώτα αποτελέσματα δείχνουν ότι, παρά τη γενικευμένη αύξηση της θερμοκρασίας, οι μακροχρόνιες τάσεις του φυτοπλακτονού παρουσιάζουν εμφανή χωρική μεταβλητότητα, ενδεχομένως λόγω διαφορετικών κυρίαρχων φυσικών μηχανισμών. Επιπλέον, παρατηρήθηκαν χωρικές διαφοροποιήσεις στη δομή του τροφικού πλέγματος, οι οποίες πιθανόν συνδέονται με διαφορετικές περιβαλλοντικές συνθήκες. Η μελέτη αυτή αναμένεται να προσφέρει μια ποσοτική αποτύπωση της δομής και λειτουργίας του τροφικού πλέγματος στην περιοχή, συμβάλλοντας στην κατανόηση των επιπτώσεων της κλιματικής αλλαγής στο οικοσύστημα της Ανταρκτικής.

* (Συν-) συγγραφέας: Κυτίνου Ελένη, *Ελληνικό Κέντρο Θαλασσίον Ερευνών, Ινστιτούτο Ωκεανογραφίας, Εργαστήριο Φυτοβένθους, Ανάβυσσος*

**FROM SPACE TO SEAFLOOR: DIVING INTO THE ANTARCTIC FOOD WEB UNDER
THE PRESSURE OF CLIMATE CHANGE**

Rigatou Dionysia*

*National and Kapodistrian University of Athens, Department of Biology, Section of Zoology-Marine
Biology, Ocean & Earth Observation Group, Athens*

The Antarctic Peninsula is experiencing one of the fastest rates of climate change globally, with significant impacts on the marine ecosystem. This study focuses on monitoring changes in essential climate variables and assessing their impact on the structural and functional components of the Antarctic food web. We utilize over four decades of satellite-derived observations and reanalysis data on water temperature, wind intensity and sea-ice cover, to detect long-term changes in key atmospheric and oceanic processes that influence ecosystem dynamics. To complement these large-scale datasets, fieldwork was conducted during the 2026 austral summer (Jan-Feb) from the Bulgarian research base in the Bransfield Strait, Antarctica. Vertical profiles of temperature and photosynthetically available radiation were obtained, together with water samples to characterize phytoplankton distribution and community structure. These data will be coupled with high-resolution satellite data and past in-situ measurements, to explore the spatiotemporal variability in phytoplankton biomass, as well as shifts in functional groups and bloom timing, under the influence of climatic changes. Using an ecosystem-based approach, in-situ data were also collected on the total abundance, biomass, and biological traits of higher trophic levels through scientific diving protocols and remotely operated vehicle (ROV) surveys. Preliminary results indicate that, despite increasing temperatures across the study site, long-term phytoplankton trends exhibit spatial variability, potentially driven by differences in underlying physical forcing. Spatial differences in food web structure are also observed, potentially linked to contrasting environmental conditions across the study area. Together, these measurements will provide a quantitative depiction of the food web structure and functioning in the region, improving our understanding of climate-driven ecosystem transformations along the Antarctic Peninsula.

* (Co-) author: Kytinou Eleni, *Hellenic Centre for Marine Research, Institute of Oceanography, Laboratory of
Phytobenthos, Anavyssos*

ΑΞΙΟΠΟΙΗΣΗ ΠΑΡΑΠΡΟΪΟΝΤΩΝ ΕΛΑΙΟΠΟΙΗΣΗΣ: ΑΠΟ ΤΗΝ ΠΕΡΙΒΑΛΛΟΝΤΙΚΗ ΠΡΟΚΛΗΣΗ ΣΕ ΕΥΚΑΙΡΙΑ ΚΑΙΝΟΤΟΜΙΑΣ ΚΑΙ ΒΙΩΣΙΜΗΣ ΑΝΑΠΤΥΞΗΣ

Σκαπέρδα Ζωή*

Olea Fortius PC, Περιφερειακή Οδός Λάρισας–Τρικάλων, Καραγάτσι, 41110, Λάρισα, Ελλάδα, 41335

Τα αντιοξειδωτικά φυτικής προέλευσης διερευνώνται ολοένα και περισσότερο ως διατροφικά συμπληρώματα για τη βελτίωση της ευζωίας και της παραγωγικότητας των ζώων. Οι ενώσεις αυτές ενισχύουν τους ενδογενείς αντιοξειδωτικούς μηχανισμούς άμυνας και προστατεύουν τα βιομόρια από οξειδωτικές βλάβες. Τα παραπροϊόντα της ελαιοποίησης έχουν προσελκύσει ιδιαίτερο ενδιαφέρον λόγω της πιθανής συμβολής τους στη παραγωγή τροφίμων με βιώσιμο τρόπο. Η παρούσα μελέτη αξιολογεί το αντιοξειδωτικό δυναμικό ενός σταθερού παραπροϊόντος ελαιοποίησης, χρησιμοποιώντας ένα σύνολο δοκιμασιών αντιοξειδωτικής δράσης. Οι δοκιμές για την εκτίμηση της αντιοξειδωτικής ικανότητας του παραπροϊόντος ελαιοποίησης πραγματοποιήθηκαν σε σύγκριση με ένα ευρέως αναγνωρισμένο αντιοξειδωτικό, το γαλλικό οξύ. Συγκεκριμένα, μετρήθηκε η ικανότητα εξουδετέρωσης των ελευθέρων ριζών DPPH•, ABTS•⁺ και υπεροξειδίου (O₂•⁻), καθώς και η αναγωγική ισχύς (RP). Επιπλέον, χρησιμοποιήθηκαν η δοκιμασία ORAC και η δοκιμασία χαλάρωσης πλασμιδίου για την αξιολόγηση της προστασίας έναντι του επαγόμενου οξειδωτικού στρες. Το παραπροϊόν ελαιοποίησης παρουσίασε σημαντική βιοδραστικότητα, εξουδετερώνοντας αποτελεσματικά τις ρίζες DPPH• (IC₅₀ = 0,1 mg/ml) και ABTS•⁺ (IC₅₀ = 0,1 mg/ml). Ταυτόχρονα εμφάνισε ισχυρή ικανότητα δέσμευσης των ριζών υπεροξειδίου (O₂•⁻) (IC₅₀ = 2,1 mg/ml) και υψηλή αναγωγική ισχύ (AU_{0.5} = 0,06 mg/ml), γεγονός που υποδηλώνει έντονο αντιοξειδωτικό δυναμικό. Η δοκιμασία ORAC επιβεβαίωσε την ικανότητά του να εξουδετερώνει υπεροξυλικές ρίζες (ισοδύναμο Trolox = 4,1 μM TE/g). Επιπλέον, η δοκιμασία χαλάρωσης πλασμιδίου (IC₅₀ = 0,1 mg/ml) ανέδειξε την προστατευτική του δράση έναντι βλαβών του DNA που προκαλούνται από οξειδωτικό στρες. Η αντιοξειδωτική δράση παρέμεινε σταθερή μεταξύ πολλαπλών παρτίδων της ίδιας συγκομιστικής περιόδου (p = 0,0054), καθώς και μεταξύ διαφορετικών περιόδων συγκομιδής (p = 0,03), επιβεβαιώνοντας την αξιοπιστία και τη σταθερότητα της δραστηριότητάς του. Τα ευρήματά μας αναδεικνύουν τη δυναμική των παραπροϊόντων ελαιοποίησης ως αποτελεσματικών αντιοξειδωτικών με υποσχόμενες εφαρμογές στη διατροφή των ζώων και στα βιώσιμα συστήματα τροφίμων. Τα παραπροϊόντα αυτά διαδραματίζουν σημαντικό ρόλο στην προώθηση μιας κυκλικής βιοοικονομίας, μειώνοντας τα βιομηχανικά απόβλητα και μετατρέποντας τα παραπροϊόντα σε πολύτιμους πόρους.

* (Συν-) συγγραφείς: ²Τέκος Φώτιος, ³Καραμπατζάκης Θωμάς, ³Γκασδρόγκα Μαρία, ⁴Messant Clémence, ⁴Γκουγκουλιάς Χρήστος, ⁵Καρατοσίδα Δέσποινα, ⁵Γεώργιος Συμεών, ³Κουρέτας Δημήτριος, ²FoodOxys IKE ΤΕΧΝΟΒΛΑΣΤΟΣ, Περιφερειακή Οδός Λάρισας–Τρικάλων, Καραγάτσι, 41110, Λάρισα, Ελλάδα, 41335 ³Εργαστήριο Φυσιολογίας Ζωικών Οργανισμών, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις, Λάρισα ⁴Innovad NV/SA, Cogels Osylei 33, 2600 Berchem, Βέλγιο ⁵Ινστιτούτο Επιστήμης Ζωικής Παραγωγής, Ελληνικός Γεωργικός Οργανισμός-ΔΗΜΗΤΡΑ, Γιαννιτσά, Πέλλα, Ελλάδα

VALORIZATION OF OLIVE OIL PRODUCTION BY-PRODUCTS: FROM ENVIRONMENTAL CHALLENGE TO AN OPPORTUNITY FOR INNOVATION AND SUSTAINABLE DEVELOPMENT

Zoi Skaperda*

Olea Fortius PC, Larissa–Trikala Ring Road, Karagatsi, 41110, Larissa, Greece, 41335

Natural plant-derived antioxidants are increasingly explored as dietary supplements to enhance animal welfare and productivity. These compounds strengthen endogenous antioxidant defense mechanisms and protect biomolecules from oxidative damage. Olive oil side-stream products have gained attention for their potential role in sustainable food production. This study assesses the antioxidant potential of a well-characterized dried olive oil side-stream product using a panel of antioxidant assays. A series of redox assays was conducted to evaluate the antioxidant capacity of the olive oil side-stream product in comparison to a well-established antioxidant, gallic acid. The scavenging activity against DPPH, ABTS, and Superoxide ($O_2^{\bullet-}$) radicals as well as Reducing Power was measured. Additionally, the Oxygen Radical Absorbance Capacity (ORAC) assay and the Plasmid Relaxation Assay were used to assess oxidative stress protection. The olive oil side-stream product demonstrated significant bioactivity, effectively neutralizing DPPH (IC₅₀ = 0.1 mg/ml) and ABTS (IC₅₀ = 0.1 mg/ml) radicals. It exhibited strong superoxide radical ($O_2^{\bullet-}$) scavenging ability (IC₅₀ = 2.1 mg/ml) and a high reducing power (AU_{0.5} = 0.06 mg/ml), indicating a strong antioxidative potential. The ORAC assay confirmed its peroxyl radical scavenging capacity (Trolox-equivalent = 4.1 μ M TE/g). Additionally, the Plasmid Relaxation Assay (IC₅₀ = 0.1 mg/ml) demonstrated its protective effect against oxidative stress-induced DNA damage. The antioxidant effect remained consistent across multiple batches within a single harvest season ($p = 0.0054$) and across different seasons ($p = 0.03$), reinforcing the reliability and stability of its activity. Our findings highlight the potential of olive oil side-stream products as effective antioxidants with promising applications in animal nutrition and sustainable food systems. These by-products play a key role in fostering a circular bioeconomy by reducing industrial waste and transforming residues into valuable resources.

* (Co-) authors: ²Fotios Tekos, ³Thomas Karampatzakis, ³Maria Gkasdrogka, ⁴Clémence Messant, ⁴Christos Gougoulias, ⁵Despoina Karatosidi, ⁵Georgios Symeon, ³Dimitrios Kouretas, ²FoodOxys PC Spin-off, Larissa–Trikala Ring Road, Karagatsi, 41110, Larissa, Greece, 41335 ³Laboratory of Physiology of Animal Organisms, Department of Biochemistry and Biotechnology, School of Health Sciences, University of Thessaly, Viopolis, Larissa, Greece ⁴Innovad NV/SA, Cogels Osylei 33, 2600 Berchem, Belgium ⁵Research Institute of Animal Science, Hellenic Agricultural Organization-DIMITRA, Giannitsa, Pella, Greece

UNRAVELLING THE IMPACT OF PESTICIDE POLLUTION ON PREY-PREDATOR INTERACTIONS WITHIN THE NITROGEN CYCLE

Nieto, Esteban E.*

University of Thessaly, Department of Biochemistry and Biotechnology, Laboratory of Plant and Environmental Biotechnology, Viopolis, 41500, Larissa, Greece.

Pesticide pollution represents a major environmental concern due to its impact on ecosystem diversity and functioning. In soils, protists are key predators of bacteria, affecting community structure and nutrient cycling. However, the effects of contamination on trophic interactions remain poorly understood. This study aimed to evaluate the impact of pesticide pollution on prey-predator interactions and the nitrogen cycle. We performed a microcosm experiment using autoclaved soil inoculated with an artificial community of nitrifiers, composed of ammonia-oxidizing bacteria (AOB), ammonia-oxidizing archaea (AOA) and nitrite-oxidizing bacteria (NOB). After community establishment, we introduced axenic cultures of the ciliate *Tetrahymena pyriformis* and the flagellate *Poteroiochromonas* sp. In addition, metsulfuron-methyl was applied at two dose levels (low and high). Microcosms without protists and/or without pesticides served as controls. Sampling was performed at 0, 7, 14, 21 and 28 days of incubation. NH_4^+ and NO_3^- concentrations were measured, along with the abundance of AOB, AOA, NOB, and each protist species via qPCR. Our results indicated that both protist presence and pesticide application affected NH_4^+ oxidation and NO_3^- production ($p < 0.05$). A negative correlation was observed between AOB and *Tetrahymena* densities ($r = -0.7$, $p < 0.05$), while no correlation was observed for other groups, indicating predator preference for AOB, which dominated ammonia oxidation in this system. Pesticide application, both as single factor and in interaction with predators, significantly affected community structure, highlighting the importance of considering microbial interactions in the context of anthropogenic pollution.

Acknowledgments: This work was supported by the ReASSESS project funded by the Hellenic Foundation for Research and Innovation. EEN and ESP were supported by ACTIONr project funded by the European Union's Horizon 2021-2027 research and innovation program.

* (Co-) authors: Papadopoulou Evangelia S.² Chatzinotas Antonis^{3,4,5} Dimitrios Karpouzas¹, ¹University of Thessaly, Department of Biochemistry and Biotechnology, Laboratory of Plant and Environmental Biotechnology, Viopolis, 41500, Larissa, Greece., ²University of Thessaly, Department of Environmental Sciences, Laboratory of Environmental Microbiology and Virology, Gaiopolis, 41500, Larissa, Greece,³Helmholtz Centre for Environmental Research—UFZ, Department of Applied Microbial Ecology, 04318 Leipzig, Germany, ⁴Institute of Biology, Leipzig University, 04103 Leipzig, Germany, ⁵German Centre for Integrative Biodiversity Research (iDiv) Halle- Jena-Leipzig, 04103 Leipzig, Germany

UNRAVELLING THE IMPACT OF PESTICIDE POLLUTION ON PREY-PREDATOR INTERACTIONS WITHIN THE NITROGEN CYCLE

Nieto, Esteban E.*

University of Thessaly, Department of Biochemistry and Biotechnology, Laboratory of Plant and Environmental Biotechnology, Viopolis, 41500, Larissa, Greece.,

Pesticide pollution represents a major environmental concern due to its impact on ecosystem diversity and functioning. In soils, protists are key predators of bacteria, affecting community structure and nutrient cycling. However, the effects of contamination on trophic interactions remain poorly understood. This study aimed to evaluate the impact of pesticide pollution on prey-predator interactions and the nitrogen cycle. We performed a microcosm experiment using autoclaved soil inoculated with an artificial community of nitrifiers, composed of ammonia-oxidizing bacteria (AOB), ammonia-oxidizing archaea (AOA) and nitrite-oxidizing bacteria (NOB). After community establishment, we introduced axenic cultures of the ciliate *Tetrahymena pyriformis* and the flagellate *Poteroiochromonas* sp. In addition, metsulfuron-methyl was applied at two dose levels (low and high). Microcosms without protists and/or without pesticides served as controls. Sampling was performed at 0, 7, 14, 21 and 28 days of incubation. NH_4^+ and NO_3^- concentrations were measured, along with the abundance of AOB, AOA, NOB, and each protist species via qPCR. Our results indicated that both protist presence and pesticide application affected NH_4^+ oxidation and NO_3^- production ($p < 0.05$). A negative correlation was observed between AOB and *Tetrahymena* densities ($r = -0.7$, $p < 0.05$), while no correlation was observed for other groups, indicating predator preference for AOB, which dominated ammonia oxidation in this system. Pesticide application, both as single factor and in interaction with predators, significantly affected community structure, highlighting the importance of considering microbial interactions in the context of anthropogenic pollution.

Acknowledgments: This work was supported by the ReASSESS project funded by the Hellenic Foundation for Research and Innovation. EEN and ESP were supported by ACTIONr project funded by the European Union's Horizon 2021-2027 research and innovation program.

* (Co-) authors: Papadopoulou Evangelia S.² Chatzinotas Antonis^{3,4,5} Dimitrios Karpouzas¹, ¹University of Thessaly, Department of Biochemistry and Biotechnology, Laboratory of Plant and Environmental Biotechnology, Viopolis, 41500, Larissa, Greece., ²University of Thessaly, Department of Environmental Sciences, Laboratory of Environmental Microbiology and Virology, Gaiopolis, 41500, Larissa, Greece, ³Helmholtz Centre for Environmental Research—UFZ, Department of Applied Microbial Ecology, 04318 Leipzig, Germany, ⁴Institute of Biology, Leipzig University, 04103 Leipzig, Germany, ⁵German Centre for Integrative Biodiversity Research (iDiv) Halle- Jena-Leipzig, 04103 Leipzig, Germany

ΕΠΕΚΤΑΣΗ ΥΠΟΛΟΓΙΣΤΙΚΗΣ ΜΕΘΟΔΟΛΟΓΙΑΣ ΤΑΞΙΝΟΜΗΣΗΣ ΜΑΚΡΩΝ ΟΣΤΩΝ ΕΞΕΤΑΖΟΝΤΑΣ ΘΡΑΥΣΜΑΤΑ ΔΙΑΦΥΣΗΣ

Αγαθοκλέους Μαρία, Γαρούφη Νεφέλη, Χοβαλοπούλου Μαρία-Ελένη

Εργαστήριο Φυσικής Ανθρωπολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών

Η αντιστοίχιση θραυσμένων σκελετικών καταλοίπων μέσα σε ένα σύνολο αναμειγμένων σκελετικών στοιχείων αποτελεί μία από τις βασικότερες προκλήσεις στην οστεοαρχαιολογική ανάλυση, καθώς οι περισσότερες υφιστάμενες μέθοδοι βασίζονται σε μορφολογικά χαρακτηριστικά και στην εμπειρία του ερευνητή. Πρόσφατη εργασία προτείνει μια νέα μέθοδο για την ταξινόμηση θραυσμάτων επιφύσεων μακρών οστών, βασισμένη στις γεωμετρικές ιδιότητες διατομής (CSG) των οστών και χρησιμοποιώντας μοντέλα μηχανών διανυσμάτων στήριξης (SVM), επιτυγχάνοντας ενθαρρυντικά αποτελέσματα. Ο εξεταζόμενος αλγόριθμος χρησιμοποιεί τις CSG ιδιότητες των διατομών 20% και 80% της διάφυσης για την πρόβλεψη των αντίστοιχων «αντίθετων» μεταβλητών και στη συνέχεια υπολογίζει τις αποστάσεις μεταξύ των διανυσμάτων των προβλεπόμενων τιμών με εκείνα των πραγματικών τιμών για κάθε διατομή. Στην παρούσα μελέτη επιχειρείται η επέκταση της προσέγγισης αυτής μέσω της ανάλυσης επιπλέον διατομών (35%, 65%) κατά μήκος της διάφυσης μακρών οστών, με στόχο την αξιολόγηση της απόδοσης του μοντέλου πέραν των αρχικά εξεταζόμενων θέσεων. Η ανάλυση έγινε σε 3D μοντέλα μακρών οστών (404 μηριαία, 426 κνήμες, 423 βραχιόνια και 409 ωλένες) από τη σκελετική Συλλογή Αθηνών, που στεγάζεται στο Τμήμα Φυσιολογίας Ζώων και Ανθρώπου του ΕΚΠΑ. Τα αποτελέσματα δείχνουν ότι ο αλγόριθμος διατηρεί την ικανότητά του να αναγνωρίζει συσχετίσεις μεταξύ διατομών, με τις διατομές 35-65% να εμφανίζουν ποσοστά ακρίβειας κοντά στο 60% και τιμές %Ορθώς Αρνητικών (TNR) που αγγίζουν το 80%, υποδηλώνοντας ότι υπάρχει αυξημένη προβλεπτική ικανότητα. Επιπλέον, η κνήμη εμφανίζει συνολικά την υψηλότερη απόδοση, παρουσιάζοντας τα μεγαλύτερα συγκριτικά ποσοστά ακρίβειας (62%) και TNR (84%). Αντιθέτως, το μηριαίο παρουσιάζει τα χαμηλότερα ποσοστά ακρίβειας (15-42%) και TNR (33-75%), καθιστώντας το, το λιγότερο προβλέψιμο στοιχείο του δείγματος. Συνολικά, τα αποτελέσματα υποδηλώνουν ότι η μεθοδολογία παρουσιάζει σημαντικές προοπτικές περαιτέρω βελτιστοποίησης.

EXTENSION OF COMPUTATIONAL METHODOLOGY FOR LONG BONE CLASSIFICATION BY EXAMINING DIAPHYSEAL FRAGMENTS

Agathokleous Maria, Garoufi Nefeli, Chovalopoulou Maria-Eleni

Physical Anthropology Laboratory, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens

The matching of fragmented skeletal remains within a set of mixed skeletal elements constitutes one of the major challenges in osteoarchaeological analysis, as most existing methods rely on morphological characteristics and on the researcher's experience. Recent work has proposed a new method for the classification of long bone epiphyseal fragments based on the cross-sectional geometric (CSG) properties of bones and using support vector machine (SVM) models, achieving encouraging results. The proposed algorithm utilizes the CSG properties of the 20% and 80% diaphyseal cross-sections to predict the respective "opposite" variables and then calculates the distances between the vectors of predicted values with the ground truth for each cross-section. In the present study, an attempt is made to extend this approach through the analysis of additional cross-sections (35%, 65%) along the diaphysis of long bones, with the aim of evaluating the performance of the model beyond the initially examined locations. The analysis was performed on 3D models of long bones (404 femur, 426 tibia, 423 humerus, and 409 ulna) from the modern Athens Collection, housed in the Department of Animal and Human Physiology at the NKUA. The results show that the algorithm retains its ability to identify associations between cross-sections, with the 35–65% cross-sections exhibiting accuracy rates close to 60% and true negative rate (TNR) values reaching 80%, indicating increased predictive ability. Furthermore, the tibia appears overall to yield the best results, exhibiting the highest comparative accuracy (62%) and TNR (84%) values. In contrast, the femur appears to exhibit the lowest accuracy (15–42%) and TNR (33–75%) values, rendering it the poorest in terms of predictability. Overall, the results suggest that the methodology has potential for further optimization.

Η ΧΟΡΗΓΗΣΗ ΤΑΥΡΙΝΗΣ ΠΡΟΦΥΛΑΣΣΕΙ ΤΗΝ ΟΠΤΙΚΗ ΛΕΙΤΟΥΡΓΙΑ ΚΑΙ ΠΑΡΕΧΕΙ ΝΕΥΡΟΠΡΟΣΤΑΣΙΑ ΣΕ ΜΟΝΤΕΛΟ ΒΛΑΒΗΣ ΙΣΧΑΙΜΙΑΣ/ΕΠΑΝΑΙΜΑΤΩΣΗΣ ΑΜΦΙΒΛΗΣΤΡΟΕΙΔΟΥΣ ΑΡΟΥΡΑΙΟΥ

Αγραφιώτης Γρηγόρης¹, Στεργίου Κωνσταντίνα-Δομνίκη¹, Γκίνης Δημήτρης¹, Παπουτσοπούλου Σταματία², Σταματίου Ροδόπη³, Βασιλάκη Άννα¹

- 1. Εργαστήριο Φαρμακολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις, 41500 Λάρισα, Ελλάδα*
- 2. Τμήμα Βιοχημείας & Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις, 41500 Λάρισα, Ελλάδα*
- 3. Εργαστήριο Φυσιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 54124 Θεσσαλονίκη, Ελλάδα*

Η αμφιβληστροειδική βλάβη ισχαιμίας/επαναιμάτωσης (RIRI) προκαλεί οξειδωτικό στρες, φλεγμονή και αποπτωτικό κυτταρικό θάνατο. Η ταυρίνη είναι ενδογενές αμινοξύ με αντιοξειδωτικές, αντιφλεγμονώδεις και οσμωρυθμιστικές ιδιότητες. Στην παρούσα μελέτη εφαρμόσαμε ένα *in vivo* μοντέλο RIRI για να διερευνήσουμε τις πιθανές πρώιμες αντιαποπτωτικές, αντιφλεγμονώδεις και νευροπροστατευτικές δράσεις της ταυρίνης. Αρσενικοί αρουραίοι Wistar ηλικίας έξι εβδομάδων κατανεμήθηκαν σε δύο ομάδες και έλαβαν ή όχι 0,2M ταυρίνη στο πόσιμο νερό για δύο εβδομάδες πριν και 24 ώρες μετά την ισχαιμία. Η RIRI προκλήθηκε μονόπλευρα με αύξηση της ενδοφθάλμιας πίεσης στα 110mmHg για 60 λεπτά, με το ετερόπλευρο μάτι ως μάρτυρα. Η δοκιμή οπτικού γκρεμού αξιολόγησε τη συμπεριφορά των ζώων 24 ώρες μετά την RIRI (3 δοκιμές/ζώο· προτίμηση ρηχού/βαθύ αν ≥ 2 δοκιμές). Οι αμφιβληστροειδείς και τα οπτικά νεύρα συλλέχθηκαν 24 ώρες μετά τη RIRI για ανάλυση με Western blot και ανοσοφθορισμό. Τα ζώα ελέγχου παρουσίασαν ήπια προτίμηση προς τη «βαθιά» πλευρά, ενώ τα ζώα που έλαβαν ταυρίνη προτίμησαν τη «ρηχή» πλευρά. Αναλύσεις Western blot έδειξαν ότι η ταυρίνη μετρίασε τη μείωση της φωσφορυλιωμένης AKT(Ser473) που προκαλεί η RIRI και απέτρεψε την μιτοχονδριακή απόπτωση (αύξηση APAF1, απελευθέρωση κυτόχρωμα c και λόγος cleaved caspase-3/caspase-3). Ο ανοσοφθορισμός ανέδειξε αυξημένη μικρογλοίωση (Iba1⁺), αυξημένη έκφραση IL-1 β και TNF α και έντονη αστρογλοίωση στους αμφιβληστροειδείς με RIRI, ενώ η ταυρίνη κατέστειλε τις αποκρίσεις αυτές. Παράλληλα, η ταυρίνη μείωσε στατιστικά σημαντικά την επαγόμενη από την RIRI ενεργοποίηση της οδού του NF- κ B μέσω μείωσης της φωσφορυλίωσης της p65 και της έκφρασης της p50, χωρίς μεταβολή της p105. Συνολικά, τα δεδομένα υποστηρίζουν ότι η ταυρίνη προστατεύει την οπτική λειτουργία μέσω συντονισμένης ρύθμισης της επιβίωσης, απόπτωσης, φλεγμονής και γλοιακών αποκρίσεων.

TAURINE PRE-TREATMENT PROTECTS VISUAL FUNCTION AND PROVIDES MULTI-TARGET NEUROPROTECTION IN A RAT RETINAL ISCHEMIA / REPERFUSION INJURY MODEL

Agrafiotis Grigoris¹, Stergiou Kontantina-Domniki¹, Gkinis Dimitris¹, Papoutsopoulou Stamatia², Stamatiou Rodopi³, Vasilaki Anna¹

1. Laboratory of Pharmacology, Faculty of Medicine, University of Thessaly, BIOPOLIS, Larissa, Greece

2. Department of Biochemistry & Biotechnology, University of Thessaly, BIOPOLIS, Larissa, Greece

3. Laboratory of Physiology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece

Retinal ischemia/reperfusion injury (RIRI) induces oxidative stress, inflammation, and apoptosis. Taurine, an endogenous amino acid, has antioxidant, anti-inflammatory, and osmoregulatory properties. Here, we investigated taurine's early neuroprotective effects using an in vivo rat RIRI model. Six-week-old male Wistar rats received 0.2M taurine in drinking water for 2 weeks pre- and up to 24 hours post-RIRI, or regular water (controls). In all animals, unilateral RIRI was induced by elevating intraocular pressure to 110mmHg for 60 minutes, with the contralateral eye serving as an internal control. Visual cliff test assessed behavior at 24 hours post-RIRI (3 trials/animal; shallow/deep preference if ≥ 2 trials). Retinas and optic nerves underwent Western blotting and immunofluorescence. Control animals showed a modest bias toward the deep side, whereas taurine-treated animals preferred the shallow side. Western blot analysis showed that taurine attenuated RIRI-induced phospho-AKT(Ser473) reduction, and suppressed RIRI-induced mitochondrial apoptosis (increased APAF1, cytochrome c release, and cleaved caspase-3/caspase-3 ratio). NF κ B signaling was similarly activated in IRI retinas, while taurine significantly attenuated both p65 phosphorylation and p50 expression, while NF κ B p105 remained unchanged. Immunofluorescence showed increased Iba1⁺ microgliosis, elevated IL-1 β and TNF α expression, and robust astrogliosis (retinal astrocytic branching and optic nerve head GFAP⁺ area increase) in IRI retinas, while taurine suspended all these markers. In summary, this study provides evidence that taurine likely exerts multi-target neuroprotection in acute RIRI, restoring visual behavior while coordinately modulating AKT-mediated survival, mitochondrial apoptosis, NF- κ B inflammation, and glial responses.

Η ΖΩΟΠΛΑΓΚΤΙΚΗ ΒΙΟΚΟΙΝΟΤΗΤΑ ΤΗΣ ΛΙΜΝΗΣ ΔΟΪΡΑΝΗΣ ΣΕ ΤΕΣΣΕΡΙΣ ΕΠΟΧΕΣ

Ακτσελής Ιωάννης¹, Ράδος Χριστόδουλος¹, Πολυχρόνη Θωμαή¹, Πετρίκη Όλγα², Μιχαλούδη Ευαγγελία¹

1. Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Τ.Κ. 54124, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

2. Τμήμα Αλιείας και Υδατοκαλλιέργειών, Πανεπιστήμιο Πατρών, Τ.Κ. 30200, Μεσολόγγι, Ελλάδα

Αποτελώντας τον συνδετικό κρίκο μεταξύ φυτοπλαγκτού και ψαριών, η μελέτη του ζωοπλαγκτού σε συστήματα εσωτερικών υδάτων μπορεί να παρέχει χρήσιμες πληροφορίες σχετικά με την αντιμετώπιση φαινομένων ευτροφισμού, την αξιολόγηση της ποιότητας του νερού και την εκτίμηση της σταθερότητας των οικοσυστημάτων αυτών. Στο πλαίσιο της παρούσας εργασίας, εξετάζεται η ζωοπλαγκτική κοινωνία (Rotifera, Diplostraca, Copepoda, Bivalvia) της διασυνοριακής λίμνης Δοϊράνης. Αναλύθηκαν δείγματα που συλλέχθηκαν σε εποχική βάση (Απρίλιος, Ιούλιος και Οκτώβριος 2025 και Ιανουάριος 2026) με τη χρήση διχτυών πλαγκτού (άνοιγμα ματιού 50 και 100 μm). Τα δείγματα συλλέχθηκαν στο βαθύτερο σημείο της λίμνης και συντηρήθηκαν με προσθήκη διαλύματος φορμόλης 4% (τελική συγκέντρωση). Η μικροσκοπική αναγνώριση των οργανισμών έγινε με τη χρήση ταξινομικών κλειδών. Συνολικά αναγνωρίστηκαν 33 τάξα (21 Rotifera, 6 Diplostraca, 5 Copepoda, 1 Bivalvia). Η συνολική αφθονία κυμάνθηκε από 225 (φθινόπωρο) έως 1023 (καλοκαίρι) άτομα*L-1. Το καλοκαίρι η μέγιστη αφθονία οφείλονταν κυρίως στους ναύπλιους (Copepoda, 31%) και στα είδη *Diaphanosoma* spp. (Diplostraca, 24%) και *Polyarthra* spp. (Rotifera, 12%). Τον χειμώνα (568 άτομα*L-1), κυριάρχησε το *Keratella cochlearis* (Rotifera, 61%) και το *Bosmina longirostris* (Diplostraca, 21%). Μικρότερη αφθονία καταγράφηκε την άνοιξη (239 άτομα*L-1) [κωπηποδίτες (Copepoda, 24%), *Daphnia cucullata* (Diplostraca, 23%) και *Bosmina longirostris* (15%)] και το φθινόπωρο (225 άτομα*L-1) [ναύπλιοι (34%), *Daphnia cucullata* (17%) και κωπηποδίτες (10%)]. Συνολικά τα Rotifera επικράτησαν τον χειμώνα, ενώ τις άλλες εποχές κυρίαρχα ήταν τα Diplostraca (άνοιξη και φθινόπωρο) και τα αναπτυξιακά στάδια των Copepoda (ναύπλιοι για καλοκαίρι και φθινόπωρο, κωπηποδίτες για άνοιξη και καλοκαίρι).

THE ZOOPLANKTONIC COMMUNITY OF LAKE DOIRANI IN FOUR SEASONS

Aktselis Ioannis¹, Rados Christodoulos¹, Polychroni Thomai¹, Petriki Olga², Michaloudi Evangelia¹

1. Department of Zoology, School of Biology, Faculty of Sciences, Aristotle University of Thessaloniki, 54124 Thessaloniki, Greece

2. Department of Fisheries and Aquaculture, University of Patras, 30200 Mesolongi, Greece

As the connecting link between phytoplankton and fish, zooplankton can provide beneficial insights into dealing with instances of eutrophication, evaluating water quality and assessing the stability of inland water ecosystems. This study examined the diversity of zooplankton (Rotifera, Diplostraca, Copepoda, Bivalvia) in the transboundary Lake Doirani. Seasonal samples were collected (April, July and October 2025; January 2026), at the lake's deepest point using plankton nets (50 and 100 μm mesh sizes) and preserved in 4% formalin solution (final concentration). For the taxonomic identification of zooplankton diversity taxonomical keys were used. Microscopic analysis revealed -in total- the presence of 33 taxa (21 Rotifera, 6 Diplostraca, 5 Copepoda, 1 Bivalvia). Total abundance ranged from 225 ind.*L⁻¹ in autumn to a summer peak of 1023 ind.*L⁻¹. Maximum abundance in summer was dominated by Copepoda nauplii (31%), Diaphanosoma spp. (Diplostraca, 24%) and Polyarthra spp. (Rotifera, 12%). During winter (568 ind.*L⁻¹) the most dominant taxa were Keratella cochlearis (Rotifera, 61%) and Bosmina longirostris (Diplostraca, 21%). Lower abundances were recorded in spring (239 ind.*L⁻¹) [copepodites (Copepoda, 24%), Daphnia cucullata (Diplostraca, 23%) and Bosmina longirostris (15%)] and in autumn (225 ind.*L⁻¹) [Copepoda nauplii (34%), Daphnia cucullata (17%) and copepodites (10%)]. Overall, Rotifera dominated during the winter, whereas Diplostraca and developmental stages of Copepoda were the most abundant in spring, summer and autumn.

Ο ΡΟΛΟΣ ΤΟΥ ΟΥΔΕΤΕΡΟΦΙΛΟΥ ΣΤΗΝ HPV ΛΟΙΜΩΞΗ

Αλεξιάδη Χριστίνα-Ανγκέλικα¹, Σταυρίδου Γεωργία¹, Σκεύα Αικατερίνη¹, Μαρμάνης Κωνσταντίνος², Ευθυμίου Γιώργος¹, Μαυρομιχάλη Δέσποινα¹, Λιμπαντέ Αναστασία-Μαρία¹, Σπανόπουλος Διονύσης¹, Κούτλα Αντιγόνη¹, Λαζαρίδης Χρήστος¹, Κόφφα Μαρία², Λαμπροπούλου Μαρία³, Πανοπούλου Μαρία¹, Κωνσταντινίδης Θεοχάρης¹

1. Εργαστήριο Μικροβιολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης, Π. Γ. Ν. Αλεξανδρούπολης

2. Εργαστήριο Μοριακής Κυτταρικής Βιολογίας, Κυτταρικού κύκλου και Πρωτεομικής, Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης

3. Εργαστήριο Ιστολογίας-Εμβρυολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης

Εισαγωγή: Ο ιός ανθρώπινων θηλωμάτων (HPV) προσβάλλει επιθηλιακά κύτταρα δέρματος και βλεννογόνων. Υπάρχουν περισσότεροι από 100 διαφορετικοί τύποι του ιού HPV. Με βάση την ικανότητα του να προκαλεί καρκινικές αλλοιώσεις, διακρίνονται τύποι χαμηλού και υψηλού κινδύνου. Οι τύποι υψηλού κινδύνου συνδέονται με την εμφάνιση καρκίνου του τραχήλου της μήτρας. Τα ουδετερόφιλα αποτελούν βασικά κύτταρα ανοσιακής απάντησης σε λοιμώξεις, εκκρίνοντας κυτταροκίνες, αντιμικροβιακά πεπτιδία και σχηματίζοντας Neutrophil Extracellular Traps NETs. Ο σκοπός της παρούσας εργασίας ήταν να μελετηθεί η *in vitro* ενεργοποίηση των ουδετεροφίλων στην HPV λοίμωξη, ο σχηματισμός NETs, καθώς και η έκφραση αντιμικροβιακών πεπτιδίων σε αυτά. Υλικά και μέθοδοι: Η *in vitro* ενεργοποίηση των ουδετεροφίλων υγιών ατόμων πραγματοποιήθηκε μέσω διέγερσης με κολποτραχηλικά δείγματα ασθενών με HPV λοίμωξη χαμηλού (lrHPV) και αυξημένου (hrHPV) κινδύνου. Εξετάστηκε η ικανότητα των ουδετεροφίλων να σχηματίζουν NETs, να συνθέτουν *de novo* το αντιμικροβιακό πεπτιδίδιο LL-37 και να το εκφράσουν στα δίκτυα των NETs. Η απομόνωση των ουδετεροφίλων πραγματοποιήθηκε με διπλή στιβάδα Ficoll. Για τον εντοπισμό των πρωτεϊνών, με τη μέθοδο του ανοσοφθορισμού, χρησιμοποιήθηκαν: αντιανθρώπινο μονοκλωνικό αντίσωμα ποντικού για την ανίχνευση της LL-37 και αντιανθρώπινο πολυκλωνικό αντίσωμα κουνελιού έναντι ουδετεροφιλικής ελαστάσης. Τέλος, ο πυρήνας των ουδετεροφίλων και τα NETs χρωματίστηκαν με φθορίζουσα χρωστική DAPI. Αποτελέσματα: Τα ουδετερόφιλα απελευθέρωσαν NETs μετά την ενεργοποίηση με τα δείγματα hrHPV, ενώ δεν παρατηρήθηκε το φαινόμενο στα lrHPV. Επιπλέον, διαπιστώθηκε η έκφραση του πεπτιδίου LL-37, στα NETs. Τέλος, η παρουσία του LL-37 παρατηρήθηκε και στον ιστό των βιοψιών καρκίνου τραχήλου της μήτρας. Συμπεράσματα: Τα ευρήματα έδειξαν ότι τα hrHPV δείγματα επάγουν απελευθέρωση των NETs *in vitro*. Η έκφραση του LL-37 σε αυτά υποδεικνύει την πιθανή εμπλοκή του πεπτιδίου LL-37 στην καρκινογένεση. Η μελέτη συνεχίζεται.

THE ROLE OF NEUTROPHIL IN HPV INFECTION

Alexiadi Xristina-Angelika¹, Stavridou Georgial¹, Skeva Aikaterini¹, Marmanis Konstantinos², Efthymiou Giorgos¹, Mavromichali Despoina¹, Limpante Anastasia-Maria¹, Spanopoulos Dionisis¹, Koutla Antigoni¹, Lazaridis Christos¹, Koffa Maria², Lambropoulou Maria³, Panopoulou Maria¹, Konstantinidis Theocharis¹

1. Laboratory of Microbiology, Department of Medicine, Democritus University of Thrace, University General Hospital of Alexandroupolis

2. Laboratory of Molecular Cellular Biology, Cell Cycle and Proteomics, Department of Molecular Biology and Genetics, Democritus University of Thrace

3. Laboratory of Histology-Embryology, Department of Medicine, Democritus University of Thrace

Introduction: Human Papilloma Virus (HPV) infects the epithelial cells of the skin and mucous membranes. There are more than 100 different genotypes of HPV. Based on their ability to cause cancerous lesions, they are distinguished into low-risk and high-risk genotypes. High-risk genotypes are associated with the occurrence of cervical cancer. Neutrophils are fundamental immune response cells in infections, secreting cytokines, antimicrobial peptides, and forming Neutrophil Extracellular Traps (NETs). The purpose of this study was to investigate the *in vitro* activation of neutrophils in HPV infection, the formation of NETs, as well as the expression of antimicrobial peptides within them. **Materials and Methods:** The *in vitro* activation of neutrophils from healthy individuals was performed via stimulation with cervicovaginal samples from patients with low-risk (lrHPV) and high-risk (hrHPV) HPV infections. The ability of neutrophils to form NETs, to synthesize the antimicrobial peptide LL-37 *de novo*, and to express it within the NETs networks was examined. Neutrophil isolation was performed using a double-layer Ficoll gradient. For the identification of proteins via immunofluorescence, the following were used: a mouse anti-human monoclonal antibody for the detection of LL-37 and a rabbit anti-human polyclonal antibody against neutrophil elastase. Finally, the nucleus of neutrophils and the NETs were stained with the fluorescent dye DAPI. **Results:** Neutrophils released NETs following activation with hrHPV samples, whereas this phenomenon was not observed with lrHPV samples. Furthermore, the expression of the LL-37 peptide was identified within the NETs. Concurrently, the presence of LL-37 was also observed in the tissue of cervical cancer biopsies. **Conclusions:** The findings were indicated that hrHPV samples induce the release of NETs *in vitro*. The expression of LL-37 within these suggests the potential involvement of LL-37 peptide in carcinogenesis. The study is ongoing.

**ΑΝΑΠΤΥΞΗ ΒΙΟΔΡΑΣΤΙΚΩΝ ΠΟΛΥΜΕΡΙΚΩΝ ΜΕΜΒΡΑΝΩΝ ΜΕ
ΕΝΘΥΛΑΚΩΣΗ ΣΙΛΥΒΙΝΗΣ ΚΑΙ ΓΑΛΛΙΚΟΥ ΟΞΕΟΣ**

Αναστασίου Κ.Σ., Τσιώτα Σ., Τσιαγγάλη Ε.Α., Ζαούτσος Σ.Π., Μαρράς Σ.Ι., Ψαρρά Α.-Μ.Γ.
και Τσιβιντζέλης Ι.

Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Λάρισα, Ελλάδα

Τμήμα Χημικών Μηχανικών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

Τμήμα Ενεργειακών Συστημάτων, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Λάρισα, Ελλάδα

Η ηλεκτροστατική ινοποίηση αποτελεί μια σχετικά απλή, ευέλικτη και οικονομικά αποδοτική τεχνική για την ομοιόμορφη ενσωμάτωση βιοδραστικών ουσιών σε ινώδεις μεμβράνες, προσφέροντας υψηλό βαθμό ελέγχου στη μορφολογία των ινών, στη δομή και στο πορώδες του υλικού. Στην παρούσα μελέτη αναπτύχθηκαν ινώδεις μεμβράνες πολυκαπρολακτόνης (PCL) με ενθυλάκωση σιλυβίνης και γαλλικού οξέος, δύο φυσικών φλαβονοειδών με ισχυρή αντιοξειδωτική και αντικαρκινική δράση. Έλεγχος της μορφολογίας των μεμβρανών με Ηλεκτρονική Μικροσκοπία Σάρωσης (SEM) έδειξε ομοιόμορφες ίνες με λεία επιφάνεια και ήπια αύξηση της διαμέτρου μετά την ενσωμάτωση των δραστικών ουσιών. Η αποτελεσματικότητα ενθυλάκωσης αξιολογήθηκε με φασματοφωτομετρία UV Vis, ενώ η θερμική συμπεριφορά των μεμβρανών εξετάστηκε με Διαφορική Θερμιδομετρία Σάρωσης (DSC) και Θερμοσταθμική Ανάλυση (TGA). Η βιοσυμβατότητά τους διερευνήθηκε σε ανθρώπινα κερατινοκύτταρα HaCaT μέσω δοκιμασίας αναγωγής άλατος τετραζολίου MTT, όπου οι μεμβράνες PCL σιλυβίνης διατήρησαν υψηλή κυτταρική βιωσιμότητα, σε αντίθεση με τις μεμβράνες γαλλικού οξέος που εμφάνισαν αυξημένη κυτταροτοξικότητα. Σε καρκινικά κύτταρα Hep G2, οι μεμβράνες με σιλυβίνη προκάλεσαν σημαντική μείωση της κυτταρικής βιωσιμότητας, υποδεικνύοντας πιθανή αντικαρκινική δράση, ενώ το γαλλικό οξύ παρουσίασε μη εκλεκτική κυτταροτοξικότητα. Επιπλέον, σε κύτταρα HEK 293 υπό οξειδωτικό στρες (παρουσία 0,6 mM H₂O₂), οι μεμβράνες με σιλυβίνη παρείχαν σημαντική προστασία, επιβεβαιώνοντας την αντιοξειδωτική της ικανότητα. Οι συγκεκριμένες βιολογικές ιδιότητες αναδεικνύουν τη δυνατότητα χρήσης των εμπλουτισμένων με δραστικές ουσίες ινωδών μεμβρανών σε φαρμακευτικές, καλυντικοτεχνικές και βιοϊατρικές εφαρμογές.

**DEVELOPMENT OF BIOACTIVE POLYMERIC MEMBRANES WITH
ENCAPSULATION OF SILYBIN AND GALLIC ACID**

Anastasiou K.S., Tsiota S., Tsiangali E.A., Zaoutsos S.P., Marras S.I., Psarra A.-M.G.,
Tsvintzelis I.

Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, Larissa, Greece

Department of Chemical Engineering, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece

Department of Energy Systems, University of Thessaly, Larissa, Greece

Electrospinning is a relatively simple, flexible and cost-effective technique for the uniform incorporation of bioactive compounds into fibrous membranes, offering precise control over fiber morphology, the structure and the porosity of the material. In the present study, polycaprolactone (PCL) fibrous membranes were prepared by the encapsulation of silybin and gallic acid, two natural flavonoids with potent antioxidant and anticancer activity. Inspection of the morphology of the membranes by Scanning Electron Microscopy (SEM) showed uniform fibers with a smooth surface and a mild increase in diameter after the incorporation of the active compounds. The encapsulation efficiency was evaluated by UV-Vis spectrophotometry, while the membranes' thermal behavior was examined by Differential Scanning Calorimetry (DSC) and Thermogravimetric Analysis (TGA). Their biocompatibility was investigated in HaCaT cells using the MTT tetrazolium salt reduction assay, where PCL silybin membranes do not affect cell viability, in contrast to gallic acid membranes that exhibited increased cytotoxicity. In Hep G2 cancer cells, silybin membranes caused a significant reduction in cell viability, indicating a potential anticancer effect, while gallic acid exhibited a non-selective cytotoxicity. Furthermore, in HEK 293 cells under oxidative stress (induced by 0.6 mM H₂O₂), silybin membranes provided significant protection, confirming its antioxidant capacity. These specific biological properties highlight the potential use of the bioactive compounds-enriched fibrous membranes in pharmaceutical, cosmetic and biomedical applications.

**ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΩΝ ΑΓΧΟΛΥΤΙΚΩΝ ΙΔΙΟΤΗΤΩΝ ΤΗΣ ΧΟΡΗΓΗΣΗΣ
ΒΕΤΟΥΛΙΝΙΚΟΥ ΟΞΕΟΣ ΣΤΟ ΥΨΗΛΟ ΑΓΧΟΣ: ΜΙΑ ΠΡΩΤΕΟΜΙΚΗ ΑΝΑΛΥΣΗ**

Αναστασίου Μαρία, Nussbaumer Markus, Σαμιωτάκη Μαρτίνα, Παπαγεωργίου Μαρία,
Χατζηεμμανουήλ Σωτήρης, Φύλιου Μιχαέλα, Ανούση Ελισσάβητ

*Εργαστήριο Βιοχημείας, Τμήμα Βιολογικών Εφαρμογών και Τεχνολογιών, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων,
Ιωάννινα, Ελλάδα*

*Ινστιτούτο Βιοϊατρικών Ερευνών, Ίδρυμα Τεχνολογίας και Έρευνας (ΙΒΕ-ΙΤΕ), Ιωάννινα, Ελλάδα
Ερευνητικό Κέντρο Βιοϊατρικών Επιστημών «Αλέξανδρος Φλέμινγκ», Ινστιτούτο Βιοκαινοτομίας, Βάρη,
Ελλάδα*

Παρόλο που οι αγχώδεις διαταραχές επηρεάζουν περίπου το ένα τρίτο του παγκόσμιου πληθυσμού, οι μοριακοί μηχανισμοί που διέπουν τις αγχολυτικές παρεμβάσεις παραμένουν ασαφείς. Στην παρούσα μελέτη, διερευνήθηκαν οι αγχολυτικές ιδιότητες του Βετουλινικού οξέος, ενός πεντακυκλικού τριτερπενίου, που δρα ως αναστολέας του πρωτεασώματος και εμφανίζει νευροπροστατευτική δράση, χρησιμοποιώντας το μοντέλο ποντικού υψηλού άγχους (High Anxiety-related Behavior, HAB). Αναλυτικότερα, χρησιμοποιήθηκαν δύο ομάδες θηλυκών HAB ποντικών: η πρώτη ομάδα υποβλήθηκε σε ημερήσιες ενέσεις βετουλινικού οξέος για 11 ημέρες, ενώ η δεύτερη ομάδα αποτέλεσε την ομάδα ελέγχου. Μετά από μία εβδομάδα χορήγησης Βετουλινικού οξέος, τα ποντίκια υποβλήθηκαν σε μία σειρά συμπεριφορικών δοκιμών: το τεστ φωτεινού-σκοτεινού θαλάμου (Dark-Light box, DaLi), το τεστ ανοικτού πεδίου (Open Field Test, OFT) και το τεστ εξαναγκασμένης κολύμβησης (Forced Swimming Test, FST) για την αξιολόγηση της σχετικής με το άγχος και κατάθλιψη συμπεριφορά και την κινητικότητα. Τα ποντίκια που έλαβαν βετουλινικό οξύ παρουσίασαν αυξημένο χρόνο παραμονής στο φωτεινό θάλαμο (DaLi) καθώς και μεγαλύτερο αριθμό εισόδων και αυξημένο χρόνο παραμονής στην εσωτερική ζώνη του ανοικτού πεδίου (OFT). Για τη διερεύνηση του μοριακού μηχανισμού αυτής της αγχολυτικής επίδρασης, πραγματοποιήθηκε πρωτεομική ανάλυση σε δείγματα υποθαλάμου και των δύο ομάδων. Στα ζώα που έλαβαν βετουλινικό οξύ, ο καταβολισμός πρωτεϊνών του πρωτεασώματος παρουσίασε σημαντικές διαφοροποιήσεις, παράλληλα με αλλαγές στα επίπεδα πρωτεϊνικής έκφρασης στην αυτοφαγία, τη μιτοφαγία, τη συναπτική διαβίβαση, την οξειδωτική φωσφορυλίωση, τη μετάφραση, την αναδίπλωση πρωτεϊνών και το μεταβολισμό του RNA. Τα δεδομένα αυτά αναδεικνύουν την αγχολυτική δράση του βετουλινικού οξέος σε συνθήκες υψηλού άγχους και προσφέρουν μία μηχανιστική εξήγηση μοριακών προσαρμογών κατά τη μείωση του άγχους.

**EXPLORING THE ANXIOLYTIC PROPERTIES OF BETULINIC ACID
ADMINISTRATION IN HIGH ANXIETY: A PROTEOMIC ANALYSIS**

Anastasiou Maria, Nussbaumer Markus, Samiotaki Martina, Papageorgiou Maria,
Chatziemmanouil Sotiris, Filiou Michaela, Anousi Elissavet

*Laboratory of Biochemistry, Department of Biological Applications and Technology, University of
Ioannina, Ioannina*

*Biomedical Research Institute, Foundation for Research and Technology-Hellas (BRI-FORTH),
Ioannina*

Biomedical Sciences Research Center "Alexander Fleming", Institute for Bioinnovation, Vari

Although anxiety disorders affect approximately a third of the world population, the molecular mechanisms underlying anxiolytic interventions remain unclear. Here, we explored the anxiolytic effects of Betulinic Acid, a pentacyclic triterpene, which acts as a proteasome inhibitor and shows promising neuroprotective effects by using the High Anxiety-related Behavior (HAB) mouse model of trait anxiety. Female HAB mice were separated into two groups: the first group underwent daily injections of betulinic acid for 11 days, while the second group served as the control group, receiving daily injections of vehicle solution. After a week of treatment, mice were subjected to a behavioral test battery: Dark Light box (Dali), Open Field Test (OFT) and Forced Swimming Test (FST) to assess anxiety-like behavior, locomotion and depression-like behavior. Treated mice showed increased time spent in the light compartment (Dali) as well as more entries and time spent in the inner zone (OFT). To assess the molecular underpinnings of this anxiolytic effect, hypothalamus samples of treated and control groups underwent proteomic analysis. In betulinic acid-treated HAB female mice, the proteasome protein catabolism pathway was significantly altered along with protein expression changes in autophagy, mitophagy, synaptic signaling, oxidative phosphorylation, translation, protein folding and RNA metabolism processes. Our data showcase the anxiolytic effects of betulinic acid in high anxiety and offer a mechanistic link between molecular adaptations and anxiety-related behavior.

ΑΝΤΑΙΕΣ ΕΚΡΟΗΣ EMRAB ΚΑΙ ΑΝΤΟΧΗ ΣΤΗΝ ΚΟΛΙΣΤΙΝΗ ΣΕ ACINETOBACTER BAUMANNII

Αναστασίου Μαρία, Μαβίδη Μαρία Νικολέτα, Παρασκευά Μιχάλης, Σκιαθίτης Νικόλαος, Καρακαλαπακίδης Δημήτριος, Κοτταρίδη Χριστίνα

Εργαστήριο Γενικής Μικροβιολογίας, Τομέας Γενετικής, Ανάπτυξης και Μοριακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

Η μικροβιακή αντοχή αποτελεί σημαντική απειλή για τη Δημόσια Υγεία, ιδιαίτερα σε νοσηλεύομενους ασθενείς. Το Gram-αρνητικό βακτήριο *Acinetobacter baumannii* ευθύνεται για σοβαρές ενδονοσοκομειακές λοιμώξεις και χαρακτηρίζεται από υψηλά επίπεδα πολυανθεκτικότητας. Η κολιστίνη αποτελεί θεραπεία έσχατης γραμμής έναντι πολυανθεκτικών στελεχών (multidrug-resistant *A. baumannii*, MDRAB), ωστόσο τα τελευταία χρόνια παρατηρείται αυξανόμενη εμφάνιση αντοχής σε αυτήν. Αν και η ανθεκτικότητα έχει συσχετιστεί κυρίως με τροποποιήσεις στον λιποπολυσακχαρίτη (LPS) και το σύστημα *rpmCAB*, ο ρόλος των αντλιών εκροής παραμένει υπό διερεύνηση. Σκοπός της μελέτης ήταν η διερεύνηση της έκφρασης των γονιδίων των αντλιών εκροής *emrA* και *emrB* σε κλινικά στελέχη MDRAB. Τα στελέχη καλλιεργήθηκαν σε τρεις συνθήκες: απουσία κολιστίνης, παρουσία κολιστίνης και παρουσία κολιστίνης σε συνδυασμό με carbonyl cyanide *m*-chlorophenylhydrazine (CCCP). Η γονιδιακή έκφραση προσδιορίστηκε με ποσοτική PCR πραγματικού χρόνου, χρησιμοποιώντας το γονίδιο *groB* ως εσωτερικό μάρτυρα και ευαίσθητο στέλεχος ως στέλεχος αναφοράς. Στα περισσότερα ανθεκτικά στελέχη παρατηρήθηκε αυξημένη βασική έκφραση των *emrA* και *emrB*, η οποία ενισχύθηκε σημαντικά παρουσία κολιστίνης, υποδηλώνοντας επαγωγή του συστήματος υπό αντιβιοτικό stress. Η ανάλυση συσχέτισης έδειξε ισχυρή θετική συσχέτιση μεταξύ των δύο γονιδίων και στις τρεις συνθήκες, γεγονός που υποστηρίζει τη συντονισμένη τους έκφραση. Αντίθετα, παρουσία CCCP παρατηρήθηκε μείωση της έκφρασης σε αρκετά στελέχη και αυξημένη ετερογένεια στην απόκριση, εύρημα συμβατό με διαταραχή (Proton Motive Force) PMF-εξαρτώμενων μηχανισμών εκροής. Συνολικά, τα δεδομένα υποδηλώνουν ότι το σύστημα *EmrAB* ενδέχεται να συμβάλλει στην προσαρμογή των στελεχών υπό πίεση κολιστίνης και πιθανώς στην αντοχή, χωρίς να αποτελεί τον μοναδικό μηχανισμό.

EFFLUX PUMPS EMRAB AND RESISTANCE TO COLISTIN IN ACINETOBACTER BAUMANNII

Anastasiou Maria, Mavidi Maria Nikoleta, Paraskeva Michalis, Skiathitis Nikolaos, Karakalpakidis Dimitrios, Kottaridi Christine

Laboratory of General Microbiology, Department of Genetics, Development and Molecular Biology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece

Microbial resistance constitutes a major threat to public health, particularly for hospitalized patients. The Gram-negative *Acinetobacter baumannii* is responsible for serious nosocomial infections and is characterized by high levels of multidrug resistance. Colistin constitutes a last-line therapy against multidrug-resistant strains (multidrug-resistant *A. baumannii*, MDRAB), however, in recent years, increased resistance to it has been observed. Although resistance has been mainly associated with modifications of the lipopolysaccharide (LPS) and the pmrCAB system, the role of efflux pumps is under investigation. The aim of the study was to investigate the expression of the efflux pump genes *emrA* and *emrB* in clinical MDRAB strains. The strains were cultured under three conditions: in the absence of colistin, in the presence of colistin, and presence of both colistin and the uncoupling agent carbonyl cyanide *m*-chlorophenylhydrazine (CCCP). The quantification of gene expression was determined using real-time PCR, employing the *rpoB* gene as an internal control and a susceptible strain as a reference sample. In most resistant strains, increased basal expression of *emrA* and *emrB* was observed, which was significantly higher in the presence of colistin, suggesting induction of the system under antibiotic stress. The correlation analysis revealed a strong positive correlation between the two genes in all three conditions, which supports their synchronized expression. On the contrary, in the presence of colistin, decreased expression was noted in many strains alongside an increased heterogeneity in resistance, a finding consistent with disruption of Proton Motive Force (PMF) - dependent efflux mechanisms. In conclusion, the data support that the EmrAB system may contribute to the adaptation of strains under colistin pressure and possibly to their resistance, without being the only mechanism.

**ΧΑΡΑΚΤΗΡΙΣΜΟΣ ΝΕΩΝ ΡΥΘΜΙΣΤΙΚΩΝ ΤΟΠΩΝ ΠΟΥ ΣΧΕΤΙΖΟΝΤΑΙ ΜΕ ΤΗΝ
ΟΣΤΙΚΗ ΠΥΚΝΟΤΗΤΑ ΣΕ ΟΣΤΕΟΠΟΡΩΤΙΚΟΥΣ ΑΣΘΕΝΕΙΣ ΜΕΣΩ
ΛΕΙΤΟΥΡΓΙΚΗΣ ΓΟΝΙΔΙΩΜΑΤΙΚΗΣ**

Αρβανίτης Κωνσταντίνος¹, Βλάχου Μαρία², Μπιδάκου Σταυρούλα², Κελεμένη Παναγιώτα²,
Μιμίκος Γεώργιος², Κόλλια Παναγιούλα², Κορομηλά Θεοδώρα¹

1. Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

2. Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο της Αθήνας, Αθήνα, Ελλάδα

Η οστεοπόρωση, η πιο συχνή μεταβολική διαταραχή των οστών, χαρακτηρίζεται από μειωμένη οστική πυκνότητα, διαταραγμένη μικροαρχιτεκτονική των οστών και αυξημένο κίνδυνο καταγμάτων. Αν και Μελέτες Συσχέτισης σε Επίπεδο Γονιδιώματος (GWAS) έχουν εντοπίσει πολυάριθμα SNPs που συνδέονται με την νόσο, οι ρυθμιστικοί μηχανισμοί αυτών των μη κωδικοποιητικών πολυμορφισμών παραμένουν ασαφείς. Στην παρούσα μελέτη ελέγχθηκαν επιλεγμένοι πολυμορφισμοί [SNPs: rs10457487 (RSPO3), rs6465508 (SEM1), rs2982570 (ESR1), rs11003047 (DKK1-MBL2) και rs3736228 (LRP5)] με υψηλή στατιστική συσχέτιση (*p*-value) με την οστεοπόρωση, μέσω μιας λειτουργικής γονιδιωματικής προσέγγισης, προκειμένου να αξιολογηθεί η επίδρασή τους στην ρύθμιση της γονιδιακής έκφρασης και των μεταβολικών οδών των οστών. Διεξήχθη γονοτύπηση σε δείγματα περιφερικού αίματος από οστεοπορωτικές και υγιείς μετεμμηνοπαυσιακές Ελληνίδες, η οποία ανέδειξε μια αρχική συσχέτιση του rs10457487, με περίπου διπλάσια συχνότητα ομοζυγωτίας στις ασθενείς (20,5%) σε σύγκριση με την ομάδα ελέγχου (10%). Έπειτα από μοτιβική σάρωση (με τα εργαλεία: FIMO, JASPAR Scan), τα υπό μελέτη SNPs βρέθηκε να συμπεριλαμβάνονται σε θέσεις πρόσδεσης του μεταγραφικού παράγοντα RUNX2, κύριου ρυθμιστή της οστεοβλαστογένεσης. Τέλος, η *in silico* ανάλυση εμπλουτίστηκε με δεδομένα από το ENCODE SCREEN το οποίο επιβεβαίωσε την ύπαρξη ενεργών *cis* ρυθμιστικών στοιχείων (cCREs) στις περιοχές των πολυμορφισμών rs11003047 και rs3736288. Εν κατακλείδι, η ανάδειξη των μοτίβων του RUNX2 καθιστά τους εν λόγω πολυμορφισμούς υποσχόμενους προγνωστικούς/διαγνωστικούς δείκτες καθώς και νέους φαρμακευτικούς στόχους στην μελέτη και αντιμετώπιση της οστεοπορωτικής νόσου.

CHARACTERIZATION OF NOVEL REGULATORY LOCI ASSOCIATED WITH BONE MINERAL DENSITY IN OSTEOPOROTIC PATIENTS THROUGH FUNCTIONAL GENOMICS

Arvanitis Konstantinos¹, Vlachou Maria², Birakou Stavroula², Kelemeni Panagiota², Mimikos Georgios², Kollia Panagoula², Koromila Theodora¹

1. Department of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece

2. Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, Athens, Greece

Osteoporosis, the most common metabolic bone disorder, is characterized by reduced bone mineral density, impaired bone microarchitecture, and an increased fracture risk. Although Genome-Wide Association Studies (GWAS) have identified numerous SNPs associated with the disease, the regulatory mechanisms of these non-coding polymorphisms remain unclear. In the present study, selected polymorphisms [SNPs: rs10457487 (RSPO3), rs6465508 (SEM1), rs2982570 (ESR1), rs11003047 (DKK1-MBL2), and rs3736228 (LRP5)] with high statistical significance (p-value) for osteoporosis were evaluated through a functional genomics approach to assess their impact on gene expression regulation and bone metabolic pathways. Genotyping was performed on peripheral blood samples from osteoporotic and healthy postmenopausal Greek women, revealing an initial association for rs10457487, with approximately twofold higher homozygosity frequency in patients (20.5%) compared to the control group (10%). Following motif scanning (using the tools: FIMO, JASPAR Scan), the SNPs under study were found to be located within binding sites of the transcription factor RUNX2, a master regulator of osteoblastogenesis. Finally, in silico analysis was enriched with data from ENCODE SCREEN, which confirmed the presence of active Candidate cis-Regulatory Elements (cCREs) in the regions of the rs11003047 and rs3736288 variants. In conclusion, the identification of RUNX2 motifs renders these variants promising prognostic/diagnostic biomarkers, as well as novel therapeutic targets for the study and management of osteoporotic disease.

ΣΥΓΚΡΙΣΗ ΓΝΩΣΙΑΚΩΝ ΙΚΑΝΟΤΗΤΩΝ ΣΕ ΝΗΣΙΩΤΙΚΟΥΣ ΠΛΗΘΥΣΜΟΥΣ ΤΗΣ ΑΙΓΑΙΟΣΑΥΡΑΣ (PODARCIS ERHARDII) ΜΕ ΧΑΜΗΛΗ ΘΗΡΕΥΣΗ

Ατσαλάκη Αριάδνη¹, Κολιάκης Ορφέας¹, Καψανάκη Βασιλική², Σαγώνας Κώστας², Παφίλης Παναγιώτης^{1,3}

1. Τομέας Ζωολογίας και Θαλάσσιας Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, ΕΚΠΑ, Πανεπιστημιούπολη, Αθήνα

2. Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, ΑΠΘ, Πανεπιστημιούπολη, Θεσσαλονίκη

3. Μουσείο Ζωολογίας, ΕΚΠΑ, Πανεπιστημιούπολη, Αθήνα

Το πρόσφατα αναπτυσσόμενο ενδιαφέρον για τις γνωσιακές ικανότητες των ερπετών, η μελέτη των οποίων παρέχει χρήσιμες εξελικτικές γνώσεις, έχει οδηγήσει σε πολυάριθμες μελέτες που αποσκοπούν στη συσχέτιση του επιπέδου γνωσιακών ικανοτήτων με το περιβάλλον διαβίωσης. Ένας από τους πιθανούς παράγοντες που μπορεί να επηρεάζουν τις γνωσιακές ικανότητες είναι η θήρευση. Συγκεκριμένα, πληθυσμοί που υφίστανται υψηλή θήρευση αναμένεται να έχουν υψηλά επίπεδα γνωσιακών ικανοτήτων, ενώ πληθυσμοί που υφίστανται χαμηλή θήρευση αναμένεται να έχουν χαμηλότερα. Η αιτία είναι η εξελικτική πίεση που ασκεί η θήρευση, η οποία ωθεί τα είδη να αναπτύξουν ικανότητες αποφυγής των θηρευτών. Η παρούσα μελέτη αποσκοπεί στη σύγκριση αποτελεσμάτων από μια σειρά πειραμάτων αξιολόγησης γνωσιακών ικανοτήτων σε δυο διαφορετικούς πληθυσμούς του είδους *Podarcis erhardii*, από την Ανάφη και την Αστυπάλαια. Και οι δύο πληθυσμοί υφίστανται πολύ χαμηλή θήρευση δίχως την παρουσία εξειδικευμένων σαυροφάγων θηρευτών όπως είναι τα φίδια. Τα συμπεριλαμβανόμενα πειράματα έλεγξαν τον ανασταλτικό έλεγχο, τη νεοφοβία, την ικανότητα επίλυσης προβλήματος και την ανταγωνιστική συμπεριφορά. Διερευνήθηκε αν η επίδοση των δυο πληθυσμών ήταν όμοια ή διαφορετική. Τα αποτελέσματα των πρώτων αναλύσεων δείχνουν μεγάλο βαθμό ομοιότητας στην επίδοση των δυο πληθυσμών. Ωστόσο παρατηρήθηκαν και ορισμένες διαφορές, κυρίως σε κάποια ποσοστά επιτυχίας, υποδεικνύοντας ότι πιθανώς να εμπλέκονται επιπλέον παράγοντες εκτός της θήρευσης, οι οποίοι θα πρέπει να εξεταστούν περαιτέρω. Λέξεις-κλειδιά: *Podarcis erhardii*, γνωσιακές ικανότητες, θηρευτική πίεση, σύγκριση πληθυσμών

**COMPARISON OF COGNITIVE ABILITIES IN ISLAND POPULATIONS OF THE
AEGEAN WALL LIZARD (PODARCIS ERHARDII) UNDER LOW PREDATION**

Atsalaki Ariadni¹, Koliakis Orfeas¹, Kapsanaki Vasiliki², Sagonas Kostas², Pafilis Panagiotis^{1,3}

1. Department of Zoology and Marine Biology, Department of Biology, University of Athens, Athens, Greece

2. Department of Zoology, Department of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, University Campus, Thessaloniki, Greece

3. Museum of Zoology, NKUA, University Campus, Athens

The recently growing interest in the cognitive abilities of reptiles, the study of which provides useful evolutionary insights, has led to numerous studies attempting to correlate the level of cognitive ability with habitat conditions. One of the possible factors that might affect cognitive abilities is predation. More specifically, populations with high predation are predicted to have higher cognitive abilities, while those with low predation are predicted to have lower. This is due to predation applying evolutionary pressure that pushes species to develop predator avoidance abilities. This study aims to compare results from a series of experiments assessing cognitive abilities in two different populations of *Podarcis erhardii*, from Anafi and Astypalaia. Both of the populations experience very low predation, with specialist saurophagous predators, such as snakes, being absent. The included experiments tested inhibitory control, neophobia, problem solving ability and competitive behavior. It was investigated whether the two populations' performance was similar or dissimilar. The initial analysis results show a high degree of similarity in performance between the populations. However some differences were also observed, mainly regarding certain success rates, indicating that there may be additional factors at play aside from predation, which ought to be examined further. Key words: *Podarcis erhardii*, cognitive abilities, predation, population comparison

ΑΝΑΛΥΣΗ ΤΟΥ ΠΡΟΦΙΛ ΕΚΦΡΑΣΗΣ ΤΩΝ ΔΟΜΙΚΩΝ ΓΟΝΙΔΙΩΝ ΤΟΥ ΦΑΚΟΥ ΚΑΤΑ ΤΗΝ ΠΡΩΙΜΗ ΕΜΒΡΥΟΓΕΝΕΣΗ ΤΟΥ ΛΑΒΡΑΚΙΟΥ (DICENTRARCHUS LABRAX)

Βελιώτης Χ. Νικόλαος, Τσιπουρλιάνος Ανδρέας, Αγγελακόπουλος Ραφαήλ, Γιαννούλης Θεμιστοκλής, Μούτου Α. Κατερίνα

1. Εργαστήριο Γενετικής, Συγκριτικής και Εξελικτικής Βιολογίας, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

2. Εργαστήριο Βιολογίας, Γενετικής και Βιοπληροφορικής, Τμήμα Επιστήμης Ζωικής Παραγωγής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Η πρώιμη εμβρυογένεση των ιχθύων συνιστά μια αναπτυξιακή διαδικασία υψηλής πολυπλοκότητας, η οποία καθορίζεται από εξειδικευμένα πρότυπα γονιδιακής έκφρασης. Η φάση αυτή θεωρείται ιδιαίτερα κρίσιμη, καθώς θέτει τις βάσεις για την ορθή ανάπτυξη των αισθητηριακών συστημάτων, γεγονός που επηρεάζει άμεσα τη μετέπειτα βιωσιμότητα των προνυμφών. Η ανάπτυξη του φακού απαιτεί την συντονισμένη έκφραση γονιδίων που καθορίζουν την οργάνωση και τη δομή του φακού του ματιού κατά τη διάρκεια της πρώιμης εμβρυογένεσης. Παρά τη σημασία της στο λαβράκι η ανάπτυξη του φακού δεν έχει διερευνηθεί επαρκώς, δημιουργώντας ένα κενό στη γνώση μας για ένα είδος με εξέχουσα οικονομική σημασία για την υδατοκαλλιέργεια. Προκειμένου να διερευνήσουμε τον τρόπο ρύθμισης της ανάπτυξης του φακού, πραγματοποιήσαμε ανάλυση του μεταγραφώματος στα στάδια: του γαστριδίου, της σωματογένεσης και της εκκόλαψης. Τα αποτελέσματα ανέδειξαν μια συντονισμένη και δυναμική γονιδιακή ρύθμιση. Συγκεκριμένα, παρατηρήθηκε μια καθοριστική μεταγραφική μετατόπιση κατά τη μετάβαση από το στάδιο του γαστριδίου προς την σωματογένεση, χρονικό σημείο που συμπίπτει με την απαρχή της κυτταρικής διαφοροποίησης του φακού. Η μετάβαση αυτή χαρακτηρίζεται από την ενεργοποίηση γονιδίων που ευθύνονται για τη δομική οργάνωση και την κυτταρική αρχιτεκτονική του φακού (συμπεριλαμβανομένων των κρυσταλλινών *crybb113* και *cryba4*, του *bfs1* και των παραλόγων του *lim2*), ενώ ακολουθείται από μια φάση μεταγραφικής σταθεροποίησης κατά την εκκόλαψη. Αυτή η πολυπλοκότητα υπογραμμίζει τον εξαιρετικά πολυεπίπεδο έλεγχο που διέπει τον σχηματισμό του φακού. Συμπερασματικά, η εργασία αυτή προσφέρει νέα δεδομένα σχετικά με τη δυναμική της γονιδιακής έκφρασης στο *D. labrax* κατά την πρώιμη εμβρυογένεση, προσδιορίζοντας ένα κρίσιμο αναπτυξιακό παράθυρο για τον σχηματισμό του φακού. Τα ευρήματα αυτά δεν εμπλουτίζουν μόνο τη βασική βιολογική γνώση, αλλά παρέχουν και ένα στέρεο υπόβαθρο για την ανάπτυξη στοχευμένων εφαρμογών στην υδατοκαλλιέργεια.

STAGE-SPECIFIC EXPRESSION OF LENS-ASSOCIATED STRUCTURAL GENES DURING EARLY EMBRYOGENESIS IN EUROPEAN SEABASS (DICENTRARCHUS LABRAX)

Veliotis X. Nikolaos, Tsipourlianos Andreas, Angelakopoulos Rafael, Giannoulis Themistoklis, Moutou A. Katerina

1. Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, Biopolis, 41500 Larissa, Greece

2. Department of Animal Science, University of Thessaly, Greece Gaiopolis, 41334, Larissa, Greece

Early embryogenesis is a critical yet underexplored phase of development in European seabass (*Dicentrarchus labrax*), particularly at the level of stage-specific gene expression. This developmental window is essential for the establishment of sensory systems that directly influence larval survival, feeding success, and overall aquaculture performance. Lens formation requires the tightly coordinated expression of structural genes that drive the organization, transparency, and cellular architecture of the developing eye lens during early embryogenesis. To address how the lens formation is regulated we performed a stage-specific transcriptomic analysis of lens-associated genes using RNA-seq data from mid-gastrula, late somitogenesis, and hatching stages. Our results reveal coordinated and stage-dependent expression patterns, with a pronounced transcriptional shift between mid-gastrula and late somitogenesis, consistent with the onset of lens differentiation. This transition reflects the activation of gene modules associated with lens structural organization and cellular architecture, followed by partial stabilization and gene-specific modulation at hatching. In addition to broadly increasing expression patterns, subsets of genes display decreasing or stage-restricted profiles, indicating coordinated and stage-specific regulation of gene expression. Importantly, this work advances a stage-specific understanding of lens gene expression dynamics during early embryological development in *D. labrax*, identifying a key developmental window for lens formation and providing a framework for aquaculture.

**ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗ ΤΩΝ ΚΥΤΤΑΡΟΓΕΝΟΤΟΞΙΚΩΝ ΚΑΙ ΑΝΤΙΓΕΝΟΤΟΞΙΚΩΝ
ΕΠΙΔΡΑΣΕΩΝ ΕΚΧΥΛΙΣΜΑΤΩΝ ΑΠΟ ΠΕΤΑΛΑ ΤΟΥ ΦΥΤΟΥ CROCUS SATIVUS
ΣΕ ΑΝΘΡΩΠΙΝΑ ΛΕΜΦΟΚΥΤΤΑΡΑ**

Βόϊτκο Βίκτορ¹, Γιοβά Λαμπρινή¹, Σίνου Σ. Παρασκευή², Λάμαρη Ν. Φωτεινή², Μακρής Δημήτρης³, Ευθυμίου Ιωάννα¹, Βλαστός Δημήτρης¹

1. Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26504, Πάτρα

2. Τμήμα Φαρμακευτικής, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26504, Πάτρα

3. Τμήμα Επιστήμης Τροφίμων και Διατροφής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, 43100, Καρδίτσα

Το φυτό *Crocus sativus* αποτελεί καλλιεργούμενο είδος υψηλής οικονομικής αξίας στην Ελλάδα. Κατά την διαδικασία συγκομιδής και επεξεργασίας του παράγονται μεγάλες ποσότητες παραπροϊόντων, οι οποίες απορρίπτονται ως απόβλητα. Η αξιοποίησή τους εντάσσεται στο πλαίσιο της κυκλικής οικονομίας, με στόχο την παραγωγή προϊόντων υψηλής προστιθέμενης αξίας. Στην παρούσα μελέτη παρασκευάστηκαν υδατικά και υδροαιθανολικά εκχυλίσματα από τα πέταλα του φυτού *Crocus sativus* με τη μέθοδο εκχύλισης με υπερήχους (ultrasound-assisted extraction). Ακολούθησε η διερεύνηση πιθανών κυτταροτοξικών, γενοτοξικών και αντιγενοτοξικών επιδράσεων των εκχυλισμάτων σε επιλεγμένες συγκεντρώσεις (10, 50 και 100 $\mu\text{g mL}^{-1}$) σε καλλιέργειες ανθρώπινων λεμφοκυττάρων με την εφαρμογή της τεχνικής των μικροπυρήνων με χρήση κυτταροχαλασίνης-B (Cytokinesis Block Micronucleus assay, CBMN assay). Η εφαρμογή της τεχνικής CBMN έδειξε απουσία κυτταροτοξικής και γενοτοξικής δράσης σε όλες τις εξεταζόμενες συγκεντρώσεις του υδατικού εκχυλίσματος από τα πέταλα του φυτού *C. sativus*. Η συγχρόνηση των υδατικού εκχυλίσματος με τον μεταλλαξιγόνο παράγοντα μιτομυκίνη-C (MMC) έδειξε απουσία αντιγενοτοξικής δράσης ενώ παρατηρήθηκε κυτταροπροστατευτική δράση στις συγκεντρώσεις 10 και 100 $\mu\text{g mL}^{-1}$. Το υδροαιθανολικό εκχύλισμα από τα πέταλα του φυτού *C. sativus* παρουσίασε απουσία γενοτοξικής δράσης αλλά εμφάνισε κυτταροτοξική επίδραση στην υψηλότερη εξεταζόμενη συγκέντρωση των 100 $\mu\text{g mL}^{-1}$. Η συγχρόνηση των υδροαιθανολικού εκχυλίσματος με τον μεταλλαξιγόνο παράγοντα μιτομυκίνη-C (MMC) έδειξε απουσία αντιγενοτοξικής και κυτταροπροστατευτικής δράσης. Τα ευρήματα της παρούσας μελέτης, υποδεικνύουν ότι τα εκχυλίσματα παραπροϊόντων του φυτού *C. sativus* εμφανίζουν διαφοροποιημένες γενετικές και κυτταρικές επιδράσεις, οι οποίες σχετίζονται με το εκχυλιστικό μέσο. Περαιτέρω μελέτες παραπροϊόντων του *C. sativus* βρίσκονται σε εξέλιξη, με στόχο την αξιοποίησή τους ως πηγών βιοδραστικών ενώσεων.

EVALUATION OF CYTOGENOTOXIC AND ANTIGENOTOXIC EFFECTS OF EXTRACTS FROM CROCUS SATIVUS PETALS ON HUMAN LYMPHOCYTES

Voitco Victor¹, Giova Lambrini¹, Sinou S. Paraskevi², Lamari N. Fotini², Makris Dimitris³, Efthimiou Ioanna¹, Vlastos Dimitris¹

1. Department of Biology, University of Patras, GR-26504, Patras

2. Department of Pharmacy, University of Patras, GR-26504, Patras

3. Department of Food Science and Nutrition, University of Thessaly, GR-43100, Karditsa

Crocus sativus is a cultivated plant species of high economic value in Greece. During its harvesting and processing, large quantities of by-products are generated, which are commonly discarded as waste. Their utilization falls within the framework of the circular economy, aiming at the production of value-added products. In the present study, aqueous and hydroethanolic extracts were prepared from *C. sativus* petals using ultrasound-assisted extraction. Subsequently, potential cytotoxic, genotoxic, and antigenotoxic effects of the extracts were investigated at selected concentrations (10, 50, and 100 $\mu\text{g mL}^{-1}$) in cultured human lymphocytes by applying the Cytokinesis Block Micronucleus (CBMN) assay. The CBMN assay revealed the absence of cytotoxic and genotoxic effects at all tested concentrations of the aqueous extract from *C. sativus* petals. Co-treatment of the aqueous extract with the mutagenic agent mitomycin C (MMC) demonstrated no antigenotoxic activity, while cytoprotective effects were observed at concentrations of 10 and 100 $\mu\text{g mL}^{-1}$. The hydroethanolic extract from *C. sativus* petals exhibited no genotoxic effect but showed cytotoxic activity at the highest tested concentration (100 $\mu\text{g mL}^{-1}$). Co-treatment of the hydroethanolic extract with MMC revealed no antigenotoxic or cytoprotective effects. The findings of the present study indicate that extracts derived from *C. sativus* by-products exhibit differentiated genetic and cellular effects, which are related to the extraction medium. Further studies on *C. sativus* by-products are ongoing, aiming at their exploitation as sources of bioactive compounds.

ΕΦΑΡΜΟΓΗ 3D ΓΕΩΜΕΤΡΙΑΣ ΔΙΑΦΥΣΗΣ ΓΙΑ ΤΗΝ ΟΡΘΗ ΤΑΞΙΝΟΜΗΣΗ ΔΙΑΦΟΡΕΤΙΚΩΝ ΜΑΚΡΩΝ ΟΣΤΩΝ

Γαρούφη Νεφέλη, Πιέρρος Βασίλειος, Χοβαλοπούλου Μαρία-Ελένη

Εργαστήριο Φυσικής Ανθρωπολογίας, Τομέας Φυσιολογίας Ζώων & Ανθρώπου, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό & Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών

Η πλειοψηφία ερευνών που εξετάζουν τη δυνατότητα ταξινόμησης μακρών οστών από διακριτές ανατομικές περιοχές αφορούν κυρίως τη διεύρυνση της ήδη υπάρχουσας βιβλιογραφίας και την αυτοματοποίηση της διαδικασίας. Στην παρούσα εργασία, μελετήθηκε η δυνατότητα ανάπτυξης ενός αυτοματοποιημένου αλγορίθμου ταξινόμησης διαφορετικών μακρών οστών με βάση τις γεωμετρικές ιδιότητες διατομής διάφυσης, με τη χρήση μοντέλων διανυσμάτων μηχανικής στήριξης. Το δείγμα αποτελούνταν από 3D μοντέλα μηριαίων, κνημών, βραχιονίων, και οστών ωλένης από τη σύγχρονη σκελετική Συλλογή Αθηνών, με δυαδικούς συνδυασμούς ταξινόμησης να εξετάζονται ξεχωριστά για τις δύο ανατομικές πλευρές και το σύνολο του δείγματος, παρουσία ή μη μονήρων στοιχείων. Ο αλγόριθμος βασίζεται σε μεταβλητές από διατομές καθ' όλο το μήκος του οστού, οι οποίες χρησιμοποιούνται για τον υπολογισμό ελάχιστων διανυσματικών αποστάσεων μεταξύ πραγματικών και προβλεπόμενων τιμών ανά πιθανό ζεύγος οστών. Τα αποτελέσματα ήταν ικανοποιητικά, ιδιαίτερα για στοιχεία της ίδιας ανατομικής ομάδας και πλευράς, με υψηλά ποσοστά ορθού αποκλεισμού ψευδών ζευγών. Επιπλέον, παρατηρήθηκε πως η εισαγωγή μονήρων στοιχείων μείωσε την ακρίβεια του αλγορίθμου, η οποία παρέμεινε άνω της πιθανότητας τυχαίας ζεύξης στις άλλες περιπτώσεις. Ο αλγόριθμος αξιολογήθηκε, επιπλέον, σε γνωστό αρχαιολογικό και ιστορικό δείγμα ελληνικής και βρετανικής καταγωγής για τους συνδυασμούς κάτω άκρων και βραχιονίου. Τα αποτελέσματα ήταν ενθαρρυντικά, υποδεικνύοντας, ωστόσο, πιθανή ανάγκη πιο ελαστικών μοντέλων ταξινόμησης κατά την εφαρμογή της μεθόδου σε νέα δείγματα. Τα ευρήματα της παρούσας εργασίας συνάδουν με τη βιβλιογραφία, με την προτεινόμενη μέθοδο να πλεονεκτεί ως προς το χρόνο, την αυτοματοποίηση εξαγωγής μεταβλητών, και την ευκολία ενσωμάτωσης επιπλέον μακρών οστών στον αλγόριθμο. Ωστόσο, προτείνεται περαιτέρω διερεύνηση και βελτιστοποίηση της, αλλά και η χρήση συμπληρωματικών μεθόδων κατά την εφαρμογή της σε άγνωστο αρχαιολογικό ή ιστορικό υλικό.

UTILIZATION OF 3D DIAPHYSEAL GEOMETRY FOR THE SORTING OF DIFFERENT LONG BONES

Garoufi Nefeli, Pierros Vasileios, Chovalopoulou Maria-Eleni

Physical Anthropology Laboratory, Section of Animal and Human Physiology, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens

Most studies examining the possibility of sorting long bones from distinct anatomical regions primarily focus on expanding the existing literature and automating the process. In the present work, the development of an automated sorting algorithm for different long bones was investigated, based on their diaphyseal cross-sectional geometric properties, using support vector machine models. The sample consisted of 3D models of femora, tibiae, humeri, and ulnae from the modern skeletal Athens Collection, with pair-wise combinations of the above bones examined for both anatomical sides and the pooled sample, with or without the presence of single elements. The algorithm utilizes variables derived from cross-sections along the entire length of the bone, which are used to calculate minimum vector distances between predicted and true values per possible skeletal pair. The results were satisfactory, particularly for bones of the same anatomical group and side, with high rates of correct exclusion of false pairs. Furthermore, it was observed that the inclusion of single elements reduced the algorithm's accuracy, which remained above the probability of random chance in the other examined cases. The algorithm was additionally evaluated on a known archaeological and historical sample of Greek and British origin for lower limb and humeral combinations. The results were encouraging, indicating, however, a potential need for more flexible classification models when applying the method to new samples. The findings of the present study are consistent with the literature, with the proposed method offering advantages in terms of time, automated variable extraction, and the ease of incorporating additional long bones into the algorithm. Nevertheless, further investigation and optimization are recommended, as well as the use of complementary methods when applying it to unknown archaeological or historical samples.

**ECODATA: ΑΡΘΡΩΤΗ ΨΗΦΙΑΚΗ ΠΛΑΤΦΟΡΜΑ ΓΙΑ ΤΗΝ ΤΥΠΟΠΟΙΗΜΕΝΗ
ΣΥΛΛΟΓΗ ΚΑΙ ΔΙΑΧΕΙΡΙΣΗ ΔΕΔΟΜΕΝΩΝ ΒΙΟΠΟΙΚΙΛΟΤΗΤΑΣ**

Γεωργάτης Ιωάννης, Κοιλιάκος Στέφανος

Εργαστήριο Ζωολογίας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων 45110 Ιωάννινα

Η συστηματική παρακολούθηση της βιοποικιλότητας απαιτεί τη συλλογή αξιόπιστων, συγκρίσιμων και καλά τεκμηριωμένων δεδομένων πεδίου, σύμφωνα με τυποποιημένα πρωτόκολλα δειγματοληψίας. Παρά την ύπαρξη εξειδικευμένων μεθοδολογιών για διαφορετικές ταξινομικές ομάδες και οικοσυστήματα, η καταγραφή των δεδομένων πραγματοποιείται συχνά με αποσπασματικό τρόπο, γεγονός που δυσχεραίνει την ενοποίηση, την επεξεργασία και τη μελλοντική αξιοποίησή τους. Στην παρούσα εργασία παρουσιάζεται η EcoData, μια αρθρωτή ψηφιακή πλατφόρμα τύπου Software-as-a-Service, η οποία αναπτύσσεται για την υποστήριξη της δομημένης συλλογής, οργάνωσης και εξαγωγής δεδομένων περιβαλλοντικής και βιολογικής δειγματοληψίας. Η εφαρμογή επιτρέπει την καταγραφή δειγματοληπτικών σταθμών, τη γεωχωρική απεικόνισή τους σε διαδραστικό χάρτη, καθώς και την εισαγωγή εκτενών περιβαλλοντικών μεταδεδομένων και βιολογικών καταγραφών. Κεντρικό χαρακτηριστικό της πλατφόρμας αποτελεί η αρχιτεκτονική που βασίζεται σε επιμέρους πρωτόκολλα δειγματοληψίας. Ως πρότυπη εφαρμογή υλοποιείται πρωτόκολλο δειγματοληψίας ιχθυοπανίδας, το οποίο περιλαμβάνει στοιχεία δειγματοληπτικής προσπάθειας, φυσικοχημικές και μορφολογικές παραμέτρους του ενδιαφέροντος, καθώς και δεδομένα πληθυσμιακής δομής μέσω καταγραφής ατόμων ανά κλάση μήκους. Η ίδια λογική σχεδίασης επιτρέπει τη μελλοντική ενσωμάτωση πρωτοκόλλων για άλλες υδρόβιες και χερσαίες ομάδες, όπως ζωοπλαγκτόν, ζωοβένθος, πτηνά, ερπετά, θηλαστικά και αρθρόποδα. Η αρθρωτή δομή της EcoData διαχωρίζει τις βασικές λειτουργίες της εφαρμογής από τα ειδικά πεδία κάθε πρωτοκόλλου, διευκολύνοντας την επέκταση του συστήματος χωρίς απώλεια συνέπειας στη δομή των δεδομένων. Με τον τρόπο αυτό, η πλατφόρμα μπορεί να συμβάλει στη βελτίωση της ποιότητας των δεδομένων πεδίου, στη μείωση σφαλμάτων καταγραφής και στη διευκόλυνση μεταγενέστερων οικολογικών αναλύσεων. Η EcoData προτείνεται ως ένα ευέλικτο εργαλείο για την υποστήριξη της οικολογικής έρευνας, της παρακολούθησης της βιοποικιλότητας και τη

ECODATA: A MODULAR DIGITAL PLATFORM FOR STANDARDIZED BIODIVERSITY DATA COLLECTION AND MANAGEMEN

Georgatis Ioannis, Koilakos Stefanos

Zoology Lab, University of Ioannina 45110 Ioannina

The systematic monitoring of biodiversity relies on the collection of reliable, comparable, and well-documented field data based on standardized sampling protocols. Despite the availability of well-established methodologies for different taxonomic groups and ecosystems, data recording is often fragmented, limiting data integration, consistency, and long-term usability. In this study, we present EcoData, a modular digital platform developed as a Software-as-a-Service (SaaS) solution to support the structured collection, organization, and export of environmental and biological sampling data. The platform enables the recording of sampling stations, their visualization on an interactive map, and the integration of detailed environmental metadata alongside biological observations. A key feature of EcoData is its protocol-driven architecture, which allows the implementation of standardized workflows across multiple ecological domains. A fully developed fish sampling protocol is presented as a reference case, incorporating sampling effort descriptors, physicochemical and habitat-related parameters, and population structure data through length-class distributions. This design framework facilitates the future integration of additional protocols for other aquatic and terrestrial groups, including zooplankton, zoobenthos, birds, reptiles, mammals, and arthropods. The modular structure of EcoData separates core application functionalities from protocol-specific components, enabling scalability and flexibility without compromising data consistency. This approach supports improved data quality, reduces recording errors, and enhances the potential for downstream ecological analyses. EcoData is proposed as a flexible and extensible tool for biodiversity monitoring, ecological research, and environmental assessment, contributing to the integration of standardized field protocols with modern digital data infrastructures.

ΜΕΘΥΛΙΩΣΗ ΑΝΟΣΟΚΑΤΑΣΤΑΤΙΚΩΝ ΓΟΝΙΔΙΩΝ ΣΤΟ ctDNA ΚΑΙ ΣΤΗΝ ΚΥΤΤΑΡΙΚΗ ΣΕΙΡΑ A549 ΩΣ ΠΡΟΓΝΩΣΤΙΚΟΣ ΒΙΟΔΕΙΚΤΗΣ ΣΤΗΝ ΑΝΟΣΟΘΕΡΑΠΕΙΑ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΠΝΕΥΜΟΝΑ

Γεωργιάδης Γεώργιος-Ραφαήλ^{1,2}, Καρατίδης Γεώργιος^{1,2}, Μπογάτσα Ευαγγελία¹, Ερμολόγους Αντρέας², Λούπος Λεντιόνα¹, Μαρτον Ελισάβετ¹, Χατζόπουλος Πέτρος¹, Τσιτούρας Βασίλης¹, Τσιούδα Θεοδώρα³, Μπαλκουρανίδου Ιωάννα¹, Γαλάνης Αλέξης², Ματθαίος Δημήτρης¹

1. Ογκολογικό Τμήμα, Ιατρική Σχολή, Σχολή Επιστημών Υγείας, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης, Αλεξανδρούπολη

2. Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης, Αλεξανδρούπολη

3. Πνευμονολογικό - Ογκολογικό Τμήμα, Αντικαρκινικό Νοσοκομείο Θεαγένειο, Θεσσαλονίκη

Ο καρκίνος του πνεύμονα αποτελεί την κύρια αιτία θνησιμότητας παγκοσμίως, με την ανοσοθεραπεία να στοχεύει κυρίως στον άξονα PD-1/PD-L1. Ωστόσο, η έκφραση του PD-L1 δεν επαρκεί ως μοναδικός προγνωστικός δείκτης ανταπόκρισης, λόγω μηχανισμών ανοσοδιαφυγής όπως η μειωμένη παρουσίαση αντιγόνων και η διαφυγή από τα NK κύτταρα. Η παρούσα μελέτη διερευνά τη μεθυλίωση του κυκλοφορούντος καρκινικού DNA (ctDNA) ως μη επεμβατικό βιοδείκτη πρόβλεψης της ανταπόκρισης στην ανοσοθεραπεία. Περιφερικά δείγματα αίματος συλλέχθηκαν από 40 ασθενείς με καρκίνο πνεύμονα που υποβλήθηκαν σε θεραπεία στο Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Αλεξανδρούπολης. Η ανάλυση της μεθυλίωσης πραγματοποιήθηκε με τη μέθοδο Methylation-Specific PCR. Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι το 72,5% των ασθενών παρουσίασε μη μεθυλιωμένο PD-L1, εύρημα που συσχετίστηκε με αυξημένη έκφραση στον ιστό και σημαντικά βελτιωμένη συνολική επιβίωση (17,8 έναντι 6,4 μηνών). Παράλληλα, βρίσκονται σε εξέλιξη *in vitro* πειράματα με τη χρήση της κυτταρικής σειράς A549 σε συνκαλλιέργεια με CD8⁺ T κύτταρα από ασθενείς και υγιείς μάρτυρες, με στόχο τη διερεύνηση μεταβολών στα πρότυπα μεθυλίωσης γονιδίων που σχετίζονται με την ανοσολογική απόκριση υπό την επίδραση συνδυαστικής θεραπείας (ανοσοθεραπεία και χημειοθεραπεία). Συμπερασματικά, η μεθυλίωση του PD-L1 στο ctDNA φαίνεται να αποτελεί έναν υποσχόμενο, μη επεμβατικό προγνωστικό βιοδείκτη, με πιθανή εφαρμογή στην εξατομίκευση της ανοσοθεραπείας. Παρόλα αυτά, απαιτείται περαιτέρω επικύρωση σε μεγαλύτερο αριθμό ασθενών.

METHYLATION OF IMMUNOSUPPRESSIVE GENES IN ctDNA AND THE A549 CELL LINE AS A PREDICTIVE BIOMARKER IN LUNG CANCER IMMUNOTHERAPY

Georgiadis Georgios-Rafail^{1,2}, Karatidis Georgios^{1,2}, Bogatsa Evagellia¹, Ermogenous Antreas², Loupos Lentional¹, Marton Elisavet¹, Chatzopoulos Petros¹, Tsitouras Vasilis¹, Tsiouda Theodora³, Balgkouranidou Ioanna¹, Galanis Alexis², Matthaios Dimitris¹

1. Oncology Department, School of Medicine, Faculty of Health Sciences, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis

2. Department of Molecular Biology and Genetics, Faculty of Health Sciences, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis

3. Pulmonology-Oncology Department, Theagenion Cancer Hospital, Thessaloniki

Lung cancer remains the leading cause of cancer-related mortality worldwide, with immunotherapy primarily targeting the PD-1/PD-L1 axis. However, PD-L1 expression alone is insufficient as a predictive biomarker of treatment response due to mechanisms of immune evasion, including impaired antigen presentation and escapes from natural killer (NK) cell-mediated cytotoxicity. This study investigates the methylation status of circulating tumor DNA (ctDNA) as a non-invasive biomarker for predicting response to immunotherapy. Peripheral blood samples were collected from 40 lung cancer patients undergoing treatment at the University General Hospital of Alexandroupolis. DNA methylation analysis was performed using methylation-specific PCR. Results showed that 72.5% of patients exhibited unmethylated PD-L1, which was associated with increased tissue expression and significantly improved overall survival (17.8 vs 6.4 months). In parallel, *in vitro* experiments are ongoing using the A549 cell line co-cultured with CD8⁺ T cells derived from both patients at treatment initiation and healthy donors. These experiments aim to investigate potential changes in methylation patterns of immune-related genes under combined treatment conditions (immunotherapy and chemotherapy). In conclusion, PD-L1 methylation in ctDNA appears to be a promising non-invasive predictive biomarker, with potential applications in personalizing immunotherapy. Further validation in larger patient cohorts is required.

ΤΑ ΧΕΙΡΟΠΤΕΡΑ ΤΟΥ ΕΘΝΙΚΟΥ ΘΑΛΑΣΣΙΟΥ ΠΑΡΚΟΥ ΝΟΤΙΟΥ ΑΙΓΑΙΟΥ

Γεωργιακάκης Παναγιώτης^{1*}, Καντζαρίδου Μαρία¹, Καρούμπαλη Μαρίνα², Ρώσσιου Νιόβη¹, Κοντός Παναγιώτης¹, Καραμέτα Εμμανουέλα¹

1. Μουσείο Φυσικής Ιστορίας Κρήτης, Πανεπιστήμιο Κρήτης, Ηράκλειο

2. NCC (Nature Conservation Consultants) E.P.E., Αθήνα, * Corresponding author: pangeos@uoc.gr

Η Τάξη των χειρόπτερων (νυχτερίδες) είναι η δεύτερη μεγαλύτερη ομάδα θηλαστικών, μετά τα τρωκτικά. Παγκοσμίως έχουν περιγραφεί 1500 είδη περίπου και σχεδόν 50 από αυτά απαντώνται στην Ευρώπη. Στην Ελλάδα συναντιούνται 36 είδη χειροπτέρων με προέλευση από την Ασία, την Αφρική και την Ευρώπη. Ο αριθμός των ειδών στα Ελληνικά νησιά εξαρτάται από την σύσταση του τοπίου και την απόσταση από άλλες ξηρές. Στα πλαίσια του έργου BiONIsle – Δίκτυο Παρατήρησης, Ανάλυσης, Ανάδειξης και Προστασίας Βιοποικιλότητας Εθνικού Θαλάσσιου Πάρκου Νησίδων Νοτίου Αιγαίου (ΕΘΠΝΑ), μελετήσαμε για πρώτη φορά την πανίδα των χειροπτέρων σε έναν αριθμό νησιών και ακατοίκητων νησίδων. Σε αρκετές δεκάδες θέσεων εφαρμόστηκαν τεχνικές επιθεώρησης καταφυγίων και προσωρινής παγίδευσης ζώων, αλλά και της ακουστικής παρακολούθησης με μετέπειτα ανάλυση των ηχογραφήσεων. Εννέα αυστηρώς προστατευόμενα είδη χειροπτέρων καταγράφηκαν στο ΕΘΠΝΑ, τα οποία σχηματίζουν μικρές αποικίες σε σπήλαια, παλιές στοές ορυχείων, σχισμές βράχων αλλά και κτήρια. Κυρίως συναντώνται είδη που προσαρμόζονται στις ξερικές συνθήκες και έχουν ευρεία κατανομή στη Μεσόγειο (όπως τα *Hypsugo savii* & *Tadarida teniotis*) ενώ τα είδη που εξαρτώνται ιδιαίτερα από δάση και υγρότοπους απουσιάζουν. Υπάρχουν όμως ενδείξεις ότι τα νησιά του Αιγαίου χρησιμεύουν ως ενδιάμεσοι σταθμοί για τη μετανάστευση ορισμένων ειδών, όπως το *Nyctalus leisleri*. Η παρατεταμένη ανομβρία, η αλλοίωση του τοπίου από μεγάλα αναπτυξιακά έργα, αλλά και μικρότερες παρεμβάσεις σε καταφύγια, υγρότοπους και συστάδες δέντρων συνιστούν σημαντικές απειλές για τα χειρόπτερα του ΕΘΠΝΑ

THE CHIROPTERA OF THE NATIONAL MARINE PARK OF THE SOUTH AEGEAN

Georgiakakis Panagiotis^{1*}, Kantzaridou Maria¹, Karoumbali Marina², Rossiou Niovi¹,
Kontos Panagiotis¹, Karameta Emmanouela¹

1. Natural History Museum of Crete, University of Crete, Heraklion

*2. NCC (Nature Conservation Consultants) Ltd., Athens, * Corresponding author: pangeos@uoc.gr*

Order Chiroptera (bats) is the second largest group of mammals, following rodents. Approximately 1500 species have been described worldwide, with almost 50 of them being found in Europe. Greece is the meeting point for 36 bat species originating from Asia, Africa and Europe. The number of species on the Greek islands depends on the landscape composition and the distance from other landmasses. Within the framework of the project BiONIsle–Network for the Observation, Analysis, Promotion and Protection of the Biodiversity in the National Marine Park of the South Aegean Islands (NMPSA), we studied for the first time the bat fauna across a number of islands and uninhabited islets. At several dozen locations, the techniques of roost survey and temporary trapping of animals, as well as acoustic monitoring and subsequent analysis of the recordings, were applied. Nine strictly protected bat species were recorded in the NMPSA, forming small colonies in caves, old mine shafts, rock crevices and buildings. Species that are adapted to dry conditions and have a wide distribution in the Mediterranean (e.g. *Hypsugo savii* & *Tadarida teniotis*) are more common, while species that depend particularly on forests and wetlands are absent. However, there are indications that the Aegean islands serve as stepping stones for the migration of certain species, such as *Nyctalus leisleri*. The prolonged drought, the degradation of the landscape by large development projects, as well as smaller interventions in shelters, wetlands and tree stands, constitute significant threats to the Park's bats.

**ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΩΝ ΜΟΡΙΑΚΩΝ ΜΗΧΑΝΙΣΜΩΝ ΠΟΥ ΔΙΕΠΟΥΝ ΤΗΝ ΕΞΕΛΙΞΗ
ΣΤΟ ΠΟΛΛΑΠΛΟ ΜΥΕΛΩΜΑ ΜΕΣΩ ΟΛΟΚΛΗΡΩΜΕΝΗΣ ΑΝΑΛΥΣΗΣ
ΠΟΛΥΟΜΙΚΩΝ ΔΕΔΟΜΕΝΩΝ**

Γεωργίου Γρηγόρης, Αθηνίτη Έφη, Μιναδάκης Γεώργιος, Ζαχαρίου Μαργαρίτα, Καρούση Παρασκευή, Βόσσος Μάνος, Liacos Christine-Ivy, Σολιά Ειρήνη, Courraud Julie, Σουρέας Κωνσταντίνος, Παπαδημητρίου Μαρία-Αλεξάνδρα, Αυγέρης Μαργαρίτης, Σκορίλας Ανδρέας, Ζωιδάκης Ζερόμ, Γαβριάτοπούλου Μαρία, Τέρπος Ευάγγελος, Δημόπουλος Μελέτιος-Αθανάσιος, Καστρίτης Ευστάθιος, Σπύρου Γεώργιος Μ.

Τμήμα Βιοπληροφορικής, Ινστιτούτο Νευρολογίας και Γενετικής Κύπρου, Λεωφόρος Διεθνούς Αεροδρομίου 6, 2370 Λευκωσία, Κύπρος, Τ.Θ. 23462, 1683 Λευκωσία, Κύπρος

Το Πολλαπλό Μυέλωμα αποτελεί μία ανίατη αιματολογική κακοήθεια που χαρακτηρίζεται από τη συσσώρευση πλασματοκυττάρων στον μυελό των οστών. Παρά τη σημαντική πρόοδο στην κατανόηση της βιολογίας που διέπει την εξέλιξη από πρόδρομες καταστάσεις σε ενεργό νόσο, οι μοριακοί μηχανισμοί που καθοδηγούν αυτή τη μετάβαση παραμένουν σε μεγάλο βαθμό άγνωστοι. Η παρούσα μελέτη στοχεύει στη διερεύνηση των μηχανισμών αυτών μέσω συνδυαστικής ανάλυσης πρωτεωμικών και μεταγραφωμικών δεδομένων που προέρχονται από το ίδιο σύνολο ασθενών. Πραγματοποιήθηκε παράλληλη και συνδυαστική ανάλυση διαφορικής έκφρασης σε δεδομένα μεταγραφώματος και πρωτεώματος, με σκοπό την ταυτοποίηση γονιδίων και πρωτεϊνών που σχετίζονται με αλλαγές ανά στάδιο της νόσου. Στη συνέχεια, τα ευρήματα αυτά αξιολογήθηκαν σε συγκριτικές αναλύσεις εμπλουτισμού βιολογικών οδών, τόσο εντός κάθε ομικής κατηγορίας όσο και συνδυαστικά, προκειμένου να αναδειχθούν κοινά και διαφοροποιημένα λειτουργικά πρότυπα μηχανισμών. Παράλληλα, εφαρμόστηκαν προσεγγίσεις βασισμένες σε δίκτυα γονιδίων και πρωτεϊνών για την αναγνώριση συν-εκφραζόμενων ομάδων γονιδίων/πρωτεϊνών και την αξιολόγηση της συσχέτισής τους με χαρακτηριστικά της νόσου, επιτρέποντας τη μελέτη των μοριακών αλληλεπιδράσεων σε συστημικό επίπεδο. Συνολικά, τα συνδυαστικά ευρήματα της μελέτης υποδεικνύουν μια αναδιαμόρφωση του μοριακού προφίλ σε επίπεδο μηχανισμών κατά την εξέλιξη της νόσου. Στα αρχικά στάδια παρατηρείται εντονότερη εμπλοκή ανοσολογικών και φλεγμονωδών διεργασιών, ενώ στα προχωρημένα στάδια επικρατούν μηχανισμοί που σχετίζονται με τον κυτταρικό έλεγχο, όπως η επεξεργασία RNA, ο διαχωρισμός των χρωμοσωμάτων και η κυτταρική διαίρεση. Τα ευρήματα αυτά υποδηλώνουν μια μετάβαση από ένα στάδιο όπου κυριαρχεί η επίδραση του μικροπεριβάλλοντος, σε ένα πιο «αυτόνομο» στάδιο της νόσου, όπου τα καρκινικά κύτταρα ενισχύουν την ικανότητά τους για ανεξέλεγκτο πολλαπλασιασμό.

INVESTIGATION OF THE MOLECULAR MECHANISMS UNDERLYING DISEASE PROGRESSION IN MULTIPLE MYELOMA THROUGH INTEGRATIVE MULTI-OMICS ANALYSIS

Georgiou Grigoris, Athieniti Efi, Minadakis George, Zachariou Margarita, Karousi Paraskevi, Vossos Manos, Liacos Christine-Ivy, Solia Eirini, Courraud Julie, Soureas Konstantinos, Papadimitriou Maria-Alexandra, Avgeris Margaritis, Scorilas Andreas, Zoidakis Jerome, Gavriatopoulou Maria, Terpos Evangelos, Dimopoulos Meletios-Athanasios, Kastritis Efstathios, Spyrou George M

Bioinformatics Department, The Cyprus Institute of Neurology & Genetics, 6 International Airport Avenue, 2370 Nicosia, Cyprus, P.O. Box 23462, 1683 Nicosia, Cyprus

Multiple Myeloma is an incurable hematological malignancy characterized by the accumulation of malignant plasma cells within the bone marrow. Despite significant advances in understanding the biology underlying progression from precursor conditions to active disease, the molecular mechanisms driving this transition remain largely unknown. This study aims to elucidate these mechanisms through integrative cross-omics analysis of proteomic and transcriptomic data derived from the same patient cohort. Differential expression analysis was performed on batch-corrected transcriptomic and proteomic datasets to identify genes and proteins associated with stage-specific alterations. These features were subsequently used in comparative gene set enrichment analyses to investigate both within-omics and cross-omics functional patterns. In parallel, network-based approaches were applied to identify co-expression modules and assess their associations with disease traits, enabling the exploration of system-level molecular interactions across omics layers. Overall, the analysis reveals a progressive reprogramming of the functional landscape across disease stages, characterized by an early dominance of immune and inflammatory responses, followed by a shift toward pathways associated with cellular regulation and proliferation, including RNA processing, chromosome segregation, and nuclear division. These findings suggest a transition from a microenvironment-driven state to a more autonomous, proliferation-driven disease phenotype.

**ΤΕΧΝΙΚΗ ΕΞΑΠΟΛΥΣΗΣ ΣΤΕΙΡΩΝ ΕΝΤΟΜΩΝ ΜΙΚΡΗΣ ΚΛΙΜΑΚΑΣ:
ΜΕΓΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗ ΤΗΣ ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΙΚΟΤΗΤΑΣ ΜΕ ΠΕΡΙΟΡΙΣΜΕΝΗ
ΥΠΟΔΟΜΗ**

Γιαννάτος Γεράσιμος, Τσιάμης Γεώργιος, Αυγουστίνος Αντώνιος

Εργαστήριο Μικροβιολογίας Συστημάτων και Εφαρμοσμένης Γονιδιωματικής, Τμήμα Αειφορικής Γεωργίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 30131 Αγρίνιο, Ελλάδα. Τμήμα Φυτοπροστασίας Πάτρας, Ινστιτούτο Βιομηχανικών και Κτηνοτροφικών Φυτών, Ελληνικός Γεωργικός Οργανισμός ΔΗΜΗΤΡΑ, 26442 Πάτρα, Ελλάδα

Η αυξανόμενη συχνότητα εισβολών εντόμων (π.χ. *Bactrocera zonata*), ως αποτέλεσμα του παγκόσμιου εμπορίου και της κλιματικής αλλαγής, αποτελεί σημαντική απειλή για τα αγροοικοσυστήματα της Μεσογείου, όπου οι περιβαλλοντικές συνθήκες καθίστανται ολοένα πιο ευνοϊκές για την εγκατάσταση μη ιθαγενών ειδών. Παράλληλα, οι Ευρωπαϊκές οδηγίες στοχεύουν στη μείωση της χρήσης χημικών φυτοπροστατευτικών κατά 50% έως το 2030, ενισχύοντας την ανάγκη για βιώσιμες εναλλακτικές προσεγγίσεις. Η Τεχνική Εξαπόλυσης Στείρων Εντόμων (SIT) αποτελεί μια στοχευμένη στο είδος και φιλική προς το περιβάλλον μέθοδο διαχείρισης, βασισμένη στη μαζική εκτροφή, στείρωση και απελευθέρωση εντόμων, με σκοπό την καταστολή ή εξάλειψη άγριων πληθυσμών μέσω επαγόμενης στειρότητας. Στο πρότυπο είδος *Ceratitis capitata*, η χρήση Γενετικών Στελεχών Διαχωρισμού Φύλου (GSS) επιτρέπει την απελευθέρωση μόνο αρσενικών, ενισχύοντας την αποτελεσματικότητα και μειώνοντας το κόστος. Στην παρούσα μελέτη προτείνεται μια τοπικοποιημένη προσαρμογή της SIT, για την πρόληψη εγκατάστασης εισβλητικών πληθυσμών σε αρχικά στάδια εισαγωγής τους. Η προσέγγιση βασίζεται στην ανάπτυξη φορητών μονάδων (Contained SIT), με αντικείμενα κατασκευασμένα μέσω τρισδιάστατης εκτύπωσης, επιτρέποντας την προσαρμογή στις απαιτήσεις κάθε περιοχής-στόχου και είδους εντόμου. Επιπλέον, η ποιότητα των εντόμων βελτιστοποιείται μέσω προσθήκης προβιοτικών στην εκτροφή, ενισχύοντας βασικούς βιολογικούς δείκτες. Η προτεινόμενη μέθοδος εισάγει μια προληπτική στρατηγική βιοασφάλειας, μετατοπίζοντας τη διαχείριση των παρασίτων από την αντίδραση σε μεγάλη κλίμακα προς την στοχευμένη έγκαιρη παρέμβαση, προσφέροντας μια οικονομικά αποδοτική και επεκτάσιμη προσέγγιση για την αντιμετώπιση αναδυόμενων εισβλητικών ειδών

SMALL SCALE SIT FOR INVASIVE SPECIES: MAXIMIZING EFFICIENCY WITH LIMITED INFRASTRUCTURE

Giannatos Gerasimos, Tsiamis George, Augustinos Antonios

Laboratory of Systems Microbiology and Applied Genomics, Department of Sustainable Agriculture, University of Patras, 30131 Agrinio, Greece. Department of Plant Protection Patras, Institute of Industrial and Forage Crops, Ellinikos Georgikos Organismos DIMITRA, 26442 Patras, Greece

The increasing frequency of insect invasions (e.g *Bactrocera zonata*) driven by global trade and climate change poses a significant threat to Mediterranean agroecosystems, where environmental conditions are becoming highly suitable for the establishment of non-native pest species. Simultaneously, European policy frameworks aim to reduce the use of chemical pesticides by 50% by 2030, creating an urgent need for alternative and sustainable pest management approaches. The Sterile Insect Technique (SIT), is a species-specific and environmentally friendly pest control strategy based on the mass production, sterilization and release of insects into target areas, aiming to suppress, contain or eradicate wild populations through mating-induced sterility. In the model species *Ceratitis capitata*, the use of Genetic Sexing Strains (GSS) enables male only releases, which enhances the efficiency and the cost effectiveness of the process. In this study, a novel, localized adaptation of SIT is being proposed, aiming to prevent the establishment of invasive populations at early stages of introduction. The approach is based on the development of small scale, portable units (Contained SIT), equipped with objects designed and manufactured using 3D printing, allowing full customization to the specific requirements of each target site and insect species. In addition, the quality of insects produced by each unit is further optimized through the incorporation of probiotics in the rearing process, enhancing key biological traits. A series of devices and tools developed to support the rearing and the quality control procedures, species, will be presented. This method introduces a proactive biosecurity strategy, shifting pest management from large scale reactive suppression to targeted early intervention, while offering a cost- effective and scalable approach to enhance responses against emerging invasive pests.

**ΦΥΤΟΧΗΜΙΚΗ ΑΝΑΛΥΣΗ ΚΑΙ ΣΥΓΚΡΙΤΙΚΗ ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗ ΤΗΣ
ΑΝΤΙΟΞΕΙΔΩΤΙΚΗΣ ΚΑΙ ΑΝΤΙΓΕΝΟΤΟΞΙΚΗΣ ΔΡΑΣΗΣ ΕΚΧΥΛΙΣΜΑΤΩΝ
ΦΛΟΙΩΝ ΕΣΠΕΡΙΔΟΕΙΔΩΝ**

Γιοβά Λαμπρινή¹, Μπίρμπα Βασιλική², Λάμαρη Ν. Φωτεινή², Αντωνοπούλου Μαρία³,
Νταϊλιάνης Στέφανος¹, Βλαστός Δημήτρης¹

1. Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26504, Πάτρα
2. Τμήμα Φαρμακευτικής, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26504, Πάτρα
3. Τμήμα Αειφορικής Γεωργίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 30131, Αργίριο

Τα αγροδιατροφικά απόβλητα αποτελούν πλούσιες πηγές βιοδραστικών ενώσεων και μπορούν να αξιοποιηθούν για την παραγωγή προϊόντων υψηλής προστιθέμενης αξίας. Η παρούσα μελέτη εστιάζει στη συγκριτική αξιολόγηση εκχυλισμάτων από φλοιούς εσπεριδοειδών (*Citrus limon*, *Citrus aurantium* και *Citrus paradisi*). Αρχικά, πραγματοποιήθηκε εκχύλιση με χρήση υπερήχων (ultrasound assisted extraction). Η φυτοχημική ανάλυση των εκχυλισμάτων πραγματοποιήθηκε με Υγρή Χρωματογραφία-Φασματομετρία Μάζας (LC-MS), ενώ το ολικό φαινολικό περιεχόμενο προσδιορίστηκε με τη μέθοδο Folin-Ciocalteu και η αντιοξειδωτική δράση με τις μεθόδους FRAP και DPPH[·]. Επιπλέον, διερευνήθηκαν οι πιθανές κυτταρογενετοξικές και αντιγενετοξικές επιδράσεις επιλεγμένων συγκεντρώσεων των εκχυλισμάτων (0.05, 0.1 και 0.5 μg mL⁻¹) σε καλλιέργειες ανθρώπινων λεμφοκυττάρων με την εφαρμογή της τεχνικής των μικροπυρήνων με χρήση κυτταροχαλασίνης-B (Cytokinesis Block Micronucleus assay, CBMN assay). Η φυτοχημική ανάλυση έδειξε ότι τα εκχυλίσματα ήταν πλούσια σε φλαβονοειδή, φαινολικά οξέα και γλυκοζίτες. Το *C. paradisi* παρουσίασε το υψηλότερο ολικό φαινολικό περιεχόμενο, ενώ τα *C. aurantium* και *C. limon* εμφάνισαν αυξημένη αντιοξειδωτική δράση στις μεθόδους FRAP και DPPH[·], αντίστοιχα. Η εφαρμογή της τεχνικής CBMN έδειξε απουσία κυτταροτοξικής και γενετοξικής δράσης σε όλες τις εξεταζόμενες συγκεντρώσεις των εκχυλισμάτων *C. aurantium* και *C. limon*, ενώ για το *C. paradisi* παρατηρήθηκε κυτταροτοξική δράση στις συγκεντρώσεις 0.05 και 0.1 μg mL⁻¹. Η συγχορήγηση των εκχυλισμάτων με τον μεταλλαξιγόνο παράγοντα μιτομυκίνη-C (MMC) έδειξε στατιστικά σημαντική μείωση της επαγόμενης γενετοξικότητάς του σε όλες τις εξεταζόμενες συγκεντρώσεις των *C. paradisi* και *C. aurantium*, ενώ στο *C. limon* στις συγκεντρώσεις 0.05 και 0.1 μg mL⁻¹. Τα ευρήματα της μελέτης υποδεικνύουν νέες προοπτικές για την αξιοποίηση εκχυλισμάτων φλοιών εσπεριδοειδών ως πηγών βιοδραστικών ενώσεων. Η εργασία υποστηρίχθηκε οικονομικά από το «Ίδρυμα Ανδρέας Μεντζελόπουλος»

PHYTOCHEMICAL ANALYSIS AND COMPARATIVE EVALUATION OF THE ANTIOXIDANT AND ANTIGENOTOXIC ACTIVITY OF CITRUS PEEL EXTRACTS

Giova Lambrini¹, Birba Vassiliki², Lamari N. Fotini², Antonopoulou Maria³, Dailianis Stefanos¹, Vlastos Dimitris¹

1. Department of Biology, University of Patras, GR-26504, Patras

2. Department of Pharmacy, University of Patras, GR-26504, Patras

3. Department of Sustainable Agriculture, University of Patras, GR-30131, Agrinio

Agri-food waste represents a rich source of bioactive compounds and can be valorized for the production of high value-added products. The present study focuses on the comparative evaluation of extracts obtained from citrus peels (*Citrus limon*, *Citrus aurantium*, and *Citrus paradisi*). Initially, exhaustive extraction was performed using a solvent mixture (hexane–ethanol) assisted by ultrasound (ultrasound-assisted extraction). Phytochemical profiling of the extracts was carried out using Liquid Chromatography–Mass Spectrometry (LC–MS), while total phenolic content was determined by the Folin–Ciocalteu method and antioxidant activity was assessed using the FRAP and DPPH• assays. In addition, the potential cytogenotoxic and antigenotoxic effects of selected extract concentrations (0.05, 0.1, and 0.5 $\mu\text{g mL}^{-1}$) were investigated in cultured human lymphocytes using the Cytokinesis-Block Micronucleus (CBMN) assay with cytochalasin-B. Phytochemical analysis revealed that the extracts were rich in flavonoids, phenolic acids, and glycosides. *C. paradisi* exhibited the highest total phenolic content, whereas *C. aurantium* and *C. limon* demonstrated enhanced antioxidant activity in the FRAP and DPPH• assays, respectively. Application of the CBMN assay revealed no cytotoxic or genotoxic effects at any tested concentration for *C. aurantium* and *C. limon* extracts. However, *C. paradisi* exhibited cytotoxic effects at concentrations of 0.05 and 0.1 $\mu\text{g mL}^{-1}$. Co-treatment of the extracts with the mutagenic agent mitomycin-C (MMC) resulted in a statistically significant reduction of MMC-induced genotoxicity at all tested concentrations for *C. paradisi* and *C. aurantium*, and at concentrations of 0.05 and 0.1 $\mu\text{g mL}^{-1}$ for *C. limon*. Overall, the findings of the present study highlight new perspectives for the valorization of citrus peel extracts as promising sources of bioactive compounds. The present work was financially supported by the «Andreas Mentzelopoulos Foundation».

**ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΗΣ ΕΠΙΔΡΑΣΗΣ ΑΓΡΟΝΟΜΙΚΩΝ ΣΥΝΘΗΚΩΝ ΣΤΗΝ IN VITRO
ΑΝΤΙΟΞΕΙΔΩΤΙΚΗ ΔΡΑΣΗ ΤΩΝ ΠΟΙΚΙΛΙΩΝ ΚΟΡΩΝΕΙΚΗ ΚΑΙ ΑΘΗΝΟΛΙΑ**

Γκασδρόγκα Μαρία, Τέκος Φώτιος, Σκαπέρδα Ζωή, Βαρδάκας Περικλής, Κουρέτας Δημήτριος

Εργαστήριο Φυσιολογίας Ζωικών Οργανισμών, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, 41500, Βιόπολις Μεζούρλο, Λάρισα

Τα προϊόντα του ελαιόδενδρου αποτελούν σημαντική πηγή βιοδραστικών ενώσεων με ισχυρή αντιοξειδωτική δράση. Σκοπός της παρούσας εργασίας ήταν η διερεύνηση της επίδρασης διαφορετικών αγρονομικών συνθηκών (υψόμετρο, άρδευση) στην in vitro αντιοξειδωτική δράση δειγμάτων των γηγενών ελληνικών ποικιλιών ελιάς Κορωνέικης και Αθηνολιάς από την περιοχή της Λακωνίας. Σε αυτό το πλαίσιο, αξιολογήθηκε η ικανότητα εξουδετέρωσης φυσικών και τεχνητών ελευθέρων ριζών, η αναγωγική δράση και η ικανότητα προστασίας του DNA έναντι της πρόκλησης οξειδωτικής βλάβης δειγμάτων υδατικής φάσης ελαιόκαρπου. Ακολούθως, αξιολογήθηκε η επίδραση των δειγμάτων σε δείκτες οξειδοαναγωγικής κατάστασης ανθρώπινων ηπατικών (HepG2), γαστρικών (MKN45) και ενδοθηλιακών (EA.hy926) κυτταρικών σειρών. Τα αποτελέσματα της μελέτης έδειξαν διαφορετική επίδραση των αγρονομικών συνθηκών σε κάθε ποικιλία, επηρεάζοντας σημαντικά το αντιοξειδωτικό προφίλ των τελικών προϊόντων. Τα δείγματα της ποικιλίας Αθηνολιάς επέδειξαν υψηλότερη in vitro αντιοξειδωτική δράση, απουσία κυτταρικών συστημάτων, σε σχέση με τα δείγματα της Κορωνέικης. Επιπλέον, παρατηρήθηκε διττή βιολογική επίδραση των υδατικών δειγμάτων ελαιόκαρπου των δύο ποικιλιών στις κυτταρικές σειρές, καθώς τα δείγματα είχαν την ικανότητα να προστατεύουν τα ενδοθηλιακά κύτταρα από τις δυσμενείς επιδράσεις του οξειδωτικού στρες, μέσω μείωσης των δραστικών μορφών οξυγόνου και της λιπιδικής υπεροξειδωσης, προάγοντας ταυτόχρονα την οξειδωτική καταπόνηση στα γαστρικά και ηπατικά καρκινικά κύτταρα, μέσω μείωσης της ανηγμένης γλουταθειόνης και της αύξησης των δραστικών μορφών οξυγόνου και της λιπιδικής υπεροξειδωσης. Συμπερασματικά, τα ευρήματα αναδεικνύουν τη σημαντικότητα ποικιλίας-αγρονομικών συνθηκών στη διαμόρφωση του τελικού βιοδραστικού προφίλ των προϊόντων της ελιάς, υπογραμμίζοντας ταυτόχρονα την αξία των ελληνικών ποικιλιών ως πηγής σημαντικών βιοδραστικών ενώσεων με πολλαπλά οφέλη για την ανθρώπινη υγεία.

INVESTIGATION OF THE EFFECT OF AGRONOMIC CONDITIONS ON THE IN VITRO ANTIOXIDANT ACTIVITY OF THE KORONEIKI AND ATHNOLIA OLIVE VARIETIES

Gkasdrogka Maria, Tekos Fotios, Skaperda Zoi, Vardakas Periklis, Kouretas Demetrios

Laboratory of Animal Physiology, Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, 41500, Viopolis Mezourlo, Larissa, Greece

Olive tree products constitute an important source of bioactive compounds with potent antioxidant activity. The aim of the present study was to investigate the effect of different agronomic conditions (altitude, irrigation) on the in vitro antioxidant activity of samples from the indigenous Greek olive varieties Koroneiki and Athinolia, originating from the region of Laconia. In this context, the ability to scavenge natural and synthetic free radicals, the reducing capacity, and the ability to protect DNA against oxidative damage were evaluated in aqueous olive drupe extracts. Furthermore, the effects of the samples on redox status markers were assessed in human hepatic (HepG2), gastric (MKN45), and endothelial (EA.hy926) cell lines. The results of the study demonstrated that agronomic conditions exert a differential effect on each variety, significantly influencing the antioxidant profile of the final products. Samples of the Athinolia variety exhibited greater in vitro antioxidant activity, in the absence of cellular systems, compared to samples of the Koroneiki variety. Moreover, a dual biological effect of the samples from both varieties was observed in the cell lines. Specifically, the samples were able to protect endothelial cells from the detrimental effects of oxidative stress by reducing reactive oxygen species (ROS) and lipid peroxidation, while simultaneously promoting oxidative stress in gastric and hepatic cancer cells. This was achieved through the reduction of reduced glutathione (GSH) levels and the increase of ROS and lipid peroxidation. In conclusion, the findings highlight the importance of the interaction between olive variety and agronomic conditions in shaping the final bioactive profile of olive products, while also highlighting the value of Greek olive varieties as a source of bioactive compounds with multiple potential benefits for human health.

ΔΙΕΥΡΥΜΕΝΟ ΠΛΑΙΣΙΟ ΜΕΘΟΔΩΝ ΜΗΧΑΝΙΚΗΣ ΜΑΘΗΣΗΣ ΚΑΙ ΠΕΡΙΕΧΟΜΕΝΟΥ ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΑΣ ΓΙΑ ΤΗΝ ΤΑΞΙΝΟΜΗΣΗ ΤΟΥ ΤΡΙΠΛΑ ΑΡΝΗΤΙΚΟΥ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΜΑΣΤΟΥ (TNBC)

Γκότση Ελένη-Φανή^{1,2}, Πιλάλης Ελευθέριος^{1,3}, Λε Γκαλό Ματιέ^{4,5}, Χατζιωάννου Αριστοτέλης^{1,3}

1. *e-NIOS Applications Ιδιωτική Εταιρεία, Καλλιθέα, Ελλάδα*

2. *Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις, 41500, Λάρισα, Ελλάδα*

3. *Κέντρο Βιολογίας Συστημάτων, Ίδρυμα Ιατροβιολογικών Ερευνών της Ακαδημίας Αθηνών, Ελλάδα*

4. *Insert U1242, Πανεπιστήμιο της Rennes, Rennes, Γαλλία*

5. *Αντικαρκινικό Κέντρο Eugène Marquis, Rennes, Γαλλία*

Ο τριπλά αρνητικός καρκίνος του μαστού (TNBC) χαρακτηρίζεται από μοριακή ετερογένεια και, παρά τις πρόσφατες στοχευμένες θεραπείες, πολλά περιστατικά εξακολουθούν να στερούνται κλινικά αξιοποιήσιμων θεραπευτικών στόχων. Συνεπώς, η ανάπτυξη αξιόπιστων μοριακών ταξινομητών και η εύρεση νέων βιοδεικτών παραμένει κλινική ανάγκη. Αναπτύχθηκε πλαίσιο ταξινόμησης με μεθόδους μηχανικής μάθησης (ML), εκπαιδευμένο σε 103 δείγματα RNA-seq (62 TNBC, 41 non-TNBC) από γαλλική κλινική κοόρτη και TCGA. Η λειτουργική ανάλυση με το BioInfoMiner, βάσει έξι οντολογικών βάσεων (Gene Ontology, HPO, Reactome, MGI, Cell Ontology και Mondo Ontology), ιεράρχησε 465 γονίδια-κόμβους το οποία χρησιμοποιήθηκαν ως βασικό διάνυσμα χαρακτηριστικών, μαζί με επίπεδα ενεργοποίησης IRE1/XBP1/RIDD. Ταξινομητές GLMNET, Random Forest (RF) και AdaBoost εκπαιδεύτηκαν με πολλαπλές στρατηγικές επιλογής χαρακτηριστικών, όπως εκατοστημόρια σημαντικότητας ML, στάθμιση βάσει κεντρικότητας και κατώφλια Περιεχομένου Πληροφορίας (IC) βάσει όρων Gene Ontology, γονιδιακής έκφρασης και κεντρικότητας στα σημασιολογικά δίκτυα. Η ανεξάρτητη επικύρωση σε TCGA RNA-seq και GSE18864 (μικροσυστοιχίες) ανέδειξε ως κορυφαίο μοντέλο στο TCGA (686 δείγματα) τον RF ταξινομητή με 47 γονίδια επιλεγμένα βάσει κεντρικότητας (AUC = 0.981, F1-score = 0.855, MCC = 0.817). Στο GSE18864, το AdaBoost με γονίδια επιλεγμένα βάσει έκφρασης πέτυχε AUC = 0.933, F1-score = 0.857 και MCC = 0.766. Η δραστηριότητα XBP1 διαφοροποίησε περαιτέρω τα TNBC δείγματα, ενώ οι αναλύσεις επιβίωσης ανέδειξαν σημαντικές προγνωστικές συσχετίσεις για στρωματοποίηση βάσει XBP1 και IRE1 ($p = 0.0021$ και $p = 0.005$, αντίστοιχα). Συνολικά, τα αποτελέσματα υποστηρίζουν τη δυνητική χρήση υπογραφών ML με βιολογική πληροφορία για ταξινόμηση και μοριακή στρωματοποίηση του TNBC.

AN EXTENSIVE PANEL OF MACHINE LEARNING AND INFORMATION CONTENT METHODS FOR TRIPLE NEGATIVE BREAST CANCER (TNBC) CLASSIFICATION

Gkotsi Eleni-Fani^{1,2}, Pilalis Eleftherios^{1,3}, Le Gallo Matthieu^{4,5}, Chatziioannou Aristotelis^{1,3}

1. e-NIOS Applications Private Company, Kallithea, Greece

2. Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, Vioplis, 41500, Larissa, Greece

3. Centre of Systems Biology, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens, Greece

4. Inserm U1242, University of Rennes, Rennes, France

5. Centre de Lutte Contre le Cancer Eugène Marquis, Rennes, France

Triple-negative breast cancer (TNBC) is molecularly heterogeneous and, despite recent biomarker-directed therapies, many cases still lack clinical therapeutic targets. Robust molecular classifiers and novel biomarkers therefore remain an unmet clinical need. We developed a machine learning (ML) classification pipeline trained on 103 RNA-seq samples (62 TNBC, 41 non-TNBC) from a French clinical cohort and TCGA. BioInfoMiner functional profiling across six ontological databases (Gene Ontology, HPO, Reactome, MGI, Cell Ontology and Mondo Ontology) prioritized 465 hub genes as the core feature space, supplemented by categorical IRE1/XBP1/RIDD activation features. GLMNET, Random Forest (RF) and AdaBoost classifiers were trained using multiple feature-selection strategies, including top ML feature-importance percentiles, centrality-weighted scoring and information-content cutoffs based on Gene Ontology terms, gene expression and semantic-network centrality. Independent validation on TCGA RNA-seq and GSE18864 microarray datasets identified the RF model trained on 47 network-centrality-selected genes as the top performer in the TCGA validation set of 686 samples (AUC = 0.981, F1-score = 0.855, MCC = 0.817). In GSE18864, an AdaBoost model trained on expression-selected genes achieved AUC = 0.933, F1-score = 0.857 and MCC = 0.766. XBP1 activity further distinguished TNBC samples, while survival analyses showed significant prognostic associations for XBP1 and IRE1 stratification ($p = 0.0021$ and $p = 0.005$, respectively). These results support biologically informed ML-derived signatures as potential tools for TNBC classification and molecular stratification.

Η ΕΚΦΡΑΣΗ ΤΟΥ STIM1 ΣΕ ΚΥΚΛΟΦΟΡΟΥΝΤΑ ΚΥΤΤΑΡΑ ΤΟΥ ΟΓΚΟΥ ΑΣΘΕΝΩΝ ΜΕ ΚΑΡΚΙΝΟ ΤΟΥ ΠΑΓΚΡΕΑΤΟΣ

Γολεγού Παναγιώτα¹, Τάγαρη Χρυσούλα¹, Ξαγαρά Αναστασία², Κωτσάκης Αθανάσιος², Καλλέργη Γαλάτεια¹

- 1. Εργαστήριο Βιοχημείας και Μεταστατικής Σηματοδότησης, Τομέας Γενετικής, Κυτταρικής και Αναπτυξιακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26504 Πάτρα, Ελλάδα*
- 2. Τμήμα Παθολογικής Ογκολογίας, Γενικό Πανεπιστημιακό Νοσοκομείο Λάρισας, 41334 Λάρισα, Ελλάδα*

Ο παγκρεατικός καρκίνος είναι μία από τις πιο επιθετικές και θανατηφόρες κακοήθειες παγκοσμίως με περιορισμένες διαγνωστικές και θεραπευτικές επιλογές. Τα κυκλοφορούντα καρκινικά κύτταρα (CTCs) αποτελούν ελπιδοφόρο εργαλείο για την παρακολούθηση της πορείας της νόσου και της ανταπόκρισης στη θεραπεία. Μεταβολές στην έκφραση του STIM1, βασικού ρυθμιστή εισροής ασβεστίου μέσω της οδού SOCE, έχουν συνδεθεί με αυξημένο πολλαπλασιασμό και μετανάστευση καρκινικών κυττάρων. Σκοπός της παρούσας μελέτης ήταν η διερεύνηση του SOCE σε κυκλοφορούντα καρκινικά κύτταρα ασθενών με παγκρεατικό καρκίνο. Η απομόνωση των CTCs πραγματοποιήθηκε μέσω της πλατφόρμας ISET από το αίμα 15 ασθενών. Περιφερικά μονοπύρηνια κύτταρα 3 ασθενών καλλιιεργήθηκαν για εμπλουτισμό σε CTCs με ταυτόχρονη επίδραση του αναστολέα της οδού SOCE, SKF96365. Πραγματοποιήθηκαν πειράματα ανοσοφθορισμού με αντισώματα έναντι κυτταροκερατίνης (CK), CD45, CD31, STIM1 και ακολούθησε φαινοτυπικός χαρακτηρισμός μέσω της πλατφόρμας VyCAP. Στις μεμβράνες ISET, CTCs ανιχνεύτηκαν στο 27% των ασθενών (4/15), ενώ η πλειοψηφία (93%) εμφάνισε (CK-/CD45-/CD31-) κύτταρα, χαρακτηριζόμενα ως κυκλοφορούντα κύτταρα σχετιζόμενα με τον όγκο (CTACs). Μεταξύ των ασθενών, η έκφραση του STIM1 παρατηρήθηκε στα CTCs στο 7% (1/15) και στα CTACs στο 20% (3/15). Αναφορικά με την συχνότητα του STIM1+ φαινοτύπου επί του συνόλου των CTCs και CTACs ήταν 14% και 2% αντίστοιχα. Στις καλλιέργειες, χωρίς την επίδραση SKF96365, CTCs εντοπίστηκαν στο 33% των ασθενών και δεν βρέθηκαν CTACs, ενώ υπό την επίδραση αναστολέα ανιχνεύτηκαν στο 33% και 67% αντίστοιχα. Τα ευρήματα αυτά αναδεικνύουν τη συμμετοχή της SOCE σε CTCs και CTACs στον παγκρεατικό καρκίνο, ενώ η αναστολή της οδού μπορεί να αποτελέσει ενδιαφέροντα θεραπευτικό στόχο.

EXPRESSION OF STIM1 IN CIRCULATING TUMOR-DERIVED CELLS ISOLATED FROM PANCREATIC CANCER PATIENTS

Golegou Panagiota¹, Tagari Chrisoula¹, Xagara Anastasia², Kotsakis Athanasios², Kallergi Galatea¹

1. Laboratory of Biochemistry and Metastatic Signaling, Division of Genetics, Cell and Developmental Biology, Department of Biology, University of Patras, 26504 Patras, Greece

2. Department of Medical Oncology, General University Hospital of Larissa, 41334 Larissa, Greece

Pancreatic cancer is one of the most aggressive and lethal malignancies worldwide, with limited diagnostic and therapeutic options. Circulating tumor cells (CTCs) represent a promising tool for monitoring disease progression and treatment response. Alterations in the expression of STIM1, key regulator of calcium entry via the SOCE pathway, have been associated with enhanced cancer cell proliferation and migration. This study aimed to investigate the SOCE pathway in circulating cancer cells from pancreatic cancer patients. CTC isolation was performed using the ISET platform from the blood of 15 patients. Peripheral blood mononuclear cells from 3 patients were cultured to enrich CTCs, with simultaneous treatment with SOCE inhibitor SKF96365. Immunofluorescence experiments were performed using antibodies targeting cytokeratin (CK), CD45, CD31, and STIM1, followed by phenotypic characterization using the VyCAP platform. In ISET membranes, CTCs were detected in 27% of patients (4/15), while the majority (93%) harbored (CK-/CD45-/CD31-) cells, characterized as circulating tumor-associated cells (CTACs). Among patients, STIM1 expression was observed in CTCs in 7% (1/15) and in CTACs in 20% (3/15). The frequency of STIM1+ phenotype among the total CTCs and CTACs was 14% and 2% respectively. Regarding cell culture experiments, without SKF96365 treatment, CTCs were identified in 33% of patients, while CTACs were not observed. Following inhibitor exposure, CTCs and CTACs were detected in 33% and 67% of patients, respectively. These findings highlight the importance of the SOCE channel in CTCs and CTACs in pancreatic cancer, while its inhibition could potentially serve as an interesting therapeutic target.

Ο ΣΥΝΔΥΑΣΜΟΣ ΚΥΤΤΑΡΟΜΕΤΡΙΑΣ ΡΟΗΣ ΕΠΟΜΕΝΗΣ ΓΕΝΙΑΣ ΚΑΙ ΑΛΛΗΛΟΥΧΗΣΗΣ ΕΠΟΜΕΝΗΣ ΓΕΝΙΑΣ ΑΠΟΚΑΛΥΠΤΕΙ ΝΕΟΥΣ ΒΙΟΔΕΙΚΤΕΣ ΓΙΑ ΤΟ ΠΟΛΛΑΠΛΟ ΜΥΕΛΩΜΑ

Γούμενος Α.1*, Καλιγέρου Χ.2*, Λεοντίου Η.Π.1*, Κωστόπουλος Ι.Β.1, Πόγκα Β.2, Ρουσάκης Π.1, Λιάκου Χ.Ι.3, Χρυστοστομίδου Κ.3, Τέρπος Ε.3, Τσιτσιλώνη Ο.1, Δημόπουλος Μ.Α.3, Καραμήτρος Τ.2, Καστρίτης Ε.3

1. Μονάδα Κυτταρομετρίας Ροής, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών
2. Μονάδα Βιοπληροφορικής και Εφαρμοσμένης Γενωμικής, Τομέας Μικροβιολογίας, Ελληνικό Ινστιτούτο Παστέρ
3. Θεραπευτική Κλινική, Ιατρική Σχολή, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών

* Ισότιμη συμμετοχή

Το Πολλαπλό Μυέλωμα (ΠΜ) είναι η δεύτερη πιο συχνή αιματολογική κακοήθεια και χαρακτηρίζεται από την παρουσία κλωνικών πλασματοκυττάρων στο μυελό των οστών (ΜΟ). Παρά τις θεραπευτικές εξελίξεις, η νόσος παραμένει ανίατη, υποδηλώνοντας την παρουσία άγνωστων μοριακών μηχανισμών που επηρεάζουν τον φαινότυπο και την ανταπόκριση των ασθενών στη θεραπεία. Σκοπός μας είναι η ταυτοποίηση νέων βιοδεικτών για την επιλογή της καταλληλότερης θεραπείας και την πρόβλεψη της απαντητικότητας σε αυτή. Δείγματα ΜΟ 45 ασθενών με ΠΜ, που έλαβαν ως πρώτη γραμμή θεραπείας Βορτεζομίμη-Λεναλιδομίδη-Δεξαμεθαζόνη (VRd), συλλέχθηκαν κατά τη διάγνωση και αναλύθηκαν με: α) Κυτταρομετρία Ροής Επόμενης Γενιάς (NGF) για τον φαινοτυπικό χαρακτηρισμό των κλωνικών πλασματοκυττάρων (APCs) και του ανοσολογικού μικροπεριβάλλοντος του ΜΟ, β) Αλληλούχηση Επόμενης Γενιάς (NGS), για 712 γονίδια που σχετίζονται με κακοήθειες, για τον χαρακτηρισμό του γενετικού υποβάθρου των APCs, και γ) Φθορίζοντα in situ υβριδισμό (FISH) για την ανίχνευση των συνηθέστερων κυτταρογενετικών ανωμαλιών. Τα δεδομένα αξιολογήθηκαν βιοπληροφορικά και συσχετίστηκαν με την ανταπόκριση στη θεραπεία. Οι περισσότεροι ασθενείς έφεραν μία ή περισσότερες μεταλλάξεις σχετιζόμενες με το ΠΜ. Τα πιο συχνά μεταλλαγμένα γονίδια ήταν τα KRAS, NRAS, SLC9B1, MSH6, PTPN11, BRAF και TP53. Οι επικρατούσες κυτταρογενετικές ατυπίες ήταν οι del(13q), gain(1q21) και t(11;14)(q13;q32). Μια ομάδα ασθενών με μετάλλαξη σε RAS γονίδια εμφάνισαν κυρίαρχο CD27-αρνητικό κλώνο, αυξημένα ποσοστά NK κυττάρων στο ΜΟ και χειρότερη ανταπόκριση στις θεραπείες, με συχνές υποτροπές. Ασθενείς με t(11;14) εμφάνισαν CD56-αρνητικούς κυρίαρχους κλώνους, αυξημένα ποσοστά T κυττάρων στο ΜΟ και οι περισσότεροι εξ αυτών έφεραν μεταλλάξεις σε γονίδια σχετιζόμενα με τον κυτταρικό μεταβολισμό, ενώ εμφάνισαν καλή ανταπόκριση στη θεραπεία. Τα έως τώρα αποτελέσματα του συνδυασμού γενετικού υποβάθρου, μικροπεριβάλλοντος του ΜΟ και φαινοτύπου των APCs, μπορούν να αξιοποιηθούν ως ένδειξη

INTEGRATING NEXT-GENERATION FLOW CYTOMETRY AND NEXT-GENERATION SEQUENCING TO MULTIPLE MYELOMA

Goumenos A.1*, Kaligerou C.2*, Leontiou I.P.1*, Kostopoulos I.V.1, Poga V.2, Rousakis P.1, Liakos C.I.3, Christostomidou K.3, Terpos E.3, Tsitsilonis O.1, Dimopoulos M.A.3, Karamitros T.2, Kastritis E.3

1. Flow Cytometry Unit, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens

2. Bioinformatics and Applied Genomics Unit, Department of Microbiology, Hellenic Pasteur Institute,

3. Department of Clinical Therapeutics, School of Medicine, National and Kapodistrian University of Athens

** Equal contribution*

Multiple Myeloma (MM) is the second most common haematological malignancy, characterised by the presence of clonal plasma cells in the bone marrow (BM). Despite current therapeutic advances, the disease remains incurable, suggesting complex and undiscovered molecular mechanisms that impact phenotype and outcome. Our aim is to identify new biomarkers, which disentangle the complex MM landscape and guide clinical response to treatment. BM samples from 45 patients with MM at diagnosis, treated with Bortezomib-Lenalidomide-Dexamethasone (VRd) as first-line therapy, were collected and analysed using: a) Next generation flow cytometry (NGF) for the phenotypic characterisation of aberrant clonal plasma cells (APCs) and the BM immunological microenvironment; b) Next generation sequencing (NGS), focusing on 712 genes associated with malignancies, for characterising the APC genetic landscape; and c) fluorescence in situ hybridization (FISH) for detecting the major cytogenetic aberrations. All data were curated and analysed bioinformatically to find associations with treatment responses. We found that most patients harboured at least one MM related mutation. The most frequently mutated genes were KRAS, NRAS, SLC9B1, MSH6,PTPN11, BRAF and TP53. The most prevalent cytogenetic aberrations were del(13q), gain(1q21) and t(11;14)(q13;q32). A group of patients with RAS mutations presented dominant CD27-negative clones, increased percentages of NK cells in their BM, and poorer treatment responses with frequent relapses. Patients with t(11;14) displayed CD56 negative dominant clones and elevated BM T cell percentages. Most of them also had mutations in genes involved in cell metabolism (but not in RAS signalling) and showed favourable responses to VRd. In conclusion, the integration of genetic features, the BM microenvironmental composition and the phenotypic state of APCs holds promise for accurately predicting treatment responses and in the future may potentially guide the selection

ΠΑΡΑΓΩΓΗ ΕΞΩΚΥΤΤΑΡΙΚΩΝ ΕΛΑΙΩΝ ΚΑΙ ΠΟΛΥΣΑΚΧΑΡΙΤΩΝ ΜΕ ΤΟ ΕΙΔΟΣ AUREOBASIDIUM MELANOGENUM

Γρίβα Άννα Νικολέτα¹, Λαδερός Δημήτριος¹, Μιμίκος Γεώργιος¹, Κοτίδης Παντελεήμων², Κόλλια Παναγούλα¹, Παπαευσταθίου Γιάννης Σ.2, Χατζηνικολάου Δημήτριος Γ.3, Τσούκο Ερμίντα¹

1. Τομέας Γενετικής & Βιοτεχνολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, 15784 Αθήνα, Ελλάδα

2. Τμήμα Χημείας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, 15784 Αθήνα, Ελλάδα

3. Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, 15784 Αθήνα, Ελλάδα

Ο πολυμορφικός μύκητας *Aureobasidium melanogenum* αποτελεί ένα υποσχόμενο μικροβιακό σύστημα για τη σύνθεση βιομεταβολιτών υψηλής προστιθέμενης αξίας, όπως η πουλουλάνη (εξωπολυσακχαρίτης) και εξωκυτταρικά λιπίδια πολυολών (liamocins). Τα liamocins παρουσιάζουν ιδιαίτερο ενδιαφέρον λόγω των βιοεπιφανειοδραστικών και αντιμικροβιακών τους ιδιοτήτων. Στην παρούσα μελέτη διερευνήθηκε η ικανότητα του στελέχους *A. melanogenum* Y2567 να παράγει liamocins υπό διαφορετικές συνθήκες καλλιέργειας. Πραγματοποιήθηκαν ζυμώσεις κλειστού τύπου και εξετάστηκε η επίδραση της θερμοκρασίας, του pH, της πηγής άνθρακα (γλυκόζη, φρουκτόζη, σουκρόζη, γλυκερόλη, και σακχαρούχα δευτερογενή ρεύματα της αγροδιατροφικής βιομηχανίας, συμπεριλαμβανομένων σιροπιών από επεξεργασία φρούτων), καθώς και της συγκέντρωσης αζώτου. Η μέγιστη παραγωγή liamocins (3,60 g/L) επιτεύχθηκε στους 25 °C, με χρήση γλυκόζης (40 g/L), υπό συνθήκες περιορισμού αζώτου και ελεγχόμενου pH=6. Τα liamocins απομονώθηκαν και χαρακτηρίστηκαν μέσω φυσικοχημικών αναλύσεων, όπως η Φασματοσκοπία Υπερύθρου με Μετασχηματισμό Fourier. Παράλληλα, η έκφραση γονιδίων που εμπλέκονται στις βιοσυνθετικές οδούς της πουλουλάνης και των liamocins αξιολογήθηκε με Αλυσιδωτή Αντίδραση Πολυμεράσης Αντίστροφης Μεταγραφής και συσχετίστηκε με τα δεδομένα των ζυμώσεων. Τα αποτελέσματα αναδεικνύουν το *A. melanogenum* ως υποσχόμενο μικροβιακό εργοστάσιο για την παραγωγή βιοδραστικών ενώσεων και θέτουν τις βάσεις για μελλοντική μεταβολική και γενετική βελτίωση του στελέχους.

PRODUCTION OF EXTRACELLULAR OILS AND POLYSACCHARIDES USING THE AUREOBASIDIUM MELANOGENUM SPECIES

Griva Anna Nikoleta¹, Laderos Dimitrios¹, Mimikos Georgios¹, Kotidis Panteleimon², Kollia Panagoula¹, Papaefstathiou Giannis S.2, Hatzinikolaou Dimitris G.3, Tsouko Erminta¹

1. Division of Genetics & Biotechnology, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, 15784 Athens, Greece

2. Department of Chemistry, National and Kapodistrian University of Athens, 15784 Athens, Greece

3. Division of Botany, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, 15784 Athens, Greece

The polymorphic fungus *Aureobasidium melanogenum* is a promising microbial system for the biosynthesis of high-value-added metabolites, such as pullulan (exopolysaccharide) and extracellular polyol lipids (liamocins). Liamocins are of particular interest due to their biosurfactant and antimicrobial properties. In the present study, the ability of the *A. melanogenum* strain Y2567 to produce liamocins under different culture conditions was investigated. Batch fermentations were conducted, and the effect of temperature, pH, carbon source (glucose, fructose, sucrose, glycerol, and sugar-containing by-products of the agri-food industry, including fruit processing syrups), as well as of nitrogen concentration was evaluated. Maximum liamocin production (3.60 g/L) was achieved at 25 °C, using glucose (40 g/L), under nitrogen-limited conditions and a controlled pH of 6. The liamocins were isolated and characterized through physicochemical analyses, such as Fourier Transform Infrared Spectroscopy. Concurrently, the expression of genes involved in the biosynthetic pathways of pullulan and liamocins was assessed using Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction and correlated with fermentations data. The results highlight *A. melanogenum* as a promising microbial factory for the production of bioactive compounds and set the framework for future metabolic and genetic improvement of the strain.

**ΝΕΑ ΦΥΤΟΒΙΟΤΙΚΑ ΑΠΟ ΕΚΧΥΛΙΣΜΑΤΑ ΦΥΛΛΩΝ MYRTUS COMMUNIS:
ΑΝΤΙΜΙΚΡΟΒΙΑΚΗ ΔΡΑΣΗ ΕΝΑΝΤΙ ΠΑΘΟΓΟΝΩΝ ΤΗΣ ΥΔΑΤΟΚΑΛΛΙΕΡΓΕΙΑΣ**

Δορμούσογλου Μαργαρίτα¹, Κουτσοδήμα Πηνελόπη¹, Φραγκούλη Ρεγγίνα,²
Τριανταφυλλίδης Βασίλειος², Τσιάμης Γεώργιος¹, Σταθοπούλου Παναγιώτα¹

1. Εργαστήριο Μικροβιολογίας Συστημάτων και Εφαρμοσμένης Γονιδιωματικής, Πανεπιστήμιο Πατρών,
Γεωργίου Σεφέρη 2, 30131 Αγρίνιο, Ελλάδα

2. Τμήμα Επιστήμης & Τεχνολογίας Τροφίμων, Πανεπιστήμιο Πατρών, 30100 Αγρίνιο

Η παγκόσμια υδατοκαλλιέργεια απειλείται ολοένα και περισσότερο από εξάρσεις βακτηριακών λοιμώξεων. Ο συνδυασμός αυτών των λοιμώξεων και της αυξανόμενης μικροβιακής αντοχής (AMR) επιβαρύνει σοβαρά τα υδάτινα οικοσυστήματα και τη δημόσια υγεία. Υπάρχει επείγουσα ανάγκη ανακάλυψης φυσικών, καινοτόμων λύσεων ως ασφαλέστερης εναλλακτικής των συμβατικών αντιβιοτικών. Συνεπώς, τα φυτοβιοτικά ενσωματώνονται όλο και περισσότερο στις ιχθυοτροφές ως προφυλακτική στρατηγική. Αυτά τα φυσικά πρόσθετα περιορίζουν τον πολλαπλασιασμό των παθογόνων, βελτιώνουν την υγεία των ψαριών και ενισχύουν το ανοσοποιητικό τους μέσω βιοδραστικών ενώσεων. Η παρούσα έρευνα εστίασε στην αξιολόγηση εκχυλισμάτων φύλλων *Myrtus communis* ως πιθανών φυτοβιοτικών για τη διαχείριση της υγείας στις υδατοκαλλιέργειες. Η εκχύλιση έγινε με τεχνική υπερήχων και τέσσερις διαλύτες (υδατικό, αιθανολικό, μεθανολικό, οξικό αιθυλεστέρα) για τη λήψη φυτοχημικού προφίλ, που αναλύθηκε με Αέρια Χρωματογραφία-Φασματομετρία Μάζας (GC-MS). Η αντιμικροβιακή δράση εξετάστηκε έναντι βασικών παθογόνων των ψαριών, συμπεριλαμβανομένων των *Vibrio harveyi*, *V. alginolyticus*, *V. parahaemolyticus*, *Aeromonas veronii*, *Pseudomonas* sp., *Photobacterium damsela* και *Bacillus pumilus*. Επιπλέον, η ασφάλεια για πιθανή *in vivo* εφαρμογή αξιολογήθηκε μέσω *in vitro* δοκιμών κυτταροτοξικότητας στην κυτταρική σειρά ψαριών BF-2 (δοκιμασίες XTT και Trypan blue). Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι τα εκχυλίσματα *M. communis* παρουσιάζουν ισχυρή αντιμικροβιακή δράση έναντι των ελεγχόμενων παθογόνων. Τα αιθανολικά και μεθανολικά εκχυλίσματα παρουσίασαν την υψηλότερη αποτελεσματικότητα. Η πιο έντονη αντιβακτηριακή δράση παρατηρήθηκε έναντι του *Aeromonas veronii* (τιμές MIC έως 0,19 mg mL⁻¹). Αυτά τα ευρήματα αναδεικνύουν τις σημαντικές δυνατότητες των εκχυλισμάτων φύλλων *Myrtus communis* ως υποσχόμενων και βιώσιμων φυτοβιοτικών και η διατροφική τους ενσωμάτωση θα μπορούσε να προσφέρει μια ολιστική προσέγγιση.

NOVEL PHYTOBIOTICS FROM MYRTUS COMMUNIS LEAF EXTRACTS: ANTIMICROBIAL ACTIVITY AGAINST AQUACULTURE PATHOGENS

Dormousoglou Margarita¹, Koutsodima Pinelopi¹, Fragouli Regina², Triantafillidis Vasilios²,
Tsiamis George¹, Stathopoulou Panagiota¹

1. Laboratory of Systems Microbiology and Applied Genomics, Department of Sustainable Agriculture, School of Agricultural Sciences, University of Patras, 2 George Seferi St., 30131 Agrinio, Greece

2. Department of Food Science & Technology, University of Patras, 30100 Agrinio, Greece

Global aquaculture is increasingly challenged by outbreaks of bacterial infections. The combination of these infections and the increasing incidence of antimicrobial resistance (AMR) seriously burdens aquatic ecosystems and public health. There is an urgent need to discover natural, innovative solutions as a safer alternative to conventional antibiotics. Consequently, phytobiotics are increasingly incorporated into aquafeeds as a prophylactic strategy. These natural additives mitigate pathogen proliferation, enhance fish health, and strengthen the immune system through bioactive compounds. This research focused on evaluating *Myrtus communis* leaf extracts as potential phytobiotic agents for aquaculture health management. Extraction was performed using an ultrasonic technique with four solvents (aqueous, ethanolic, methanolic, ethyl acetate) to obtain a phytochemical profile, analyzed by Gas Chromatography-Mass Spectrometry (GC-MS). Antimicrobial efficacy was investigated against key fish pathogenic bacteria, including *Vibrio harveyi*, *V. alginolyticus*, *V. parahaemolyticus*, *Aeromonas veronii*, *Pseudomonas* sp., *Photobacterium damsela* and *Bacillus pumilus*. Furthermore, safety for potential in vivo application was evaluated through in vitro cytotoxicity tests in the fish cell line BF-2 (XTT and Trypan blue assays). Results showed that *M. communis* extracts exhibit potent antimicrobial activity against the tested pathogens. The ethanolic and methanolic extracts exhibited the highest efficacy. The most pronounced antibacterial activity was observed against *Aeromonas veronii* (MIC values up to 0.19 mg mL⁻¹). These findings highlight the significant potential of *Myrtus communis* leaf extracts as promising and sustainable phytobiotics. Their dietary inclusion could offer a holistic approach, controlling bacterial pathogens and enhancing fish health, minimizing dependence on conventional antibiotics.

**ΜΕΛΕΤΩΝΤΑΣ ΤΗΝ ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΚΟΙΝΩΝΙΚΟΠΟΛΙΤΙΚΩΝ ΑΛΛΑΓΩΝ ΚΑΙ
ΤΑΦΙΚΩΝ ΔΙΑΦΟΡΟΠΟΙΗΣΕΩΝ ΣΤΟΝ ΑΝΘΡΩΠΙΝΟ ΤΡΟΠΟ ΔΙΑΒΙΩΣΗΣ: ΟΙ
ΤΑΦΕΣ “ΠΟΛΕΜΙΣΤΩΝ” ΤΗΣ ΑΧΛΑΔΑΣ, ΣΤΗΝ ΒΟΡΕΙΑ ΕΛΛΑΔΑ**

Δουλγέρης Ιωάννης¹, Μιχαήλ Δήμητρα-Ερμιόνη², Γκέλου Λιάνα³, Λαζοπούλου Μαρία⁴ και
Γιουλάτος Διονύσιος¹

1. Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης
2. Τμήμα Ιστορίας και Αρχαιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης
3. Εφορεία Αρχαιοτήτων Φλώρινας
4. Τμήμα Ιστορίας και Αρχαιολογίας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων

Οι κοινωνικοπολιτικές αλλαγές επιδρούν στον τρόπο διαβίωσης με ποικίλους τρόπους, συχνά μέσω της εκδήλωσης διαφοροποιήσεων στην υγεία μεταξύ ατόμων με διαφορετικά ταφικά χαρακτηριστικά, υποδηλώνοντας την ύπαρξη κοινωνικών ανισοτήτων. Η μελέτη μας εξετάζει την επίδραση των αλλαγών αυτών και των ταφικών διαφοροποιήσεων στη φυσική δραστηριότητα. Μελετήθηκαν 35 άτομα από την ανασκαφή στην Αχλάδα Φλώρινας, (6ος-3ος αι. π.Χ.) με κριτήριο επιλογής την διατήρηση και πληρότητά τους. Είκοσι εξ αυτών βρέθηκαν με μεταλλικά όπλα και ταξινομήθηκαν ως “πολεμιστές”, επιτρέποντας τη διερεύνηση βίαιων τραυμάτων και δεικτών καταπόνησης (οστεοαρθρίτιδα, πλαστική ανακατασκευή αρθρικών επιφανειών -FR και οζίδια Schmorl). Ιδιαίτερο ενδιαφέρον παρουσιάζει η σύγκριση των “πολεμιστών” μεταξύ Αρχαϊκής/Κλασικής και Ελληνιστικής εποχής λόγω της ενσωμάτωσης της Λυγκηστίδας, στο βασίλειο της Μακεδονίας επί Φιλίππου Β' στα μέσα του 4ου αι. π.Χ. Η ανάλυση κινήθηκε σε τρεις άξονες: το βιολογικό φύλο, την χρονική περίοδο και τον αριθμό των όπλων ανά ταφή. Το τελευταίο κριτήριο χρησιμοποιείται για να διερευνηθεί κατά πόσο τέτοιου είδους διαφορές σχετίζονται αποκλειστικά με το “ηρωικό ιδεώδες” ή αντανακλούν κοινωνικές διαφορές. Η εκτίμηση του φύλου επιβεβαίωσε το αναμενόμενο πρότυπο, με τους “πολεμιστές” να αντιστοιχούν αποκλειστικά σε αρσενικά/πιθανώς αρσενικά άτομα. Η δυαδική λογιστική παλινδρόμηση έδειξε ότι, σταθμίζοντας για την ηλικία, οι ελληνιστικές ταφές “πολεμιστών” παρουσιάζουν σημαντικά αυξημένες πιθανότητες εμφάνισης FR ($Exp(B)=4.352$) και σπονδυλικών οστεοφύτων ($Exp(B)=12.281$). Δεν παρατηρήθηκε σαφές πρότυπο με βάση το φύλο, πιθανώς λόγω άνισης ηλικιακής κατανομής, ούτε διαφορές με βάση τον αριθμό όπλων ανά ταφή ή ενδείξεις τραυμάτων. Τα ευρήματά μας υποδηλώνουν την πιθανή αύξηση της φυσικής καταπόνησης των “πολεμιστών” μετά την ένωση της Άνω και Κάτω Μακεδονίας. Η έλλειψη βίαιων τραυμάτων υποδηλώνει μια περίπλοκη σχέση ανάμεσα στην ταυτότητα του “πολεμιστή” και τον πραγματικό τρόπο ζωής.

EXPLORING THE IMPACT OF SOCIOPOLITICAL CHANGES AND MORTUARY DIFFERENTIATION ON HUMAN LIFEWAYS: THE “WARRIOR” BURIALS AT ACHLADA, IN NORTHERN GREECE

Doulgeris Ioannis¹, Michael Dimitra Ermioni², Gkelou Liana³, Lazopoulou Maria⁴ and Youlatos Dionysios¹

1. Department of Zoology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki

2. School of History and Archaeology, Aristotle University of Thessaloniki

3. Ephorate of Antiquities of Florina

4. School of History and Archaeology, University of Ioannina

Sociopolitical changes shape lifeways in multiple manners, often reflected in health differences among individuals with differing mortuary characteristics, indicating the presence of social inequalities. This study examines how sociopolitical transitions and social differentiation as manifested in the burial environment may affect physical activity. We examined 35 individuals from the site of Achlada, Florina, (6th-3rd century BC) based on their preservation and completeness. Twenty individuals furnished with metal weaponry were classified as “warriors”, allowing the analysis of traumatic lesions, possibly of violent origin, and physical activity indicators (osteoarthritis, spinal facet remodelling-FR and Schmorl's nodes). Particular emphasis is placed on comparing “warrior” burials between the Archaic/Classical and Hellenistic periods due to the mid-4th c. BC incorporation of Lynkestis to Philip's II consolidated kingdom. Physical stress and lifestyle were assessed based on sex, time period and the number of weaponries per inhumation; the latter used to explore whether such mortuary differentiations reflect solely the “heroic ideal”, or social inequalities as well. Our sex estimation results align with the expected pattern of “warrior” burials corresponding only to males/males?. Binary logistic regression showed that when controlling for age, Hellenistic “warrior” burials had significantly higher odds of presenting FR (Exp(B)=4.352) and spinal osteophytes (Exp(B)=12.281). No consistent sex based pattern was identified, partly due to uneven age distribution. No significant differences were noted based on the number of weapons per burial and no evidence of violent trauma were found overall. These results suggest increased physical stress among “warriors” after the consolidation of Upper and Lower Macedonia. The absence of violent trauma indicates a more nuanced relationship between the “warrior” identity and lived experience.

ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗ ΝΕΩΝ ΒΑΚΤΗΡΙΑΚΩΝ ΣΤΕΛΕΧΩΝ ΩΣ ΠΡΟΣ ΤΗΝ ΙΚΑΝΟΤΗΤΑ ΑΠΟΙΚΟΔΟΜΗΣΗΣ ΤΟΥ ΠΟΛΥ-ΥΔΡΟΞΥΒΟΥΤΥΡΙΚΟΥ ΕΣΤΕΡΑ (PHB)

Δουλοπουλου Ευστρατία, Πιέτρι Κλέα, Πατεράκη Χρυσάνθη

Εργαστήριο Βιοτεχνολογίας Μικροβίων, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις, Λάρισα, 41500, Ελλάδα

Ο πολυ-υδροξυβουτυρικός εστέρας (PHB) είναι ένα βιογενές και βιοδιασπώμενο πολυμερές του οποίου η δυνατότητα ανακύκλωσης το καθιστά κατάλληλο για τη μετάβαση από το υφιστάμενο γραμμικό μοντέλο παραγωγής πετροχημικών πολυμερών προς μια κυκλική παραγωγή πολυμερών βιολογικής προέλευσης. Παρά τη δυνατότητα χημικής αποικοδόμησης του πολυμερούς, το υψηλό ενεργειακό και περιβαλλοντικό κόστος των διεργασιών αυτών καθιστά τη βιολογική αποικοδόμηση ιδιαίτερα υποσχόμενη εναλλακτική. Η διαδικασία αυτή βασίζεται στην δράση εξειδικευμένων αποπολυμερασών, ενδοκυτταρικών που υδρολύουν το παραγόμενο PHB και εξωκυτταρικών που δρουν επί του μετουσιωμένου πολυμερούς. Στην παρούσα έρευνα απομονώθηκαν, από έδαφος που είχε εμπλουτιστεί με PHB, πέντε μικροοργανισμοί και αξιολογήθηκε η ικανότητα τους να αποικοδομούν το πολυμερές μέσω προσδιορισμού της εξωκυτταρικής και της ενδοκυτταρικής ενζυμικής τους δραστηριότητας. Παράλληλα, πραγματοποιήθηκε ο μορφολογικός χαρακτηρισμός και η φυλογενετική τους ταυτοποίηση μέσω αλληλούχησης του γονιδίου 16S rRNA. Τα απομονωμένα στελέχη εμφάνισαν σημαντική ικανότητα αποικοδόμησης του PHB σε όλες τις περιπτώσεις. Η εξωκυτταρική δραστηριότητα κυμάνθηκε μεταξύ 19,2 και 65,8 U/mL, οδηγώντας σε ποσοστά υδρόλυσης από 37 έως 67%, ενώ η ενδοκυτταρική δραστηριότητα παρουσίασε τιμές από 30,0 έως 90,0 U/mL, επιτυγχάνοντας μείωση της μάζας του πολυμερούς έως και 68%. Χρηματοδότηση από το Ελληνικό Ίδρυμα Έρευνας και Καινοτομίας “Αξιοποίηση του οργανικού κλάσματος στερέων αστικών αποβλήτων μέσω της ανάπτυξης βιοδιυλιστηρίου και καινοτόμες βιο-ηλεκτροχημικές τεχνολογίες για την παραγωγή και ενζυμική ανακύκλωση βιο-πολυ(3-υδροξυβουτυρικού) εστέρων” με Ακρωνύμιο: BioWaste2Plastics και αριθμό έργου 7526.

EVALUATION OF THE POLYHYDROXYBUTYRATE DEGRADATION CAPACITY OF NEWLY ISOLATED BACTERIA

Doulopoulou Efstratia, Pietri Klea, Pateraki Chrysanthi

Microbial Biotechnology Laboratory, Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, Biopolis Campus, 41500, Larissa, Greece

Polyhydroxybutyrate (PHB) is a biobased and biodegradable polymer and its recycling capacity renders it an excellent candidate for transitioning from the current linear petrochemical production model toward a circular, bio-based polymer economy. Despite the feasibility of chemical recycling, the high economic and environmental costs associated with such processes highlight biodegradation as a particularly promising alternative. This process is mediated by the action of specialized depolymerases, specifically intracellular enzymes that hydrolyze native PHB granules and extracellular enzymes that act upon the denatured polymer. In this study, five microorganisms were isolated from soil samples enriched with PHB. Their degradation capacity was evaluated by determining both extracellular and intracellular enzymatic activities. Morphological characterisation and phylogenetic identification were also performed via 16S rRNA sequencing. The isolated strains exhibited substantial PHB degradation potential across all cases. Extracellular activity ranged from 19.2 to 65.8 U/mL, leading to degradation rates between 37% and 67%, while intracellular activity varied from 30.0 to 90.0 U/mL, achieving a polymer mass reduction of up to 68%. This work was funded by the Hellenic Foundation for Research and Innovation of the project entitled “Refining of municipal solid biowaste and advanced electrochemical bioprocess development for the production and enzymatic recycling of bio-based poly(3-hydroxybutyrate)” with Acronym: BioWaste2Plastics and ID No 7526.

Η ΑΠΟΣΙΩΠΗΣΗ ΤΗΣ ΠΡΩΤΕΪΝΗΣ CPR2 ΑΝΑΔΕΙΚΝΥΕΙ ΕΝΑΝ CIS-ΡΥΘΜΙΣΤΙΚΟ ΑΞΟΝΑ lncRNA ΣΤΟΝ ΓΑΣΤΡΙΚΟ ΚΑΡΚΙΝΟ

Δρόσος Χρίστος, Καμή Αθηνά, Μπεγκόλλι Ροντιόλα, Ανατολιωτάκη Χριστίνα, Γιακουντής Αντώνιος

Εργαστήριο Μοριακής Βιολογίας και Γονιδιοματικής, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις, 41500 Λάρισα

Ο γαστρικός καρκίνος αποτελεί μία από τις κύριες αιτίες θανάτου που σχετίζονται με τον καρκίνο παγκοσμίως, αναδεικνύοντας την ανάγκη για νέους μοριακούς βιοδείκτες και θεραπευτικούς στόχους. Στην παρούσα μελέτη διερευνήθηκε ο ρόλος μίας ελάχιστα μελετημένης ρυθμιστικής πρωτεΐνης, της CPR2, καθώς και η πιθανή cis-ρυθμιστική αλληλεπίδρασή της με ένα γειτονικό μη κωδικοποιητικό RNA στον γαστρικό καρκίνο. Συγκεκριμένα, δημιουργήθηκαν δύο ανεξάρτητες κυτταρικές σειρές AGS. Στην πρώτη σειρά πραγματοποιήθηκε καταστολή της έκφρασης του γονιδίου CPR2 μέσω μεταλλαξιγένεσης του υποκινητή του με χρήση CRISPR (knockout, KO), ενώ στην δεύτερη εισήχθη ένα επαγωγίμο σύστημα RNA interference (RNAi) που επιτρέπει την ελεγχόμενη σίγηση του γονιδίου-στόχου. Η μείωση της έκφρασης του γονιδίου CPR2 επιβεβαιώθηκε με qPCR και στις δύο γενετικά τροποποιημένες θυγατρικές κυτταρικές σειρές. Επίσης, η αποσιώπηση της CPR2 οδήγησε σε μείωση της έκφρασης του γειτονικού lncRNA, υποδηλώνοντας πιθανή cis-ρυθμιστική αλληλεπίδραση. Σε λειτουργικό επίπεδο, η απώλεια της CPR2 οδήγησε σε σημαντική μείωση τόσο του αριθμού όσο και του μεγέθους των αποικιών που δημιουργήθηκαν κατά τη δοκιμασία σχηματισμού αποικιών, υποδεικνύοντας ρυθμιστικό ρόλο στην προώθηση της κυτταρικής ανάπτυξης και του πολλαπλασιασμού. Αντίθετα, η δοκιμασία επούλωσης πληγής ανέδειξε αυξημένη κυτταρική μετανάστευση μετά την απώλεια της CPR2, υποδηλώνοντας ότι η CPR2 ενδέχεται να περιορίζει την μεταναστευτική ικανότητα. Συνολικά, τα ευρήματα δείχνουν ότι η CPR2 ρυθμίζει βασικά χαρακτηριστικά που σχετίζονται με τον γαστρικό καρκίνο και επηρεάζει την έκφραση ενός γειτονικού lncRNA, πιθανώς μέσω cis-ρυθμιστικού μηχανισμού. Τα αποτελέσματα αυτά αναδεικνύουν έναν σύνθετο ρόλο της πρωτεΐνης CPR2 στην εξέλιξη της νόσου και υποδηλώνουν ότι συστατικά του άξονα CPR2-lncRNA ενδέχεται να αποτελέσουν πιθανούς βιοδείκτες ή θεραπευτικούς στόχους.

CPR2 SILENCING REVEALS A CIS-REGULATORY LNCRNA AXIS IN GASTRIC CANCER

Drosos Christos, Kapsi Athina, Begoli Rodiola, Anatoliotaki Christina, Giakountis Antonis

Molecular Biology and Genomics Lab, Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, Biopolis, 41500 Larissa

Gastric cancer remains one of the leading causes of cancer-related mortality worldwide, highlighting the need for novel biomarkers and therapeutic targets. Here, we investigate the role of CPR2, an understudied regulatory protein, and its potential cis-regulatory interaction with a neighboring non-coding RNA in gastric cancer. To assess CPR2 function, we generated two independent AGS cell lines: a CRISPR-mediated promoter mutagenesis (knockout, KO) and an inducible RNA interference (RNAi) system enabling controlled gene silencing. Efficient downregulation of CPR2 was confirmed by qPCR in both genetically modified cell lines. Notably, CPR2 silencing consistently resulted in reduced expression of the neighboring lncRNA, suggesting a cis-regulatory interaction. Functionally, loss of CPR2 led to a significant reduction in both the number and size of colonies, as demonstrated by colony formation assays, indicating a regulatory role in promoting cell growth and proliferation. In contrast, wound healing assays revealed increased cell migration upon CPR2 loss, suggesting that CPR2 may restrain migratory behavior. Overall, our findings demonstrate that CPR2 regulates key cancer-associated phenotypes in gastric cancer cells and modulates the expression of a neighboring lncRNA, potentially through a cis-acting mechanism. These results highlight a complex role for CPR2 in tumor progression and suggest that components of the CPR2–lncRNA axis may serve as potential biomarkers or therapeutic targets in gastric cancer.

ΛΕΙΤΟΥΡΓΙΚΟΣ ΧΑΡΑΚΤΗΡΙΣΜΟΣ ΦΑΣΙΝΩΝ ΩΣ ΒΙΟΜΟΡΙΩΝ ΜΕ ΟΞΕΙΔΟΑΝΑΓΩΓΙΚΗ ΚΑΙ ΑΝΟΣΟΤΡΟΠΟΠΟΙΗΤΙΚΗ ΔΡΑΣΗ

Ερμογένους Αντρέας¹, Μιχαηλίδου Ιωάννα¹, Κιούση Δέσποινα Ευγενία¹, Τράγκολα Βενετία², Κυριάκου Σωτήρης², Giard Josephine³, Alexander Ross⁴, Euston Steve³, Çabuk Uğur⁵, Perfumo Amedea^{5,6} Partipilo Michele⁷, Nikel Pablo Iván⁷, Γαλάνης Αλέξης¹, Παππά Αγγλαΐα¹

1. Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης, Αλεξανδρούπολη, Ελλάδα
2. Τμήμα Γενετικής του Καρκίνου, Θεραπευτικής και Υπερδομικής Παθολογίας, Ινστιτούτο Νευρολογίας και Γενετικής, Λευκωσία, Κύπρος
3. Institute of Biological Chemistry, Biophysics and Bioengineering, School of Engineering and Physical Sciences, Heriot-Watt University, Edinburgh, UK
4. Institute of Life and Earth Sciences, School of Energy, Geoscience, Infrastructure and Society, Heriot-Watt University, Edinburgh, UK
5. Alfred Wegener Institute, Helmholtz Centre for Polar and Marine Research, Potsdam, Germany
6. UMR6249-CNRS, Université Marie et Lois Pasteur, Besançon, France
7. Technical University of Denmark, Kongens Lyngby, Denmark

Στο πλαίσιο του ευρωπαϊκού έργου TOLERATE (GA No. 101082049), η συμβολή μας επικεντρώνεται στην αξιολόγηση βιομοριών με δυνητικό βιοτεχνολογικό ενδιαφέρον. Στην παρούσα μελέτη παρουσιάζουμε προκαταρκτική αξιολόγηση της *in vitro* βιοδραστικότητας τριών φασινών: δύο αρχέγονων παραλλαγών (Paleo125519 και Paleo217821) που ανακατασκευάστηκαν από παλαιογονιδιωματικά δεδομένα, και ενός σύγχρονου ομόλογου (PhaP). Οι πρωτεΐνες εκφράστηκαν ετερόλογα σε *Escherichia coli* και απομονώθηκαν. Ο έλεγχος κυτταροτοξικότητας σε πρωτογενείς ανθρώπινους δερματικούς ινοβλάστες (NHDF-Ad) και μονοκύτταρα THP-1 έδειξε απουσία τοξικότητας έως 200 μM. Παρά την απουσία άμεσης αντιοξειδωτικής δράσης σε συστήματα ελεύθερα κυττάρων, οι φασίνες προκάλεσαν ήπια αλλά στατιστικά σημαντική αύξηση των ενδοκυττάρων δραστικών μορφών οξυγόνου (ROS), υποδηλώνοντας μη κλασικό αντιοξειδωτικό μηχανισμό. Μεταγραφική ανάλυση ανέδειξε ενεργοποίηση οδών εξαρτώμενων από το NRF2, με αυξημένη έκφραση των γονιδίων *NQO1*, *GSTP1* και *NRF2*, ενδεικτική μια ορμητικής προσαρμοστικής απόκρισης. Η ανάλυση γονιδίων της εξωκυττάριας θεμέλιας ουσίας (ECM) έδειξε αυξημένη έκφραση μεταλλοπρωτεϊνών (MMPs) και τροποποίηση του μεταβολισμού του υαλουρονικού οξέος, σε συνδυασμό με μείωση της έκφρασης του *SIRT2*. Λειτουργικές δοκιμές επούλωσης τραύματος έδειξαν επιβραδυνόμενη μετανάστευση ινοβλαστών, υποδεικνύοντας απόκριση αναδιαμόρφωσης προσαρμοσμένης στο στρες. Σε μακροφάγα THP-1, οι φασίνες εμφάνισαν εκλεκτική ανοσοτροποποιητική δράση: οι παλαιοφασίνες μείωσαν τη βασική έκφραση προφλεγμονωδών κυτταροκινών, ενώ όλα τα δείγματα τροποποίησαν τις αποκρίσεις σε LPS, (καταστολή IL-1β και IL-8, αύξηση IL-6). Συνολικά, οι φασίνες αναδεικνύονται ως βιοδραστικά μόρια που ρυθμίζουν τη σηματοδότηση του οξειδοαναγωγικού ισοζυγίου και την ανοσολογική απόκριση μέσω έμμεσων μηχανισμών, ενώ απαιτείται περαιτέρω διερεύνηση για την πλήρη κατανόηση των υποκειμένων διεργασιών και της λειτουργικής τους σημασίας.

Η μελέτη υποστηρίχτηκε από το έργο TOLERATE EU Project of the European Union's Europe Research and Innovation Program under Grant Agreement No. 101082049 and Co-funded by UKRI Horizon Europe Guarantee.

FUNCTIONAL CHARACTERIZATION OF PHASINS AS BIO-BASED MOLECULES WITH REDOX AND IMMUNOMODULATORY ACTIVITY

Ermogenous Antreas¹, Michailidou Ioanna¹, Kioussi Despoina Eugenia¹, Tragkola Venetia², Kyriakou Sotiris², Giard Josephine³, Alexander Ross⁴, Euston Steve³, Çabuk Uğur⁵, Perfumo Amedea^{5,6}, Partipilo Michele⁷, Nikel Pablo Iván⁷, Galanis Alex¹, Pappa Aglaia¹

1. Department of Molecular Biology & Genetics, School of Health Sciences, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis, Greece

2. Department of Cancer Genetics, Therapeutics and Ultrastructural Pathology, The Cyprus Institute of Neurology and Genetics, Nicosia, Cyprus

3. Institute of Biological Chemistry, Biophysics and Bioengineering, School of Engineering and Physical Sciences, Heriot-Watt University, Edinburgh, UK

4. Institute of Life and Earth Sciences, School of Energy, Geoscience, Infrastructure and Society, Heriot-Watt University, Edinburgh, UK

5. Alfred Wegener Institute, Helmholtz Centre for Polar and Marine Research, Potsdam, Germany

6. UMR6249-CNRS, Université Marie et Lois Pasteur, Besançon, France

7. Technical University of Denmark, Kongens Lyngby, Denmark

Within the framework of the EU-funded project TOLERATE (GA No. 101082049), our contribution focuses on the assessment of bio-based molecules with potential industrial relevance. In this study, we present the preliminary bioactivity evaluation of three phasins: two ancestral variants (Paleo125519 and Paleo217821), reconstructed from paleogenomic data, and one modern homolog (PhaP), heterologously expressed in *Escherichia coli* and purified using human-relevant *in vitro* models. Cytotoxicity screening in primary human dermal fibroblasts (NHDF-Ad) and THP-1 monocytes confirmed that all proteins are non-toxic up to 200 μ M. Notably, although phasins lack direct radical-scavenging activity in cell-free assays, they induced a mild but significant increase in intracellular reactive oxygen species (ROS), suggesting a non-classical antioxidant mechanism. This was further supported by transcriptional profiling, which revealed activation of NRF2-dependent detoxification pathways, including upregulation of *NQO1*, *GSTP1*, and *NRF2*, indicative of a hormetic-like adaptive response. Assessment of extracellular matrix (ECM)-associated genes demonstrated increased expression of MMPs and modulation of hyaluronan metabolism, accompanied by consistent downregulation of *SIRT2*. Functional wound-healing assays showed delayed fibroblast migration, suggesting a stress-adaptive remodeling response rather than enhanced regenerative or anti-aging effects. In THP-1-derived macrophages, phasins exerted selective immunomodulatory effects. Paleophasins attenuated basal pro-inflammatory cytokines, while all variants modulated LPS-induced responses by suppressing IL-1b and IL-8 and enhancing IL-6 expression, indicating context-dependent immune regulation. Overall, phasins emerge as bioactive molecules that modulate redox signaling and immune responses through indirect, pathway-level mechanisms, while further mechanistic and functional validation is ongoing.

This work is funded by the TOLERATE EU Project of the European Union's Europe Research and Innovation Program under Grant Agreement No. 101082049 and Co-funded by UKRI Horizon Europe Guarantee.

**ΜΙΤΟΧΟΝΔΡΙΑΚΗ ΚΑΙ ΒΙΟΕΝΕΡΓΕΙΑΚΗ ΑΝΑΔΙΟΡΓΑΝΩΣΗ
ΔΙΑΜΕΣΟΛΑΒΟΥΜΕΝΗ ΑΠΟ ΤΗΝ ALDH1B1 ΣΕ ΚΥΤΤΑΡΑ ΚΑΡΚΙΝΟΥ ΤΟΥ
ΠΑΧΕΟΣ ΕΝΤΕΡΟΥ**

Ερμογένους Αντρέας^{1*}, Χατζή Βασιλική^{1*}, Καρκαλέτσου Δητώ¹, Τσοχανταρίδης Ηλίας¹,
Βουλγαρίδου Γεωργία Περσεφόνη^{1,2} Κόφφα Μαρία¹ και Παππά Αγλαΐα¹

*1. Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο
Θράκης, Αλεξανδρούπολη, Ελλάδα*

*2. Εργαστήριο Φυσιολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο
Θράκης Αλεξανδρούπολη, Ελλάδα*

**ισότιμη συνεισφορά*

Οι αλδεϋδικές αφυδρογονάσες (ALDH) αποτελούν NAD(P)⁺-εξαρτώμενα ένζυμα που καταλύουν την οξειδωση ενδογενών και εξωγενών αλδεϋδών προς καρβοξυλικά οξέα. Στον άνθρωπο παρουσιάζουν ευρύ φάσμα υποστρωμάτων και συμμετέχουν σε ποικίλες βιολογικές διεργασίες, όπως η αντιοξειδωτική άμυνα και η κυτταρική διαφοροποίηση. Αρκετές ισομορφές συνιστούν καθιερωμένους δείκτες καρκινικών βλαστικών κυττάρων. Η ALDH1B1 είναι μιτοχονδριακό ένζυμο με κύρια υποστρώματα τη ρετιναλδεϋδη, την 4-υδροξυνονενάλη και την ακεταλδεϋδη. Προηγούμενες μελέτες έχουν καταδείξει τη συμμετοχή της στην εξέλιξη του καρκίνου του παχέος εντέρου, επηρεάζοντας την κυτταρική μορφολογία, τη ρύθμιση του κυτταρικού κύκλου, τη χημειοανθεκτικότητα, την επιθηλιο-μεσεγχυματική μετάπτωση και την απόκριση σε βλάβες DNA. Στην παρούσα μελέτη διερευνήθηκε ο ρόλος της ALDH1B1 στον κυτταρικό μεταβολισμό, με χρήση δύο ισογονιδιακών κυτταρικών σειρών HT29 με διαφοροποιημένη έκφραση της ALDH1B1. Η μεταγραφομική ανάλυση τριών βιολογικών επαναλήψεων ταυτοποίησε 2.405 στατιστικώς σημαντικά διαφορετικά εκφραζόμενα γονίδια, εκ των οποίων τα 463 συσχετίστηκαν με μεταβολικές οδούς. Παρατηρήθηκε διαφορεική ρύθμιση γονιδίων της αλυσίδας μεταφοράς ηλεκτρονίων, γεγονός που υποδεικνύει μιτοχονδριακή αναδιοργάνωση. Τα κύτταρα με υπερέκφραση της ALDH1B1 εμφάνισαν μειωμένη έκφραση της γαλακτικής αφυδρογονάσης A και αυξημένη έκφραση της αφυδρογονάσης της 6-φωσφορικής γλυκόζης, υποδεικνύοντας μετατόπιση από τη γλυκολυτική παραγωγή γαλακτικού προς την οδό των φωσφορικών πεντοζών. Επιπλέον, η υπερέκφραση γονιδίων του κύκλου TCA υποδηλώνει διατήρηση της λειτουργικότητάς του και ελεγχόμενη παραγωγή NADH και βιοσυνθετικών ενδιάμεσων. Τα ενδοκυττάρια επίπεδα ATP ήταν σημαντικά μειωμένα στα ALDH1B1⁺ κύτταρα, καταδεικνύοντας μεταβολή της βιοενεργειακής απόδοσης. Συνολικά, τα δεδομένα υποστηρίζουν ότι η ALDH1B1 συμβάλλει στον μιτοχονδριακό και μεταβολικό επαναπρογραμματισμό, ενισχύοντας τη μεταβολική ευελιξία των καρκινικών κυττάρων του παχέος εντέρου.

ALDH1B1-MEDIATED MITOCHONDRIAL AND BIOENERGETIC REMODELING IN COLON CANCER CELLS

Ermogenous Antreas^{1*}, Chatzi Vasiliki^{1*}, Karkaletsou Lito¹, Tsochantaridis Ilias¹,
Voulgaridou Georgia Persephoni^{1,2}, Koffa Maria¹ and Pappa Aglaia¹

1. Department of Molecular Biology and Genetics, School of Health Sciences, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis, Greece

2. Laboratory of Physiology, Department of Medicine, School of Health Sciences, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis, Greece

**equal contribution*

Aldehyde dehydrogenases (ALDHs) are NAD(P)⁺-dependent enzymes that catalyze the oxidation of endogenous and exogenous aldehydes to their corresponding carboxylic acids. In humans, ALDHs exhibit broad substrate specificity and participate in diverse biological processes, including antioxidant defense and cellular differentiation. Several ALDH isoforms are established markers of cancer stem cells (CSCs). ALDH1B1 is a mitochondrial enzyme with known substrates including retinaldehyde, 4-hydroxynonenal, and acetaldehyde. Previous studies have demonstrated its involvement in colon cancer progression, affecting cell morphology, cell cycle regulation, chemoresistance, epithelial–mesenchymal transition, and DNA damage response. In this study, we investigated the role of ALDH1B1 in cellular metabolism using two isogenic HT29 colon cancer cell lines differing in ALDH1B1 expression. Transcriptomic profiling of biological triplicates identified 2,405 significantly differentially expressed genes in ALDH1B1-overexpressing cells, of which 463 were associated with metabolic pathways. Notably, multiple genes encoding components of the electron transport chain were differentially regulated, indicating mitochondrial remodeling. ALDH1B1-overexpressing cells exhibited downregulation of lactate dehydrogenase A, alongside upregulation of glucose-6-phosphate dehydrogenase, suggesting a shift away from glycolytic lactate production towards pentose phosphate pathway activity. Additionally, upregulation of tricarboxylic acid (TCA) cycle genes indicates sustained TCA cycle function and controlled production of NADH and biosynthetic intermediates. Consistent with these findings, intracellular ATP levels were significantly reduced in ALDH1B1-overexpressing cells, indicating altered bioenergetic output. Collectively, these results support a role for ALDH1B1 in mitochondrial and metabolic remodeling, contributing to the metabolic flexibility of colon cancer cells.

Η ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΤΩΝ Φ/Β ΣΤΑΘΜΩΝ ΣΤΗΝ ΑΓΡΟΤΙΚΗ ΟΡΝΙΘΟΠΑΝΙΔΑ ΣΤΗ ΘΕΣΣΑΛΙΑ

Ευθυμίου Αναστασία και Σφουγγάρης Αθανάσιος

Εργαστήριο Διαχείρισης Οικοσυστημάτων και Βιοποικιλότητας, Τμήμα Γεωπονίας Φυτικής Παραγωγής και Αγροτικού Περιβάλλοντος, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας. Οδός Φυτόκου, ΤΚ 38446, Βόλος

Στο πλαίσιο επιδίωξης της κλιματικής ουδετερότητας της Ευρώπης οι ΑΠΕ κατέχουν κυρίαρχο ρόλο, ενώ οι Φ/Β σταθμοί αποτελούν μια από τις πλέον αποδοτικές τεχνολογίες ΑΠΕ. Από περιβαλλοντικής άποψης, οι Φ/Β σταθμοί παρουσιάζουν συγκριτικά ήπιο αποτύπωμα, καθώς δεν παράγουν αέρια θερμοκηπίου κατά τη λειτουργία τους, έχουν χαμηλές απαιτήσεις σε νερό και ελάχιστο λειτουργικό θόρυβο. Ωστόσο, απαιτείται ιδιαίτερη προσοχή στη χωροθέτηση για την αποφυγή απώλειας βιοποικιλότητας ή αλλοίωσης ενδιαιτημάτων, ιδιαίτερα εντός προστατευόμενων περιοχών (π.χ. Natura 2000), καθώς και στην αποκατάσταση του τοπίου σε περίπτωση αποξήλωσης. Πέρα από τις απαιτούμενες από τη σχετική νομοθεσία Μ.Π.Ε., είναι αναγκαίες και εξειδικευμένες μελέτες σε επιμέρους ζητήματα, όπως η βιοποικιλότητα. Στο πλαίσιο αυτό και με δεδομένο ότι η Περιφέρεια Θεσσαλίας αποτελεί μία από τις πλέον ανεπτυγμένες περιοχές της χώρας ως προς την εγκατάσταση Φ/Β σταθμών, διερευνήθηκε η επίδραση των Φ/Β σταθμών στην αγροτική ορνιθοπανίδα στη Θεσσαλία σε μία αντιπροσωπευτική περιοχή της (Στεφανοβίκειο - Μεγάλο Μοναστήρι - Αγροκήπιο). Για το σκοπό αυτό επιλέχθηκαν 10 Φ/Β μέσα σε 4 τύπους ενδιαιτήματος: 1. Σιτηρά- δενδρώδεις καλλιέργειες (Σ-ΔΚ), 2. Σιτηρά- βαμβάκι (Σ-Β), 3. Σιτηρά- βαμβάκι- ψυχανθή (Σ-Β-Ψ), 4. Σιτηρά (Σ). Σε κάθε Φ/Β σταθμό καταγράφηκαν τα είδη πουλιών δίπλα από αυτόν (2 σημεία), εντός αυτού, σε γειτονική θέση (2 σημεία) και τα διερχόμενα πάνω από τον Φ/Β σταθμό και τη γειτονική θέση. Συγκεκριμένα, καταγράφηκαν συνολικά 17 διαφορετικά είδη δίπλα από τους Φ/Β σταθμούς, 11 εντός αυτών, 19 σε γειτονικές θέσεις, 19 είδη διερχόμενα πάνω από τους Φ/Β σταθμούς και 21 διερχόμενα από γειτονικές θέσεις. Αναφορικά με τον τύπο ενδιαιτήματος στον οποίο είναι εγκατεστημένο κάθε Φ/Β, παρατηρήθηκαν συνολικά 16 διαφορετικά είδη σε Σιτηρά- δενδρώδεις καλλιέργειες (Σ-ΔΚ), 27 είδη σε Σιτηρά- βαμβάκι (Σ-Β), 18 είδη σε Σιτηρά- βαμβάκι- ψυχανθή (Σ-Β-Ψ) και 13 είδη σε Σιτηρά (Σ).

THE IMPACT OF P/V STATIONS ON FARMLAND AVIFAUNA IN THESSALY

Efthymiou Anastasia and Sfougaris Athanassios

Laboratory of Ecosystem and Biodiversity Management, Department of Agriculture, Crop Production and Rural Environment, University of Thessaly, Fytokou str., 38446, Volos

In the context of pursuing Europe's climate neutrality, renewable energy sources (RES) play a dominant role, while photovoltaic (P/V) stations constitute one of the most efficient RES technologies. From an environmental perspective, PV stations have a relatively mild footprint, as they do not produce greenhouse gases during operation, have low water requirements, and generate minimal operational noise. However, particular attention is required in site selection to avoid biodiversity loss or habitat degradation, especially within protected areas (e.g., Natura 2000), as well as in landscape restoration in the case of decommissioning. Beyond the Environmental Impact Assessments (EIAs) required by relevant legislation, specialized studies on specific issues, such as biodiversity, are also necessary. Within this context, and given that the Region of Thessaly is one of the most developed areas in the country in terms of P/V station installations, the impact of P/V stations on farmland bird communities in Thessaly was investigated in a representative area (Stefanovikeio – Megalo Monastiri – Agrokipio). For this purpose, 10 P/V stations were selected across four habitat types: Cereals – Orchards (C–O), Cereals – Cotton (C–C), Cereals – Cotton – Legumes (C–C–L), Cereals (C). At each P/V station, bird species were recorded adjacent to the station (2 points), within the station, at a nearby location (2 points), and birds flying over both the P/V station and the nearby location. Specifically, a total of 17 different species were recorded adjacent to P/V stations, 11 within them, 19 at nearby locations, 19 species flying over the P/V stations, and 21 flying over nearby locations. Regarding the habitat type in which each P/V station was installed, a total of 16 different species were observed in cereals–tree crops (C–O), 27 species in cereals–cotton (C–C), 18 species in cereals–cotton–legumes (C–C–L), and 13 species in cereals (C).

ΜΕΛΕΤΗ ΕΚΦΡΑΣΗΣ ΓΟΝΙΔΙΩΝ ΣΗΜΑΝΤΙΚΩΝ ΜΗΧΑΝΙΣΜΩΝ ΣΤΟ ΝΕΦΡΟΚΥΤΤΑΡΙΚΟ ΚΑΡΚΙΝΟ

Ζαλοκώστας Θεόδωρος Άγγελος, Βακάλης Γιώργος, Μαραγιάννη Βίβιαν, Αντωνίου Φωτεινή, Νάτση Άρτεμις, Μιμίκος Γιώργος, Κάτανα Ελένη, Παππά Ελένη, Αγαθαγγελίδης Ανδρέας, Σαμαρά Μαρία, Κόλλια Παναγούλα

Τομέας Γενετικής και Βιοτεχνολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, Εργαστήριο Παθολογικής Ανατομικής, Τμήμα Ιατρικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Ο νεφροκυτταρικός καρκίνος αποτελεί τη συχνότερη κακοήθεια των νεφρών, η οποία χαρακτηρίζεται από γενετική και μοριακή ετερογένεια, ιδιαίτερα στο επίπεδο του κυτταρικού μεταβολισμού. Σκοπός της μελέτης ήταν η συγκριτική ανάλυση της έκφρασης γονιδίων που εμπλέκονται σε σημαντικούς μηχανισμούς σε καρκινικό και παρακείμενο υγιές τμήμα ιστού από τον κάθε ασθενή της ομάδας μελέτης. Συγκεκριμένα, μελετήθηκαν τα γονίδια του άξονα PI3K/Akt/mTOR που ρυθμίζει βασικές κυτταρικές λειτουργίες και ενεργοποιείται συχνά στον καρκίνο, τα γονίδια ATG12, ATG16, ATG5 και MAP1LC3B που ρυθμίζουν την αυτοφαγία και τα γονίδια HIF1a/b, που σχετίζονται με την προσαρμογή των κυττάρων στην υποξία. Η μελέτη πραγματοποιήθηκε με ποσοτική PCR πραγματικού χρόνου σε 48 ασθενείς με νεφροκυτταρικό καρκίνο. Η ανάλυση ανέδειξε στατιστικά σημαντική υποέκφραση στα δείγματα καρκινικού ιστού σε σχέση με εκείνα του υγιούς ιστού: PI3K (2,6 φορές - $p=0,013$), AKT (2,4 - $p=0,044$), ενώ υπερέκφραση παρατηρήθηκε για το mTOR (0,78 - $p=0,197$). Υποέκφραση παρατηρήθηκε και για τα γονίδια MAP1LC3B (2,2 φορές - $p=0,0006$) και ATG16 (4,1 - $p=0,0008$), HIF1a (6,9 - $p=0,0143$) και HIF1b (1,5 - $p=0,0015$). Η υποέκφραση των γονιδίων MAP1LC3B και ATG16 δείχνει μείωση των επιπέδων ενεργότητας της αυτοφαγίας και ανεπαρκή απομάκρυνση κατεστραμμένων καρκινικών κυτταρικών συστατικών, ενώ η υποέκφραση των γονιδίων HIF1a/b συνδέεται με μειωμένη προσαρμογή στην υποξία. Η υποέκφραση των γονιδίων PI3K και AKT, η οποία δε συνάδει με τη συχνή ενεργοποίηση του άξονα PI3K/AKT/mTOR στον καρκίνο, πιθανόν να μην αντανακλά τη λειτουργική ενεργότητα των αντίστοιχων πρωτεϊνών, κυρίως μέσω φωσφορυλιώσεων ή να σχετίζεται με ισχυρή απορρύθμιση σε γονίδια της αυτοφαγίας. Συνολικά, η διαταραχή των μονοπατιών PI3K/AKT/mTOR, αυτοφαγίας και υποξικής απόκρισης μπορεί να ευνοεί την πρόκληση οξειδωτικού στρες, η οποία προκαλεί επακόλουθα μεταλλάξεις και μοριακές αλλοιώσεις, συμβάλλοντας με αυτό τον τρόπο στην επιβίωση των καρκινικών κυττάρων.

GENE EXPRESSION ANALYSIS OF KEY MOLECULAR MECHANISMS IN RENAL CELL CARCINOMA

Zalokostas Theodoros Angelos, Vakalis Giorgos, Maragianni Vivian, Antoniou Fotini, Natsi Artemis, Mimikos Giorgos, Katana Eleni, Pappa Eleni, Agathangelidis Andreas, Samara Maria, Kollia Panagoula

Section of Genetics and Biotechnology, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, Laboratory of Pathological Anatomy, Department of Medicine, School of Health Sciences, University of Thessaly

Renal cell carcinoma (RCC) is the most common kidney malignancy, characterized by genetic and molecular heterogeneity, particularly at the level of cellular metabolism. The aim of this study was to comparatively analyze the expression of genes involved in key biological mechanisms in tumor tissue and adjacent normal tissue from each patient. Specifically, genes of the PI3K/Akt/mTOR pathway, which regulates essential cellular functions and is frequently activated in cancer, were examined, along with autophagy-related genes (ATG12, ATG16, ATG5, and MAP1LC3B) and hypoxia-related genes (HIF1 α and HIF1 β). The study was conducted using quantitative real-time PCR (qPCR) in 48 patients with RCC. The analysis revealed statistically significant underexpression in tumor tissue compared to normal tissue for PI3K (2.6-fold, $p=0.013$) and AKT (2.4-fold, $p=0.044$), while mTOR showed overexpression (0.78-fold, $p=0.197$). Underexpression was also observed for MAP1LC3B (2.2-fold, $p=0.0006$), ATG16 (4.1-fold, $p=0.0008$), HIF1 α (6.9-fold, $p=0.0143$), and HIF1 β (1.5-fold, $p=0.0015$). The reduced expression of MAP1LC3B and ATG16 suggests decreased autophagic activity and impaired clearance of damaged cellular components. Similarly, reduced HIF1 α/β expression is associated with diminished adaptation to hypoxia. The underexpression of PI3K and AKT, which contrasts with the commonly observed activation of the PI3K/AKT/mTOR pathway in cancer, may not reflect actual protein activity, which is often regulated post-translationally (e.g., via phosphorylation), or may be linked to dysregulation of autophagy-related genes. Overall, disruption of the PI3K/AKT/mTOR pathway, autophagy, and hypoxia response may promote oxidative stress, leading to mutations and molecular alterations that contribute to cancer cell survival.

**ΤΑΥΤΟΠΟΙΗΣΗ ΤΩΝ ΠΑΡΑΛΛΑΓΩΝ RS1800610 ΚΑΙ RS1143623 ΩΣ
ΦΑΡΜΑΚΟΓΕΝΕΤΙΚΩΝ ΔΕΙΚΤΩΝ ΑΠΟΚΡΙΣΗΣ ΣΕ ΘΕΡΑΠΕΟΑ ΜΕ
ΟΥΣΤΕΚΙΝΟΥΜΑΜΠΗ ΣΤΗΝ ΨΩΡΙΑΣΗ**

Ζαχάρη Σοφία¹, Ζαφειρίου Ευτέρπη², Ντάβαρη Νίκη², Μπόγδανος Δημήτριος³, Γιαννούλης
Θεμιστοκλής⁴, Λιαδάκη Καλλιόπη¹, Σαραφίδου Θεολογία¹

1. Τμήμα Βιοχημείας & Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Λάρισα
2. Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Πανεπιστημιακή Δερματολογική Κλινική, ΠΓΝΛάρισας
3. Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Πανεπιστημιακή Ρευματολογική Κλινική, ΠΓΝΛάρισας
4. Τμήμα Επιστήμης Ζωϊκής Παραγωγής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Λάρισα

Η ψωρίαση είναι ένα πολυπαραγοντικό αυτοάνοσο νόσημα με αυξητικό επιπολασμό υποδεικνύοντας την ανάγκη για στοχευμένες θεραπείες, όπως οι βιολογικοί παράγοντες. Μεταξύ αυτών, η ουστεκινουμάμπη, ένα ανθρώπινο μονοκλωνικό αντίσωμα που στοχεύει την υπομονάδα p-40 η οποία είναι κοινή στην ιντερλευκίνη-12 και -23, δρα αναστέλλοντας τη φλεγμονή και χρησιμοποιείται για την θεραπεία της ψωρίασης κατά πλάκας. Η ουστεκινουμάμπη έχει επιδείξει αποτελεσματικότητα και ασφάλεια σε κλινικές δοκιμές και στην κλινική πράξη. Ωστόσο, πάνω από το 30% των ασθενών δεν αποκρίνονται επαρκώς με βάση τον δείκτη βαρύτητας νόσου PASI75, όπου PASI75 σημαίνει βελτίωση των συμπτωμάτων κατά 75%. Σε αυτό το πλαίσιο, έχουν εντοπιστεί περίπου 30 γενετικές παραλλαγές ως πιθανοί φαρμακογενετικοί δείκτες απόκρισης. Εντούτοις, μόνο λίγες παραλλαγές έχουν αναπαραχθεί σε ανεξάρτητες μελέτες και καμία δεν χρησιμοποιείται στην κλινική πράξη. Σκοπός της παρούσας μελέτης είναι ο έλεγχος προηγούμενων συσχετίσεων αλληλόμορφων-απόκρισης για την ουστεκινουμάμπη σε ελληνικό πληθυσμό, με σκοπό την εκτίμηση της χρησιμότητάς τους ως φαρμακογενετικών δεικτών. Η μελέτη περιέλαβε 29 ασθενείς που έλαβαν ουστεκινουμάμπη για τουλάχιστον 6 μήνες και ταξινομήθηκαν ως αποκριθέντες ή μη με βάση τη βελτίωση του PASI. Το γονιδιωματικό DNA απομονώθηκε από περιφερικό αίμα και γονοτυπήθηκε με ένα Illumina Array που περιλάμβανε ~730.000 παραλλαγές. Συνολικά, 17 παραλλαγές που περιλαμβάνονταν στη συστοιχία που χρησιμοποιήθηκε αξιολογήθηκαν για συσχέτιση με την απόκριση στη θεραπεία. Δύο παραλλαγές, οι rs1800610 και rs1143623, στο γονίδιο του Παράγοντα Νέκρωσης Όγκου (TNF) και σε ένα γονίδιο μακρού μη κωδικοποιητικού RNA (lncRNA) που είναι αντιπαράλληλο ως προς τα γονίδια IL1B και IL1A, βρέθηκαν ως στατιστικά σημαντικές. Ενδιαφέρον είναι ότι οι δύο παραλλαγές είχαν ταυτοποιηθεί ως ποσοτικοί τόποι έκφρασης χαρακτηριστικών (eQTL) για γονίδια κυτταροκινών και λευκοκυτταρικών αντιγόνων του ανθρώπου (HLA), σε ιστούς σχετικούς με την ψωρίαση.

IDENTIFICATION OF VARIANTS RS1800610 AND RS1143623 AS PHARMACOGENETIC MARKERS FOR RESPONSE TO USTEKINUMAB IN PSORIASIS

Sophia Zachari¹, Efterpi Zafiriou², Niki Ntavari², Dimitrios Bogdanos³, Themistoklis Giannoulis⁴, Kalliopi Liadaki¹, Theologia Sarafidou¹

1. Department of Biochemistry & Biotechnology, University of Thessaly, Larissa, Greece

2. Department of Dermatology, Faculty of Medicine, University of Thessaly, Larissa, Greece

3. Department of Rheumatology and Clinical Immunology, Faculty of Medicine, University of Thessaly, Larissa, Greece

4. Department of Animal Science, University of Thessaly, Larissa, Greece

Psoriasis is a chronic multifactorial inflammatory autoimmune disease showing increasing prevalence, reflecting the need for targeted therapeutic approaches. Biologic agents have set new foundation for psoriasis treatment. Among them, ustekinumab is a human monoclonal antibody that binds to the p40 subunit shared by interleukin-12 and interleukin-23. It is used in clinical practice for the treatment of moderate-to-severe plaque psoriasis in adults, adolescents and children. Ustekinumab has shown high efficacy and a well-tolerated safety profile in both clinical trials and real-world data; however, over 30% of patients do not respond adequately based on PASI75 severity index, where PASI75 score reflects clinical improvement by 75%. In this context, approximately 30 genetic variants have been identified as potential pharmacogenetic markers of response. Nevertheless, only a few variants have been replicated, and none has yet been validated for clinical use. This study aims to replicate previous allele–response association analyses for ustekinumab in a Greek population to evaluate their utility as pharmacogenetic markers. The study included 29 adult patients with plaque psoriasis, who were treated with ustekinumab monotherapy for at least 6 months. Patients were classified as responders or non-responders based on PASI thresholds at specific time points. Genomic DNA was isolated from peripheral blood and genotyped using an Illumina Array containing ~730,000 variants. In total, 17 variants were included in the array used in this study which were evaluated for their association with the treatment response. Two variants, rs1800610 and rs1143623, located in Tumor Necrosis Factor gene and in a long noncoding RNA antisense to IL1B and IL1A genes, ended up being statistically significant. Both variants have been previously identified as expression Quantitative Trait Loci for different cytokine and human leukocyte antigen (HLA) genes, in tissues relevant to psoriasis.

ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗ ΜΕΛΕΤΗΣ ΕΚΦΡΑΣΗΣ CD25 ΚΑΙ IL-2, ΩΣ ΛΕΙΤΟΥΡΓΙΚΩΝ ΔΕΙΚΤΩΝ ΣΕ ΜΕΛΕΤΕΣ ΑΝΟΣΟΑΝΕΠΑΡΚΕΙΩΝ

Ζιατάκη Ελένη¹, Σπαχίου Χριστίνα¹, Τσιούπρος Ευάγγελος¹, Καλαλά Φανή², Σπελέτας Ματθαίος², Παπουτσοπούλου Σταματία¹

1. Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Λάρισα, Ελλάδα

2. Εργαστήριο Ανοσολογίας και Ιστοσυμβατότητας, Ιατρική Σχολή, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Λάρισα, Ελλάδα

Οι ανοσοανεπάρκειες είναι καταστάσεις που χαρακτηρίζονται από διαταραχές στην ενεργοποίηση και λειτουργία των κυττάρων του ανοσοποιητικού, όπως τα Τ-λεμφοκύτταρα, καθιστώντας αναγκαία την ανάπτυξη αξιόπιστων και αναπαραγωγίμων μεθόδων αξιολόγησης της ανοσολογικής απόκρισης (1). Έχει βρεθεί πως το CD25 και η IL-2 αποτελούν βασικά μόρια για τον πολλαπλασιασμό των Τ-λεμφοκυττάρων *in vivo* και διαταράξεις στην έκφρασή τους μπορούν να σχετίζονται με την ανάπτυξη ανοσοανεπαρκειών (2). Σκοπός της παρούσας μελέτης ήταν η ανάπτυξη *in vitro* μεθόδων υπολογισμού έκφρασης του CD25 και της IL-2 σε περιφερικό αίμα από υγιείς δότες, χρησιμοποιώντας κυτταρομετρία ροής, για μελλοντική εφαρμογή σε ασθενείς που πάσχουν από ανοσοανεπάρκειες. Τα αποτελέσματα κατέδειξαν αύξηση της έκφρασης του CD25 στο ολικό αίμα και της IL-2 στα PBMCs (μονοπύρρηνα κύτταρα περιφερικού αίματος), κατόπιν διέγερσης με anti-CD3 αντίσωμα. Η ανίχνευση της IL-2 αποδείχθηκε ιδιαίτερα εξαρτώμενη από την κυτταρική πυκνότητα, ενώ η έκφρασή της ήταν αυξημένη σε διεγερμένα CD4⁺ Τ κύτταρα (MFI=33.0) σε σύγκριση με μη-διεγερμένα (MFI=8.48). Παρομοίως, παρατηρήσαμε υψηλότερες τιμές ενδοκυτταρικής IL-2 σε διεγερμένα CD8⁺ κύτταρα (MFI=10.6) σε σχέση με μη-διεγερμένα (MFI=5.1). Αντίθετα, η έκφραση του CD25 ήταν ανιχνεύσιμη και σε χαμηλότερες κυτταρικές συγκεντρώσεις (MFI=13), αν και η χρήση μεγαλύτερου αριθμού κυττάρων βελτίωσε περαιτέρω την ευκρίνεια και τη στατιστική ισχύ των συγκρίσεων μεταξύ διεγερμένων (MFI=144) και μη (MFI= 5.12). Συνολικά, τα ευρήματα υποδεικνύουν ότι η κυτταρική πυκνότητα αποτελεί παράγοντα για την τυποποίηση των μετρήσεων, ιδιαίτερα για την IL-2, συμβάλλοντας στη βελτιστοποίηση των πρωτοκόλλων και ενισχύοντας τη δυνατότητα αξιόπιστης λειτουργικής αξιολόγησης του ανοσοποιητικού συστήματος στην κλινική και στην έρευνα. Βιβλιογραφία 1. Amaya-Uribe, L. et al., (2019) *Journal of autoimmunity*, 99, 52–72. 2. Valencia, X., & Lipsky, P. E. (2007) *Nature Clinical Practice Rheumatology*, 3(11), 619–626.

OPTIMIZATION OF CD25 AND IL-2 EXPRESSION ANALYSIS, AS FUNCTIONAL MARKERS IN IMMUNODEFICIENCY STUDIES

Ziataki Eleni¹, Spahiu Kristina¹, Tsioupros Evangelos¹, Kalala Fani², Speletas Matthaios², Papoutsopoulou Stamatia¹

1. Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, Larisa, Greece

2. Laboratory of Immunology and Histocompatibility, Department of Medicine, University of Thessaly, Larisa, Greece

Immunodeficiencies are conditions characterized by impaired activation and/or function of the immune cells, including T lymphocytes, necessitating the development of reliable and reproducible methods for assessing immune responses (1). CD25 and interleukin-2 (IL-2) are important molecules for T cell proliferation in vivo and defects in their expression can correlate with immunodeficiencies (2). The aim of the present study was to develop the in vitro detection of levels in peripheral blood samples from healthy donors by flow cytometry, for future application in patients with immunodeficiencies. Our results demonstrated an increase in CD25 expression in whole blood and IL-2 expressions in PBMCs (peripheral blood mononuclear cells) following stimulation plate-bound anti-CD3. IL-2 detection was highly dependent on cell density, and it was increased in stimulated CD4⁺ T cells (MFI = 33.0), compared to unstimulated cells (MFI = 8.48). Similarly, we observed higher levels of intracellular IL-2 in stimulated CD8⁺ cells (MFI = 10.6) compared to unstimulated (MFI = 5.1). In contrast, CD25 cell surface expression was detectable even at lower cell concentrations (MFI = 13), although the use of higher cell numbers further improved resolution and statistical power in comparisons between stimulated (MFI = 144) and unstimulated (MFI = 5.12) samples. These findings indicate successful detection of both CD25 and intracellular IL-2 in vitro cultured human cells and can contribute to protocol optimization and enhancing the reliability of functional immune system assessment in clinical and research establishments. References 1. Amaya-Urbe, L. et. al., (2019) *Journal of autoimmunity*, 99, 52–72. 2. Valencia, X., & Lipsky, P. E. (2007) *Nature Clinical Practice Rheumatology*, 3(11), 619–626.

ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΩΝ ΒΙΟΛΟΓΙΚΩΝ ΔΡΑΣΕΩΝ ΑΙΘΕΡΙΟΥ ΕΛΑΙΟΥ SIDERITIS RAESERI ΣΕ ΕΠΙΔΕΡΜΙΚΑ ΚΑΙ ΝΕΦΡΙΚΑ ΚΥΤΤΑΡΑ ΣΕ ΚΑΛΛΙΕΡΓΕΙΑ

Ζιώγα Αναστασία, Σουϊλεμέζη Σταυρούλα, Νάιδου Μυρσίνη, Μπόκαρη Μαρία, Μαρράς Σωτήριος, Ψαρρά Άννα-Μαρία

Εργαστήριο Δομικής και Λειτουργικής Βιοχημείας, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις, 41500, Λάρισα, Ελλάδα

Τα φυτά του γένους *Sideritis* αποτελούν σημαντική πηγή βιοδραστικών ενώσεων με φαρμακολογικές ιδιότητες. Πιο συγκεκριμένα, το αιθέριο έλαιο του *Sideritis raeseri* (τσάι του βουνού) έχει προσελκύσει το ερευνητικό ενδιαφέρον λόγω της αντιοξειδωτικής και αντικαρκινικής του δράσης. Σκοπός της παρούσας μελέτης ήταν η διερεύνηση της βιολογικής δράσης του αιθέριου ελαίου *S. raeseri* σε κυτταρικές σειρές επιθηλιακών κυττάρων HaCaT και νεφρικών κυττάρων HEK-293, εστιάζοντας στην κυτταροτοξικότητα, την αντιοξειδωτική ικανότητα, την επούλωση πληγών και τα επίπεδα πρωτεϊνών και παραγόντων που σχετίζονται με τον ενεργειακό μεταβολισμό, τη φλεγμονή, την απόπτωση και την απόκριση στο οξειδωτικό στρες. Η κυτταροτοξικότητα και η αντιοξειδωτική δράση αξιολογήθηκαν με εφαρμογή *in vitro* δοκιμασίας βιωσιμότητας κυττάρων, παρουσία και απουσία οξειδωτικού παράγοντα. Επιπλέον, η αντιοξειδωτική δράση εκτιμήθηκε μέσω ενζυμικών δοκιμασιών προσδιορισμού της ικανότητας εξουδετέρωσης ελευθέρων ριζών. Η επίδραση του αιθέριου ελαίου στον πολλαπλασιασμό και στη μετανάστευση των κυττάρων με σκοπό την επούλωση πληγών μελετήθηκε με δοκιμασία *scratch assay*, ενώ η ανάλυση έκφρασης πρωτεϊνικών παραγόντων, που σχετίζονται με τη βιωσιμότητα και τον ενεργειακό μεταβολισμό των κυττάρων, πραγματοποιήθηκε με τη μέθοδο *Western blot*. Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι το αιθέριο έλαιο παρουσιάζει δόσοεξαρτώμενη κυτταροτοξική και αντιοξειδωτική δράση στις συγκεκριμένες κυτταρικές σειρές. Επίσης, παρατηρήθηκε ρύθμιση του πολλαπλασιασμού και της μετανάστευσης των κυττάρων, υποδηλώνοντας πιθανή επίδραση στην επούλωση τραυμάτων. Σε μοριακό επίπεδο, καταγράφηκαν μεταβολές στην έκφραση πρωτεϊνών που εμπλέκονται στην φλεγμονή, την απόπτωση και τον ενεργειακό μεταβολισμό, γεγονός που υποστηρίζει την πιθανή φαρμακολογική δράση του ελαίου. Συμπερασματικά, το αιθέριο έλαιο του *S. raeseri* παρουσιάζει αξιοσημείωτες βιολογικές ιδιότητες, οι οποίες ενδέχεται να αξιοποιηθούν σε μελλοντικές εφαρμογές στη φαρμακευτική και βιοϊατρική έρευνα.

**ASSESSMENT OF THE BIOLOGICAL PROPERTIES OF SIDERITIS RAESERI
ESSENTIAL OIL IN EPITHELIAL AND KIDNEY CELLS IN CULTURE**

Zioga Anastasia, Souilemezi Stavroula, Naidou Myrsini, Bokari Maria, Marras Sotirios, Psarra Anna-Maria

*Laboratory of Structural and Functional Biochemistry, Biochemistry and Biotechnology Department,
University of Thessaly, Biopolis, 41500, Larissa, Greece*

Plants of the genus *Sideritis* constitute an important source of bioactive compounds with potential pharmacological properties. More specifically, the essential oil of *Sideritis raeseri* (ironwort or mountain tea) has attracted the interest of researchers due to its promising antioxidant and anticancer activities. The aim of the present study was to investigate the biological activities of the essential oil derived from *S. raeseri* in HaCaT and HEK-293 cell lines, focusing on cytotoxicity, antioxidant capacity, wound healing and the levels of proteins and factors associated with energy metabolism, inflammation, apoptosis and response to oxidative stress. Cytotoxicity and antioxidant effects were evaluated by applying an in vitro cell viability assay, in the presence and absence of an oxidizing agent. Additionally, antioxidant activity was assessed through enzymatic assays for determining the capacity of countering free radicals. The effect of the essential oil on cell proliferation and migration, in relation to wound healing, was studied using a scratch assay, while the expression analysis of protein factors involved in cell viability and metabolism, was carried out by implementing the Western blot method. The results from the study indicated that *S. raeseri* essential oil exhibits dose-dependent cytotoxic and antioxidant activities in both cell lines. Furthermore, regulation of cell proliferation and migration was observed, suggesting a possible effect on wound healing. At the molecular level, alterations in protein levels of molecules involved in inflammation, apoptosis and energy metabolism pathways were revealed, supporting the potential biological and pharmacological properties of the essential oil. In conclusion, *S. raeseri* essential oil demonstrates notable biological activities, highlighting its potential exploitation in pharmaceutical and biomedical applications.

Η ΕΠΑΓΩΓΗ ΤΗΣ ΑΚΥΛΟΤΡΑΝΣΦΕΡΑΣΗΣ ΤΗΣ ΦΩΣΦΟΡΙΚΗΣ ΑΚΥΛΟΓΛΥΚΕΡΟΛΗΣ - 4 (AGPAT4) ΣΕ ΣΥΝΘΗΚΕΣ ΥΠΟΞΙΑΣ ΣΧΕΤΙΖΕΤΑΙ ΜΕ ΤΟΝ ΕΠΙΘΕΤΙΚΟ ΦΑΙΝΟΤΥΠΟ ΤΩΝ ΚΑΡΚΙΝΙΚΩΝ ΚΥΤΤΑΡΩΝ HELA

Ζωή Κακαέ1, Αγγελική Καραγιώτα2, Ευφροσύνη Παρασκευά1

1. Εργαστήριο Φυσιολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστημίου Θεσσαλίας
2. Εργαστήριο Βιοχημείας, Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστημίου Θεσσαλίας

Τα καρκινικά κύτταρα επαναπρογραμματίζουν τον μεταβολισμό των λιπιδίων προκειμένου να προσαρμοστούν στο υποξικό μικροπεριβάλλον του όγκου (TME), διαδικασία που διαμεσολαβείται κυρίως από τους επαγόμενους από την υποξία παράγοντες (HIFs). Ο HIF-1 επάγει, μεταξύ άλλων, την έκφραση της AGPAT2, ενζύμου της οδού βιοσύνθεσης των τριγλυκεριδίων (TAG), μέλους μίας οικογένεια ενζύμων που καταλύουν τη σύνθεση του φωσφατιδικού οξέος (PA), ενός ενδιάμεσου των TAG, σηματοδοτικού μορίου και πρόδρομου των φωσφολιπιδίων. Οι AGPAT επιτελούν διακριτούς, μη επικαλυπτόμενους ρόλους και έχουν συνδεθεί με διάφορους τύπους καρκίνου. Τα πρόσφατα αποτελέσματα των ερευνών μας υποδεικνύουν ότι η AGPAT4, που έχει συνδεθεί με την πλαστικότητα των καρκινικών κυττάρων, τη μετάσταση και την ανθεκτικότητα σε χημειοθεραπευτικά φάρμακα, επάγεται σημαντικά στην υποξία (1% O₂) σε διαφορετικές καρκινικές κυτταρικές σειρές. Βιοπληροφορική ανάλυση δημόσια διαθέσιμων δεδομένων υπέδειξε συσχέτιση της έκφρασης AGPAT4 με τον HIF1α και με υποξικές γονιδιακές υπογραφές σε όγκους ασθενών. Η επαγωγή της AGPAT4 σε συνθήκες υποξίας καταστέλλεται μετά από αποσίωπηση του HIF-1α σε κύτταρα HeLa. Επιπλέον, τα επίπεδα mRNA του SOX9, ενός παράγοντα που έχει πρόσφατα δειχθεί ότι επάγει την AGPAT4, αυξάνονται στην υποξία, υποστηρίζοντας την εμπλοκή άξονα HIF-1/SOX9/AGPAT4 στην επαγωγή της AGPAT4. Λειτουργικά, η AGPAT4 είναι απαραίτητη για τη συσσώρευση λιποσταγονιδίων και τη μετανάστευση των κυττάρων στην υποξία, χαρακτηριστικά που σχετίζονται με αυξημένη επιθετικότητα. Επιπλέον, τα υψηλά επίπεδα έκφρασης της AGPAT4 συνδέονται με κακή πρόγνωση σε αρκετούς τύπους καρκίνου.

THE INDUCTION OF THE ACYLGLYCEROLPHOSPHATE ACYLTRANSFERASE 4 (AGPAT4) UNDER HYPOXIA IS ASSOCIATED WITH AN AGGRESSIVE PHENOTYPE OF HELA CELLS

Zoi Kakae¹, Angeliki Karagiota², Effrosyni Paraskeva¹

1. Laboratory of Physiology, Faculty of Medicine, University of Thessaly, Larissa, Greece

2. Laboratory of Biochemistry, Faculty of Medicine, University of Thessaly, Larissa, Greece

Cancer cells reprogram lipid metabolism to overcome the challenges of the hypoxic tumor microenvironment (TME). Adaptation to hypoxia is largely mediated via activation of transcription by the Hypoxia Inducible Factors (HIFs). HIF-1 upregulates, among others, the expression of AGPAT2 (Acylglycerolphosphate acyltransferase 2) in the triacylglyceride (TAG) biosynthesis pathway. AGPAT2 belongs to a family of five enzymes, that catalyze the synthesis of phosphatidic acid (PA), a TAG intermediate, signaling molecule and precursor of phospholipids. The different AGPAT isoforms have unique roles been associated with different types of cancer. Our current findings demonstrate that the expression of AGPAT4, an isoform linked to cancer cell plasticity, metastasis and chemoresistance, is highly upregulated under hypoxia (1% O₂) in different cancer cell lines. Bioinformatic analysis of publicly available cancer patient data shows that the expression of AGPAT4 is positively correlated with the expression of both HIF1A and a hypoxia gene signature in human cancers. The induction of AGPAT4 is also observed upon stabilization of HIF-1 α by the prolyl-hydroxylase inhibitor DMOG and is prevented by knockdown of HIF-1 α in HeLa cells. In addition, the mRNA levels of SOX9, a factor recently shown to mediate AGPAT4 regulation in cancer cells, are upregulated under hypoxia, supporting the involvement of a HIF-1/SOX9/AGPAT4 axis in AGPAT4 induction in HeLa cells. Importantly, the expression of AGPAT4 under hypoxia contributes to cancer cell aggressiveness, as indicated by the decrease of lipid droplet accumulation and cell migration, upon AGPAT4 knockdown, as well as the association of high AGPAT4 expression with negative prognosis, in several cancer types.

Ο ΡΟΛΟΣ ΤΗΣ ΧΟΛΗΣΤΕΡΟΛΗΣ ΣΤΗΝ ΔΙΑΙΤΑ ΤΗΣ ΜΥΓΑΣ ΤΗΣ ΜΕΣΟΓΕΙΟΥ (CERATITIS CAPITATA)

Θανοπούλου Ευσταθία, Γιαννάτος Γεράσιμος, Αυγουστίνος Αντώνιος

Τμήμα Φυτοπροστασίας Πάτρας, Ινστιτούτο Βιομηχανικών και Ζωοτροφικών Καλλιεργειών, Ελληνικός Οργανισμός Γεωργίας «ΔΗΜΗΤΡΑ», Πάτρα, Ελλάδα

Η προνυμφική διαίτα της μύγας της Μεσογείου παίζει πολύ σημαντικό ρόλο για την ανάπτυξη και την βιολογική ποιότητα του εντόμου. Οι στερόλες είναι ένα συστατικό το οποίο χρειάζεται το έντομο και στο φυσικό περιβάλλον το προσλαμβάνει από τα φρούτα, κάτι που δεν συμβαίνει όμως στο εργαστηριακό περιβάλλον. Η χοληστερόλη είναι ένα κοστοβόρο συστατικό που συχνά συμπεριλαμβάνεται στην διαίτα της προνύμφης του εντόμου αλλά δεν είναι γνωστό το πόσο απαραίτητη είναι αλλά και σε τι ποσοστό. Σε μία κλασική διαίτα χρησιμοποιούνται χοληστερόλη, βενζοϊκό οξύ και υδροχλωρικό οξύ σε συγκεκριμένες αναλογίες. Στο πείραμά μας που έγινε στα πλαίσια ενός ενεργού προγράμματος SIT (Sterile Insect Technique) με έντομα VIENNA 8 GSS παράχθηκαν τρεις διαφορετικές ως προς την ποσότητα χοληστερόλης, τροφές. Οι τρεις δίαιτες ήταν χωρίς καθόλου χοληστερόλη (0%), με την τυπικά χρησιμοποιούμενη ποσότητα χοληστερόλης (100%) και με την μισή ποσότητα της προτεινόμενης (50%). Η συλλογή των αυγών έγινε διαδοχικά σε τρεις ημέρες. Αφού τοποθετήθηκαν τα αυγά σε τροφές και πέρασε το έντομο από όλες τις φάσεις του μέχρι και το ακμαίο, έγιναν οι σχετικές μετρήσεις και αναλύσεις. Τα αποτελέσματα των μετρήσεων δείχνουν ελάχιστες διαφορές μεταξύ των τριών διαφορετικών ποσοστών χοληστερόλης. Ωστόσο το συμπέρασμα είναι ότι αν υπάρχει επίδραση της χοληστερόλης, τότε εστιάζουμε στη βιολογική της σημασία ενώ αν φανεί ότι δεν υπάρχει κάποια επίδραση, εστιάζουμε στο οικονομικό όφελος. Αν το αποτέλεσμα δεν είναι ξεκάθαρο σημαίνει ότι πιθανώς μπορεί να μειωθεί χωρίς κάποιο πρόβλημα.

THE ROLE OF CHOLESTEROL IN THE DIET OF THE MEDITERRANEAN FRUIT FLY (CERATITIS CAPITATA)

Thanopoulou Efstathia, Giannatos Gerasimos, Augoustinos Antonios

Department of Plant Protection Patras, Institute of Industrial and Forage Crops, Hellenic Agricultural Organization 'DEMETER', Patras, Greece

The larval diet of the Mediterranean fruit fly plays a very important role in the insect's development and biological quality. Sterols are a nutrient that the insect requires; in the natural environment, it obtains them from fruit, but this is not the case in the laboratory setting. Cholesterol is a costly ingredient that is often included in the diet of insect larvae, but it is not known how essential it is or in what proportion. In a standard diet, cholesterol, benzoic acid, and hydrochloric acid are used in specific ratios. In our experiment, conducted as part of an active SIT (Sterile Insect Technique) program using VIENNA 8 GSS insects, three diets differing in cholesterol content were produced. The three diets were cholesterol-free (0%), contained the standard amount of cholesterol (100%), and contained half the recommended amount (50%). The eggs were collected over a period of three consecutive days. After the eggs were placed in food and the insect had gone through all its stages up to the adult stage, the relevant measurements and analyses were performed. The results of the measurements show minimal differences between the three different cholesterol levels. However, the conclusion is that if cholesterol has an effect, then we focus on its biological significance; if it appears that there is no effect, we focus on the economic benefit. If the result is unclear, it means that it can likely be reduced without any problem.

**ΜΕΛΕΤΗ ΤΩΝ ΕΠΙΠΤΩΣΕΩΝ ΧΜΠ-ΕΠΙΒΑΡΥΜΕΝΩΝ ΥΔΑΤΩΝ ΜΕΣΩ
ΜΕΤΑΓΡΑΦΩΜΑΤΙΚΗΣ ΑΝΑΛΥΣΗΣ ΣΕ ΙΣΤΟΥΣ ΤΟΥ ΕΙΔΟΥΣ MYTILUS
GALLOPROVINCIALIS**

Καλαμαράς Γεώργιος¹, Νταϊλιάνης Στέφανος¹, Καμηλάρη Μαρία²

1. Εργαστήριο Ζωολογίας, Τομέας Βιολογίας Ζώων, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26500, Πάτρα

2. Ελληνικό Γεωργικό Οργανισμός – ΕΛ.ΓΟ-ΔΗΜΗΤΡΑ, 26442, Πάτρα

Η παρούσα μελέτη διερευνά τη γονιδιακή έκφραση σε βράγχια ατόμων του είδους *Mytilus galloprovincialis* έπειτα από έκθεση σε ύδατα επιβαρυσμένα από Χειρουργικές Μάσκες Προστασίας (ΧΜΠ). Συγκεκριμένα, άτομα του είδους εκτέθηκαν για τέσσερις (4) ημέρες σε ΧΜΠ-επιβαρυσμένα ύδατα (παράλληλα με ομάδα ελέγχου σε καθαρό τεχνητό θαλασσινό νερό) που προέκυψαν από την παραμονή κατακερματισμένων ΧΜΠ σε δεξαμενές με τεχνητό θαλασσινό νερό (Artificial Sea Water/ASW, αναλογία 1 ΧΜΠ L-1), υπό σταθερές και ελεγχόμενες συνθήκες (θερμοκρασία, αλατότητα, φωτισμός) για χρονικό διάστημα 20 ημερών. Μετά το πέρας της έκθεσης συλλέχθηκαν βράγχια από τυχαία επιλεγμένα άτομα και ακολούθησε απομόνωση του ολικού RNA (χρήση TRizol), ποιοτικός και ποσοτικός έλεγχος και αλληλούχιση (εταιρία BGI). Τα δεδομένα της αλληλούχισης χρησιμοποιήθηκαν για την de novo συναρμολόγηση του μεταγραφώματος και τη μετέπειτα επεξεργασία και φιλτράρισμα με τη χρήση εργαλείων βιοπληροφορικής ανάλυσης (CD-HIT, BUSCO, BLAST, DESeq2) για την αξιολόγηση των μετάγραφων (transcripts) στα εκτιθέμενα άτομα και στα άτομα ελέγχου. Τα αποτελέσματα ανέδειξαν σημαντικό επαναπρογραμματισμό της γονιδιακής έκφρασης, με αυξημένη παρουσία μετάγραφων που σχετίζονται με οξειδωτικό stress και αποτοξικοποίηση στα εκτιθέμενα άτομα, και μειωμένη έκφραση γονιδίων που σχετίζονται με τον μεταβολισμό και την κυτταρική διαφοροποίηση. Σύμφωνα με τα αποτελέσματα, η παρουσία ΧΜΠ μπορεί αν επιφέρει σημαντικές μοριακές αλλαγές στα δίθυρα μαλάκια, υποδεικνύοντας το σπουδαίο ρόλο που μπορούν να διαδραματίσουν μοριακές προσεγγίσεις σε μελέτες εκτίμησης των περιβαλλοντικών επιπτώσεων αναδυόμενων ρύπων.

INVESTIGATION OF DFM-CONTAMINATED WATER EFFECTS ON GILLS OF THE SPECIES MYTILUS GALLOPROVINCIALIS THROUGH TRANSCRIPTOMIC ANALYSIS

Kalamaras Georgios¹, Dailianis Stefanos¹, Kamilari Maria²

1. Department of Biology, School of Natural Sciences, University of Patras, GR-26500, Rio, Patras, Greece

2. Hellenic Agricultural Organisation-ELGO-DIMITRA, GR-26442, Patras, Greece

The present study investigates gene expression in the gills of individuals of the species *Mytilus galloprovincialis* following exposure to waters contaminated by Disposable Face Masks (DFMs). Specifically, individuals of the species were exposed for four (4) days to DFM-contaminated water (in parallel with a control group in clean Artificial Sea Water/ASW), resulted from the incubation of fragmented DFMs in tanks containing ASW (ratio 1 DFM L⁻¹), under stable and controlled conditions (temperature, salinity, lighting) for a total period of 20 days. After the exposure period, gill tissues were collected from randomly selected individuals, followed by total RNA isolation (using TRIzol), qualitative and quantitative assessment, and sequencing (BGI company). The sequencing data were used for de novo transcriptome assembly and subsequent processing and filtering using bioinformatics analysis tools (CD-HIT, BUSCO, BLAST, DESeq2) to evaluate transcripts in both exposed and control individuals. The results revealed significant reprogramming of gene expression, with increased abundance of transcripts associated with oxidative stress and detoxification in treated individuals, and decreased expression of genes related to metabolism and cellular differentiation. According to the results, the presence of DFMs may induce significant molecular changes in bivalve mollusks, highlighting the important role of the molecular approaches in studies assessing the environmental impacts of emerging pollutants.

ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗ ΕΚΤΡΟΦΗΣ ΠΡΟΝΥΜΦΩΝ TENEBRIO MOLITOR (COLEOPTERA: TENEBRIONIDAE) ΜΕΣΩ ΣΤΑΔΙΑΚΗΣ ΑΝΤΙΚΑΤΑΣΤΑΣΗΣ ΣΥΜΒΑΤΙΚΩΝ ΥΠΟΣΤΡΩΜΑΤΩΝ ΜΕ ΥΠΟΠΡΟΪΟΝΤΑ ΔΙΑΛΟΓΗΣ-ΕΠΕΞΕΡΓΑΣΙΑΣ ΧΑΡΟΥΠΙΟΥ ΚΡΗΤΗΣ ΚΑΙ ΜΑΣΤΙΧΑΣ ΧΙΟΥ

Καπάκογλου Ελένη^{1*}, Καραφυλλίδου Αθηνά Δανάη^{1*}, Κουτσογεωργίου Ι. Ελένη², Στοϊκού Νικολέττα², Παντελή Νικόλας¹, Κρίγκας Νίκος^{2,3}, Ανδρεάδης Σ. Στέφανος², Αντωνοπούλου Ευθυμία¹

1. Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 54124 Θεσσαλονίκη

2. Ινστιτούτο Γενετικής Βελτίωσης και Φυτογενετικών Πόρων, Ελληνικός Γεωργικός Οργανισμός Δήμητρα, 57001 Θέρμη

3. Τμήμα Γεωπονίας, Σχολή Γεωπονικών Επιστημών, Ελληνικό Μεσογειακό Πανεπιστήμιο, 71410, Εσταυρωμένος, Ηράκλειο Κρήτης

**Ισότιμη συνεισφορά*

Η ραγδαία αύξηση του παγκόσμιου πληθυσμού εντείνει δραματικά την ανάγκη εύρεσης εναλλακτικών, βιώσιμων πηγών πρωτεΐνης. Στο πλαίσιο αυτό, τα έντομα, πέραν της υψηλής διατροφικής αξίας, μπορούν να εκτραφούν μαζικά σε πληθώρα υποστρώματων, συμπεριλαμβανομένων βιομηχανικών και γεωργικών παραπροϊόντων. Η παρούσα εργασία εξετάζει την επίδραση υπολειμμάτων από τη βιομηχανική επεξεργασία χαρουπιού Κρήτης και μαστίχας Χίου στην ανάπτυξη των προνυμφών αλευροσκώληκα *Tenebrio molitor* (Coleoptera: Tenebrionidae). Για τον σκοπό αυτό, οι προνύμφες εκτράφηκαν σε υποστρώματα με αυξανόμενα επίπεδα υπολειμμάτων διαλογής-επεξεργασίας χαρουπιού ή μαστίχας (0%, 25%, 50%, 75% και 100%), ως υποκατάστατα του συμβατικού πίτουρου σίτου. Όσον αφορά τα υπολείμματα χαρουπιού, η βέλτιστη απόδοση υποστρώματος και ρυθμός ανάπτυξης (SGR) παρατηρήθηκε σε υποκατάσταση 25%. Οι δείκτες αποδοτικότητας τροφής (FCR και ECI) έδειξαν ότι οι προνύμφες αξιοποίησαν αποτελεσματικότερα το μείγμα 25% υπολειμμάτων επεξεργασίας-διαλογής χαρουπιού, ενώ ο χρόνος ανάπτυξης επηρεάστηκε αρνητικά από την περαιτέρω αύξηση συμπερίληψης. Αντίστοιχα, για τα υπολείμματα επεξεργασίας-διαλογής μαστίχας, η ανάλυση των παραπάνω δεικτών ανέδειξε ένα διαφορετικό πρότυπο, υποδεικνύοντας βέλτιστη απόδοση σε υψηλότερα συγκριτικά ποσοστά συμπερίληψης. Συγκεκριμένα, οι δείκτες FCR και ECI έδειξαν ότι η αποδοτικότερη συγκέντρωση ήταν σε συμπερίληψη 75%, ενώ ο βέλτιστος ρυθμός ανάπτυξης (SGR) καταγράφηκε στο 50%. Τα αποτελέσματα υποδηλώνουν ότι τα υπολείμματα διαλογής-επεξεργασίας χαρουπιού και μαστίχας μπορούν να αξιοποιηθούν ως εναλλακτικά υποστρώματα εκτροφής, συμβάλλοντας τόσο στη βιώσιμη παραγωγή ζωικών προϊόντων όσο και στην προώθηση της κυκλικής οικονομίας. Ευχαριστούμε τους Δρ. Ηλία Συμυρνιούδη (Ένωση Μαστιχοπαραγωγών Χίου) και κ. Ηλία Μανούσακα (Creta Carob) για την παροχή των υποστρώματων εκτροφής.

EVALUATION OF TENEBRIO MOLITOR (COLEOPTERA: TENEBRIONIDAE) LARVAE REARING VIA GRADUAL REPLACEMENT OF CONVENTIONAL SUBSTRATES WITH AGRICULTURAL BY-PRODUCTS FROM THE SORTING-PROCESSING PROCEDURES OF CRETAN CAROB AND CHIOS MASTIC

Kapakoglou Eleni^{1*}, Karafyllidou Athena-Danae^{1*}, Koutsogeorgiou I. Eleni², Stoikou Nikoletta², Panteli Nikolas¹, Krigas Nikos^{2,3}, Andreadis S. Stefanos², Antonopoulou Efthimial¹

1. School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, 54124 Thessaloniki

2. Institute of Plant Breeding and Genetic Resources, Hellenic Agricultural Organization «Dimitra», 57001 Thermi

3. Department of Agriculture, School of Agricultural Sciences, Hellenic Mediterranean University, 71410, Estavromenos, Heraklion, Crete

**Equal contribution*

The rapid growth of the global population is intensifying the need for alternative and sustainable protein sources. In addition to their high nutritional value, insects can be reared on an industrial scale using numerous substrates, including industrial and agricultural by-products. In this context, the present study examines the effect of sorting-processing residues of Cretan carob and Chios mastic on the growth of mealworm larvae of *Tenebrio molitor* (Coleoptera: Tenebrionidae). To this end, the larvae were reared on substrates with increasing levels of carob or mastic sorting-processing residues (0%, 25%, 50%, 75%, and 100%) as wheat bran substitute. Concerning carob residues, the optimal substrate efficiency and growth rate (SGR) were observed at the 25% inclusion level. According to the feed conversion indices FCR and ECI, the larvae utilized the 25% mixture more efficiently, while growth time was negatively affected by further increases in the carob inclusion level. Regarding the mastic sorting-processing residues substrate, the analysis of the above-mentioned indices revealed a different pattern, where optimal performance was observed at higher inclusion levels compared to carob. In specific, the 75% inclusion level was assessed as the most efficient based on the FCR and ECI indices. However, the optimal growth rate (SGR) was observed at lower level (50%). The present results suggest that sorting-processing residues of carob and mastic can potentially be utilized as alternative mealworm feed substrates, thus contributing both to sustainable animal production and circular economy. We thank Dr. Ilias Smyrnioudis (Chios Mastiha Growers Association) and Mr. Ilias Manousakas (Creta Carob) for providing the rearing substrates.

ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΤΗΣ ΒΙΤΑΜΙΝΗΣ C ΣΤΗΝ ΑΓΧΩΔΗ ΣΥΜΠΕΡΙΦΟΡΑ ΚΑΙ ΤΗΝ ΕΝΕΡΓΟΤΗΤΑ ΤΩΝ G1 ΚΑΙ G4 ΙΣΟΜΟΡΦΩΝ ΤΗΣ ΑΚΕΤΥΛΟΧΟΛΙΝΕΣΤΕΡΑΣΗΣ ΣΕ ΕΓΚΕΦΑΛΙΚΕΣ ΠΕΡΙΟΧΕΣ ΑΡΣΕΝΙΚΩΝ ΜΥΩΝ ΤΟΥ ΕΠΙΛΗΠΤΙΚΟΥ ΜΟΝΤΕΛΟΥ ΤΗΣ ΠΕΝΤΥΛΕΝΟΤΕΤΡΑΖΟΛΗΣ (PTZ)

Καπίρη Αγγελική^{1*}, Βούλγαρη Ελένη^{1*}, Σάρλη Φωτεινή^{1*}, Ατσοπάρδη Κορίνα^{1,2}, Κανελλόπουλος-Κοτσώνης Κωνσταντίνος¹, Παναγοπούλου Μαρία³, Μαργαρίτη Μαριγούλα¹, Παναγόπουλος Θ Νικόλαος¹

1. Εργαστήριο Φυσιολογίας Ανθρώπου και Ζώων, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, Ελλάδα
2. Εργαστήριο Μοριακής Βιολογίας και Ανοσολογίας, Τμήμα Φαρμακευτικής, Πανεπιστήμιο Πατρών, Ελλάδα
3. Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Πατρών, Ελλάδα

**Ισότιμη συνεισφορά*

Η βιταμίνη C (Vit C) είναι ένας υδατοδιαλυτός αντιοξειδωτής που αναστέλλει τη διαδικασία του οξειδωτικού στρες αντιδρώντας άμεσα με τις οξειδωτικές ρίζες. Η παρούσα εργασία έχει στόχο να μελετήσει τις επιδράσεις της Vit C: α) στην αγχώδη συμπεριφορά (χρόνος θιγμοτακτισμού και αριθμός εισόδων στην κεντρική περιοχή) που παρατηρείται 24 ώρες μετά από μία και δύο κρίσεις επαγόμενες από PTZ και β) στην ενεργότητα των G1 και G4 ισομορφών της ακετυλοχολινεστεράσης (AChE) που εντοπίζονται στο διαλυτό σε άλας (SS) και απορρυπαντικό (DS) κλάσμα, αντίστοιχα, σε εγκεφαλικές περιοχές των μυών 24 ώρες μετά από δύο κρίσεις. Ενήλικοι αρσενικοί BALB/c μύες χωρίστηκαν σε 4 ομάδες: α) Ομάδα control: χορήγηση 0,9% NaCl, β) Ομάδα PTZ: το PTZ (60 mg/kg, ip) χορηγήθηκε για την επαγωγή των κρίσεων, γ) Ομάδα Vit C: χορήγηση Vit C (500 mg/kg, ip) και δ) Ομάδα PTZ+Vit C: χορήγηση Vit C (500 mg/kg, ip) 30 λεπτά πριν από τη χορήγηση PTZ. Οι συμπεριφορικές αξιολογήσεις έγιναν με τη δοκιμασία του ανοικτού πεδίου (OFT), ενώ η ενεργότητα της προσδιορίστηκε με τη χρωματομετρική μέθοδο του Ellman στα κλάσματα SS και DS. Τα αποτελέσματά μας έδειξαν ότι παρατηρήθηκε αγχώδης συμπεριφορά στις ομάδες PTZ και Vit C μόνο μετά από τη δεύτερη κρίση, ενώ η ταυτόχρονη χορήγηση Vit C δεν είχε καμία επίδραση στην αγχώδη συμπεριφορά μετά από την πρώτη ή τη δεύτερη κρίση. Επιπλέον, η χορήγηση PTZ μετά τη δεύτερη κρίση μείωσε την κινητική δραστηριότητα σε σύγκριση με την ομάδα ελέγχου, ενώ η ταυτόχρονη χορήγηση Vit C επανέφερε την κινητική δραστηριότητα στα φυσιολογικά επίπεδα. Μετά τη δεύτερη κρίση η χορήγηση PTZ και Vit C προκάλεσε μείωση στην ενεργότητα των G1 and G4 σε συγκεκριμένες περιοχές του εγκεφάλου, ενώ η ταυτόχρονη χορήγηση Vit C και PTZ ανέστρεψε αυτές τις επιδράσεις σε κάποιες από τις εγκεφαλικές περιοχές.

EFFECTS OF VITAMIN C ON ANXIETY-LIKE BEHAVIOR AND ACTIVITY OF G1 AND G4 ACETYLCHOLINESTERASE ISOFORMS IN SPECIFIC BRAIN REGIONS OF PENTYLENETETRAZOL (PTZ) EPILEPTIC MALE MICE

Kapiri Aggeliki^{1*}, Voulgari Eleni^{1*}, Sarli Fotini^{*}, Atsopardi Korina^{1,2}, Kanellopoulos-Kotsonis Konstantinos¹, Panagopoulou Maria³, Margarity Marigoula¹, Panagopoulos T Nikolaos¹

1. Laboratory of Human and Animal Physiology, Department of Biology, University of Patras, Greece

2. Laboratory of Molecular Biology and Immunology, Department of Pharmacy, University of Patras, Greece

3. Department of Medicine, University of Patras, Greece

**Equal contribution*

Vitamin C (Vit C) is a water-soluble antioxidant that inhibits the process of oxidative stress by interacting directly with free radicals. This study aimed to evaluate the effects of Vit C: a) on anxiety-like behavior (thigmotaxis time and number of entries in the central area) observed 24 hours after one and two PTZ-induced seizures and b) in the activity of G1 and G4 isoforms of acetylcholinesterase (AChE), determined in the salt soluble (SS) and detergent (DS) fraction, respectively, in brain regions of mice 24 hours after two seizures. Adult male BALB/c mice were divided into four groups: a) Control group: treatment with 0,9% NaCl, b) PTZ group: PTZ was administered (60 mg/kg, ip) for the induction of seizures, c) Vit C group: treatment with Vit C (500 mg/kg, ip) and d) PTZ+Vit C group: administration of Vit C (500 mg/kg, ip) 30 minutes before PTZ (60 mg/kg, ip) administrations. Behavioral assessments were conducted using the open field test (OFT), while AChE activity was determined using Ellman's colorimetric method in both SS and DS fractions. Our results showed that anxiety-like behavior was observed in the PTZ and Vit C groups only after the second seizure, while Vitamin C co-administration had no effect on anxiety-like behavior after either seizure. Additionally, PTZ administration after the second seizure reduced locomotor activity compared to controls, whereas co-administration of Vit C restored locomotor activity to control levels. After the second seizures PTZ and Vit C administration induced brain area-specific decreases in G1 and G4 activity, whereas co-administration of Vitamin C and PTZ reversed these effects in a brain region-specific manner.

ΟΞΕΙΔΟΑΝΑΓΩΓΙΚΗ ΚΑΤΑΣΤΑΣΗ ΑΣΘΕΝΩΝ ΜΕ ΑΥΤΟΑΝΟΣΑ ΡΕΥΜΑΤΙΚΑ ΝΟΣΗΜΑΤΑ: ΜΙΑ ΠΡΟΟΠΤΙΚΗ ΕΠΙΔΗΜΙΟΛΟΓΙΚΗ ΜΕΛΕΤΗ

Καραβέντζα Μαριάνθη¹, Γκόγκουρα Βασιλική Νεφέλη², Μποςδελεκίδου Παρασκευή², Κουρέτας Δημήτριος², Αλεξίου Ιωάννης³, Γκούβη Αρριάνα⁴, Μπόγδανος Δημήτριος⁴, Μέτσιος Σ. Γεώργιος¹, Βεσκούκης Σ. Αριστείδης¹

- 1. Τμήμα Διαιτολογίας και Διατροφολογίας, Σχολή Επιστήμης Φυσικής Αγωγής, Αθλητισμού και Διαιτολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Αργοναυτών ΙΓ, Τρίκαλα*
- 2. Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις, Μεζούρλο, Λάρισα*
- 3. Κλινική Ρευματολογίας και Κλινικής Ανοσολογίας, Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Λάρισας*
- 4. Κλινική Ρευματολογίας και Κλινικής*

Τα τελευταία χρόνια παρατηρείται αύξηση του επιπολασμού των χρόνιων μη μεταδιδόμενων φλεγμονωδών παθήσεων, όπου συγκαταλέγονται και τα αυτοάνοσα ρευματικά νοσήματα (APN). Η χρόνια φλεγμονή αποτελεί χαρακτηριστικό τους βιοχημικό γνώρισμα, ενώ παρατηρείται, επίσης, οξειδωτικό στρες και διαταραχή της οξειδοαναγωγικής ισορροπίας στο αίμα. Αυτή η βιοχημική διεργασία φαίνεται ότι συμβάλλει στην παθογένεση και εξέλιξη των APN. Σε αυτή τη λογική, η εκτίμηση της οξειδοαναγωγικής κατάστασης ασθενών με APN θα μπορούσε να αποτελέσει μία παράμετρο για την πρόβλεψη της πορείας τους και την έγκαιρη διάγνωσή τους. Σκοπός, επομένως, της παρούσας μελέτης ήταν η αξιολόγηση της οξειδοαναγωγικής κατάστασης ασθενών με ρευματοειδή αρθρίτιδα (ΡΑ), ψωριασική αρθρίτιδα (ΨΑ) και αγκυλοποιητική σπονδυλίτιδα (ΑΣ). Η μελέτη, εναρμονιζόμενη με τις αρχές της ανοικτής επιστήμης (Open Science), έχει εγγραφεί στη διεθνή βάση ClinicalTrials.gov. Συμμετείχαν 129 ασθενείς και συγκεκριμένα 53 με ΡΑ, 45 με ΨΑ και 31 με ΑΣ από τους οποίους συλλέχθηκαν δείγματα αίματος. Μετρήθηκαν σε μία χρονική στιγμή η δραστηριότητα της καταλάσης ως αντιοξειδωτικού ενζύμου και η συγκέντρωση της ανηγμένης γλουταθειόνης (GSH) ως καίριου αντιοξειδωτικού μεταβολίτη και δείκτη αντιοξειδωτικής άμυνας στα ερυθροκύτταρα. Επίσης, εκτιμήθηκαν η ολική αντιοξειδωτική ικανότητα και η συγκέντρωση των πρωτεϊνικών καρβονυλίων στο πλάσμα των ασθενών. Παρατηρήθηκε ότι οι ασθενείς με ΨΑ έχουν χαμηλότερη συγκέντρωση GSH ($0,45 \pm 0,32 \mu\text{mol/g Hb}$) συγκριτικά τόσο με τους ασθενείς με ΡΑ ($1,11 \pm 1,56 \mu\text{mol/g Hb}$, $p=0,026$) όσο και με τους ασθενείς με ΑΣ ($0,99 \pm 1,05 \mu\text{mol/g Hb}$, $p<0,001$). Δεν παρατηρήθηκε άλλη στατιστικά σημαντική διαφορά μεταξύ των ασθενειών σε κανέναν από τους υπόλοιπους δείκτες που μετρήθηκαν. Τα ευρήματα αναδεικνύουν την επιβαρυνμένη αντιοξειδωτική άμυνα των ασθενών με ΨΑ. Τελικά, η GSH φαίνεται να αποτελεί έναν δείκτη εκτίμησης του οξειδοαναγωγικού προφίλ ασθενών με APN και πιθανό στόχο βελτίωσης της ομαλής πορείας των APN.

REDOX STATUS OF PATIENTS WITH AUTOIMMUNE RHEUMATIC DISEASES: A PROSPECTIVE EPIDEMIOLOGICAL STUDY

Karaventza Marianthi¹, Gkogkoura Vasiliki Nefeli, Bosdelekidou Paraskevi², Kouretas Dimitrios, Alexiou Ioannis³, Gouvi Arriana⁴, Bogdanos Dimitrios⁴, Metsios S. Georgios¹, Veskokis S. Aristidis¹

1. Department of Nutrition and Dietetics, School of Physical Education, Sport Science and Dietetics, University of Thessaly, Argonafton 1C, Trikala, Greece

2. Department of Biochemistry and Biotechnology, School of Health Sciences, University of Thessaly, Biopolis, Mezourlo, Larissa, Greece

3. Department of Rheumatology and Clinical Immunology, University General Hospital of Larissa, Greece

In recent years, an increase in the prevalence of chronic non-communicable inflammatory diseases, including autoimmune rheumatic diseases (ARDs) has been observed. Chronic inflammation is one of their biochemical outcomes, whereas oxidative stress and disruption of blood redox equilibrium are also commonly measured. These biochemical procedures appear to contribute to the pathogenesis and progression of ARDs. To that end, the assessment of redox status of patients with ARDs could offer insight regarding the progression and timely diagnosis of these pathologies. Thus, the aim of the present study was to evaluate blood redox status of patients with rheumatoid arthritis (RA), psoriatic arthritis (PsA) and ankylosing spondylitis (AS). The trial, being in line with the principles of Open Science, has been registered in the international database ClinigalTrials.gov. A total of 129 patients (i.e., 53 with RA, 45 with PsA and 31 with AS) participated in the study. Blood samples were collected from all patients. Catalase activity, a crucial antioxidant enzyme, and reduced glutathione (GSH) concentration, a key antioxidant metabolite and a biomarker of antioxidant defence in erythrocytes, were measured. Additionally, total antioxidant capacity and protein carbonyl concentration were also assessed in plasma at one time point. According to the results, the patients with PsA have lower blood GSH concentration ($0.45 \pm 0.32 \mu\text{mol/g Hb}$) compared to both patients with RA ($1.11 \pm 1.56 \mu\text{mol/g Hb}$; $p=0.026$) and AS ($0.99 \pm 1.05 \mu\text{mol/g Hb}$; $p<0.001$). No other statistically significant differences were observed. The findings of this study highlight the impaired antioxidant defence of patients with PsA. Thus, GSH appears to be a biomarker for assessing the redox profile of patients with ARDs and a potential target for improvement of the progression of ARDs.

**ΠΑΡΑΠΡΟΪΟΝΤΑ ΕΛΑΙΟΥΡΓΙΑΣ ΩΣ ΚΑΙΝΟΤΟΜΑ ΠΡΟΣΘΕΤΑ ΖΩΟΤΡΟΦΩΝ:
ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΣΤΗΝ ΟΞΕΙΔΟΑΝΑΓΩΓΙΚΗ ΚΑΤΑΣΤΑΣΗ ΟΡΝΙΘΩΝ
ΚΡΕΟΠΑΡΑΓΩΓΗΣ ΥΠΟ ΣΥΝΘΗΚΕΣ ΣΤΡΕΣ**

Καραμπατζάκης Θωμάς, Σκαπέρδα Ζωή, Τέκος Φώτιος, Νεχαλιώτη Παρασκευή-Μαρία, Βαρδάκας Περικλής, Γκασδρόγκα Μαρία, Τρίχα Ορθοδοξία, Παπαδοπούλου Αναστασία, Messant Clémence, Γουγουλιάς Χρήστος, Κουρέτας Δημήτριος

Εργαστήριο Φυσιολογίας Ζωικών Οργανισμών, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις, Λάρισα, Ελλάδα, 41500

FoodOxys IKE TEXNOΒΛΑΣΤΟΣ, Περιφερειακή Οδός Λάρισας-Τρικάλων, Καραγάτσι, 41110, Λάρισα, Ελλάδα, 41335

Olea Fortius PC, Περιφερειακή Οδός Λάρισας-Τρικάλων, Καραγάτσι, 41110, Λάρισα, Ελλάδα, 41335, Innovad NV/SA, Cogels Osylei 33, 2600 Berch

Τα σύγχρονα συστήματα εκτροφής χαρακτηρίζονται από την παρουσία στρεσογόνων παραγόντων που επιβαρύνουν την υγεία και την απόδοση των ζώων, καθώς και την ποιότητα των παραγόμενων προϊόντων. Από τη βιομηχανία παραγωγής του ελαιόλαδου προκύπτουν παραπροϊόντα πλούσια σε βιοδραστικές φυτοχημικές ενώσεις, οι οποίες δύναται να συμβάλλουν στην ενίσχυση του οξειδοαναγωγικού προφίλ των εκτρεφόμενων ζώων. Η παρούσα μελέτη διερεύνησε την επίδραση ενός καινοτόμου πρόσθετου ζωοτροφής, προερχόμενου από στερεά παραπροϊόντα ελληνικών ελαιολιτριβείων, στην οξειδοαναγωγική κατάσταση ορνίθων κρεοπαραγωγής. Ειδικότερα, 384 όρνιθες κρεοπαραγωγής της φυλής ROSS 308 κατανεμήθηκαν τυχαία σε τέσσερις διατροφικές ομάδες για 35 ημέρες: αρνητικός μάρτυρας (NC) (σιτηρέσιο με βάση το καλαμπόκι), θετικός μάρτυρας (PC) (σιτηρέσιο με βάση το σιτάρι χωρίς ξυλανάση, διατροφικό στρες) και σιτηρέσια με βάση το σιτάρι χωρίς ξυλανάση εμπλουτισμένα με το παραπροϊόν σε 0,035% (p35) ή 0,05% (p50). Συλλέχθηκαν δείγματα αίματος στις 14, 21, 28 και 35 ημέρες, καθώς και δείγματα ήπατος, τυφλού και λεπτού εντέρου στις 35 ημέρες για την αξιολόγηση δεικτών οξειδοαναγωγικής κατάστασης. Με βάση τα αποτελέσματα, στις 35 ημέρες, οι ομάδες p35 και p50 εμφάνισαν αυξημένα επίπεδα ανηγμένης γλουταθειόνης (GSH) στο αίμα σε σχέση με το PC. Επίσης, στο ήπαρ, στις ομάδες NC, p35 και p50 παρατηρήθηκε αύξηση στα επίπεδα της GSH και μείωση του ρυθμού αποικοδόμησης του H₂O₂ και των επιπέδων των πρωτεϊνικών καρβονυλίων (PCARBS) σε σύγκριση με το PC. Επιπλέον, στο τυφλό έντερο, η ομάδα PC παρουσίασε αυξημένα επίπεδα προϊόντων λιπιδικής υπεροξειδωσής (TBARS) και PCARBS σε σχέση με τις υπόλοιπες ομάδες, ενώ στο λεπτό έντερο τα PCARBS μειώθηκαν στην ομάδα p50 σε σχέση με το PC. Συγκεντρωτικά, η προσθήκη του πρόσθετου ζωοτροφής στο σιτηρέσιο ορνίθων κρεοπαραγωγής υπό συνθήκες διατροφικού στρες οδήγησε στη βελτίωση του οξειδοαναγωγικού προφίλ μέσω της ενεργοποίησης του αντιοξειδωτικού μηχανισμού και της πρόληψης της οξειδωτικής βλάβης.

OLIVE OIL CO-PRODUCTS AS INNOVATIVE FEED ADDITIVES: EFFECT ON THE REDOX STATUS OF BROILERS UNDER STRESS CONDITIONS

Karampatzakis Thomas, Skaperda Zoi, Tekos Fotios, Nechaloti Paraskevi-Maria, Vardakas Periklis, Gkastrogka Maria, Tricha Orthodoxia, Papadopoulou Anastasia, Messant Clémence, Gougoulis Christos, Kouretas Demetrios

Laboratory of Animal Physiology, Department of Biochemistry and Biotechnology, School of Health Sciences, University of Thessaly, Volos, Larissa, Greece, 41500

FoodOxys PC spin-off, Larissa – Trikala Regional Road, Karagatsi, 41110, Larissa, Greece, 41335

Olea Fortius PC, Larissa – Trikala Regional Road, Karagatsi, 41110, Larissa, Greece, 41335

Innovad NV/SA, Cogels Osylei 33, 2600 Berchem

Modern farming practices are characterized by the presence of stressors that negatively affect animal health, performance, and the products quality. Olive oil industry generates co-products, rich in bioactive phytochemical compounds, which may contribute to enhancing the redox profile of livestock. The present study investigated the effects of an innovative feed additive, derived from Greek-origin olive oil co-products, on the redox status of broiler chickens. Specifically, 384 broiler chickens (ROSS 308) were randomly allocated to four dietary treatments for 35 days: negative control (NC) (corn-based diet), positive control (PC) (wheat-based diet without xylanase, inducing dietary stress), and wheat-based diets without xylanase supplemented with the olive oil co-product at 0,035% (p35) or 0,05% (p50). Blood samples were collected on days 14, 21, 28, and 35, while liver, blind gut, and small intestine samples were collected on day 35 to assess redox status biomarkers. Based on the results, at day 35, p35 and p50 groups showed increased levels of reduced glutathione (GSH) in the blood compared to the PC group. In the liver, NC, p35, and p50 groups exhibited higher GSH levels, along with a decreased rate of H₂O₂ decomposition and lower levels of protein carbonyls (PCARBS) compared to PC. Additionally, in the blind gut, PC group showed increased levels of lipid peroxidation products (TBARS) and PCARBS compared to the other groups, while in the small intestine, PCARBS levels were reduced in the p50 group compared to PC. Overall, dietary supplementation with the feed additive in broilers under nutritional stress improved the redox profile by enhancing antioxidant mechanisms and preventing oxidative damage.

**ΑΝΟΣΟΪΣΤΟΧΗΜΙΚΗ ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΗΣ ΣΥΣΤΑΣΗΣ ΤΩΝ ΚΥΤΤΑΡΙΚΩΝ
ΤΟΙΧΩΜΑΤΩΝ ΤΩΝ ΙΝΩΝ ΦΛΟΙΟΥ ΤΗΣ URTICA DIOICA L.**

Καρίνου Δελατόλα Ιωάννα, Σωτηρίου Πηνελόπη, Αδαμάκης Σ. Ιωάννης- Δημοσθένης

*Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, Ελλάδα, email:
iadamaki@biol.uoa.gr*

Η *Urtica dioica* L. αποτελεί πολυετές φυτό με σημαντικό οικολογικό, φαρμακευτικό, διατροφικό και βιομηχανικό ενδιαφέρον. Τα τελευταία χρόνια προσελκύει αυξανόμενη ερευνητική προσοχή λόγω των ινών του φλοιού της, οι οποίες χαρακτηρίζονται από υψηλή μηχανική αντοχή και μπορούν να αξιοποιηθούν ως φυσικές κλωστικές ίνες ή βιοϋλικά. Σκοπός της παρούσας εργασίας ήταν η συγκριτική μελέτη της σύστασης των κυτταρικών τοιχωμάτων των ινών του φλοιού της *U. dioica* σε διαφορετικά αναπτυξιακά στάδια. Αναλύθηκαν εγκάρσιες τομές από κορυφαία και βασικά μεσογονάτια τμήματα του βλαστού (νεαρές επιμηκνόμενες και περισσότερο διαφοροποιημένες ίνες, αντίστοιχα). Η ανάλυση πραγματοποιήθηκε με ανοσοϊστοχημικές μεθόδους, χρησιμοποιώντας μονοκλωνικά αντισώματα έναντι ειδικών επιτόπων πηκτινών και ημικυτταρινών. Τα αποτελέσματα ανέδειξαν διακριτά πρότυπα κατανομής των πηκτινικών συστατικών. Η σήμανση των υψηλά μεθυλεστεροποιημένων πηκτινών (JIM7) παρουσίασε απροσδόκητη κατανομή: στα κορυφαία μεσογονάτια το σήμα παρατηρήθηκε σε όλη την έκταση του κυτταρικού τοιχώματος με διάσπαρτες θέσεις εντονότερου φθορισμού, ενώ στα βασικά εντοπίστηκε σε όλο το πάχος της στιβάδας G, σε αντίθεση με την υπάρχουσα βιβλιογραφία. Αντίθετα, οι χαμηλά μεθυλεστεροποιημένες πηκτίνες (JIM5) παρουσίασαν διάστικτη κατανομή στις νεαρές ίνες και έντονη συγκέντρωση στα σημεία συναρμογής των ώριμων ινών με τα γειτονικά κύτταρα. Η ξυλογλυκάνη (LM25) ακολούθησε αναμενόμενη κατανομή στις νεαρές ίνες της κορυφής, ενώ στις ίνες της βάσης ο φθορισμός καταγράφηκε έντονος σε όλη την έκταση του τοιχώματός τους. Συμπερασματικά, η διαφοροποίηση των ινών φλοιού της *U. dioica* συνοδεύεται από σημαντικές χωρικές μεταβολές στη σύσταση του κυτταρικού τοιχώματος. Η παρουσία υψηλά μεθυλεστεροποιημένων πηκτινών στη στιβάδα G των ώριμων ινών αναδεικνύει νέες πτυχές της οργάνωσης του τοιχώματος και συμβάλλει στην κατανόηση των μηχανικών ιδιοτήτων των φυσικών φυτικών ινών.

IMMUNOHISTOCHEMICAL INVESTIGATION OF THE CELL WALL COMPOSITION OF BAST FIBRES IN URTICA DIOICA L.

Karinou Delatola Ioanna, Sotiriou Penelope, Adamakis S. Ioannis-Dimosthenis

*Department of Botany, Faculty of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, Greece
Email: iadamaki@biol.uoa.gr*

Urtica dioica L. is a perennial herbaceous plant of considerable ecological, medicinal, nutritional, and industrial interest. In recent years, it has attracted increasing research attention due to its bast fibres, which are characterized by high mechanical strength and can be exploited as natural textile fibres or biomaterials. The aim of the present study was to comparatively investigate the cell wall composition of *U. dioica* bast fibres at different developmental stages. Transverse sections from apical and basal internodes of the stem (representing young elongating and more differentiated fibres, respectively) were analyzed. The analysis was carried out using immunohistochemical methods, employing monoclonal antibodies against specific pectin and hemicellulose epitopes. The results revealed distinct distribution patterns of pectic components. Labelling of highly methyl-esterified pectins (JIM7) showed an unexpected distribution: in the apical internodes the signal was observed throughout the cell wall with scattered sites of stronger fluorescence, whereas in the basal internodes it was detected throughout the entire thickness of the G-layer, in contrast with the prevailing literature. By contrast, low methyl-esterified pectins (JIM5) showed a punctate distribution in young fibres and strong accumulation at the junctions between mature fibres and their neighbouring cells. Xyloglucan (LM25) followed the expected distribution in young apical fibres, while in basal fibres fluorescence was recorded as intense throughout the entire extent of their walls. In conclusion, the differentiation of *U. dioica* bast fibres is accompanied by significant spatial changes in cell wall composition. The presence of highly methyl-esterified pectins in the G-layer of mature fibres highlights new aspects of cell wall organization and contributes to the understanding of the mechanical properties of natural plant fibres.

ΤΡΟΠΟΠΟΙΗΣΗ ΤΗΣ ΔΟΜΗΣ ΠΗΚΤΩΝ ΤΟΥ ΠΟΛΥΣΑΚΧΑΡΙΤΗ GELLAN GUM ΜΕ ΕΚΧΥΛΙΣΜΑ CLITORIA TERNATEA ΚΑΙ ΧΡΗΣΗ ΥΠΕΡΗΧΩΝ

Καρπώνη Ελένη, Κωνσταντινίδου Χρυσούλα, Μανώλα Ελένη, Γιαννούλη Περσεφόνη

*Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις,
Λάρισα*

Gellan Gum (GG) είναι μικροβιακός πολυσακχαρίτης με ευρεία χρήση στη βιομηχανία τροφίμων, λόγω της ικανότητάς της να σχηματίζει σταθερά πηκτώματα. Σκοπός της παρούσας μελέτης ήταν η διερεύνηση της επίδρασης εκχυλίσματος *Clitoria Ternatea*, και της χρήσης υπερήχων στις μηχανικές ιδιότητες και τη μικροδομή πηκτών GG. Παρασκευάστηκαν πηκτές με 2,00% w/w GG και διαφορετικές συγκεντρώσεις εκχυλίσματος (0,00–1,00% w/w), οι οποίες υποβλήθηκαν σε υπερήχους (400W, 24kHz, 40min). Τα δείγματα αποθηκεύτηκαν υπό συνθήκες συντήρησης (5°C) και κατάψυξης (-20°C) και αξιολογήθηκαν ως προς τη σκληρότητα και τη μικροδομή τους μέσω οπτικής μικροσκοπίας. Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι στις συντηρούμενες πηκτές η προσθήκη εκχυλίσματος προκάλεσε μη γραμμική μεταβολή της σκληρότητας, με αύξηση έως 0,25% w/w, μείωση σε ενδιάμεσες συγκεντρώσεις και εκ νέου αύξηση στη μέγιστη συγκέντρωση. Τα δείγματα κατάψυξης παρουσίασαν γενικά υψηλότερες τιμές σκληρότητας, πιθανώς λόγω σχηματισμού παγοκρυστάλλων και αναδιοργάνωσης του δικτύου κατά τον κύκλο κατάψυξης-απόψυξης. Η μικροσκοπική ανάλυση επιβεβαίωσε τις δομικές μεταβολές αναδεικνύοντας αυξημένη ετερογένεια σε ενδιάμεσες συγκεντρώσεις και μεγαλύτερη συνοχή του δικτύου στη μέγιστη συγκέντρωση εκχυλίσματος. Συμπερασματικά, η συγκέντρωση του εκχυλίσματος και οι συνθήκες αποθήκευσης επηρεάζουν σημαντικά τη δομή και τη μηχανική συμπεριφορά των πηκτών GG.

MODIFICATION OF THE STRUCTURE OF GELLAN GUM GELS USING CLITORIA TERNATEA EXTRACT AND ULTRASOUND TREATMENT

Karponi Eleni, Konstantinidou Chrysoula, Manola Eleni, Giannouli Persephoni

*Department of Biochemistry and Biotechnology, School of Health Sciences, University of Thessaly,
Vioptis, Larissa, Greece*

Gellan Gum (GG) is a microbial polysaccharide widely used in the food industry due to its ability to form stable gels. The present study aimed to investigate the effect of Clitoria Ternatea extract and ultrasound treatment on the mechanical properties and microstructure of GG gels. Gels containing 2.00% w/w GG and varying concentrations of the extract (0.00–1.00% w/w) were prepared and subjected to ultrasound treatment (400 W, 24 kHz, 40 min). Samples were stored at 5°C and freezing conditions (−20°C) and evaluated in terms of hardness and microstructure using optical microscopy. The results showed that refrigerated gels exhibited a non-linear change in hardness upon extract, with an increase up to 0.25% w/w GG, a decrease at intermediate concentrations, and a subsequent increase at the highest concentration. Frozen samples generally showed higher hardness values, likely due to ice crystal formation and network reorganization during freeze–thaw cycles. Microscopic analysis confirmed structural changes, revealing increased heterogeneity at intermediate concentrations and enhanced network cohesion at the highest extract concentration. In conclusion, extract concentration and storage conditions significantly affect the structure and mechanical behavior of GG gels.

ΜΕΛΕΤΗ ΤΗΣ ΕΚΦΡΑΣΗΣ ΤΩΝ SMAD2, SMAD3 ΚΑΙ MCT4 ΣΤΑ ΚΥΚΛΟΦΟΡΟΥΝΤΑ ΚΑΡΚΙΝΙΚΑ ΚΥΤΤΑΡΑ (CTCS) ΣΕ ΑΣΘΕΝΕΙΣ ΜΕ ΜΗ-ΜΙΚΡΟΚΥΤΤΑΡΙΚΟ ΚΑΡΚΙΝΟ ΤΟΥ ΠΝΕΥΜΟΝΑ (NSCLC)

Κάτσεων Ελπίδα¹, Μαγγανή Καρολίνα¹, Χριστοπούλου Αθηνά², Ξαγαρά Αναστασία³, Κωτσάκης Αθανάσιος³, Καλλέργη Γαλάτεια¹

- 1. Εργαστήριο Βιοχημείας/Μεταστατικής Σηματοδότησης, Τομέας Γενετικής, Κυτταρικής Βιολογίας και Ανάπτυξης, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, Πάτρα 26504, Ελλάδα*
- 2. Ογκολογική Μονάδα, Γενικό Νοσοκομείο Πατρών «Άγιος Ανδρέας», 26332 Πάτρα, Ελλάδα*
- 3. Τμήμα Ιατρικής Ογκολογίας, Γενικό Πανεπιστημιακό Νοσοκομείο Λάρισας, 41334 Λάρισα, Ελλάδα*

Ο μη-μικροκυτταρικός καρκίνος του πνεύμονα (NSCLC) αποτελεί τον πιο συχνά εμφανιζόμενο τύπο καρκίνου του πνεύμονα και συχνά διαγιγνώσκεται σε προχωρημένα στάδια, οδηγώντας σε χαμηλή επιβίωση των ασθενών. Η υγρή βιοψία αποτελεί μια ελάχιστη επεμβατική μέθοδο, που εστιάζει στη μελέτη, μεταξύ άλλων, των κυκλοφορούντων καρκινικών κυττάρων (CTCs). Στον NSCLC έχει παρατηρηθεί αυξημένη ενεργοποίηση της σηματοδοτικής οδού του TGF- β , της οποίας βασικοί διαμεσολαβητές είναι οι Smad2/3. Σε συνθήκες υποξίας, αυτοί μπορούν να οδηγήσουν σε υπερέκφραση του μεταφορέα MCT4, ο οποίος ευθύνεται για την μεταφορά γαλακτικού οξέος και έχει βρεθεί ότι υπερεκφράζεται σε CTCs ασθενών με NSCLC. Η παρούσα μελέτη εστιάζει στη διερεύνηση της έκφρασης των Smad2/3 και του MCT4 σε CTCs 46 ασθενών με NSCLC. Τα CTCs απομονώθηκαν με το σύστημα μικροδιήθησης ISET και αναλύθηκαν με ανοσοφθορισμό με χρήση αντισωμάτων για κυτταροκερατίνες (CKs), CD45, Smad2/3 και MCT4. Η ανάλυση πραγματοποιήθηκε με το αυτοματοποιημένο μικροσκόπιο VyCAP και ακολούθησε στατιστική ανάλυση. CTCs ανιχνεύθηκαν συνολικά στους 16 από τους 46 ασθενείς (34,7%), με το 19% αυτών των ασθενών να είναι θετικοί για Smad2/3 και το 12% για MCT4. Επίσης, 11/46 (24%) των ασθενών παρουσίασαν συστάδες CTCs, εκ των οποίων το 44% ήταν ετεροτυπικές και το 56% ομοτυπικές. Ακόμη, το 86% των CTCs των ασθενών ήταν αρνητικό τόσο για Smad2/3 όσο και για MCT4. Συνολικά, τα αποτελέσματα καταδεικνύουν στατιστικά σημαντικά μειωμένη έκφραση των Smad2/3 ($p < 0,001$) και MCT4 ($p < 0,001$) στα CTCs των ασθενών. Απαιτούνται μελέτες σε περισσότερους ασθενείς με NSCLC για επιβεβαίωση της κλινικής σημασίας των ευρημάτων στη μετάσταση.

SMAD2, SMAD3 AND MCT4 EXPRESSION IN CIRCULATING TUMOR CELLS (CTCS) IN NON-SMALL CELL LUNG CANCER (NSCLC) PATIENTS

Katsenou Elpida¹, Mangani Karolina¹, Christopoulou Athina², Xagara Anastasia³, Kotsakis Athanasios³, Kallergi Galatea¹

- 1. Laboratory of Biochemistry/Metastatic Signaling, Section of Genetics, Cell Biology and Development, Department of Biology, University of Patras, Patras 26504, Greece*
- 2. Oncology Unit, ST Andrews General Hospital of Patras, 26332 Patras, Greece*
- 3. Department of Medical Oncology, General University Hospital of Larissa, Larissa 41334, Greece*

Non-small cell lung cancer (NSCLC) is the most frequent type of lung cancer and is often diagnosed at advanced stages, resulting in poor patient survival. Liquid biopsy is a minimally invasive approach that, among other applications, focuses, on the analysis of circulating tumor cells (CTCs). In NSCLC, increased activation of the TGF- β signaling pathway has been observed, with Smad2/3 acting as key mediators. Under hypoxic conditions, these transcription factors can induce MCT4 overexpression, which mediates lactate efflux and has been reported to be highly expressed in CTCs from NSCLC patients. The present study investigates the expression of Smad2/3 and MCT4 in CTCs derived from 46 NSCLC patients. CTCs were isolated using the ISET microfiltration system and analyzed by immunofluorescence using antibodies against cytokeratins (CKs), CD45, Smad2/3, and MCT4. Samples were analyzed using VyCAP platform, followed by statistical analysis. CTCs were detected in 16 out of 46 patients (34.7%), of whom 19% were Smad2/3-positive and 12% were MCT4-positive. In addition, CTC clusters were detected in 11/46 (24%) of patients. Regarding these clusters, 44% of them were heterotypic, while 56% were homotypic. Moreover, 86% of patients' CTCs were negative for both Smad2/3 and MCT4. Overall, the results demonstrate a statistically significant reduced expression of Smad2/3 ($p < 0,001$) and MCT4 ($p < 0,001$) in CTCs from patients. Further studies in a larger cohort of NSCLC patients are required to validate the potential clinical significance of these findings in the metastatic cascade.

ΑΝΑΠΑΡΑΓΩΓΗ ΤΟΥ *ALBURNUS MACEDONICUS* ΣΤΗ ΛΙΜΝΗ ΔΟΪΡΑΝΗ

Καφάση Μαλαματή¹, Πετρίκη Όλγα², Γκάνιας Κωνσταντίνος¹

1. Εργαστήριο Ιχθυολογίας, Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Τ.Κ. 54124, Θεσσαλονίκη

2. Τμήμα Αλιείας και Υδατοκαλλιέργειών, Πανεπιστήμιο Πατρών, Τ.Κ. 30200, Μεσολόγγι

Η αναπαραγωγική βιολογία του ενδημικού είδους της λίμνης Δοϊράνης *Alburnus macedonicus* διερευνήθηκε κατά το 2025 μέσω της μηνιαίας μεταβολής του γοναδοσωματικού δείκτη (GSI) και της εκτίμησης του μήκους πρώτης ωρίμανσης (L50). Ο GSI υπολογίστηκε ως $GSI = (GW/W) \times 100$, όπου GW το βάρος γονάδων και W το ολικό βάρος σώματος. Το L50 εκτιμήθηκε με προσαρμογή λογιστικής παλινδρόμησης μεταξύ κατάστασης ωρίμανσης και ολικού μήκους. Οι τιμές του GSI αυξήθηκαν από τις αρχές της άνοιξης, κορυφώθηκαν στα τέλη της άνοιξης (Μάιος) και μειώθηκαν απότομα στις αρχές του καλοκαιριού (Ιούνιος–Ιούλιος), υποδηλώνοντας ολοκλήρωση της ωοτοκίας. Κατά το θέρους και τις αρχές του φθινοπώρου οι τιμές παρέμειναν χαμηλές, αντανακλώντας περίοδο διάπαυσης, ενώ μικρή αύξηση προς τα τέλη του φθινοπώρου υποδηλώνει επανεκκίνηση της αναπαραγωγής. Διαπιστώθηκε διαφοροποίηση μεταξύ φύλων, με τα θηλυκά να παρουσιάζουν σταθερά υψηλότερες τιμές GSI κατά την αναπαραγωγική περίοδο, γεγονός που υποδηλώνει μεγαλύτερη αναπαραγωγική επένδυση. Παρατηρήθηκε επίσης φυλετικός διμορφισμός μεγέθους, καθώς τα θηλυκά είχαν σημαντικά μεγαλύτερο ολικό μήκος από τα αρσενικά ($p < 0,001$). Το L50 εκτιμήθηκε ίσο με 89,9 mm (95% CI: 84,1–94,4 mm). Συνεπώς, το είδος ωριμάζει σε σχετικά μικρό μέγεθος σώματος, στοιχείο που συνάδει με τον σύντομο κύκλο ζωής και την γρήγορη αύξησή του.

REPRODUCTION OF ALBURNUS MACEDONICUS IN LAKE DOIRANI

Kafasi Malamati¹, Petriki Olga², and Gkaniias Konstantinos¹

1. Laboratory of Ichthyology, Department of Zoology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, 54124 Thessaloniki, Greece

2. Department of Fisheries and Aquaculture, University of Patras, 30200 Mesolongi, Greece

The reproductive biology of the endemic *Alburnus macedonicus* was investigated in Lake Doirani during 2025 through analysis of seasonal variation in the gonadosomatic index (GSI) and estimation of length at first maturity (L50). GSI was calculated as $GSI = (GW/W) \times 100$, where GW is gonad weight and W is total body weight. Length at first maturity (L50) was estimated by fitting a logistic regression model between maturity status and total length. Mean GSI values increased from early spring, peaked in late spring (May), and declined sharply in early summer (June–July), indicating completion of spawning. During summer and early autumn, GSI values remained low, reflecting a resting phase, while a slight increase in late autumn suggests the onset of gonadal redevelopment. A sex-specific reproductive pattern was observed, with females consistently exhibiting higher GSI values during the reproductive period, indicating greater reproductive investment. Sexual size dimorphism was also evident, as females attained significantly greater total length than males ($p < 0.001$). L50 was estimated at 89.9 mm (95% CI: 84.1–94.4 mm). These findings indicate that *A. macedonicus* reaches sexual maturity at a relatively small body size, consistent with its short life cycle and rapid growth.

Η GCN5.A ΕΙΝΑΙ ΘΕΤΙΚΟΣ ΡΥΘΜΙΣΤΗΣ ΤΗΣ ΑΝΑΠΑΡΑΓΩΓΗΣ ΣΤΑ ΦΥΤΑ BRASSICA RAPA

Καφταντζή Μαρία Αικατερίνη^{1,2}, Τερσενίδης Χρήστος¹, Πούλιος Στυλιανός¹, Βλαχονάσιος Κωνσταντίνος^{1,2}

1. Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

2. ΠΜΣ Εφαρμογές στη Βιολογία, “Βιοτεχνολογία, Μοριακός και Μικροβιολογικός Έλεγχος Προϊόντων και Τροφίμων”, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

Μια από τις πιο μελετημένες μετα-μεταφραστικές τροποποιήσεις είναι η ακετυλίωση ιστονών, που συμβάλλει στην αποέλιξη του DNA από το οκταμερές για να πραγματοποιηθεί η διεργασία της μεταγραφής. Το σύμπλοκο SAGA είναι ένα πολυπρωτεϊνικό σύμπλοκο, το οποίο φέρει δράση ακετυλοτρανσφεράσης ιστονών έχοντας ως καταλυτική πρωτεΐνη την GENERAL CONTROL NON-DEREPRESSIBLE 5 (GCN5). Στο *Arabidopsis thaliana*, η GCN5 φαίνεται πως συμμετέχει σε ποικίλες αναπτυξιακές διεργασίες του φυτού, καθώς και στις αποκρίσεις στις φυτικές ορμόνες. Μεταλλάγματα *gcn5* παρουσιάζουν προβλήματα στην αύξηση, ανάπτυξη και αναπαραγωγή των φυτών. Αναλυτικότερα παρουσιάζουν μειωμένη αναπαραγωγική ικανότητα, με τις ταξιανθίες να παράγουν μικρότερους καρπούς, μειωμένο συνολικό αριθμό σπερμάτων καθώς και αυξημένο ποσοστό μη φυσιολογικών σπερμάτων. Το *Brassica rapa* είναι ένα διπλοειδές φυτό, το οποίο ανήκει στην ίδια οικογένεια με το *Arabidopsis*, παρουσιάζοντας παρόμοια αναπτυξιακά χαρακτηριστικά. Το γονιδίωμα του *Brassica rapa* έχει προκύψει από αρχαίο τριπλασιασμό με συνέπεια να φέρει τρία παράλογα μεταξύ τους γονίδια που είναι ομόλογα ως προς το *AtGCN5*. Τα γονίδια αυτά ονομάστηκαν αντίστοιχα *BraGCN5.a*, *BraGCN5.b* και *BraGCN5.c*. Στόχος της παρούσας μελέτης ήταν ο χαρακτηρισμός μεταλλαγμάτων *gcn5.a* του *B. rapa* και η σύγκρισή τους με γνωστά *gcn5* μεταλλάγματα του *A. thaliana*. Από τα αποτελέσματα προκύπτει ότι η *BraGCN5.a* είναι μια συντετμημένη πρωτεΐνη. Φυτά που φέρουν σημειακές μεταλλάξεις *Bragcn5.a* παρουσιάζουν μειωμένη αναπαραγωγική ικανότητα, με ένα ποσοστό των φυτών να εμφανίζονται στείρα. Παράλληλα, παρατηρήθηκε μείωση της συνολικής παραγωγής σπερμάτων ανά φυτό και αύξηση του ποσοστού των μη-φυσιολογικών μορφολογικά σπερμάτων (ανώριμα, αφυδατωμένα, αποβλημένα και *viniparous*). Συμπερασματικά η *BraGCN5.a* είναι θετικός ρυθμιστής της αναπαραγωγής. Η έρευνα υποστηρίζεται από το Ελληνικό Ίδρυμα Έρευνας και Καινοτομίας (ΕΛ.ΙΔ.Ε.Κ). Αριθμός επιχορήγησης 3026. Επιστημονικός υπεύθυνος: Βλαχονάσιος Κωνσταντίνος

GCN5.A IS A POSITIVE REGULATOR OF REPRODUCTION IN BRASSICA RAPA PLANTS

Kaftantzi Maria Aikaterini^{1,2}, Tersenidis Christos¹, Poullos Stylianos¹, Vlachonasios Konstantinos^{1,2}

1. Department of Botany, School of Biology, Faculty of Science, Aristotle University of Thessaloniki, Greece

2. MSc in Biological Applications, "Biotechnology, Molecular and Microbiological Analysis of Products and Food", School of Biology, Faculty of Science, Aristotle University of Thessaloniki, Greece

One of the most studied post-translational modifications is histone acetylation, which unwraps DNA from the histone octamer and contributes to processes such as transcription. The SAGA complex is a multiprotein complex with a Histone Acetyl Transferase module. The catalytic protein of this module is the GENERAL CONTROL NON-DEREPRESSIBLE 5 (GCN5). In *Arabidopsis thaliana*, GCN5 appears to participate in several developmental processes and responses to plant hormones. *Atgcn5* plants exhibit defects in growth, development and reproduction. In more detail, plants produce smaller siliques with fewer seeds, while the percentage of abnormal seeds increases. *Brassica rapa* is a diploid with growth attributes similar to those of *Arabidopsis*, since they belong to the same plant family. As a result of an ancient triplication, *B. rapa* contains three paralogous genes to *AtGCN5*, designated as *BraGCN5.a*, *BraGCN5.b*, and *BraGCN5.c*. This study aimed to phenotype and observe multiple *Bragcn5.a* mutants and compare them with known *Atgcn5* phenotypes. Our results show that *BraGCN5.a* is a truncated protein. In *Bragcn5.a*, reproduction is affected, with some plants exhibiting sterility. Fertile plants exhibited reduced seed production and an increased number of abnormal seeds (immature, dehydrated, aborted, and viviparous). In conclusion, *BraGCN5.a* appears to be a positive regulator of reproduction. This work is supported by the Hellenic Foundation for Research and Innovation (HFRI) Grant Number 3026. PI Konstantinos Vlachonasios

ΧΑΡΑΚΤΗΡΙΣΜΟΣ ΕΝΟΣ ΕΝΙΣΧΥΤΗ ΣΕ ΕΝΑΝ ΡΥΘΜΙΣΤΙΚΟ ΑΞΟΝΑ lncRNA-mRNA ΣΤΟΝ ΓΑΣΤΡΙΚΟ ΚΑΡΚΙΝΟ

Καψή Αθηνά, Δρόσος Χρίστος, Μπεγκόλλι Ροντιόλα, Ανατολιωτάκη Χριστίνα, Γιακουντής Αντώνιος

Εργαστήριο Μοριακής Βιολογίας και Γονιδιοματικής, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις, 41500 Λάρισα

Ο γαστρικός καρκίνος αποτελεί την πέμπτη συχνότερη κακοήθεια και την τέταρτη αιτία θανάτου από καρκίνο παγκοσμίως. Η διάγνωσή του σε προχωρημένα στάδια υπογραμμίζει την ανάγκη για νέους βιοδείκτες, όπως τα μακρά μη κωδικοποιητικά RNA (lncRNAs). Η παρούσα μελέτη διερευνά έναν ρυθμιστικό άξονα lncRNA-mRNA σε κύτταρα γαστρικού καρκίνου, με στόχο τον χαρακτηρισμό ενός πιθανού ενισχυτή και την αξιολόγηση της λειτουργικής και δυναμικής κλινικής του σημασίας. Μία υπονήφια αλληλουχία ενισχυτή χωρίστηκε σε τρία τμήματα και η μεταγραφική τους δραστηριότητα αξιολογήθηκε με δοκιμασίες λουσιφεράσης. Μετά τον εντοπισμό του ενεργότερου τμήματος, εφαρμόστηκε στοχευμένη μεταλλαξιγένεση μέσω του συστήματος CRISPR/nCas9 (knockout, KO). Στη συνέχεια, αξιολογήθηκαν οι επιδράσεις αυτής της παρέμβασης στην έκφραση των γειτονικών γονιδίων εντός του άξονα. Επιπλέον, η δραστηριότητα του ενισχυτή εξετάστηκε μετά από διαταραχή άλλων ρυθμιστικών στοιχείων του άξονα, προκειμένου να διερευνηθεί περαιτέρω το ευρύτερο ρυθμιστικό δίκτυο. Η γενετικά τροποποιημένη κυτταρική σειρά εμφάνισε μειωμένη έκφραση τόσο του lncRNA όσο και του mRNA του άξονα. Παρατηρήθηκε μείωση της κυτταρικής μετανάστευσης, όπως εκτιμήθηκε με δοκιμασίες επούλωσης πληγής, καθώς και μειωμένη πολλαπλασιαστική ικανότητα, όπως τεκμηριώθηκε από δοκιμασίες σχηματισμού αποικιών, με ταυτόχρονη μείωση του αριθμού και του μεγέθους των αποικιών. Συνολικά, η στοχευμένη μεταλλαξιγένεση της αλληλουχίας του ενισχυτή οδηγεί σε έναν ογκοκατασταλτικό φαινότυπο. Τα ευρήματα αυτά αναδεικνύουν τον ρυθμιστικό ρόλο του συγκεκριμένου ενισχυτή στον άξονα lncRNA-mRNA και τη συμβολή του στα φαινοτυπικά χαρακτηριστικά των καρκινικών κυττάρων.

CHARACTERIZATION OF AN ENHANCER ELEMENT WITHIN A LNCRNA-MRNA REGULATORY AXIS IN GASTRIC CANCER

Kapsi Athina, Drosos Christos, Begoli Rodiola, Anatoliotaki Christina, Giakountis Antonis

Molecular Biology and Genomics Lab, Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, Biopolis, 41500 Larissa

Gastric cancer is the fifth most frequent malignancy and the fourth leading cause of cancer-related mortality worldwide. Its diagnosis at advanced stages underscores the need for novel biomarkers, such as long non-coding RNAs (lncRNAs). This study investigates a lncRNA-mRNA regulatory axis in gastric cancer cells, aiming to characterize a putative enhancer element and evaluate its functional and potential clinical significance. A candidate enhancer sequence was divided into three fragments, and their transcriptional activity was assessed using luciferase reporter assays. After identifying the most active fragment, targeted mutagenesis via the CRISPR/nCas9 system (knockout, KO) was applied. Subsequently, the effects of this intervention on the expression of neighboring genes within the axis were evaluated. Furthermore, the activity of the enhancer was examined following the disruption of other regulatory elements of the axis, in order to further investigate the regulatory network. The genetically modified cell line exhibited reduced expression of both the lncRNA and the mRNA of the axis. A decrease in cell migration was observed, as assessed by wound healing assays, as well as reduced proliferative capacity, as evidenced by the colony formation assays, with a simultaneous decrease in the number and size of the colonies. Overall, the targeted disruption of the enhancer sequence leads to a tumor-suppressive phenotype. These findings highlight the regulatory role of the specific enhancer in the lncRNA-mRNA axis and its contribution to the phenotypic characteristics of cancer cells.

«DEEP LEARNING» ΣΤΗ ΜΟΡΦΟΜΕΤΡΙΑ: ΜΙΑ ΑΥΤΟΜΑΤΟΠΟΙΗΜΕΝΗ ΠΡΟΣΕΓΓΙΣΗ ΣΤΗΝ ΠΟΛΥΓΩΝΟΠΟΙΗΣΗ ΤΟΥ ΟΥΡΑΙΟΥ ΠΤΕΡΥΓΙΟΥ ΙΧΘΥΩΝ

Κοιλάκος Στέφανος, Σαράτσης Βασίλειος, Γεωργάτης Ιωάννης, Λεονάρδος Ιωάννης

Εργαστήριο Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογικών Εφαρμογών και Τεχνολογιών, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων, 45110 Ιωάννινα

Η ποσοτική ανάλυση μορφολογικών χαρακτηριστικών αποτελεί θεμελιώδη παράμετρο στη μελέτη της βιολογίας των ιχθύων. Ωστόσο, η χειροκίνητη εξαγωγή δομών, όπως το ουραίο πτερύγιο, παραμένει χρονοβόρα και επιρρεπής σε υποκειμενικότητα. Στην παρούσα εργασία προτείνεται μια αυτοματοποιημένη υπολογιστική ροή εργασίας για την τμηματοποίηση και πολυγωνοποίηση ουραίων πτερυγίων από ψηφιακές εικόνες. Η προσέγγιση βασίζεται σε ένα συνελκτικό νευρωνικό δίκτυο (CNN), με κωδικοποιητή βασισμένο στο MobileNetV2 (παράμετρος πλάτους $\alpha = 0.35$) και αποκωδικοποιητή εμπνευσμένο από το U-Net. Η μετα-επεξεργασία πραγματοποιείται στο ImageJ για την εξαγωγή πολυγωνικών περιγραμμάτων. Το μοντέλο επιτυγχάνει δείκτη Dice 0.904, ακρίβεια 0.950 και ανάκληση 0.930, ενώ χαρακτηρίζεται από χαμηλή υπολογιστική πολυπλοκότητα (0.278 GFLOPs) και μικρό αριθμό παραμέτρων (0.96 εκατομμύρια), καθιστώντας το κατάλληλο για μεγάλης κλίμακας αναλύσεις.

"DEEP LEARNING" IN MORPHOMETRY: AN AUTOMATED APPROACH TO FISH CAUDAL FIN POLYGONIZATION

Koilakos Stefanos, Saratsis Vasileios, Georgatis Ioannis, Leonardos Ioannis

Zoology Laboratory, Department of Biological Applications and Technologies, Health Sciences, University of Ioannina, 45110 Ioannina

Quantitative analysis of morphological features is a fundamental parameter in the study of fish biology. However, manual extraction of structures, such as the caudal fin, remains time-consuming and prone to subjectivity. In this work, an automated computational workflow is proposed for the segmentation and polygonization of caudal fins from digital images. The approach is based on a convolutional neural network (CNN), with an encoder based on MobileNetV2 (width parameter $\alpha = 0.35$) and a decoder inspired by U-Net. Post-processing is performed in ImageJ to extract polygonal contours. The model achieves a Dice index of 0.904, precision of 0.950 and recall of 0.930, while it is characterized by low computational complexity (0.278 GFLOPs) and a small number of parameters (0.96 million), making it suitable for large-scale analyses.

ΕΡΑΣΙΤΕΧΝΙΚΗ ΑΛΙΕΙΑ ΣΤΑ ΔΩΔΕΚΑΝΗΣΑ: ΠΡΟΚΑΤΑΡΚΤΙΚΑ ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ

Κονδυλάτος Γεράσιμος και Καραχλέ Παρασκευή

Υδροβιολογικός Σταθμός & Ενυδρείο Ρόδου, Ινστιτούτο Θαλάσσιων Βιολογικών Πόρων και Εσωτερικών Υδάτων, ΕΛΚΕΘΕ

Η ερασιτεχνική αλιεία ή αλιεία αναψυχής είναι μια ευρέως διαδεδομένη δραστηριότητα παγκοσμίως, με σημαντικές κοινωνικές και οικονομικές διαστάσεις. Ωστόσο, η δραστηριότητα αυτή μπορεί να ασκήσει πίεση στα οικοσυστήματα και τη βιοποικιλότητα, καθώς ενδέχεται να στοχεύονται είδη υψηλής τρωτότητας, ενώ έχει αξιοσημείωτη συμμετοχή στη συνολική αλιευτική παραγωγή. Έτσι, η παρακολούθηση της θαλάσσιας ερασιτεχνικής αλιείας (ΘΕΑ) έχει συμπεριληφθεί στο Πολυετές Πρόγραμμα Παρακολούθηση της Αλιείας της ΕΕ, καθιστώντας υποχρέωση των Κρατών-Μελών να την παρακολουθούν από το Εθνικό Πρόγραμμα Συλλογής Αλιευτικών Δεδομένων (ΕΠΣΑΔ). Εδώ παρουσιάζονται προκαταρκτικά αποτελέσματα για τη ΘΕΑ στα Δωδεκάνησα (Ρόδος και Κως). Τα δεδομένα συλλέχθηκαν με ερωτηματολόγιο που αναπτύχθηκε στο πλαίσιο του ΕΠΣΑΔ για τη συγκεκριμένη δράση, και καλύπτει κύριες πτυχές της δραστηριότητας. Πραγματοποιήθηκαν συνεντεύξεις στο πεδίο, κατά τη διάρκεια αλιευτικής δραστηριότητας σε τρεις χρονικές περιόδους (Ιούνιος, Σεπτέμβριος και Δεκέμβριος 2025), και καταγράφηκαν, μεταξύ άλλων, ο τύπος της δραστηριότητας (από την ακτή, από σκάφος και υποβρύχια αλιεία/ψαροτούφεκο), το κύριο εργαλείο που χρησιμοποιήθηκε, και το αλίευμα (που κρατήθηκε ή/και απορρίφθηκε). Συνολικά πραγματοποιήθηκαν 146 συνεντεύξεις (Ιούνιος: 59, Σεπτέμβριος: 27, και Δεκέμβριος: 60). Στη συντριπτική πλειονότητα (142 περιπτώσεις) η δραστηριότητα αφορούσε αλιεία από την ακτή, με κύριο εργαλείο το καλάμι. Σχεδόν το μισό από το αλίευμα που καταγράφηκε αφορούσε το Λεσσεψιανό είδος αγριόσαλα *Siganus rivulatus* (35 από 76 άτομα), που είναι άφθονο είδος στην περιοχή, ακολουθούμενο από το σαργό *Diplodus sargus* (εννέα άτομα), τη γόπα *Boops boops* και το μελανούρι *Oblada melanurus* (από επτά άτομα το καθένα). Συμπερασματικά, παρουσιάζεται η πρώτη προσπάθεια καταγραφής της ΘΕΑ στα Δωδεκάνησα στο πλαίσιο του ΕΠΣΑΔ. Η παρακολούθηση θα συνεχιστεί, με στόχο τη συλλογή περισσότερης και πιο λεπτομερούς πληροφορίας σχετικά με αυτή τη δραστηριότητα στην περιοχή.

RECREATIONAL FISHING IN THE DODECANESE ISLANDS: PRELIMINARY RESULTS

Kondylatos Gerasimos and Karachle Paraskevi

Hydrobiological Station of Rhodes, Institute of Biological Resources and Inland Waters, Hellenic Centre for Marine Research, Greece

Recreational fishing or leisure fishing is a widespread activity worldwide, with important social and economic dimensions. Yet, as an activity it can exert pressure on ecosystems and biodiversity, including species of high vulnerability, with a significant revenue in total fisheries catches. Consequently, monitoring of marine recreational fishing (MRF) has been included in the European Union Multi-Annual Programme (EU-MAP, former Data Collection Framework, DCF), requiring Member States to collect relevant data and deliver national estimates. Herein, preliminary results on MRF in the Dodecanese Islands (Rhodes and Kos) are presented. Data were collected using a questionnaire developed within the Greek EU-MAP, covering key aspects of MRF activity. Interviews were performed on-site during MRF operations, in three-time intervals (June, September and December 2025), and, among others, type of activity (boat and shore-based and spearfishing), gear used, and catch (retained and released) were recorded. In total, 146 interviews were performed (June: 59, September: 27, and December:60). The vast majority of the MRF operations (142 cases) were conducted from shore and the main gear used was fishing rod. Half of the recorded catch was the Lessepsian rabbitfish *Siganus rivulatus* (35 out of 76 individuals), a highly abundant species in the area, followed by *Diplodus sargus* (nine individuals), Boops boops and *Oblada melanurus* (seven individuals each). This study presents the first attempt to document MRF in the Dodecanese Islands within the EU-MAP framework, and monitoring will continue, aiming to collect more comprehensive information on this activity in the region.

**ΜΕΛΕΤΗ ΤΗΣ ΠΡΟΣΥΖΕΥΚΤΙΚΗΣ ΑΠΟΜΟΝΩΣΗΣ ΣΕ ΠΛΗΘΥΣΜΟΥΣ ΤΗΣ
ΣΑΥΡΑΣ ΤΟΥ ΙΟΝΙΟΥ (ALGYROIDES NIGROPUNCTATUS)**

Κόνιαρη Ευσταθία¹, Μορφέσης Κωνσταντίνος¹, Σαγώνας Κώστας¹

Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 54124 Θεσσαλονίκη

Η αναπαραγωγική απομόνωση αποτελεί βασικό μηχανισμό διαφοροποίησης των πληθυσμών και μπορεί να οδηγήσει στην ειδογένεση. Η διαδικασία αυτή συχνά ενισχύεται από τη γεωγραφική απομόνωση, την οικολογική διαφοροποίηση και τη συσσώρευση γενετικών μεταβολών μέσω φυσικής επιλογής, μεταλλάξεων και γενετικής παρέκκλισης. Σε πολλές περιπτώσεις, χαρακτηριστικά που σχετίζονται με τη σεξουαλική επιλογή, όπως μορφολογικά ή χημικά σήματα επικοινωνίας, μπορούν να διαφοροποιηθούν μεταξύ πληθυσμών και να συμβάλουν στην εμφάνιση προσυζευκτικής απομόνωσης. Στην παρούσα εργασία εξετάσαμε την πιθανή ύπαρξη προσυζευκτικής αναπαραγωγικής απομόνωσης στη σαύρα του Ιονίου *Algyroides nigropunctatus*. Η μελέτη πραγματοποιήθηκε στα δύο διαφορετικά υποείδη, στον ελλαδικό χώρο, την *A. n. kephallithacius* και την *A. n. nigropunctatus*, των οποίων οι πληθυσμοί παρουσιάζουν διακριτές γεωγραφικές κατανομές και μορφολογικές διαφοροποιήσεις στον χρωματισμό της περιοχής του λαιμού και της κοιλίας, ενώ συνυπάρχουν σε μία περιορισμένη ζώνη επαφής στη δυτική Ελλάδα. Προηγούμενη μελέτη στο είδος έδειξε ότι τα δύο υποείδη σχηματίζουν διακριτούς γενεαλογικούς κλάδους με γενετική απόσταση συγκρίσιμη σε επίπεδο διαφοροποίησης ειδών σε ορισμένα *Lacertidae*. Βάσει των παραπάνω, διερευνήθηκε η ύπαρξη προσυζευκτικής απομόνωσης μεταξύ των δύο υποειδών, η οποία θα μπορούσε να αποτελεί πρώιμη φάση εξελικτικής διαφοροποίησης που μελλοντικά να οδηγήσει σε ειδογένεση. Για τον σκοπό αυτό πραγματοποιήθηκαν πειράματα επιλογής συντρόφου σε ελεγχόμενες συνθήκες. Η συμπεριφορά των ατόμων καταγράφηκε με βιντεοσκόπηση και ποσοτικοποιήθηκαν ενδείξεις αναγνώρισης και ενδιαφέροντος, όπως το τίναγμα της γλώσσας, και η επαναλαμβανόμενη προσέγγιση προς το άλλο φύλο. Η ανίχνευση διαφορών στη συμπεριφορά επιλογής συντρόφου μεταξύ των δύο υποειδών θα μπορούσε να υποδηλώνει ότι έχουν αρχίσει να διαμορφώνονται μηχανισμοί απομόνωσης. Η παρούσα έρευνα υποστηρίχθηκε από την Ελληνική Ζωολογική Εταιρεία μέσω των "Υποτροφιών Μαργαρίτα Μεταλληνού 2025"

**PREMATING ISOLATION BETWEEN POPULATIONS OF THE IONIAN LIZARD
(ALGYROIDES NIGROPUNCTATUS)**

Koniari Efstathia, Morfesis Konstantinos, Sagonas Kostas

Department of Zoology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, GR-54124 Thessaloniki

Reproductive isolation is a key mechanism of population differentiation and can ultimately lead to speciation. This process is often reinforced by geographic isolation, ecological divergence, and the accumulation of genetic changes through natural selection, mutation, and genetic drift. In many cases, traits associated with sexual selection, such as morphological or chemical communication signals, may diverge among populations and contribute to the development of pre-zygotic isolation. In this study, we examined the potential presence of pre-zygotic reproductive isolation in the Ionian lizard (*Algyroides nigropunctatus*). The study focused on two subspecies occurring in Greece, *A. n. kephallithacius* and *A. n. nigropunctatus*, whose populations exhibit distinct geographic distributions and morphological differences, particularly in throat and ventral coloration, while co-occurring within a narrow contact zone in western Greece. Previous research has shown that these subspecies form distinct genetic lineages, with genetic divergence comparable to that observed among certain species of Lacertidae. Based on the above, we investigated the existence of reproductive isolation between the two subspecies, which could represent an early stage of evolutionary divergence potentially leading to speciation. To this end, mate choice experiments were conducted under controlled conditions. The behavior of individuals was recorded on video, and indicators of recognition and mating interest, such as tongue flicking and repeated approaches toward the opposite sex, were quantified. Detecting differences in mate choice behavior between the two subspecies could indicate that mechanisms of pre-zygotic isolation are beginning to emerge. This study was supported by the Hellenic Zoological Society through the “Margarita Metallinou 2025” scholarship program.

ΠΟΙΚΙΛΟΤΗΤΑ ΖΩΟΠΛΑΓΚΤΙΚΩΝ ΟΡΓΑΝΙΣΜΩΝ ΣΕ ΟΙΚΟΣΥΣΤΗΜΑΤΑ ΕΣΩΤΕΡΙΚΩΝ ΥΔΑΤΩΝ ΣΤΗ ΣΑΜΟΘΡΑΚΗ ΚΑΙ ΣΤΗ ΛΗΜΝΟ

Κουγιουμτζής Ιορδάνης^{1,2}, Ράδος Χριστόδουλος¹, Πολυχρόνη Θωμαή¹, Μηνούδη Στυλιανή^{2,3}, Τριανταφυλλίδης Αλέξανδρος^{2,3}, Μιχαλούδη Ευαγγελία¹

- 1. Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη*
- 2. Τομέας Γενετικής, Ανάπτυξης και Μοριακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη*
- 3. Γονιδιωματική/Επιγενετική Ανάλυση και Μεταφραστική Έρευνα (GENeTres), Κέντρο Διεπιστημονικής Έρευνας και Καινοτομίας (ΚΕΔΕΚ), Θεσσαλονίκη*

Η ποικιλότητα των ζωοπλαγκτικών κοινοτήτων στα συστήματα εσωτερικών υδάτων της νησιωτικής Ελλάδας είναι υπομελετημένη. Η γεωγραφική απομόνωση και οι ιδιαίτερες φυσικοχημικές συνθήκες που επικρατούν, συγκεντρώνουν έντονο ταξινομικό, βιογεωγραφικό και οικολογικό ενδιαφέρον. Η παρούσα εργασία αποτελεί την πρώτη έρευνα σε δύο οικοσυστήματα εσωτερικών υδάτων του Βορείου Αιγαίου, της Βδελόλιμνης στη Σαμοθράκη (φυσική υφάλμυρη λίμνη) και της Φραγμολίμνης Κοντιά στη Λήμνο (τεχνητός υδροβιότοπος). Η συλλογή του ζωοπλαγκτού έγινε την άνοιξη του 2025 με δίχτυ πλαγκτού (άνοιγμα ματιού 50 μm). Τα δείγματα μονιμοποιήθηκαν σε φορμόλη 4% (τελική συγκέντρωση) και αναλύθηκαν ποιοτικά και ποσοτικά με οπτική μικροσκοπία και τη χρήση μορφολογικών κλειδών. Ως προς την ποιοτική ανάλυση, στη Βδελόλιμνη της Σαμοθράκης καταγράφηκαν 19 τάξα ζωοπλαγκτού (15 Rotifera, 3 Diplostraca και 1 Copepoda), από τα οποία τα 18 αναγνωρίστηκαν σε επίπεδο είδους και ένα σε ανώτερο ταξινομικό επίπεδο. Το γένος *Lecane* (Rotifera) κυριάρχησε με εκπροσώπηση από έξι είδη, ενώ μεταξύ άλλων παρατηρήθηκαν και αλόφιλα είδη όπως το *Notholca salina* (Rotifera) και το *Moina salina* (Diplostraca). Το τελευταίο αποτελεί και την πρώτη καταγραφή του είδους στην Ελλάδα. Στη Φραγμολίμνη Κοντιά στη Λήμνο καταγράφηκαν 13 τάξα ζωοπλαγκτού (9 Rotifera, 4 Diplostraca και 1 Copepoda), από τα οποία αναγνωρίστηκαν 10 σε επίπεδο είδους, ένα σε επίπεδο γένους και δύο σε ανώτερες ταξινομικές ομάδες. Ένα είδος του φύλου Rotifera, το *Lecane tenuiseta*, καταγράφεται για πρώτη φορά στην Ελλάδα. Επιπλέον, η ποσοτική ανάλυση έδειξε ότι η συνολική αφθονία του ζωοπλαγκτού είναι μεγαλύτερη στη Βδελόλιμνη με 882 άτομα/L, όπου κυριαρχούν οι ναύπλιοι κωπηπόδων και το είδος *Moina salina*, σε αντίθεση με τη Φραγμολίμνη Κοντιά, όπου η συνολική αφθονία ανέρχεται σε μόλις 7 άτομα/L. Η ανάλυση του περιβαλλοντικού DNA (eDNA) που βρίσκεται σε εξέλιξη, θα επιτρέψει την ολιστική κατανόηση της βιοποικιλότητας των δύο οικοσυστημάτων.

DIVERSITY OF ZOOPLANKTON ORGANISMS IN INLAND WATER ECOSYSTEMS OF SAMOTHRACE AND LEMNOS

Kougioumtzis Iordanis^{1,2}, Rados Christodoulos¹, Polychroni Thomai¹, Minoudi Styliani^{2,3}, Triantafyllidis Alexandros^{2,3}, Michaloudi Evangelia¹

1. Department of Zoology, School of Biology, Faculty of Sciences, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki

2. Department of Genetics, Development and Molecular Biology, School of Biology, Faculty of Sciences, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki

3. Genomics/Epigenetics Analysis and Translational Research (GENeTres), Center for Interdisciplinary Research and Innovation (CIRI), Thessaloniki

The diversity of zooplankton communities in inland water ecosystems of insular Greece is understudied. However, their geographic isolation and unique physicochemical conditions present compelling taxonomic, biogeographical and ecological interest. This research presents the first study of two inland water ecosystems in the Northern Aegean: Vdelolimni on Samothrace (a natural brackish lake) and the Kontias Reservoir on Lemnos (an artificial wetland). Zooplankton sampling was conducted in the spring of 2025 using plankton nets (50µm mesh size). Samples were preserved in 4% formalin (final dilution) and analyzed qualitatively and quantitatively via optical microscopy using taxonomical keys. Qualitative analysis revealed 19 zooplankton taxa in Vdelolimni (15 Rotifera, 3 Diplostraca and 1 Copepoda), with 18 identified at the species level and one at a higher taxonomic level. The genus *Lecane* (Phylum Rotifera) dominated the community, represented by six species. Notably, halophilic species such as *Notholca salina* (Phylum Rotifera) and *Moina salina* (Superorder Diplostraca) were also recorded, with the latter representing the first record in Greece. In the Kontias Reservoir, 13 zooplankton taxa were recorded (9 Rotifera, 4 Diplostraca and 1 Copepoda), of which 10 were identified at the species level, one at the genus level and two at a higher taxonomic level. Furthermore, one species of the Phylum Rotifera, *Lecane tenuiseta*, is reported for the first time in Greece. Quantitative analysis demonstrated a significantly higher total zooplankton abundance in Vdelolimni, reaching 882 ind/L, where copepod nauplii and *Moina salina* individuals dominated, compared to only 7 ind/L in the Kontias Reservoir. Ongoing environmental DNA (eDNA) analysis, which is currently in progress, will complement these findings, providing a holistic understanding of the biodiversity within these two ecosystems.

**ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΩΝ ΕΠΙΠΤΩΣΕΩΝ ΤΗΣ ΟΥΣΙΑΣ NONYLPHENOL ΣΤΗΝ
ΑΝΑΠΤΥΞΗ ΤΟΥ ΜΙΚΡΟΦΥΚΟΥΣ CHLOROCOCCUM SP.**

Κουρή Μαυροφόρου Λήδα¹, Νταϊλιάνης Στέφανος¹, Γραμματικόπουλος Γεώργιος²,
Καλαμαράς Γεώργιος¹

1. Εργαστήριο Ζωολογίας, Τομέας Βιολογίας Ζώων, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26500, Πάτρα

2. Εργαστήριο Φυσιολογίας Φυτών, Τομέας Βιολογίας Φυτών, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26500, Πάτρα

Η παρούσα μελέτη διερευνά την επίδραση της ουσίας Nonylphenol στην ανάπτυξη και τη φωτοσυνθετική διαδικασία του μικροφύκου *Chlorococcum* sp. Συγκεκριμένα, καλλιέργειες του μικροφύκου εκτέθηκαν για 96h σε περιβαλλοντικά ανιχνεύσιμες συγκεντρώσεις (1, 4, 40, 400 $\mu\text{g L}^{-1}$) της υπό μελέτη ουσίας και ακολούθησε ο προσδιορισμός (α) της ανάπτυξης της καλλιέργειας σε ημερήσια βάση, (β) του ρυθμού ανάπτυξης (μ) και (γ) του ποσοστού αναστολής της ανάπτυξης (% Inhibition). Επιπρόσθετα, στις καλλιέργειες έκθεσης των 96h πραγματοποιήθηκε (α) προσδιορισμός των επιπέδων των φωτοσυνθετικών χρωστικών (χλωροφύλλες a & b/Chla, Chlb και των καροτενοειδών/Car), ενώ παράλληλα έγινε (β) εκτίμηση δεικτών του φθορισμού της Chla. Σύμφωνα με τα αποτελέσματα, παρατηρήθηκε μια αναστολή στην ανάπτυξη του μικροφύκου, με αντίστοιχη μείωση του ρυθμού ανάπτυξης, σχεδόν σε όλες τις ημέρες έκθεσης, ενώ σημαντική μείωση παρατηρήθηκε και στα επίπεδα των Chla και Chlb κατόπιν έκθεσης σε 400 $\mu\text{g L}^{-1}$ στις 96 h. Τέλος, παρά την έλλειψη σημαντικής διαφοροποίησης των δεικτών φθορισμού, η μείωση της συνολικής απόδοσης (PI_{total}) και της ροής ηλεκτρονίων κατά τη φωτοσύνθεση (ϕR0), μπορεί να αποτελέσει ένδειξη καταπόνησης του μικροφύκου. Τα παραπάνω αποτελέσματα υποδηλώνουν ότι η παρουσία της ουσίας Nonylphenol στα ύδατα μπορεί να επιφέρει αρνητικά αποτελέσματα σε φυτοπλαγκτικούς οργανισμούς, όπως το είδος *Chlorococcum* sp., θέτοντας τις βάσεις για περαιτέρω μελέτες.

INVESTIGATION OF NONYLPHENOL MEDIATED EFFECTS ON THE ALGAL SPECIES CHLOROCOCCUM SP.

Kouri Mavroforou Lida¹, Dailianis Stefanos¹, Grammatikopoulos Georgios², Kalamaras Georgios¹

1. Laboratory of Zoology, Section of Animal Biology, Department of Biology, University of Patras, 26500, Patras, Greece

2. Laboratory of Plant Physiology, Section of Plant Biology, Department of Biology, University of Patras, 26500, Patras, Greece

This study investigates the effects of Nonylphenol on the growth and photosynthetic performance of the freshwater microalga *Chlorococcum* sp. Specifically, algal cultures were exposed for 96 h to environmentally relevant concentrations of Nonylphenol (1, 4, 40, 400 $\mu\text{g L}^{-1}$). Growth responses were evaluated through daily biomass measurements, specific growth rate (μ), and percentage growth inhibition. At the end of the exposure period, photosynthetic pigment content (chlorophyll a, chlorophyll b, and carotenoids) was quantified, and chlorophyll fluorescence parameters were assessed. Results demonstrated a decline of microalgal growth, with significant reductions in μ across exposure conditions and marked decreases in chlorophyll a and b at the highest concentration. Although most fluorescence indices did not show statistically significant alterations, declines in PI_{total} and ϕR_0 indicate the onset of physiological stress. Overall, the findings suggest that Nonylphenol poses potential ecological risks to phytoplanktonic organisms such as *Chlorococcum* sp., warranting further investigation into its environmental impact.

ΤΑΥΤΟΠΟΙΗΣΗ ΚΑΙ ΧΑΡΑΚΤΗΡΙΣΜΟΣ ΜΙΑΣ ΝΕΑΣ ΠΡΩΤΕΪΝΙΚΗΣ ΑΛΛΗΛΕΠΙΔΡΑΣΗΣ ΤΟΥ HIF-1A ΜΕ ΤΗΝ ΠΡΩΤΕΪΝΗ ΤΟΥ ΠΥΡΗΝΙΚΟΥ ΙΚΡΙΩΜΑΤΟΣ SAFB

Κουτσανδρέα Παναγιώτα¹, Γκοτινάκου Ιωάννα Μαρία¹, Σαμιωτάκη Μαρίνα², Μυλωνής Ηλίας¹

1. Εργαστήριο Βιοχημείας, Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, 41500 ΒΙΟΠΟΛΙΣ, Λάρισα, Ελλάδα

2. Ε.ΚΕ.Β.Ε. Αλέξανδρος Φλέμινγκ, 16672 Βάρη, Ελλάδα

Η υποξία επάγει μηχανισμούς που ενεργοποιούν ή αναστέλλουν τη μεταγραφή γονιδίων που εμπλέκονται σε διεργασίες όπως ο μεταβολισμός, ο κυτταρικός πολλαπλασιασμός και η επιβίωση. Ο HIF-1 είναι ο κύριος μεταγραφικός ενεργοποιητής γονιδίων που επάγονται από την υποξία και έγκυρος στόχος αντικαρκινικών θεραπειών. Τα επίπεδα οξυγόνου ελέγχουν την ενεργοποίηση του HIF-1 αποσταθεροποιώντας την άλφα υπομονάδα του (HIF-1α) μέσω πρωτεόλυσης. Ωστόσο, ο HIF-1α ελέγχεται και από μηχανισμούς ανεξάρτητους από το οξυγόνο, μέσω φωσφορυλίωσης αλλά και αλληλεπιδράσεις του HIF-1α με άλλες πρωτεΐνες. Προηγούμενα αποτελέσματα είχαν δείξει ότι η φωσφορυλίωση του HIF-1α από τις ERK1/2 διεγείρει την ενεργότητα του αναστέλλοντας την εξαγωγή του από τον πυρήνα και ενισχύοντας, παράλληλα, την αλληλεπίδρασή του με συστατικά της χρωματίνης. Για να ταυτοποιήσουμε νέες αλληλεπιδράσεις του HIF-1α με πρωτεΐνες που σχετίζονται με χρωματίνη, πραγματοποιήσαμε ανοσοκαθίζηση RIME (Rapid Immunoprecipitation Mass spectrometry of Endogenous proteins) σε κύτταρα HIF1A knockout που εκφράζουν σταθερά διαφορετικές μορφές του GFP-HIF-1α στις θέσεις τροποποίησης από τις ERK1/2 (την άγριου τύπου μορφή και μορφές που φέρουν μεταλλάξεις που αποκλείουν ή μιμούνται τη φωσφορυλίωση). Η ανάλυση των αποτελεσμάτων της φασματομετρίας μαζών έδειξε ότι μεταξύ των πρωτεϊνών που εντοπίστηκαν, υπάρχει μια ευρεία ομάδα πρωτεϊνών της πυρηνικής μήτρας, που περιλαμβάνει διάφορες SR πρωτεΐνες και την πρωτεΐνη SAFB (Scaffold Attachment Factor B). Πειράματα ανοσοκατακρήμνισης επιβεβαίωσαν την αλληλεπίδραση μεταξύ των ενδογενών HIF-1α και SAFB σε συνθήκες υποξίας. Περαιτέρω *in vitro* δοκιμασίες αλληλεπίδρασης με καθαρές ανασυνδυασμένες πρωτεΐνες έδειξαν ότι η N-τελική περιοχή του HIF-1α (αμινοξέα 1-347) δεσμεύεται άμεσα στο C-τελικό τμήμα του SAFB1 (αμινοξέα 623-903). Συνονίζοντας, ταυτοποιήθηκε μια νέα αλληλεπίδραση μεταξύ του HIF-1α και της πρωτεΐνης της πυρηνικής μήτρας SAFB, ο ρόλος της οποίας βρίσκεται υπό διερεύνηση.

IDENTIFICATION AND CHARACTERIZATION OF A NOVEL PROTEIN INTERACTION OF HIF-1 α WITH THE NUCLEAR MATRIX PROTEIN SAFB

Koutsandrea Panagiota¹, Gkotinakou Ioanna Maria¹, Samiotaki Martina², Mylonis Ilias¹

1. Laboratory of Biochemistry, Faculty of Medicine, University of Thessaly, 41500 Biopolis, Larissa, Greece

2. B.S.R.C. "Alexander Fleming", 16672 Vari, Greece

Hypoxia drives signaling events that induce or inhibit transcription of genes involved in processes such as metabolism, proliferation and survival. Hypoxia-inducible factor-1 (HIF-1) is a key transcriptional regulator of hypoxia-induced genes and a valid target for anti-cancer therapies. Cellular oxygen levels control HIF-1 activity by destabilizing its alpha subunit (HIF-1 α) through hydroxylation, ubiquitination and proteolysis. However, HIF-1 activity is also controlled by oxygen-independent mechanisms, including post-translational modifications, such as HIF-1 α phosphorylation, and protein-protein interactions. We have previously shown that HIF-1 α phosphorylation by ERK1/2 stimulates its transcriptional activity by impairing its nuclear export and enhancing its interaction with chromatin components. To identify novel HIF-1 α interactions that are associated with chromatin, we performed RIME (Rapid Immunoprecipitation Mass spectrometry of Endogenous proteins) in HIF1A knockout cells stably expressing GFP-HIF-1 α forms that contain the ERK1/2 modification sites in wild-type, phospho-deficient or phospho-mimetic mutant forms. Analysis of the mass spectrometry results has shown that among the identified proteins, there is a significant cluster of nuclear matrix proteins, comprising SR proteins and SAFB (Scaffold Attachment Factor B). Immunoprecipitation experiments confirmed the interaction between full-length HIF-1 α and SAFB. Pull-down assays showed that the N-terminal domain of HIF-1 α (aa 1-347) directly associates with the C-terminal part of SAFB1 (aa 623-903). In summary, we report a new interaction between HIF-1 α and the nuclear matrix protein SAFB, the role of which is currently under investigation.

ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΤΗΣ NONYLPHENOL ΣΤΗΝ ΑΝΑΠΤΥΞΗ ΤΟΥ ΜΙΚΡΟΦΥΚΟΥΣ DUNALIELLA TERTIOLECTA

Κωνσταντινίδη Χριστίνη Εύη¹, Νταϊλιάνης Στέφανος¹, Καλαμαράς Γεώργιος¹,
Γραμματικόπουλος Γεώργιος²

1. Εργαστήριο Ζωολογίας, Τομέας Βιολογίας Ζώων, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26500, Πάτρα

2. Εργαστήριο Φυσιολογίας Φυτών, Τομέας Βιολογίας Φυτών, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26500, Πάτρα

Η παρούσα μελέτη διερευνά την επίδραση της ουσίας Nonylphenol στην ανάπτυξη και τη φωτοσυνθετική διαδικασία του μικροφύκου *Dunaliella tertiolecta*. Συγκεκριμένα, καλλιέργειες του μικροφύκου εκτέθηκαν για 96h σε περιβαλλοντικά ανιχνεύσιμες συγκεντρώσεις (1, 4, 40, 400 $\mu\text{g L}^{-1}$) της υπό μελέτη ουσίας και ακολούθησε ο προσδιορισμός (α) της ανάπτυξης της καλλιέργειας σε ημερήσια βάση, (β) του ρυθμού ανάπτυξης (μ) και (γ) του ποσοστού αναστολής της ανάπτυξης (% Inhibition). Παράλληλα, πραγματοποιήθηκε (α) προσδιορισμός των επιπέδων των φωτοσυνθετικών χρωστικών (χλωροφύλλες a & b/Chla, Chlb και των καροτενοειδών/Car), ενώ παράλληλα έγινε (β) εκτίμηση δεικτών του φθορισμού της Chla με τη χρήση Handy Pea στις καλλιέργειες 96h έκθεσης. Σύμφωνα με τα αποτελέσματα, η ουσία nonylphenol επηρεάζει αρνητικά την ανάπτυξη του μικροφύκου *Dunaliella tertiolecta*. Οι μεταβολές στα επίπεδα των Chla, Chlb και Car ακολούθησαν το πρότυπο ανάπτυξης της κάθε καλλιέργειας, με τα Car να εμφανίζουν αυξητική τάση σε μικρότερες συγκεντρώσεις, υποδηλώνοντας ενεργοποίηση μηχανισμών άμυνας, και μείωση στις μεγαλύτερες. Ωστόσο δεν παρατηρήθηκαν σημαντικές μεταβολές στους εξεταζόμενους δείκτες του φθορισμού της Chla γεγονός που υποδηλώνει ότι η ουσία δεν επηρεάζει άμεσα την φωτοσυνθετική λειτουργία στις εξεταζόμενες συγκεντρώσεις. Τα αποτελέσματα της μελέτης κατέδειξαν ότι η ουσία nonylphenol ενδέχεται να έχει τοξική επίδραση στα υδάτινα οικοσυστήματα και στους υδρόβιους οργανισμούς, όπως είναι τα μικροφύκη, τονίζοντας την ανάγκη για περαιτέρω διερεύνησης των επιπτώσεών της.

EFFECT OF NONYLPHENOL ON THE GROWTH OF THE MICROALGAE DUNALIELLA TERTIOLECTA

Constantinide Christini Evi¹, Dailianis Stefanos¹, Grammatikopoulos Georgios², Kalamaras Georgios¹

1. Laboratory of Zoology, Section of Animal Biology, Department of Biology, University of Patras, 26500, Patras, Greece

2. Laboratory of Plant Physiology, Section of Plant Biology, Department of Biology, University of Patras, 26500, Patras, Greece

The present study investigates the effect of Nonylphenol on the growth and photosynthetic process of the microalgae *Dunaliella tertiolecta*. Specifically, cultures of the microalgae were exposed for 96h to environmentally relevant concentrations (1, 4, 40, 400 $\mu\text{g L}^{-1}$) of the substance under study and the determination of (a) the growth of the culture on a daily basis, (b) the growth rate (μ) and (c) the percentage of growth inhibition (% Inhibition) was followed. In addition, (a) the levels of photosynthetic pigments (chlorophylls a & b/Chla, Chlb and carotenoids/Car) were determined, while (b) the fluorescence indices of Chla were estimated in the cultures after 96h of exposure. According to the results, nonylphenol adversely affects the growth of the microalgae *Dunaliella tertiolecta*. Changes in the levels of Chla, Chlb and Car followed the algal growth pattern in each case, with Car showing an increasing trend at lower concentrations, indicating the activation of defense mechanisms, and a decrease at higher ones. However, no significant changes were observed in Chla fluorescence indices, suggesting that the substance does not directly affect photosynthetic function at the concentrations tested. The results of the study showed that nonylphenol may have a toxic effect on aquatic ecosystems and microalgae, highlighting the need for further investigation of its effects.

ΕΚΦΡΑΣΗ ΤΩΝ STIM1 ΚΑΙ ORAI1 ΣΕ ΚΥΚΛΟΦΟΡΟΥΝΤΑ ΚΑΡΚΙΝΙΚΑ ΚΥΤΤΑΡΑ (CTCS) ΑΣΘΕΝΩΝ ΜΕ ΚΑΡΚΙΝΟ ΤΟΥ ΜΑΣΤΟΥ

Κωτσή Παρασκευή¹, Ντεντοπούλου Χρυσούλα¹, Ξαγαρά Αναστασία², Κωτσάκης Αθανάσιος², Χριστοπούλου Αθηνά³, Βασίλειος Γεωργουλίας⁴, Καλλέργη Γαλάτεια¹

- 1. Εργαστήριο Βιοχημείας και Μεταστατικής Σηματοδότησης, Τομέας Γενετικής, Κυτταρικής και Αναπτυξιακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26504 Πάτρα, Ελλάδα*
- 2. Τμήμα Παθολογικής Ογκολογίας, Γενικό Πανεπιστημιακό Νοσοκομείο Λάρισας, 41334 Λάρισα, Ελλάδα*
- 3. Ογκολογική Μονάδα, Γενικό Νοσοκομείο Αγίου Ανδρέα Πατρών, 26332 Πάτρα, Ελλάδα*
- 4. Ελληνική Ογκολογική Ερευνητική Ομάδα (HORG), 11526 Α*

Ο καρκίνος του μαστού είναι μία από τις συχνότερες κακοήθειες και χαρακτηρίζεται από έντονη βιολογική ετερογένεια που επηρεάζει την εξέλιξη και την πρόγνωση της νόσου. Η μετάσταση συνδέεται με τα κυκλοφορούντα καρκινικά κύτταρα (CTCs), τα οποία προέρχονται από τον πρωτοπαθή όγκο και εντοπίζονται στο περιφερικό αίμα. Ωστόσο, η ανίχνευσή τους παραμένει απαιτητική λόγω χαμηλής συχνότητας εμφάνισης καθιστώντας αναγκαία τη χρήση συμπληρωματικών μοριακών δεικτών. Το κανάλι εισόδου του ασβεστίου SOCE (Store-Operated Calcium Entry), μέσω των STIM1 και ORAI1, σχετίζεται με βασικές καρκινικές διεργασίες και πιθανό ρόλο στο χαρακτηρισμό των CTCs. Σκοπός της μελέτης ήταν η διερεύνηση της έκφρασης των STIM1 και ORAI1 σε CTCs ασθενών με καρκίνο του μαστού και της προγνωστικής τους αξίας. Συνολικά αναλύθηκαν 24 δείγματα ασθενών, των οποίων τα CTCs απομονώθηκαν μέσω της πλατφόρμας ISET. Για τον φαινοτυπικό χαρακτηρισμό έγινε τριπλός ανοσοφθορισμός έναντι των αντισωμάτων της κυτταροκερατίνης (CK) (επιθηλιακός δείκτης των CTCs) και των STIM1 και ORAI1. Η ανάλυση έγινε με μικροσκόπιο VyCAP και τα δεδομένα υποβλήθηκαν σε στατιστική ανάλυση με το λογισμικό SPSS. CTCs ανιχνεύθηκαν στο 54% των ασθενών. Συχνότερος φαινότυπος ήταν ο (STIM1+ORAI1+) (60%), ακολουθούμενος από τους (STIM1+ORAI1-) (28%) και (STIM1-ORAI1-) (17%) ενώ μεταξύ των CK+ ασθενών τα αντίστοιχα ποσοστά ήταν 69%, 38% και 31%. Η συχνότητα επί των συνολικών CTCs, του STIM1 ήταν σε ποσοστό 83% και του ORAI1 στο 57%. Η ανάλυση επιβίωσης σε ασθενείς με μεταστατική νόσο, που αποτελούσαν το 67% των ασθενών, έδειξε ότι η παρουσία του φαινοτύπου (STIM1+ORAI1-) σχετίζεται με σημαντικά μικρότερο διάστημα ελεύθερο νόσου (PFS:p=0,002). Συμπερασματικά, παρατηρείται αυξημένη έκφραση των STIM1 και ORAI1 στα CTCs ασθενών με καρκίνο του μαστού και η έκφρασή τους σχετίζεται με πιθανή προγνωστική αξία για την πορεία της νόσου. Ωστόσο απαιτούνται περαιτέρω μελέτες για την αποσαφήνιση των αποτελεσμάτων.

ANALYSIS OF STIM1 AND ORAI1 EXPRESSION IN CIRCULATING TUMOR CELLS (CTCS) FROM BREAST CANCER PATIENTS

Kotsi Paraskevi¹, Ntentopoulou Chrysoula¹, Xagara Anastasia², Kotsakis Athanasios²,
Christopoulou Athina³, Georgoulas Vassilis⁴, Kallergi Galatea¹

1. Laboratory of Biochemistry and Metastatic Signaling, Division of Genetics, Cell and Developmental Biology, Department of Biology, University of Patras, 26504 Patras, Greece

2. Department of Medical Oncology, University General Hospital of Larissa, 41334 Larissa, Greece

3. Oncology Unit, ST Andrews General Hospital of Patras, GR-26332 Patras, Greece

4. Hellenic Oncology Research Group (HORG), GR-115

Breast cancer is one of the most common malignancies and is characterized by pronounced biological heterogeneity that affects disease progression and prognosis. Metastasis is associated with Circulating Tumor Cells (CTCs), which originate from the primary tumor and are detected in peripheral blood. However, their detection remains challenging due to low frequency underscoring the necessity of new molecular markers. The channel of SOCE (Store-Operated Calcium Entry), through STIM1 and ORAI1, is associated with key cancer-related processes and a potential role in the characterization of CTCs. The aim of the study was to investigate the expression of STIM1 and ORAI1 in CTCs of patients with breast cancer and their prognostic value. A total of 24 patient samples were analyzed, from which CTCs were isolated using the ISET platform. For phenotypic characterization, triple immunofluorescence was applied using cytokeratin (CK) antibodies (an epithelial marker of CTCs), as well as STIM1 and ORAI1. The analysis was performed using a VyCAP platform and the data were subjected to statistical analysis using SPSS. CTCs were detected in 54% of patients. The most frequent phenotype was (STIM1+ORAI1+) (60%), followed by (STIM1+ORAI1-) (28%) and (STIM1-ORAI1-) (17%), while among CK+ patients the corresponding percentages were 69%, 38%, and 31%. The frequency of STIM1 and ORAI1 among the total isolated CTCs was 83% and 57% respectively. Survival analysis in patients with metastatic disease, who comprised 67% of the cohort, showed that the presence of the phenotype (STIM1+ORAI1-) is associated with significantly shorter progression-free survival (PFS: $p=0.002$). In conclusion, increased expression of STIM1 and ORAI1 is observed in CTCs of breast cancer patients, and their expression is associated with potential prognostic value for disease progression. However, further studies are required to clarify these findings.

CISPLATIN ENANTIION TAXOL: ΑΠΟΚΑΛΥΠΤΟΝΤΑΣ ΤΙΣ ΔΙΑΚΡΙΤΕΣ ΑΝΑΠΤΥΞΙΑΚΕΣ ΚΑΙ ΚΥΤΤΑΡΙΚΕΣ ΕΠΙΠΤΩΣΕΙΣ ΣΤΟ ZEBRAFISH (DANIO RERIO)

Λεονάρδος Ι. Μάξιμος^{1,3}, Καραβίδα Βασιλική^{1,3}, Δημόπουλος Αριστείδης - Παναγιώτης^{1,3}, Τσουκανέλη Άννα^{1,3}, Φράγκου Ελένη^{1,3}, Λεονάρδος Δημήτριος⁴, Σίμος Β. Ιωάννης^{1,2}, Τσάμης Ι. Κωνσταντίνος^{1,2}, Μαρκόπουλος Σ. Γεώργιος^{1,2}, Πέσχος Δημήτριος^{1,2}, Λάκκας Λάμπρος^{1,2}

1. Εργαστήριο Φυσιολογίας, Ιατρικό Τμήμα, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων, 45110, Ιωάννινα

2. Ερευνητική Ομάδα Νανοϊατρικής και Νανοβιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων, 45110, Ιωάννινα

3. Εργαστήριο Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογικών Εφαρμογών και Τεχνολογιών, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων, 45110, Ιωάννινα

4. Αιματολογική Κλινική, ΠΓΝΙ, 45500 Ιωάννινα

Το Cisplatin και το Taxol αποτελούν εξέχοντες χημειοθεραπευτικούς παράγοντες με διακριτούς μηχανισμούς δράσης: το Cisplatin προκαλεί βλάβες στο DNA μέσω διασταυρούμενων δεσμών, ενώ το Taxol διαταράσσει τη δυναμική των μικροσωληνίσκων, σταθεροποιώντας τους. Η παρούσα μελέτη είχε ως στόχο την αξιολόγηση και σύγκριση του τοξικολογικού προφίλ αυτών των παραγόντων χρησιμοποιώντας τον οργανισμό-μοντέλο zebrafish (*Danio rerio*). Αποχοριωμένα έμβρυα 24 ώρες μετά τη γονιμοποίηση (hpf), εκτέθηκαν για 96 ώρες σε ποικίλες συγκεντρώσεις Cisplatin (10–400 μM) και Taxol (100–4000 nM). Και στις δύο πειραματικές ομάδες, δεν παρατηρήθηκε θνησιμότητα σε καμία από τις εξεταζόμενες συγκεντρώσεις. Οι καρδιακοί παλμοί δεν επηρεάστηκαν από την έκθεση σε καμία από τις δύο ουσίες. Το μήκος σώματος παρουσιάζει πτωτική τάση στα άτομα που εκτέθηκαν στην μεγαλύτερη συγκέντρωση, τόσο στο Taxol όσο και στο Cisplatin. Η έκθεση και στα δύο φάρμακα επηρεάζει το μέγεθος του οφθαλμού. Παρατηρήθηκαν διαταραχές στη συμπεριφορά στις υψηλότερες συγκεντρώσεις και για τις δύο ουσίες (400 μM για τη Cisplatin και 4000 nM για την Taxol). Η Cisplatin προκάλεσε σημαντική δόσοεξαρτώμενη διαταραχή του κυτταρικού κύκλου ξεκινώντας από τα 50 μM , ενώ η Taxol δεν έδειξε σημαντική επίδραση στην εξέλιξη του κυτταρικού κύκλου. Αυτά τα ευρήματα υποδηλώνουν ότι, ενώ και τα δύο φάρμακα δεν παρουσιάζουν θνησιμότητα στα έμβρυα zebrafish στις υπό μελέτη συγκεντρώσεις, προκαλούν διακριτές φυσιολογικές και κυτταρικές αλλαγές, με τη Cisplatin να στοχεύει κυρίως στη γονιδιωματική σταθερότητα και την Taxol να επηρεάζει την αισθητηριακή ανάπτυξη και τη συμπεριφορά.

CISPLATIN VS. TAXOL: UNVEILING DISTINCT DEVELOPMENTAL AND CELLULAR IMPACTS IN ZEBRAFISH (DANIO RERIO) EMBRYOS

Leonardos I. Maximos^{1,3}, Karavida Vasileia^{1,3}, Dimopoulos Aristeidis - Panagiotis^{1,3}, Tsoukaneli Anna^{1,3}, Fragkou Eleni^{1,3}, Leonardos Dimitrios⁴, Simos V. Yannis^{1,2}, Tsamis I. Konstantinos^{1,2}, Markopoulos S. Georgios^{1,2}, Peschos Dimitrios^{1,2}, Lakkas Lampros^{1,2}

1. Department of Physiology, Faculty of Medicine, School of Health Sciences, University of Ioannina, 45110 Ioannina.

2. Nanomedicine and Nanobiotechnology Research Group, University of Ioannina, 45110.

3. Laboratory of Zoology, Department of Biological Applications and Technology, School of Health Sciences, University of Ioannina, 45110.

4. Department of Haematology, University Hospital of Ioannina

Cisplatin and Taxol are prominent chemotherapeutic agents with distinct mechanisms of action: Cisplatin induces DNA damage through crosslinking, while Taxol disrupts microtubule dynamics. This study aimed to evaluate and compare the toxicological profiles of these agents using the organism-model zebrafish (*Danio rerio*). Dichorionated embryos at 24 hours post-fertilization (hpf) were exposed for 96 hours to varying concentrations of Cisplatin (10–400 μM) and Taxol (100–4000 nM). In both experimental groups, no mortality was observed across all tested concentrations. Heart rate remained unaffected by either drug. The body length decreases dose-dependently for both the substances. Notably, Taxol exposure led to a reduction in eye size at the maximum dose, while with Cisplatin the eye size increases and then decreases. However, behavioral disruptions were observed at the highest concentrations for both substances (400 μM for Cisplatin and 4000 nM for Taxol). Conversely, Cisplatin induced a significant dose-dependent disruption of the cell cycle beginning at 50 μM , whereas Taxol showed no significant impact on cell cycle progression. These findings suggest that while both drugs exhibit low acute lethality in zebrafish embryos, they induce distinct physiological and cellular stresses, with Cisplatin primarily targeting genomic stability and Taxol impacting sensory development and behavior.

Ο ΡΟΛΟΣ ΤΩΝ ΟΥΔΕΤΕΡΟΦΙΛΩΝ ΣΤΗ ΛΕΠΤΟΣΠΕΙΡΩΣΗ: ΠΡΟΔΡΟΜΑ ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ

Λιμπαντέ Αναστασία-Μαρία¹, Ξανθοπούλου Αθηνά¹, Πετράκης Βασίλειος², Σταυρίδου Γεωργία¹, Μαυρομιχάλη Δέσποινα¹, Ευθυμίου Γεώργιος¹, Γιουσούφ Γιουσούφ¹, Σπανόπουλος Διονύσιος¹, Τζώρτζης Ελευθέριος¹, Καραμανλή Φωτεινή¹, Κύρκου-Μπρακατσούλα Ευδοξία¹, Κωνσταντινίδης Θεοχάρης¹, Πανοπούλου Μαρία¹

1. Εργαστήριο Μικροβιολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης & Π.Γ.Ν. Αλεξανδρούπολης

2. Β Παθολογική Κλινική, Τμήμα Ιατρικής, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης & Π.Γ.Ν. Αλεξανδρούπολης

Εισαγωγή: Η *Leptospira interrogans* (Li) αποτελεί την συχνότερη αιτία λεπτοσπείρωσης στον άνθρωπο. Τα ουδετερόφιλα είναι κύτταρα έμφυτης ανοσίας που συμμετέχουν στη λοίμωξη μέσω της φαγοκυττάρωσης, του σχηματισμού των εξωκυττάρων ουδετεροφιλικών δικτύων χρωματίνης (NETs) και της αποκοκκίωσης τους. Ο σκοπός της παρούσας μελέτης ήταν να εξεταστεί ο ρόλος των ουδετερόφιλων στη λεπτοσπείρωση μέσω της *in vitro* επαγωγής της NETsosis. Υλικά και μέθοδοι: Στην μελέτη εντάχθηκαν 6 άτομα με λεπτοσπείρωση και 6 υγιή άτομα (controls), συγκρίσιμα ως προς το φύλο και την ηλικία με την ομάδα ασθενών. Πραγματοποιήθηκε πλήρης εργαστηριακός έλεγχος ρουτίνας στον πληθυσμό της μελέτης. Η διάγνωση της λεπτοσπείρωσης τέθηκε με τον προσδιορισμό αντισωμάτων IgM με τη μέθοδο της ηλεκτροχημειοφωταύγειας στον αναλυτή VIRCLIA (Vircell Spain). Η ποσοτικοποίηση των NETs πραγματοποιήθηκε με μετρήσεις φθορισμού χρωστικής PicoGreen που δεσμεύεται στο εξωκυττάριο DNA (EnSpire, PerkinElmer, Waltham, MA, ΗΠΑ) και παρουσιάστηκε ως σχετικές μονάδες φθορισμού (Relative fluorescence units-RFU). Αποτελέσματα: Ο μέσος όρος ηλικίας ήταν 46±8 έτη vs 42±12 έτη, p=0.082. Η μέση τιμή των IgM αντισωμάτων έναντι της Li ήταν 3.48. Η τιμή της CRP ήταν για τις ομάδες ασθενών και controls 6.58±2,12 mg/dL vs 0.5±0.2 mg/dL αντίστοιχα, p<0.001. Οι τιμές των NETs μέσω της μέτρησης του φθορισμού σε ασθενείς και controls ήταν 1.11± 0.60 και 0.49± 0.12 RFU, p=0.03. Συμπεράσματα: Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι τα ουδετερόφιλα απελευθερώνουν NETs *in vitro* μετά από τη διέγερση με τον ορό ασθενών με λεπτοσπείρωση. Η περαιτέρω μελέτη πρωτεϊνικών συστατικών των NETs αναμένεται να αναδείξει τον ρόλο τους στην παθοφυσιολογία της νόσου. Η μελέτη συνεχίζεται.

THE ROLE OF NEUTROPHILS IN LEPTOSPIROSIS: PRELIMINARY RESULTS

Limpante Anastasia-Maria¹, Xanthopoulou Athina¹, Petrakis Vasileios², Stavridou Georgia¹, Mavromichali Despoina¹, Efthymiou Georgios¹, Yousouf Yousouf¹, Spanopoulos Dionysios¹, Tzortzis Eleftherios¹, Karamanli Foteini¹, Kyrkou-Brakatsoula Evdoxia¹, Konstantinidis Theocharis¹, Panopoulou Maria¹

1. Laboratory of Microbiology, Department of Medicine, Democritus University of Thrace & University General Hospital of Alexandroupolis

2. 2nd Department of Internal Medicine, Department of Medicine, Democritus University of Thrace & University General Hospital of Alexandroupolis

Introduction: *Leptospira interrogans* (Li) are the most common cause of leptospirosis in humans. Neutrophils are innate immune cells that participate in infection through phagocytosis, the formation of neutrophil extracellular traps (NETs), and degranulation. The purpose of this study was to examine the role of neutrophils in leptospirosis through the in vitro induction of NETosis. **Materials and methods:** The study included 6 individuals with leptospirosis and 6 healthy individuals (controls), comparable in terms of gender and age to the patient group. A complete routine laboratory workup was performed on the study population. The diagnosis of leptospirosis was established by determining IgM antibodies using the electrochemiluminescence method on the VIRCLIA analyzer (Vircell Spain). The quantification of NETs was performed using PicoGreen dye fluorescence measurements that bind to extracellular DNA (EnSpire, PerkinElmer, Waltham, MA, USA) and presented as relative fluorescence units (RFU). **Results:** The mean age was 46±8 years vs 42±12 years, p=0.082. The mean value of IgM antibodies against Li was 3.48. The CRP value for the patient and control groups was 6.58±2.12 mg/dL vs 0.5±0.2 mg/dL, p<0.001 respectively. The NET values through fluorescence measurement in patients and controls were 1.11±0.60 and 0.49±0.12 RFU, p=0.03. **Conclusions:** The results showed that neutrophils release NETs in vitro after stimulation with serum from patients with leptospirosis. Further study of the protein components of NETs is expected to highlight their role in the pathophysiology of the disease. The study is ongoing.

FOXP2 & CNTNAP2: ΔΙΕΡΕΥΝΩΝΤΑΣ ΚΟΙΝΕΣ ΠΑΡΑΛΛΑΓΕΣ ΣΕ ΓΟΝΙΔΙΑ ΣΥΣΧΕΤΙΖΟΜΕΝΑ ΜΕ ΝΕΥΡΟΑΝΑΠΤΥΞΙΑΚΕΣ ΚΑΙ ΝΕΥΡΟΕΚΦΥΛΙΣΤΙΚΕΣ ΔΙΑΤΑΡΑΧΕΣ ΣΕ ΑΝΘΡΩΠΙΝΟΥΣ ΠΛΗΘΥΣΜΟΥΣ

Λυσιώβα Ευαγγελία-Σωτηρία, Γεωργίτση Μαριάνθη, Παπαγεωργίου Χ. Αριστοτέλης

Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης, Αλεξανδρούπολη, 68100

Παρά την συχνή συσχέτιση των γονιδίων FOXP2 και CNTNAP2 με νευροαναπτυξιακές και νευροεκφυλιστικές ασθένειες, οι διαπληθυσμιακές παραλλαγές τους δεν είναι επαρκώς χαρακτηρισμένες. Η παρούσα εργασία εστιάζει στην υπολογιστική διερεύνηση της πολυμορφικότητας των συγκεκριμένων γονιδίων, αξιοποιώντας τεχνικές μείωσης των διαστάσεων και στατιστικά μέτρα της γενετικής πληθυσμών, με στόχο τον εντοπισμό διαφοροποίησης μεταξύ των 26 πληθυσμών της Βάσης Δεδομένων 1000 Genomes Project. Οι παρατηρούμενες γενετικές δομές ανάμεσα στις συστάδες εμφανίζουν υψηλό βαθμό συνοχής ανάμεσα στις αναλύσεις των μονονουκλεοτιδικών (SNPs), των ένθεσης-έλλειψης (INDELS) πολυμορφισμών και των απλοτύπων. Οι πληθυσμοί με καταγωγή από την Ανατολική Ασία παρουσιάζουν διακριτά επίπεδα διαφοροποίησης σε σύγκριση με τους λοιπούς πληθυσμούς, στην περίπτωση των SNVs και του γονιδίου FOXP2. Ενδιαφέρον εμφανίζουν και οι πολυμορφισμοί rs7782412 και rs7799652, οι οποίοι συντείνουν στην διαφοροποίηση και αναφέρονται αυτοτελώς στο GWAS catalog σε Αφροαμερικανούς ασθενείς με Alzheimer's και μία πιλοτική μελέτη της Μετωποκροταφικής Άνοιας στην Νότια Ιταλία αντίστοιχα. Οι δύο πολυμορφισμοί εντοπίζονται εντός του ίδιου συμπαγούς block Ανισορροπίας Σύνδεσης στην πλειοψηφία των υπό μελέτη πληθυσμών, υποδηλώνοντας κοινό απλοτυπικό υπόβαθρο. Σε μια λεπτομερέστερη εξέταση, η σύνδεση των δύο δεικτών χαρακτηρίζεται αμελητέα στην περίπτωση της ομάδας της Ανατολικής Ασίας, η οποία αποδίδεται στην ανεπαρκή διακύμανση του γενετικού τύπου και την παγίωση των αλληλομόρφων, ενώ απλότυποι επικρατούντες σε Αφρικανικούς πληθυσμούς εμπεριέχουν τα δύο συσχετιζόμενα αλληλόμορφα συνεισφέρουν ομοίως στην διαφοροποίηση, υποδεικνύοντας ειδικά γονιδιωματικά πρότυπα στους υπερπληθυσμούς.

FOXP2 & CNTNAP2: INVESTIGATING COMMON VARIANTS IN GENES ASSOCIATED WITH NEURODEVELOPMENTAL AND NEURODEGENERATIVE DISORDERS IN HUMAN POPULATIONS

Lysiova Evangelia-Sotiria, Georgitsi Marianthi, Papageorgiou C. Aristotelis

Department of Molecular Biology and Genetics, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis, 68100

While FOXP2 and CNTNAP2 genes are frequently implicated in neurodevelopmental and neurodegenerative disorders, their interpopulation variation structures are not sufficiently characterized. Herein a computational analysis was performed on these disease-associated genes, utilizing dimensionality reduction techniques and population genetics statistical measures, in order to identify differentiation among 26 populations of 1000 Genomes Project Database. Observed structures among clusters exhibit considerable consistency across analyses of single nucleotide polymorphisms (SNPs), insertion-deletion variants (INDELs) and haplotypes. Populations of East Asian origin manifest distinct levels of differentiation in comparison with the remaining studied populations, in the case of SNVs and FOXP2 locus. Of particular interest, variants rs7782412 and rs7799652 that contribute to differentiation have also been independently reported in GWAS catalog in Alzheimer's Disease patients of African American origin and a pilot study of Frontotemporal Dementia in Southern Italy respectively. Notably, both single nucleotide variants reside within the same compact Linkage Disequilibrium block among the majority of studied populations, suggesting a shared haplotypic background. Closer inspection reveals that in the case of East Asians exhibit negligible linkage of the two markers, attributed to insufficient variation in the locus and allele fixation, while African-prevalent haplotypes consisting of the two trait-associated alleles contribute to differentiation as well, revealing superpopulation-specific genomic patterns.

ΠΑΡΑΠΟΤΑΜΙΟΙ ΔΙΑΔΡΟΜΟΙ: ΕΣΤΙΕΣ ΒΙΟΠΟΙΚΙΛΟΤΗΤΑΣ ΣΤΟ ΘΕΣΣΑΛΙΚΟ ΑΓΡΟΤΙΚΟ ΤΟΠΙΟ

Μακρή Μαρία, Χρηστάκης Χρήστος, Σφουγγάρης Αθανάσιος

Εργαστήριο Διαχείρισης Οικοσυστημάτων και Βιοποικιλότητας, Τμήμα ΓΦΠΑΠ, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

Η εντατικοποίηση της γεωργίας έχει οδηγήσει σε κατακερματισμό και υποβάθμιση των ενδιαιτημάτων του αγροτικού τοπίου, με σημαντικές επιπτώσεις στις βιοκοινότητες, μειώνοντας τόσο την ταξινομική όσο και τη λειτουργική ποικιλότητα τους. Το αγροτικό τοπίο της θεσσαλικής πεδιάδας διαμορφώνεται κυρίως από ομοιογενείς αροτραίες καλλιέργειες, με παράλληλη ελαχιστοποίηση των νησίδων φυσικής βλάστησης. Το σύστημα του ποταμού Πηνειού, με τα θραύσματα παραποτάμιων ζωνών και οι εναπομείναντες φυτοφράχτες, αποτελούν βασικά στοιχεία ετερογένειας στο τοπίο. Σκοπός της παρούσας εργασίας ήταν η διερεύνηση της σημασίας των παραποτάμιων διαδρόμων και της χωρικής συνδεσιμότητας της βλάστησης για την ταξινομική και λειτουργική ποικιλότητα της ορνιθοπανίδας στο θεσσαλικό αγροτικό τοπίο. Η έρευνα πραγματοποιήθηκε σε τμήμα της θεσσαλικής πεδιάδας στον νομό Λάρισας, όπου χωροθετήθηκαν 60 δειγματοληπτικοί σταθμοί σε τρεις τύπους ενδιαιτήματος: παραποτάμιες ζώνες, πράσινα στοιχεία/φυτοφράχτες και καλλιέργειες. Η ορνιθοπανίδα καταγράφηκε με σημειακές καταμετρήσεις κατά τα έτη 2017–2018. Υπολογίστηκαν δείκτες ταξινομικής (πλούτος ειδών, Shannon) και λειτουργικής ποικιλότητας (FRic, FEve, RaoQ, FDis), ενώ οι σχέσεις τους με περιβαλλοντικές μεταβλητές αναλύθηκαν με γενικευμένα γραμμικά μοντέλα. Οι παραποτάμιες ζώνες εμφάνισαν σταθερά τις υψηλότερες τιμές ποικιλότητας, ενώ οι καλλιέργειες τις χαμηλότερες. Τα πράσινα στοιχεία παρουσίασαν ενδιάμεσες τιμές, αναδεικνύοντας τον συμπληρωματικό τους ρόλο στο αγροτικό μωσαϊκό. Επιπλέον, η μικρότερη απόσταση από το ποτάμι και η παρουσία συνέχειας της βλάστησης συνδέθηκαν θετικά με την ποικιλότητα των κοινοτήτων ορνιθοπανίδας. Τα αποτελέσματα υπογραμμίζουν τη σημασία προστασίας και αποκατάστασης των παραποτάμιων οικοσυστημάτων και των πράσινων στοιχείων/φυτοφραχτών για τη διατήρηση της βιοποικιλότητας στη Θεσσαλία.

**RIPARIAN CORRIDORS: BIODIVERSITY HOTSPOTS IN THE AGRICULTURAL
LANDSCAPE OF THESSALY**

Makri Maria, Christakis Christos, Sfougaris Athanassios

*Laboratory of Ecosystems Management and Biodiversity, Department of Agriculture Crop Production
and Rural Environment, University of Thessaly*

Agricultural intensification has led to fragmentation and degradation of farmland habitats, with significant impacts on biological communities, reducing both taxonomic and functional diversity. The agricultural landscape of the Thessalian plain is dominated by homogeneous arable croplands, accompanied by a marked reduction of natural vegetation patches. The Pinios River system and its remnant riparian zones, together with remaining hedgerows, constitute key sources of habitat heterogeneity within the landscape. The aim of this study was to investigate the importance of riparian corridors and vegetation connectivity for the taxonomic and functional diversity of avian communities in the agricultural landscape of Thessaly. The study was conducted in a section of the Thessalian plain (Larissa Regional Unit), where 60 sampling stations were established across three habitat types: riparian zones, green elements/hedgerows, and croplands. Birds were surveyed using point counts during 2017–2018. Taxonomic diversity indices (species richness, Shannon index) and functional diversity indices (FRic, FEve, RaoQ, FDis) were calculated, while their relationships with environmental variables were analysed using generalized linear models. Riparian zones consistently exhibited the highest diversity values, whereas croplands showed the lowest. Green elements displayed intermediate values, highlighting their complementary role within the agricultural mosaic. In addition, shorter distance from the river and the presence of continuous vegetation cover were positively associated with avian community diversity. The results underline the importance of protecting and restoring riparian ecosystems and green elements/hedgerows for biodiversity conservation in Thessaly.

ΑΝΘΡΩΠΟΛΟΓΙΚΗ ΜΕΛΕΤΗ ΤΑΦΙΚΟΥ ΟΙΚΟΔΟΜΗΜΑΤΟΣ ΡΩΜΑΪΚΗΣ-ΥΣΤΕΡΟΡΩΜΑΪΚΗΣ ΕΠΟΧΗΣ ΣΤΟ ΜΕΓΑΛΟ ΣΕΙΡΗΝΙ ΓΡΕΒΕΝΩΝ

Μαντζώρου Θ., Μιχαήλ Δ.Ε., Δημάκης Ν., Χοβαλοπούλου Μ.Ε.

Τομέας Φυσιολογίας Ζώων & Ανθρώπου, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό & Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, Πανεπιστημιούπολη 157 84 Αθήνα

Η περιοχή των Γρεβενών είναι πλούσια σε βιοαρχαιολογικό υλικό από διαφορετικές χρονικές περιόδους (Ρωμαϊκή, Βυζαντινή). Η παρούσα εργασία αποτελεί βιοαρχαιολογική μελέτη των ανθρώπινων σκελετικών καταλοίπων από ένα κτιστό θαλαμωτό υπόγειο ταφικό οικοδόμημα, της Ρωμαϊκής-Υστερορωμαϊκής εποχής (1ος – 5ος αι. μ.Χ.) που βρίσκεται στην Αγία Τριάδα Γρεβενών, στο Μεγάλο Σειρήνι. Σκοπός ήταν η δημογραφική ανασύσταση του ταφικού οικοδομήματος (εκτίμηση ηλικίας, φύλου), καθώς και η αναγνώριση παθολογιών. Από το οστεολογικό υλικό προσδιορίστηκε ότι ο ελάχιστος αριθμός ατόμων (MNI) είναι 19 άτομα, εκ των οποίων τα 14 είναι ενήλικα και τα 5 ανήλικα. Η εκτίμηση της ηλικίας θανάτου επιτεύχθηκε με βάση την ανάπτυξη των μόνιμων και νεογιλών δοντιών για τα ανήλικα άτομα, ενώ για τα ενήλικα άτομα με τον βαθμό μασητικής φθοράς των γομφίων και το επίπεδο μορφολογικών αλλοιώσεων στα ανώνυμα οστά. Η εκτίμηση φύλου (η οποία μπορεί να πραγματοποιηθεί μόνο στα ενήλικα άτομα) βασίστηκε σε μορφολογικά χαρακτηριστικά του κρανίου και της λεκάνης. Έτσι προέκυψαν 9 Αρσενικά/Αρσενικά?, 2 Θηλυκά/Θηλυκά? και 3 άτομα απροσδιόριστου φύλου. Τέλος, το υλικό εξετάστηκε επιμελώς για τυχόν παθολογίες, διαδικασία η οποία αποδείχθηκε ιδιαίτερα καρποφόρα. Συγκεκριμένα, εντοπίστηκαν πληθώρα οδοντικών παθήσεων όπως τρυγία, τερηδόνα και υποπλασία αδαμαντίνης, για τις οποίες πραγματοποιήθηκε στατιστική ανάλυση με βάση τον αριθμό των δοντιών (τερηδόνας: 14,3%, τρυγίας: 45,3%, υποπλασίας αδαμαντίνης: 29,6%), αλλά και κατάγματα, συνοστεώσεις ταρσικών-μεταταρσικών, οστεόφυτα σε σπονδύλους και μακρά οστά. Το σύνολο των ευρημάτων αξιοποιήθηκε για την εξαγωγή συμπερασμάτων ως προς τον τρόπο διαβίωσης, αλλά και για την σύγκριση τους με αυτά από άλλες θέσεις της Μακεδονίας ρωμαϊκής εποχής. Η παρούσα μελέτη διεξήχθη σε ένα περιορισμένο δείγμα, γεγονός που δυσχεραίνει την εξαγωγή ευρύτερων συμπερασμάτων. Παρ' όλα αυτά, η επιστημονική έρευνα διατηρεί τη σημασία της και παράγει αξιοσημείωτα και τεκμηριωμένα πορίσματα.

**BIOANTHROPOLOGICAL STUDY OF A BURIAL STRUCTURE OF THE ROMAN–
POST ROMAN PERIOD IN MEGALO SEIRINI, GREVENA**

Mantzorou Th., Michael D.E., Dimakis N., Chovalopoulou M.E.

Department of Animal & Human Physiology, Department of Biology, National & Kapodistrian University of Athens, 157 84 Athens

Grevena has proven to be quite rich in terms of bioarchaeological findings, from different chronological periods (Roman, Byzantine). Human skeletal remains originating from a chambered underground burial structure, dated to the Roman–post Roman period (1st–5th century AD), located at Agia Triada, Grevena, in Megalo Seirini, were bioarchaeologically analyzed. The aim of the present study was to determine the demographic profile of the unearthed people (age and sex estimation), as well as to identify bone and teeth pathologies. The minimum number of individuals (MNI) is 19, of which 14 are adults and 5 are non-adults. Age-at-death estimation was achieved through the growth stage of permanent and deciduous teeth for non-adults, while for adults, through the degree of dental wear on molars and morphological features of the innominate bones. Sex estimation (which can only be performed on adult individuals) was based on morphological characteristics of the skull and pelvis. In this way, 9 males/males? and 2 females/females? were identified, while 3 individuals were of indeterminate sex. Finally, human remains were thoroughly examined for possible pathologies, a process that proved to be particularly fruitful. Specifically, several dental conditions were identified, such as calculus, caries and enamel hypoplasia, for which statistical analysis was performed (f_{caries} : 14.3%, f_{calculus} : 45.3%, $f_{\text{enamel hypoplasia}}$: 29.6%). Additionally, fractures, tarsal–metatarsal synostoses, and spinal as well as non-spinal osteophytes were observed. All these findings were used to offer insights into the lifestyle of these individuals and to compare our results with those from other sites in Macedonia of the Roman period. The present study was conducted on a limited sample, which prohibits the opportunity to offer wider conclusions for Grevena people during Roman times. Nevertheless, the scientific research retains its significance and produces noteworthy and well-documented conclusions.

**ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΕΔΩΔΙΜΩΝ ΕΠΙΚΑΛΥΨΕΩΝ ΜΕ ΒΑΣΗ ΤΟ ΚΟΜΜΙ ΞΑΝΘΑΝΗΣ ΚΑΙ
ΕΚΧΥΛΙΣΜΑ CLITORIA TERNATEA L. ΣΤΑ ΠΟΙΟΤΙΚΑ ΧΑΡΑΚΤΗΡΙΣΤΙΚΑ
ΦΡΕΣΚΟΚΟΜΜΕΝΟΥ ΑΓΓΟΥΡΙΟΥ**

Μανώλα Ελένη, Γιαννούλη Περσεφόνη

*Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις,
Λάρισα*

Τα φρεσκοκομμένα οπωροκηπευτικά εμφανίζουν αυξημένη ευπάθεια σε μεταβολές των ποιοτικών τους χαρακτηριστικών κατά την αποθήκευση, γεγονός που καθιστά αναγκαία την ανάπτυξη ήπιων και αποτελεσματικών μεθόδων συντήρησης. Στην παρούσα έρευνα, εδώδιμες επικαλύψεις εμπλουτίστηκαν με φυσικά εκχυλίσματα, όπως *Clitoria ternatea* L., με στόχο την ενίσχυση της λειτουργικότητά τους και τη μελέτη της επίδρασής τους στην ποιότητα του φρεσκοκομμένου αγγουριού κατά την αποθήκευση στους 5°C. Αγγούρια εμπορικής ωριμότητας τεμαχίστηκαν σε κυλινδρικά δείγματα και υποβλήθηκαν σε τρεις μεταχειρίσεις: α) μάρτυρας χωρίς επικάλυψη (Ctr), β) δείγματα φρεσκοκομμένου αγγουριού με επικάλυψη 0,3% w/w κόμμι ξανθάνης (T1) και γ) δείγματα φρεσκοκομμένου αγγουριού με επικάλυψη 0,3% w/w κόμμι ξανθάνης και 1% w/w εκχύλισμα *Clitoria ternatea* L. (T2). Τα δείγματα αποθηκεύτηκαν στους 5°C για 5 ημέρες και αξιολογήθηκαν από την ημέρα 0 έως την ημέρα 5 ως προς τη σκληρότητα και τη χρωματική παράμετρο L*. Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι τόσο ο χρόνος αποθήκευσης όσο και η σύσταση της επικάλυψης επηρέασαν σημαντικά τα εξεταζόμενα ποιοτικά χαρακτηριστικά. Συγκεκριμένα, παρατηρήθηκαν διαφοροποιήσεις στη σκληρότητα μεταξύ των μεταχειρίσεων κατά τη διάρκεια της αποθήκευσης, ενώ ο εμπλουτισμός της επικάλυψης με εκχύλισμα *Clitoria ternatea* L. οδήγησε σε εντονότερη μεταβολή της φωτεινότητας, με χαμηλότερες τιμές L* σε σύγκριση με τον μάρτυρα και την επικάλυψη μόνο με κόμμι ξανθάνης, λόγω της παρουσίας των φυσικών χρωστικών του εκχυλίσματος. Συμπερασματικά, οι επικαλύψεις με βάση το κόμμι ξανθάνης επηρέασαν τη μετασυλλεκτική συμπεριφορά του φρεσκοκομμένου αγγουριού, ενώ η προσθήκη εκχυλίσματος *Clitoria ternatea* L. προσέδωσε έντονη οπτική διαφοροποίηση, χωρίς στατιστικά σημαντική τελική επίδραση στη σκληρότητα, αναδεικνύοντας την προοπτική αξιοποίησής του ως φυσικού λειτουργικού συστατικού σε εδώδιμες επικαλύψεις.

EFFECT OF EDIBLE COATINGS BASED ON XANTHAN GUM AND CLITORIA TERNATEA L. EXTRACT ON THE QUALITY CHARACTERISTICS OF FRESH-CUT CUCUMBER

Manola Eleni, Giannouli Persephoni

*Department of Biochemistry and Biotechnology, School of Health Sciences, University of Thessaly,
Viopolis, Larissa, Greece*

Fresh-cut fruits and vegetables exhibit increased susceptibility to changes in their quality characteristics during storage, making the development of mild and effective preservation methods necessary. In the present study, edible coatings were enriched with natural extracts, such as *Clitoria ternatea* L., aiming to enhance their functionality and investigate their effect on the quality of fresh-cut cucumber during storage at 5°C. Cucumbers at commercial maturity were cut into cylindrical samples and subjected to three treatments: (a) control without coating (Ctr), (b) fresh-cut cucumber samples coated with 0.3% w/w xanthan gum (T1), and (c) samples coated with 0.3% w/w xanthan gum and 1% w/w *Clitoria ternatea* L. extract (T2). The samples were stored at 5°C for 5 days and evaluated from day 0 to day 5 in terms of firmness and the color parameter L*. The results showed that both storage time and coating composition significantly affected the examined quality characteristics. Specifically, differences in firmness were observed among treatments during storage, while the enrichment of the coating with *Clitoria ternatea* L. extract led to a more pronounced change in lightness, with lower L* values compared to the control and the xanthan gum-only coating, due to the presence of natural pigments in the extract. In conclusion, xanthan gum-based coatings affected the postharvest behavior of fresh-cut cucumber, while the addition of *Clitoria ternatea* L. extract provided marked visual differentiation, without a statistically significant effect on firmness at the end of storage, highlighting its potential use as a natural functional ingredient in edible coatings.

ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗ ΤΗΣ ΕΠΙΔΡΑΣΗΣ ΤΟΥ ΓΕΝΟΤΥΠΟΥ TSL ΣΤΗΝ ΑΠΟΚΡΙΣΗ ΣΕ ΘΕΡΜΙΚΟ ΣΤΡΕΣ ΚΑΙ ΣΤΗΝ ΑΦΥΔΑΤΩΣΗ ΣΤΗ ΜΥΓΑ ΤΗΣ ΜΕΣΟΓΕΙΟΥ (CERATITIS CAPITATA)

Μανώλη Χρυσούλα, Καραθανάση Βενετία, Καμηλάρη Μαρία, Γιαννάτος Γεράσιμος, Αυγουστίνος Αντώνιος

Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26500, Πάτρα, Ελλάδα

Τμήμα Φυτοπροστασίας Πάτρας, Ινστιτούτο Βιομηχανικών και Κτηνοτροφικών Φυτών, Ελληνικός Γεωργικός Οργανισμός-Δήμητρα, 26442, Πάτρα, Ελλάδα

Τμήμα Αειφορικής Γεωργίας, Σχολή Γεωπονικών Επιστημών, Πανεπιστήμιο Πατρών, 30131, Αργίνιο, Ελλάδα

Η Τεχνική Εξαπόλυσης Στείρων Εντόμων (SIT) είναι μια φιλική προς το περιβάλλον μέθοδος διαχείρισης παρασίτων εντόμων, που περιλαμβάνει τη μαζική εκτροφή, στείρωση και απελευθέρωση αρσενικών ατόμων με σκοπό την σύζευξη με θηλυκά αγρίου τύπου και τη σταδιακή μείωση του πληθυσμού. Η μύγα της Μεσογείου *Ceratitis capitata* είναι οργανισμός-μοντέλο για την εφαρμογή της SIT λόγω της ανάπτυξης στελεχών διαχωρισμού του φύλου (GSS) Vienna-7 και 8, τα οποία δημιουργήθηκαν συνδέοντας με το αρσενικό φύλο τα αγρίου τύπου αλληλόμορφα των μεταλλάξεων *white pupae* (*wp*) και *temperature-sensitive-lethal* (*tsl*)-γονίδιο θερμοκρασιακής ευαισθησίας- επιτρέποντας διαχωρισμό και θανάτωση των θηλυκών νωρίς στην εμβρυογένεση. Σκοπός της μελέτης είναι η βελτιστοποίηση των συνθηκών της SIT για τον χειρισμό των ωών σε συνθήκες μαζικής εκτροφής και η διερεύνηση της πιθανής επίδρασης του γενοτύπου *tsl* στην απόκριση στην αφυδάτωση. Επιλέχθηκαν τρία στελέχη του είδους για διερεύνηση με διαφορετικούς γενοτύπους: *Benakeio* (*wp+ wp+/tsl+ tsl+*), *wp* (*wp- wp-/tsl+ tsl+*) και *wptsl* (*wp- wp-/tsl- tsl-*). Προσδιορίστηκαν οι κατάλληλες συνθήκες θερμοκικού στρες, μετρώντας βιολογικούς δείκτες όπως η επιβίωση των ωών, η νύμφωση και η ανάδυση των ενηλίκων, ενώ ελέγχθηκε και η απόκριση σε διαφορετικούς χρόνους αφυδάτωσης. Τέλος, αναπτύχθηκε διαγνωστικό τεστ PCR-RFLP για την ταυτοποίηση του γενοτύπου των ατόμων ως προς την μετάλλαξη *tsl*. Οι βιολογικές δοκιμασίες αποκάλυψαν διαφοροποιήσεις μεταξύ των στελεχών, με διαφορετικά χρονικά σημεία να επηρεάζουν την απόκριση στα δύο είδη στρες ενώ η μοριακή ανάλυση επέτρεψε τον σαφή διαχωρισμό ατόμων με *tsl* γενότυπο από τον ετεροζυγωτικό και τον άγριου τύπου. Ο συνδυασμός φαινοτυπικών και μοριακών δοκιμασιών έχει διττή αξία: τα ευρήματα ενισχύουν την απόδοση της μαζικής εκτροφής μέσω βελτιστοποίησης του χειρισμού των ωών και της επιλογής των αρσενικών, ενώ αναδεικνύουν και την πιθανή επίδραση της μετάλλαξης *tsl* στην απόκριση σε περιβαλλοντικές καταπονήσεις, όπως η αφυδάτωση.

EVALUATION OF THE TSL GENOTYPE EFFECT ON THERMAL STRESS AND DEHYDRATION RESPONSE IN THE MEDITERRANEAN FRUIT FLY (CERATITIS CAPITATA)

Manoli Chrysoula, Karathanasi Venetia, Kamilari Maria, Giannatos Gerasimos, Avgoustinos Antonios

Department of Biology University of Patras 26500 Patras Greece, Department of Plant Protection Patras

Institute of Industrial and Forage Crops Hellenic Agricultural Organization- DIMITRA 26442 Patras Greece Department of Sustainable Agriculture, School of Agricultural Sciences, University of Patras, 30131, Agrinio, Greece

The Sterile Insect Technique (SIT) is an environmentally friendly pest management method involving the mass rearing, sterilization, and release of male insects to mate with wild females, leading to a gradual population decline. The Mediterranean fruit fly, *Ceratitis capitata*, serves as a model organism for SIT application through the development of Genetic Sexing Strains (GSS), such as VIENNA-7 and 8. These strains were engineered by linking the wild-type alleles of the white pupae (wp) and temperature-sensitive-lethal(tsl) mutations to the male sex, enabling sex separation and the selective elimination of females during early embryogenesis. The objective of this study is to optimize SIT conditions regarding egg handling in mass-rearing facilities and to investigate the potential impact of the tsl genotype on dehydration stress response. Three strains with distinct genotypes were evaluated: Benakeio (wp+ wp+/tsl+ tsl+), wp (wp- wp-/tsl+ tsl+) and wptsl (wp- wp-/tsl- tsl-). Optimal thermal stress conditions were determined by monitoring biological indicators, including egg survival, pupation, and adult emergence. Furthermore, the response of these strains to different dehydration time intervals was assessed. Finally, a PCR-RFLP diagnostic assay was developed for the accurate identification of the tsl mutation genotype. Biological assays revealed significant variations among the strains, with specific timepoints influencing the biological profile under both types of stress. Molecular analysis successfully allowed the clear differentiation of the tsl genotype from wild-type and heterozygous individuals. The combination of phenotypic and molecular assays provides a robust framework for quality control in SIT programs, enhancing mass-rearing efficiency and highlighting the influence of the tsl mutation on insect resilience against environmental stressors, such as dehydration.

Η ΘΗΡΕΥΣΗ ΚΑΘΟΡΙΖΕΙ ΤΗΝ ΑΠΟΘΗΚΕΥΣΗ ΤΩΝ ΘΡΕΠΤΙΚΩΝ ΟΥΣΙΩΝ; Η ΠΕΡΙΠΤΩΣΗ ΤΗΣ ΑΥΤΟΤΟΜΙΑΣ ΣΤΙΣ ΣΑΥΡΕΣ ΤΗΣ ΟΙΚΟΓΕΝΕΙΑΣ LACERTIDAE

Μαρούλη Ασπραδενή-Νίκη 1*, Αντωνίου Οδυσσέας 1*, Δειϊμέζης Άρης 2, Σαγώνας Κωνσταντίνος 3, Βαλάκος Ευστράτιος 1,4

1. Τομέας Φυσιολογίας Ζώων & Ανθρώπου, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Αθηνών, Πανεπιστημιούπολη, Ιλίσια, Ελλάδα
2. Τομέας Ζωολογίας & Θαλάσσιας Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Αθηνών, Πανεπιστημιούπολη, Ιλίσια, Ελλάδα
3. Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Πανεπιστημιούπολη, Θεσσαλονίκη
4. Μουσείο Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας Πανεπιστήμιο Αθηνών, Πανεπιστημιούπολη, Ιλίσια, Ελλάδα

**Ισοδύναμη συνεισφορά*

Η αυτοτομία της ουράς αποτελεί έναν σημαντικό αντιθηρευτικό μηχανισμό των σαυρών, ο οποίος ενεργοποιείται ως άμεση απόκριση σε κίνδυνο σύλληψης από φυσικούς θηρευτές, όπως φίδια. Η διαδικασία αυτή ακολουθείται από την αναγέννηση της ουράς, δηλαδή την αντικατάσταση του απολεσθέντος τμήματος. Προηγούμενες μελέτες έχουν επικεντρωθεί στη συγκριτική ποσοτική ανάλυση λιπιδίων και πρωτεϊνών μεταξύ άθικτων και αναγεννημένων ουρών. Στη παρούσα μελέτη, με επίκεντρο την οικογένεια Lacertidae, διερευνάται η επίδραση της θηρευτικής πίεσης στην κατανομή λιπιδίων και πρωτεϊνών κατά μήκος της ουράς. Συγκεκριμένα, συγκρίθηκε η σύσταση του εγγύς και άπω τμήματος της ουράς σε νησιωτικούς (χαμηλή θήρευση) και ηπειρωτικούς (υψηλή θήρευση) πληθυσμούς των γενών *Podarcis* και *Algyroides*. Για την ανάλυση χρησιμοποιήθηκε ομογενοποίημα μυϊκού ιστού. Η ποσοτικοποίηση των πρωτεϊνών πραγματοποιήθηκε με την αντίδραση Biuret, ενώ των λιπιδίων με την αντίδραση SPV και ακολούθησε στατιστική επεξεργασία. Τα αποτελέσματα έδειξαν στατιστικά σημαντική διαφορά στη ποσότητα λιπιδίων μεταξύ εγγύς και άπω τμήματος της ουράς στους ηπειρωτικούς πληθυσμούς, με υψηλότερη συγκέντρωση στο εγγύς τμήμα. Αντίθετα, στους νησιωτικούς πληθυσμούς δε παρατηρήθηκε στατιστικά σημαντική διαφορά. Όσον αφορά τις πρωτεΐνες, δεν εντοπίστηκαν διαφορές μεταξύ των δύο τμημάτων σε κανέναν πληθυσμό. Συμπερασματικά, τα αποτελέσματα υποδεικνύουν ότι η θηρευτική πίεση επηρεάζει την αποθήκευση λιπιδίων στην ουρά των σαυρών, ανεξάρτητα από τις εξελικτικές σχέσεις των ατόμων, ενώ η ποσότητα των πρωτεϊνών παραμένει σταθερή, πιθανώς λόγω του δομικού τους ρόλου.

DOES PREDATION DETERMINE NUTRIENT STORAGE? THE CASE OF TAIL AUTOTOMY IN LACERTID LIZARDS

Marouli Astradani-Niki 1, Antoniou Odysseas 1*, Deimezis Aris 2, Sagonas Konstantinos 3, Valakos Efstratios 1,4

1. *Department of Biology, Division of Human and Animal Physiology, University of Athens, Panepistimiopolis, Ilisia*

2. *Department of Biology, Division of Zoology and Sea Biology, University of Athens, Panepistimiopolis, Ilisia*

3. *Department of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Panepistimioupolis, Thessaloniki*

4. *Museum of Zoology, Department of Biology, University of Athens, Panepistimiopolis, Ilisia*

**Equal contribution*

Tail autotomy represents an important anti-predator mechanism in lizards, which is activated as an immediate response to the risk of capture by natural predators, such as snakes. This process is followed by tail regeneration, namely the replacement of the lost segment. Previous studies have focused on the comparative quantitative analysis of lipids and proteins between intact and regenerated tails. In the present study, focusing on the Lacertidae family, the effect of predation pressure on the distribution of lipids and proteins along the tail is investigated. Specifically, the composition of the proximal and distal segments of the tail was compared between island (low predation) and mainland (high predation) populations of the genera *Podarcis* and *Algyroides*. Muscle tissue homogenate was used for the analysis. Protein quantification was performed using the Biuret test, while lipid quantification was carried out using the SPV method, followed by statistical processing. The results showed a statistically significant difference in lipid quantity between the proximal and distal segments of the tail in mainland populations, with a higher concentration in the proximal segment. In contrast, no statistically significant difference was observed in island populations. Regarding proteins, no differences were detected between the two segments in any population. In conclusion, the results indicate that predation pressure affects lipid storage in the lizard tail, regardless of the evolutionary relationships of the individuals, whereas protein quantity remains stable, likely due to their structural role.

**ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗ ΧΡΗΣΗΣ ΜΗ ΕΠΑΝΔΡΩΜΕΝΩΝ ΑΕΡΟΣΚΑΦΩΝ (UAVS) ΓΙΑ ΤΗΝ
ΚΑΤΑΓΡΑΦΗ ΘΕΣΕΩΝ ΦΩΛΕΟΠΟΙΗΣΗΣ ΣΕ ΑΠΟΙΚΙΕΣ ΥΔΡΟΒΙΩΝ ΠΤΗΝΩΝ**

Μιχαλάκης Δημήτριος, Χρηστάκης Χρήστος, Χατζηλάκου Διονυσία

Μονάδα Διαχείρισης Προστατευόμενων Περιοχών Θεσσαλίας, Οργανισμός Φυσικού Περιβάλλοντος και Κλιματικής Αλλαγής, Λεωφ. Μεσογείων 207 Αθήνα 115 25

Η αξιολόγηση της αναπαραγωγικής δραστηριότητας των υδρόβιων πτηνών σε μεγάλες αποικίες τους αποτελεί σημαντική πρόκληση, κυρίως λόγω του μεγέθους τους και της περιορισμένης προσβασιμότητας των ενδιαιτημάτων τους. Η χρήση μη επανδρωμένων αεροσκαφών (UAVs/drones) αναδεικνύεται ως ένα ιδιαίτερα υποσχόμενο εργαλείο για την παρακολούθηση των αποικιών αυτών. Στην παρούσα μελέτη πραγματοποιήθηκε άμεση καταγραφή των φωλιών με τη χρήση drone στην αποικία αναπαραγωγής ερωδιών της Τοπικής Κοινότητας Γλαύκης (Δήμος Κιλελέρ). Οι μετρήσεις πεδίου πραγματοποιήθηκαν κατά τις αναπαραγωγικές περιόδους των ετών 2019–2025 (με εξαίρεση το 2021), σε ύψος άνω των 55 m, με στόχο την αποτροπή όχλησης της ορνιθοπανίδας, επιτρέποντας παράλληλα τη διαχρονική αξιολόγηση της μεθόδου. Τα UAVs επέτρεψαν την πρόσβαση σε δυσπρόσιτες περιοχές, τη βελτιωμένη χωρική κάλυψη και την ακριβή χαρτογράφηση της έκτασης των αποικιών, μειώνοντας τη μεροληψία δειγματοληψίας. Επιπλέον, διευκόλυναν την ταχεία και αξιόπιστη εκτίμηση του αριθμού των νεοσσών και των ενεργών θέσεων αναπαραγωγής, ενισχύοντας την ακρίβεια των αποτελεσμάτων. Ωστόσο, η καταγραφή νεοσσών σε πυκνοκατοικημένες αποικίες από ασφαλή ύψη πτήσης προϋποθέτει τη χρήση αισθητήρων υψηλής χωρικής ανάλυσης και συστημάτων οπτικής μεγέθυνσης (zoom), ικανών να διασφαλίσουν την απαιτούμενη λεπτομέρεια χωρίς αύξηση της όχλησης. Παρά τα σημαντικά πλεονεκτήματα των UAVs, η αποτύπωση ποιοτικών χαρακτηριστικών του ενδιαιτήματος παραμένει περιορισμένη μέσω εξ αποστάσεως αισθητήρων. Για τον λόγο αυτό, κρίνεται απαραίτητος ο συνδυασμός τους με επιτόπιες έρευνες πεδίου, οι οποίες παρέχουν κρίσιμες πληροφορίες για την οικολογική κατάσταση της αποικίας.

EVALUATING THE USE OF UNMANNED AERIAL VEHICLES (UAVS) FOR NEST MONITORING IN WATERBIRD COLONIES

Michalakis Dimitrios, Christakis Christos, Hatzilacou Dionysia

Management Unit of Protected Areas of Thessaly, Natural Environment & Climate Change Agency, Leoforos Mesogeion 207 Athens 115 25

Assessing the breeding activity of waterbirds in large colonies represents a significant challenge, primarily due to their size and the limited accessibility of their habitats. The use of unmanned aerial vehicles (UAVs/drones) has emerged as a highly promising tool for monitoring such colonies. In the present study, direct nest counts were conducted using a drone at the heron breeding colony of the Local Community of Glafki (Municipality of Kileler). Field surveys were carried out during the breeding seasons from 2019 to 2025 (excluding 2021), at flight altitudes exceeding 55 m, in order to minimize disturbance to avifauna while enabling a long-term evaluation of the method. UAVs provided access to difficult-to-reach areas, improved spatial coverage, and allowed accurate mapping of colony extent, while reducing sampling bias. Furthermore, they facilitated rapid and reliable estimation of the number of chicks and active breeding sites, enhancing the overall accuracy of the results. However, the detection of chicks in densely populated colonies from safe flight altitudes requires the use of high spatial resolution sensors and optical zoom systems capable of ensuring the necessary level of detail without increasing disturbance. Despite the significant advantages of UAVs, the assessment of qualitative habitat characteristics remains limited when relying solely on remote sensing approaches. Therefore, their combined use with ground-based surveys is considered essential, as these provide critical information on the ecological condition of the colony.

ΜΕΛΕΤΗ ΤΗΣ ΜΟΡΦΟΛΟΓΙΚΗΣ ΔΙΑΦΟΡΟΠΟΙΗΣΗΣ ΕΝΤΟΣ ΤΟΥ ΕΙΔΟΥΣ ΤΗΣ ΣΑΥΡΑΣ ΤΟΥ ΙΟΝΙΟΥ *ALGYROIDES NIGROPUNCTATUS*

Μορφώσης Κωνσταντίνος¹, Σαγώνας Κώστας^{1,2}

1. Εργαστήριο Θαλάσσιας και Χερσαίας Ζωικής Ποικιλότητας, Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 54124 Θεσσαλονίκη
2. Γονιδιωματική/Επιγενετική Ανάλυση και Μεταφραστική Έρευνα (GENeTres), Κέντρο Διεπιστημονικής Έρευνας και Καινοτομίας (ΚΕΔΕΚ), Balkan Center, 57001, Θεσσαλονίκη

Οι μηχανισμοί που συμβάλλουν στη διατήρηση της γενετικής και φαινοτυπικής ποικιλότητας αποτελούν κεντρικό ερώτημα της εξελικτικής βιολογίας. Η ποικιλότητα συχνά προκύπτει από τη συνδυαστική δράση στοχαστικών διεργασιών, όπως η γενετική παρέκκλιση, και δυνάμεων φυσικής επιλογής συμπεριλαμβανομένης της επιλογής συντρόφου. Ειδικότερα, η παρέκκλιση σε χαρακτήρες που σχετίζονται με την επιλογή συντρόφου μπορεί να οδηγήσει στην αναπαραγωγική απομόνωση μεταξύ των πληθυσμών και εν τέλει την ειδογένεση. Μια τέτοια περίπτωση πιθανώς αποτελεί η σαύρα *Algyroides nigropunctatus*, όπου δύο μορφότυποι στην Ελλάδα παρουσιάζουν έντονες χρωματικές και γεωγραφικές διαφοροποιήσεις: το ενδημικό *A.n.kerhallithacius* (κίτρινο σώμα-πράσινος λαιμός) στη Λευκάδα, Ιθάκη και Κεφαλονιά, καθώς και το *A.n. nigropunctatus* (κεραμιδή σώμα-μπλέ λαιμός) στη βορειοδυτική Ελλάδα. Παρόλο που οι πληθυσμοί έρχονται σε επαφή στην Αιτωλοακαρνανία, πρόσφατες μελέτες υποδεικνύουν γενετικές διαφορές σε επίπεδο είδους, θέτοντας ερωτήματα για την ταξινομική σχέση καθώς και την πιθανή αναπαραγωγική απομόνωση. Για την διερεύνηση της ταξινομικής κατάστασης ενσωματώσαμε μια σειρά συμπεριφορικών (πειράματα επιλογής συντρόφου), οικολογικών και γενετικών προσεγγίσεων σε συνδυασμό με την ανάλυση φερομονών. Η παρούσα έρευνα επικεντρώνεται στη μορφολογία, αναλύοντας δυο απομονωμένους πληθυσμούς των δυο μορφοτύπων και παρέχοντας πρωτογενή δεδομένα γεωμετρικής μορφολογίας κεφαλής και μιας σειράς γραμμικών μετρήσεων σώματος. Παρόλη την απουσία διαφοροποίησης στις γραμμικές μετρήσεις, τα υποείδη διαφέρουν σημαντικά όσον αφορά τη γεωμετρική μορφομετρία της κεφαλής, δημιουργώντας δυο διακριτές ομάδες τόσο για τη ραχιαία όσο και τη πλάγια πλευρά. Τα αποτελέσματα της μελέτης θα συμπληρώσουν τα γενετικά και συμπεριφορικά δεδομένα και θα συμβάλλουν στην αξιολόγηση της ανάγκης πιθανής ταξινομικής αναθεώρησης του είδους. Η παρούσα μελέτη υποστηρίχθηκε από την Ελληνική Ζωολογική Εταιρεία μέσω των Υποτροφιών «Μαργαρίτα Μεταλληνού 2025».

**STUDY OF MORPHOLOGICAL DIVERGENCE WITHIN BLUE THROATED
KEELED LIZARD SPECIES ALGYROIDES NIGROPUNCTATUS**

Morfesis Konstantinos¹, Sagonas Kostas^{1,2}

1. Department of Zoology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki 54124, Greece

2. Genomics and Epigenomics Translational Research (GENeTres), Center for Interdisciplinary Research and Innovation (CIRI-AUTH), Balkan Center, Thessaloniki, Greece

The mechanisms underlying the maintain of genetic and phenotypic variation in populations to speciation processes are key elements in evolutionary biology. Studies suggest possible interactions between stochastic factors, such as genetic drift, and selection during evolutionary divergence, including sexual selection. Indeed, genetic drift has been suggested promoting speciation, especially when drift interacts with sexually selected characters, and can result in sexual isolation between populations as a by-product of sexual selection. Here, we focus on two geographically and phenotypically distinct subspecies of the lizard *Algyroides nigropunctatus*: *A. n. nigropunctatus* and *A. n. kephallithacius*. The kephallithacius morphotype (yellow body-green throat), is restricted to the Ionian islands (Lefkada, Kefalonia, Ithaca), and parts of western Aetoloakarnania, while the nigropunctatus (ceramic body-blue throat) occupies the remainder of the species' range in north-west Greece. Although both subspecies meet in the Aetoloakarnania, recent phylogenetic analyses revealed they form distinct, monophyletic lineages suggesting potential species-level divergence. To evaluate the taxonomy between these lineages, we propose an integrative approach that combines ecological and genomic data, controlled mate choice experiments, and analysis of mating-related (pheromones). This study focused on morphology; comparing two isolated populations of the two subspecies, leading to novel results regarding head geometry and linear metrics. Despite the absence of any differentiation in linear metrics, the two morphotypes differentiate significantly in head morphology, forming two distinct groups. Through this multifaceted framework, we aim to shed light on the processes underlying speciation and investigate the need of taxonomical re-assessment within the *Algyroides* species. The research project is supported by Hellenic Zoological Society: «Margarita Metallinou 2023-2025 fellowships»

ΑΙΜΟΛΥΤΙΚΗ ΙΚΑΝΟΤΗΤΑ ΝΑΝΟΣΩΜΑΤΙΔΙΩΝ ΠΥΡΙΤΙΟΥ: ΜΕΛΕΤΗ ΜΗΧΑΝΙΚΗΣ ΜΑΘΗΣΗΣ ΓΙΑ ΤΗ ΒΕΛΤΙΣΤΟΠΟΙΗΣΗ ΤΟΥ ΠΕΙΡΑΜΑΤΙΚΟΥ ΠΡΩΤΟΚΟΛΛΟΥ

Μουστάκα Σοφία, Αξυπολίτου Στυλιανή, Πουρουτζίδου Γεωργία Κ., Κοντονασάκη Ελεάνα, Τσαμεσίδης Ιωάννης, Σταλικά Ευαγγελία

Τμήμα Βιοϊατρικών Επιστημών, Σχολή Βιοεπιστημών, Κολέγιο Aegean, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα
Τμήμα Προσθετικής, Οδοντιατρική Σχολή, Σχολή Επιστημών Υγείας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

Η παρούσα μελέτη διερευνά την αιμολυτική ικανότητα νανοσωματιδίων με βάση το πυρίτιο, εστιάζοντας στην επίδραση τριών βασικών παραμέτρων στη λύση των ερυθροκυττάρων: τη συγκέντρωση του υλικού, τον χρόνο επώασης και την πειραματική διαδικασία (με ή χωρίς χρήση υπερήχων). Η ανάλυση των δεδομένων πραγματοποιήθηκε με συνδυασμό κλασικών στατιστικών μεθόδων και τεχνικών μηχανικής μάθησης, με στόχο την κατανόηση τόσο των μεμονωμένων επιδράσεων όσο και των αλληλεπιδράσεων μεταξύ των παραμέτρων. Η αρχική ανάλυση ANOVA έδειξε ότι και οι τρεις παράγοντες επηρεάζουν στατιστικά σημαντικά την αιμόλυση ($p < 0,05$), με τη συγκέντρωση και τον χρόνο επώασης να παρουσιάζουν τη μεγαλύτερη μεμονωμένη συνεισφορά (20,59% και 14,71% αντίστοιχα). Ωστόσο, η ενσωμάτωση των αλληλεπιδράσεων ανέδειξε την καθοριστική σημασία των συνδυαστικών φαινομένων. Συγκεκριμένα, η αλληλεπίδραση Μεθόδου–Χρόνου Επώασης εξηγεί το 43,7% της συνολικής διακύμανσης, ενώ η τριπλή αλληλεπίδραση Μεθόδου–Χρόνου–Συγκέντρωσης συνεισφέρει επιπλέον 30,2%. Με τη συμπερίληψη των αλληλεπιδράσεων, η ερμηνευτική ισχύς του μοντέλου αυξήθηκε σημαντικά ($R^2 \approx 80\%$), μειώνοντας το υπολειμματικό σφάλμα στο 20,14%. Εφαρμογή αλγορίθμων Δέντρων Απόφασης και Clustering επέτρεψε τον προσδιορισμό σαφών ορίων ασφαλείας. Σε χρόνο επώασης 1 ώρα, η αιμόλυση παραμένει αμελητέα ανεξαρτήτως μεθόδου και συγκέντρωσης. Αντίθετα, σε επώαση 24 ωρών απαιτείται συγκέντρωση κάτω από 0,38 mg/ml για την αποφυγή υψηλού κινδύνου, ενώ ο συνδυασμός υψηλών συγκεντρώσεων και μακροχρόνιας έκθεσης (5 ημέρες) οδηγεί σε έντονη αιμόλυση (έως 66,2%). Συμπερασματικά, η βέλτιστη βιοσυμβατότητα εξαρτάται από την ταυτόχρονη επιλογή κατάλληλης μεθόδου, χρόνου έκθεσης και συγκέντρωσης, επιβεβαιώνοντας τη σημασία πολυπαραγοντικής προσέγγισης στον σχεδιασμό ασφαλών νανοϋλικών.

HEMOLYTIC ACTIVITY OF SILICA NANOPARTICLES: A MACHINE LEARNING APPROACH FOR EXPERIMENTAL PROTOCOL OPTIMIZATION

Moustaka Sofia, Axypolitou Styliani, Pouroutzidou Georgia K., Kontonasaki Eleana, Tsamesidis Ioannis, Stalika Evangelia

Department of Biomedical Sciences, School of Biosciences, Aegean College, Thessaloniki, Greece

Department of Prosthodontics, School of Dentistry, Faculty of Health Sciences, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece

This study examines the hemolytic activity of silica-based nanoparticles by evaluating three key parameters affecting erythrocyte lysis: material concentration, incubation time, and experimental procedure, with or without sonication. An integrated approach combining statistical analysis and machine learning was employed to quantify both individual effects and parameter interactions. Initial ANOVA demonstrated that all three parameters significantly influenced hemolysis ($p < 0.05$), with concentration and incubation time showing the highest individual contributions at 20.59% and 14.71%, respectively. Incorporation of interaction terms revealed a more complex response profile. The interaction between experimental method and incubation time was identified as the primary contributor, accounting for 43.7% of total variance, while the three-way interaction among method, time, and concentration explained an additional 30.2%. These interactions enhanced model performance, increasing explanatory power to 80% ($R^2 \approx 0.80$) and reducing residual error to 20.14%. Decision tree and clustering analyses enabled determination of clear safety thresholds. At one hour of incubation, hemolysis remained negligible (approximately -1.4%) regardless of concentration or procedure. For 24-hour incubation, concentrations exceeding 0.38 mg/mL resulted in a high-risk hemolytic region. Prolonged exposure for five days combined with elevated concentrations produced a marked increase in hemolysis, reaching values up to 66.2%. Overall, the findings demonstrate that hemolytic toxicity is driven primarily by synergistic interactions rather than isolated variables. Procedures such as probe sonication may enhance stability; however, effectiveness depends on exposure duration and dosage. Optimal biocompatibility is achieved through short-term exposure or strict concentration control during extended incubation, supporting application of silica-based nanomaterials in practice.

ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΗΣ ΣΧΕΣΗΣ ΜΕΤΑΞΥ ΤΩΝ ΑΝΩΜΑΛΙΩΝ ΑΔΕΙΟΔΟΤΗΣΗΣ ΠΟΥ ΠΡΟΚΑΛΟΥΝΤΑΙ ΑΠΟ ΤΗΝ ΥΠΕΡΕΚΦΡΑΣΗ ΤΟΥ CDT1 ΚΑΙ ΤΩΝ ΜΟΡΙΑΚΩΝ ΜΟΝΟΠΑΤΙΩΝ ΦΛΕΓΜΟΝΗΣ ΣΕ ΚΥΤΤΑΡΑ MCF7

Μούτσι Σοφία

Εργαστήριο Γενικής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, Πανεπιστημιούπολη, Ρίο, 26504, Πάτρα

Η Cdt1 αποτελεί κεντρικό ρυθμιστή της πιστής αντιγραφής του DNA. Η απορρύθμισή της ανιχνεύεται στο 80% των κακοηθειών, επάγοντας γονιδιωματική αστάθεια. Η ενεργοποίηση φλεγμονωδών μονοπατιών λόγω αυτής της αστάθειας δρα διττά: ενισχύει την ογκογένεση ή διευκολύνει την εξάλειψη των εξαλλαγμένων κυττάρων. Διερευνάται η υπόθεση της οργανικής σύνδεσης της Cdt1 με τη φλεγμονώδη απόκριση ως μηχανισμός ενίσχυσης της γονιδιωματικής εκτροπής. Χρησιμοποιήθηκε η κυτταρική σειρά MCF7 (μοντέλο αδenoκαρκινώματος μαστού) με ενεργούς μηχανισμούς φλεγμονώδους απόκρισης. Η εφαρμογή επαγόμενου από δοξκυκλίνη συστήματος (Dox-inducible) για ελεγχόμενη έκφραση μη αποικοδομήσιμης Cdt1 επέτρεψε τη μελέτη της αλληλεπίδρασης με τα ενδογενή μονοπάτια. Η υπερέκφραση οδηγεί στην επαγωγή δεικτών βλάβης DNA, όπως η φωσφορυλιωμένη ιστόνη H2AX (γ H2AX), η οποία εμφάνισε ενισχυμένο πυρηνικό σήμα, συνοδευόμενη από μείωση των κυττάρων που εκφράζουν Geminin (Gmnn), υποδεικνύοντας περιορισμό του κυτταρικού κύκλου στις φάσεις S/G2. Μέσω αναλύσεων Western Blotting επιβεβαιώθηκε η Dox-εξαρτώμενη υπερέκφραση της μεταλλαγμένης Cdt1, προκαλώντας σημαντική αύξηση της ISG15, μιας πρωτεΐνης επαγόμενης από ιντερφερόνες. Η αναπαραγωγή των μοτίβων Gmnn και γ H2AX παρέχει ισχυρή ένδειξη ορθής λειτουργίας του συστήματος. Συμπερασματικά, το μοντέλο MCF7 κρίνεται αποδεκτό για τη μελέτη της σύνδεσης Cdt1 και μηχανισμών φλεγμονής.

**INVESTIGATING THE RELATIONSHIP BETWEEN CDT1-INDUCED LICENSING
ABERRATIONS AND INFLAMMATORY PATHWAYS IN MCF7 CELLS**

Muci Sofia

*Laboratory of General Biology, Department of Biology, University of Patras, University Campus, Rio,
GR 26504, Patras, Greece*

Cdt1 is a central regulator of faithful DNA replication. Its dysregulation is detected in 80% of malignancies, inducing genomic instability. The activation of inflammatory pathways due to this instability acts dually: it either enhances oncogenesis or facilitates the elimination of aberrant cells. The hypothesis of a functional link between Cdt1 and the inflammatory response as a mechanism for enhancing genomic aberration is investigated. The MCF7 cell line (breast adenocarcinoma model) with active inflammatory response mechanisms was utilized. The application of a doxycycline-inducible (Dox-inducible) system for controlled expression of non-degradable Cdt1 allowed for the study of the interaction with endogenous pathways. Overexpression leads to the induction of DNA damage markers, such as phosphorylated histone H2AX (γ H2AX), which exhibited an enhanced nuclear signal, accompanied by a decrease in cells expressing Geminin (Gmn), indicating cell cycle restriction in the S/G2 phases. Through Western Blotting analysis, the Dox-dependent overexpression of mutant Cdt1 was confirmed, causing a significant increase in ISG15, an interferon-induced protein. The reproduction of Gmn and γ H2AX patterns provides strong evidence for the proper functioning of the system. In conclusion, the MCF7 model is deemed acceptable for studying the link between Cdt1 and inflammatory mechanisms.

ΑΝΑΛΥΣΗ ΠΟΛΥΜΟΡΦΙΣΜΩΝ ΠΟΥ ΕΜΠΛΕΚΟΝΤΑΙ ΣΤΗΝ ΟΣΤΕΟΠΩΡΩΣΗ ΣΕ ΑΣΘΕΝΕΙΣ ΜΕ ΠΡΩΙΜΕΣ ΜΟΡΦΕΣ ΑΙΜΑΤΟΛΟΓΙΚΗΣ ΚΑΚΟΗΘΕΙΑΣ

Μπισμπιρούλας Α.1, Μπλέτσας Α.1, Μιμίκος Γ.1, Τουρλίδης Γ.Ι.1, Ντάνασης-Σταθόπουλος Ι. 2, Καψάλη Α. 1, Μαλανδράκης Π. 2, Καρακουλάκη Ι.1, Κανέλλιας Ν. 2, Σκαρλάτος Β. 1, Μπαγκρατούνη Τ.2, Κορομηλά Θ.3, Καστρίτης Ε.2, Δημόπουλος Μ.Α.2, Κόλλια Π.1, Τέρπος Ε.2, Αγαθαγγελίδης Α1.

1. Τομέας Γενετικής και Βιοτεχνολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών
2. Θεραπευτική Κλινική, Ιατρική Σχολή Πανεπιστημίου Αθηνών, Γενικό Νοσοκομείο Αθηνών "Αλεξάνδρα"
3. Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

Το πολλαπλόν μυέλωμα (ΠΜ) είναι κακοήθεια των πλασματοκυττάρων που συχνά συνοδεύεται από οστική νόσο, υποδηλώνοντας ότι παθήσεις όπως η οστεοπόρωση μπορεί να επηρεάζουν την κλινική πορεία του. Προηγούμενες μελέτες έχουν συνδέσει πολυμορφισμούς του γονιδίου CER1 με την οστεοπόρωση. Η παρούσα μελέτη εστίασε στη διερεύνηση της σχέσης πέντε πολυμορφισμών του CER1 (rs1494360, rs7022304, rs17289263, rs74434454 και rs3747532) με πρώιμες μορφές του ΠΜ, όπως η μονοκλωνική γαμμαπάθεια αδιευκρίνιστης σημασίας (ΜΓΑΣ) και το ασυμπτωματικό ΠΜ (ΑΠΜ). Για το σκοπό αυτό, εξετάστηκαν 91 άτομα με πρώιμο ΠΜ (38 με ΜΓΑΣ και 53 με ΑΠΜ) και 48 υγιείς δότες. Απομονώθηκε DNA και ακολούθησε ενίσχυση με PCR του γονιδίου CER1, αλληλούχηση κατά Sanger και ανάλυση με το εργαλείο Chromas. Ο στατιστικός έλεγχος των συγκρίσεων πραγματοποιήθηκε με χ^2 και υπολογισμό του p-value. Τα αποτελέσματα έδειξαν στατιστικά ($p < 0.05$) αυξημένη συχνότητα για 4 από τους 5 πολυμορφισμούς που εξετάστηκαν (rs1494360, rs7022304, rs17289263, rs74434454) στα άτομα με ΑΠΜ συγκριτικά με τους υγιείς δότες σε καθεστώς ετεροζυγωτίας, ενώ η ανάλυση σε επίπεδο αλληλομόρφου επιβεβαίωσε τη σημαντική διαφορά για 2 πολυμορφισμούς (rs1494360 και rs7022304) μεταξύ ΑΠΜ και υγιών δοτών. Η ανάλυση σε επίπεδο απλοτύπου έδειξε ότι η παρουσία και των 5 πολυμορφισμών ή των τριών από αυτούς (rs3747532, rs1494360 και rs7022304) ήταν σημαντικά αυξημένη στο ΑΠΜ σε σχέση με τους υγιείς δότες. Τέλος, η εφαρμογή ενός μη επιβλεπόμενου μοντέλου δέντρου αποφάσεων ανέδειξε τη σημασία τριών πολυμορφισμών (rs3747532, rs1494360 και rs7022304) για τον αποτελεσματικό διαχωρισμό μεταξύ ατόμων με πρώιμο ΠΜ και υγιών δοτών. Τα ευρήματά μας υποδηλώνουν μια ισχυρή συσχέτιση ορισμένων πολυμορφισμών του γονιδίου CER1 με τη παρουσία πρώιμου ΠΜ, υποδεικνύοντας την ύπαρξη συγκεκριμένων γονοτύπων που συνδέονται με την οστεοπόρωση, ιδιαίτερα στο ΑΠΜ. Τα αποτελέσματα αυτά αναμένεται να βελτιώσουν την πρόγνωση του ΠΜ και την ποιότητα ζωής των ασθενών.

ANALYSIS OF POLYMORPHISMS ASSOCIATED WITH OSTEOPOROSIS IN PATIENTS WITH EARLY-STAGE HEMATOLOGICAL MALIGNANCY

Bispiroulas A.1, Bletsas A.1, Mimikos G.1, Tourlidis G.I.1, Danasis-Stathopoulos I.2, Kapsali A.1, Malandrakis P.2, Karakoulaki I.1, Kanellias N.2, Skarlatos V.1, Bagratouni T.2, Koromila T.3, Kastritis E.2, Dimopoulos M.A.2, Kollia P.1, Terpos E.2, Agathangelidis A.1

1. Section of Genetics and Biotechnology, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens

2. Therapeutic Clinic, Medical School, University of Athens, "Alexandra" General Hospital

3. Department of Biology, Aristotle University of Thessaloniki

Multiple myeloma (MM) is a plasma cell malignancy that is often accompanied by bone disease, suggesting that conditions such as osteoporosis may influence its clinical course. Previous studies have linked polymorphisms of the CER1 gene to osteoporosis. The present study focused on investigating the association of five CER1 polymorphisms (rs1494360, rs7022304, rs17289263, rs74434454 and rs3747532) with early forms of the disease, such as monoclonal gammopathy of undetermined significance (MGUS) and asymptomatic MM (AMM). For this purpose, 91 individuals with early MM (38 with MGUS and 53 with AMM) and 48 healthy donors were examined. DNA was isolated and followed by PCR amplification of the CER1 gene, Sanger sequencing and analysis with the Chromas tool. Statistical control for the comparison of genotypes was performed with χ^2 and calculation of the p-value. The results showed a statistically significant ($p < 0.05$) increased frequency for 4 of the 5 polymorphisms examined (rs1494360, rs7022304, rs17289263, rs74434454) in individuals with AMM compared to healthy donors in heterozygosity, while the analysis at the allele level confirmed the significant difference for 2 polymorphisms (rs1494360 and rs7022304) between AMM and healthy donors. Haplotype-level analysis showed that the presence of all 5 polymorphisms or three of them (rs3747532, rs1494360 and rs7022304) was significantly increased in AMM compared to healthy donors. Finally, the application of an unsupervised decision tree model highlighted the importance of three polymorphisms (rs3747532, rs1494360 and rs7022304) for the effective separation between individuals with early MM and healthy donors. Our findings suggest a strong association of certain CER1 gene polymorphisms with the presence of early-onset MM, indicating the existence of specific genotypes associated with osteoporosis, particularly in AMM. These results are expected to improve the prognosis of early-onset MM and the quality of life for patients.

**ΠΟΙΚΙΛΟΤΗΤΑ ΖΩΟΠΛΑΓΚΤΙΚΩΝ ΟΡΓΑΝΙΣΜΩΝ ΣΕ ΜΙΚΡΕΣ
ΥΔΑΤΟΣΥΛΛΟΓΕΣ ΤΗΣ Β. ΕΛΛΑΔΑΣ**

Μπλιώνα Βάια^{1,2}, Ράδος Χριστόδουλος¹, Θωμάς Δάφτσιος¹, Μηνούδη Στυλιανή^{2,3},
Τριανταφυλλίδης Αλέξανδρος^{2,3}, Μιχαλούδη Ευαγγελία¹

1. Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη
2. Τομέας Γενετικής, Ανάπτυξης και Μοριακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη
3. Γονιδιωματική/Επιγενετική Ανάλυση και Μεταφραστική Έρευνα (GENeTres), Κέντρο Διεπιστημονικής Έρευνας και Καινοτομίας (ΚΕΔΕΚ), Θεσσαλονίκη

Οι ζωοπλαγκτικοί οργανισμοί κατέχουν σημαντική θέση στα εσωτερικά ύδατα, με το πραγματικό εύρος της βιοποικιλότητάς τους στην Ελλάδα να μην έχει πλήρως διερευνηθεί. Η παρούσα έρευνα έχει σκοπό να καταγράψει τη βιοποικιλότητα του ζωοπλαγκτού σε 4 μικρές υδατοσυλλογές: την τεχνητή λίμνη Ωραιοκάστρου (40.728032°N, 22.930434°E, Ιούλιος 2024), την τεχνητή λίμνη Πηγών Αώου (39.817513°N, 21.098901°E, Φεβρουάριος 2023) και ένα γειτονικό λιμνίο (39.816665°N, 21.096543°E), και τον υδροβιότοπο Σάνη (40.125711°N, 23.324016°E, Απρίλιος 2023). Δείγματα συλλέχθηκαν με χρήση διχτυού (50 μm) και συντηρήθηκαν με διάλυμα φορμόλης 4% (τελική συγκέντρωση). Η μικροσκοπική ανάλυση πραγματοποιήθηκε με χρήση ταξινομικών κλειδών, για τις ομάδες Rotifera, Diplostraca και Copepoda. Αναγνωρίστηκαν συνολικά 29 τάξα (5 σε επίπεδο γένους και 24 σε επίπεδο είδους). Η ετερογένεια των συστημάτων επηρέασε τη ζωοπλαγκτική σύνθεση, όπως αποτυπώθηκε στα αποτελέσματα. Στη λίμνη Ωραιοκάστρου καταγράφηκε η μεγαλύτερη ποικιλότητα (17 τάξα) με κυρίαρχα τα Rotifera (15 είδη) και μεγαλύτερο αριθμό ειδών στα γένη Branchionus (3 είδη), Trichocerca (3 είδη) και Lecane (2 είδη). Αντίθετα στον υδροβιότοπο Σάνη αναγνωρίστηκε μόνο το είδος *Daphnia* (*Ctenodaphnia*) *magna* Straus, 1820. Στις λίμνες Πηγών Αώου καταγράφηκαν 11 γένη–Copepoda: *Acanthocyclops*, *Cyclops*, *Eudiaptomus*, *Diplostraca*: *Daphnia*, *Bosmina*, *Macrothrix* και *Rotifera*: *Notholca* (2 είδη), *Keratella*, *Kellicottia*—με κοινά είδη στις λίμνες αυτές τα *Notholca squamula* (Müller, 1786) και *Keratella valga* (Ehrenberg, 1834), το τελευταίο ως πρώτη καταγραφή στην Ελλάδα. Υπήρξαν και περιπτώσεις που δεν ήταν δυνατή η ταξινόμηση των οργανισμών [π.χ. άτομα του γένους *Acanthocyclops* ήταν αδύνατο να καταταχθούν στο είδος *A. robustus* (Sars G.O., 1863) ή στο *A. vernalis* (Fischer, 1853), τα οποία αποτελούν σύμπλεγμα κρυπτικών ειδών] στις οποίες αναμένεται η γενετική ανάλυση με DNA barcoding στο γονίδιο COI να λειτουργήσει συμπληρωματικά και να δώσει αποτελέσματα για 8 είδη.

ZOOPLANKTON DIVERSITY IN SMALL WATER BODIES OF N. GREECE

Bliona Vaia^{1,2}, Rados Christodoulos¹, Thomas Daftsios¹, Minoudi Styliani^{2,3},
Triantafyllidis Alexandros^{2,3}, Michaloudi Evangelia¹

1. Department of Zoology, School of Biology, Faculty of Sciences, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki

2. Department of Genetics, Development and Molecular Biology, School of Biology, Faculty of Sciences, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki

3. Genomics and Epigenomics Translational research (GENeTres), Center for Interdisciplinary Research and Innovation, Thessaloniki

Zooplankton occupy a crucial role in inland aquatic ecosystems, yet the true extent of their biodiversity in Greece remains under-investigated. This study documents zooplankton diversity in four distinct small water bodies: the Oreokastro artificial lake (40.728032°N, 22.930434°E, July 2024), the Aaos Springs artificial lake (39.817513°N, 21.098901°E, February 2023) and an adjacent pond (39.816665°N, 21.096543°E), and the Sani wetland (40.125711°N, 23.324016°E, April 2023). Samples were collected using a plankton net (50 µm mesh size) and preserved in 4% formalin (final concentration). Microscopic identification was carried out using taxonomic keys focused on the groups Rotifera, Diplostraca and Copepoda. Overall, a total of 29 taxa were identified (5 at genus level and 24 at species level). Ecosystems' heterogeneity strongly influenced zooplankton community composition, as reflected in the results. The highest diversity was recorded in Oreokastro lake (17 taxa), with Rotifera as the dominant group (15 species) and particularly the genera *Brachionus* (3 species), *Trichocerca* (3 species), and *Lecane* (2 species). In contrast, in the Sani wetland, only the species *Daphnia* (*Ctenodaphnia*) *magna* Straus, 1820 was identified. In the two Aaos Springs water bodies, 11 genera were recorded—Copepoda: *Acanthocyclops*, *Cyclops*, *Eudiaptomus*, Diplostraca: *Daphnia*, *Bosmina*, *Macrothrix* and Rotifera: *Notholca* (2 species), *Keratella*, *Kellicottia*—with *Notholca squamula* (Müller, 1786) and *Keratella valga* (Ehrenberg, 1834) found in both these two water bodies, and the latter species being the first record for Greece. There were also cases where identification was not possible [e.g., individuals of the genus *Acanthocyclops* could not be assigned to either *A. robustus* (Sars G.O., 1863) or *A. vernalis* (Fischer, 1853), which form a cryptic species complex]. For these, genetic analysis via DNA barcoding of the COI gene is expected to provide complementary results for 8 species.

**ΕΠΑΓΟΜΕΝΗ ΓΗΡΑΝΣΗ ΜΕ D-ΓΑΛΑΚΤΟΖΗ ΣΕ ΑΝΘΡΩΠΙΝΑ ΚΥΤΤΑΡΑ
ΝΕΥΡΟΒΛΑΣΤΩΜΑΤΟΣ SH-SY5Y: ΕΠΙΠΤΩΣΕΙΣ ΣΤΟΝ ΕΝΕΡΓΕΙΑΚΟ
ΜΕΤΑΒΟΛΙΣΜΟ**

Μπόκαρη Μαρία, Σουϊλεμέζη Σταυρούλα, Ζιώγα Αναστασία, Ψαρρά Άννα-Μαρία

*Εργαστήριο Δομικής και Λειτουργικής Βιοχημείας, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο
Θεσσαλίας, 41500 Βιόπολις Λάρισα, Ελλάδα*

Η γήρανση αποτελεί ένα προοδευτικό, αναπόφευκτο φυσικό φαινόμενο το οποίο οδηγεί σε μη αναστρέψιμες αλλαγές σε μόρια, κύτταρα, ιστούς και όργανα ενός οργανισμού. Η χρήση της D-γαλακτόζης έχει αποδειχθεί ότι μιμείται την φυσική γήρανση. Σε αυτή την μελέτη, τα ανθρώπινα κύτταρα νευροβλαστώματος SH-SY5Y εκτέθηκαν σε διαφορετικές συγκεντρώσεις (100-300mM) D-γαλακτόζης και εκτιμήθηκε η επίδρασή της στην κυτταρική βιωσιμότητα SH-SY5Y, με εφαρμογή δοκιμασίας MTT. Στα κύτταρα αυτά, συγκριτικά με κύτταρα αναφοράς, μελετήθηκε η επίδραση της γήρανσης στη μιτοχονδριακή λειτουργία μέσω ανάλυσης της έκφρασης πρωτεϊνών της αναπνευστικής αλυσίδας, όπως η υπομονάδα IV της κυτοχρωμικής οξειδάσης (COX IV) και η ηλεκτρική αφυδρογονάση (SDH), με εφαρμογή της μεθόδου Western Blot. Ακόμη, μελετήθηκαν μόρια που σχετίζονται με την ρύθμιση του ενεργειακού μεταβολισμού και της φλεγμονώδους απόκρισης, όπως ο υποδοχέας γλυκοκορτικοειδών (GR), η υπομονάδα p65 του συμπλόκου του μεταγραφικού παράγοντα φλεγμονής NF-κB καθώς και το ένζυμο πυροσταφυλική αφυδρογονάση (PDH), το οποίο αποτελεί τον συνδετικό κρίκο μεταξύ της γλυκόλυσης και του κύκλου του Krebs. Με βάση τα αποτελέσματα, υποδεικνύεται ότι η επαγόμενη γήρανση είναι άρρηκτα συνδεδεμένη με την μείωση της κυτταρικής βιωσιμότητας και συνοδεύεται με διαφοροποιήσεις όσον αφορά την έκφραση των υπό μελέτη μορίων, επηρεάζοντας την μιτοχονδριακή λειτουργία, ενεργειακό μεταβολισμό και τα επίπεδα παραγόντων που εμπλέκονται σε σηματοδοτικά μονοπάτια φλεγμονής. Συνεπώς, τα ευρήματα επιβεβαιώνουν την συσχέτιση μεταξύ κυτταρικής γήρανσης, μιτοχονδριακής δυσλειτουργίας και φλεγμονής, ενώ παράλληλα συμβάλλουν στην βαθύτερη κατανόηση των μοριακών μηχανισμών που καθορίζουν την γήρανση των νευρικών κυττάρων.

D-GALACTOSE – INDUCED SENESENCE IN HUMAN SH-SY5Y NEUROBLASTOMA CELLS: EFFECTS ON ENERGY METABOLISM

Bokari Maria, Souilemezi Stavroula, Zioga Anastasia, Psarra Anna-Maria

Laboratory of Structural and Functional Biochemistry, Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, 41500 Biopolis, Larissa, Greece

Aging is a progressive, inevitable natural phenomenon which leads to irreversible changes in molecules, cells, tissues and organs of an organism. D-galactose has been proven to induce human natural aging. In the present study, human neuroblastoma SH-SY5Y cells were treated with various concentrations (100-300mM) of D-galactose, and the cell viability was assessed applying MTT assay. The mitochondrial function was evaluated in D-galactose-treated cells, in comparison with control cells, by quantifying the protein levels of molecules of the electron transport chain, such as cytochrome c oxidase subunit IV (COX IV) and succinate dehydrogenase (SDH), applying Western Blot. In addition, molecules involved into regulation of energy metabolism and inflammatory responses, naming glucocorticoid receptor (GR), the subunit p65 of the NF-kB inflammatory factor, as well as pyruvate dehydrogenase (PDH) that links glycolysis to the citric acid cycle. Based on results from the study, it is indicated that the D-galactose-induced senescence is accompanied by decrease in cell viability of SH-SY5Y cells and by differential expression of molecules involved in mitochondrial regulation, energy metabolism and inflammatory signaling pathways. Consequently, findings from the study support the association between cellular aging, mitochondrial dysfunction and inflammation, and contribute to a deeper understanding of the biochemical mechanisms underlying aging of neuronal cells.

ΧΡΗΣΗ ΓΟΝΙΔΙΩΜΑΤΙΚΩΝ ΔΕΔΟΜΕΝΩΝ ΓΙΑ ΤΗ ΜΕΛΕΤΗ ΤΗΣ ΔΙΑΦΟΡΟΠΟΙΗΣΗΣ ΚΑΙ ΤΟΝ ΕΛΕΓΧΟ ΥΒΡΙΔΙΣΜΟΥ ΣΤΗ ΣΑΥΡΑ ΤΟΥ ΙΟΝΙΟΥ *ALGYROIDES NIGROPUNCTATUS*

Ναζίρης Λάζαρος¹, Μορφέσης Κωνσταντίνος¹, Στραχίνης Ηλίας², Τριανταφυλλίδης Αλέξανδρος^{2,3}, Σαγώνας Κώστας^{1,3}

1. Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

2. Τομέας Γενετικής, Ανάπτυξης και Μοριακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

3. Genomics and Epigenomics Translational Research (GENeTres), Κέντρο Διεπιστημονικής Έρευνας και Καινοτομίας (ΚΕΔΕΚ-ΑΠΘ), Θεσσαλονίκη

Η παγκόσμια βιοποικιλότητα παραμένει σε μεγάλο βαθμό ανεξερεύνητη, ενώ η κατανόηση και ο ορθός προσδιορισμός της απαιτεί τη συνδυαστική εφαρμογή πολλαπλών ερευνητικών προσεγγίσεων. Στο πλαίσιο αυτό, ιδιαίτερη σημασία έχουν τα κρυπτικά είδη, δηλαδή οργανισμοί που έχουν ταξινομηθεί στο ίδιο είδος λόγω μορφολογικών ομοιοτήτων, παρά την ύπαρξη γενετικής διαφοροποίησης. Μια τέτοια περίπτωση ενδέχεται να αποτελεί η σαύρα του Ιονίου, *Algyroides nigropunctatus*, για την οποία έχουν περιγραφεί δύο μορφότυποι-υποείδη: το *A. n. nigropunctatus*, με ευρεία εξάπλωση στη δυτική Ελλάδα και σε νησιά του Ιονίου, και το ενδημικό *A. n. kerpallithacius*, που απαντάται στην Κεφαλονιά, την Ιθάκη, τη Λευκάδα και τη δυτική Αιτωλοακαρνανία, όπου σχηματίζεται ζώνη επαφής με το ομώνυμο υποείδος. Πρόσφατη φυλογενετική μελέτη έδειξε ότι οι δύο μορφότυποι συγκροτούν διακριτές, μονοφυλετικές εξελικτικές γραμμές, με επίπεδα γενετικής διαφοροποίησης συγκρίσιμα με εκείνα μεταξύ στενά συγγενικών ειδών, γεγονός που υποδηλώνει ότι ενδέχεται να βρίσκονται σε πρώιμα στάδια ειδογένεσης. Η διερεύνηση της ύπαρξης γονιδιακής ροής και υβριδισμού στη ζώνη επαφής αποτελεί σημαντικό βήμα για την αξιολόγηση αυτής της υπόθεσης. Η παρούσα έρευνα εστιάζει στη γενετική σύγκριση των δύο μορφοτύπων μέσω ανάλυσης δεδομένων ddRAD από 42 άτομα, τα οποία συλλέχθηκαν τόσο από τη ζώνη επαφής όσο και από γεωγραφικά απομονωμένους πληθυσμούς, επιτρέποντας την ανάλυση εκατοντάδων χιλιάδων γενετικών τόπων. Στο πλαίσιο αυτό, διερευνήθηκε η ύπαρξη υβριδισμού στη ζώνη επαφής, εκτιμήθηκαν οι γενετικές αποστάσεις (FST) και αναλύθηκε η πληθυσμιακή δομή. Τα αποτελέσματα αναμένεται να προσφέρουν νέα δεδομένα για την κατανόηση των μηχανισμών που διέπουν τη διαφοροποίηση και τα όρια μεταξύ των δύο αυτών υποειδών, παρέχοντας παράλληλα χρήσιμες πληροφορίες για την αξιολόγηση της τρέχουσας ταξινομικής τους κατάστασης. Η παρούσα έρευνα χρηματοδοτήθηκε από την Ελληνική Ζωολογική Εταιρεία μέσω των «Υποτροφιών Μαργαρίτα Μεταλληνού 2025».

**GENOMIC EVIDENCE FOR DIVERGENCE AND POTENTIAL HYBRIDIZATION
IN THE IONIAN LIZARD (*ALGYROIDES NIGROPUNCTATUS*)**

Naziris Lazaros¹, Morfesis Konstantinos¹, Strachinis Ilias², Triantafyllidis Alexandros^{2,3},
Sagonas Kostas^{1,3}

1. Department of Zoology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki

2. Department of Genetics, Developmental and Molecular Biology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki

3. Genomics and Epigenomics Translational Research (GENeTres), Center for Interdisciplinary Research and Innovation (CIRI-AUTH), Balkan Center, Thessaloniki

Global biodiversity remains incompletely characterized, and its accurate delimitation requires integrative research approaches. In this context, cryptic diversity, where genetically distinct lineages are classified as a single species due to morphological similarity, represents a major challenge. A potential example may be the blue throated keeled lizard, *Algyroides nigropunctatus*, for which two subspecies/morphotypes have been described: *A. n. nigropunctatus*, widely distributed in western Greece and the Ionian Islands, and the endemic *A. n. kephallithacius*, occurring on Kefalonia, Ithaca, Lefkada, and in western Aetoloakarnania, where it forms a contact zone with the nominotypical subspecies. Recent phylogenetic analyses have shown that these taxa form distinct, monophyletic lineages with levels of genetic divergence comparable to those found between closely related species, suggesting that they may represent early stages of speciation. Assessing gene flow and hybridization within the contact zone is therefore critical for evaluating their evolutionary status. Here, we performed a genomic comparison of the two subspecies using ddRAD data from 42 individuals sampled both within the contact zone and from geographically isolated populations, enabling the analysis of hundreds of thousands of loci. We investigated the presence of hybridization, estimated genetic differentiation (F_{ST}) and analyzed population (genomic) structure. The results are expected to improve our understanding of the processes shaping their divergence and boundaries, contributing to the evaluation of their current taxonomic status. This research project is supported by Hellenic Zoological Society: «Margarita Metallinou 2025 fellowships».

ΜΕΤΑΓΟΝΙΔΙΩΜΑΤΙΚΗ ΑΝΑΛΥΣΗ ΣΕ ΑΣΘΕΝΕΙΣ ΜΕ ΠΟΛΛΑΠΛΟΥΝ ΜΥΕΛΩΜΑ

Νάτση Α.1, Μιμίκος Γ.1, Σακουλά Ε.1, Ταλιουράκη Α.1, Φάκου Π.1, Ντανάσης Σταθόπουλος Ι.2, Τέρπος Ε.2, Λυκούση Σ.3, Αγαθαγγελίδης Α.1, Κόλλια Π.1

1. Τομέας Γενετικής και Βιοτεχνολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών
2. Θεραπευτική Κλινική, Ιατρική Σχολή Πανεπιστημίου Αθηνών, Γενικό Νοσοκομείο Αθηνών "Αλεξάνδρα"
3. Βιοχημικό Τμήμα, Κωνσταντοπούλειο Γενικό Νοσοκομείο Νέας Ιωνίας

Το πολλαπλούν μυέλωμα (ΠΜ) είναι κακοήθεια των πλάσματοκυττάρων με μεγάλη γενετική ετερογένεια και σύνθετες αλληλεπιδράσεις με το ανοσολογικό μικροπεριβάλλον. Πρόσφατα ευρήματα δείχνουν ότι το εντερικό μικροβίωμα μπορεί να επηρεάζει την εξέλιξη της νόσου μέσω φλεγμονωδών μηχανισμών. Σκοπός της μελέτης ήταν η ανάλυση του μικροβιώματος σε ασθενείς με ΠΜ και η διερεύνηση της σχέσης του με ανοσολογικούς και μεταβολικούς μηχανισμούς. Αναλύθηκαν δείγματα κοπράνων από 10 ασθενείς, εκ των οποίων 3 αξιολογήθηκαν πριν και μετά την αυτόλογη μεταμόσχευση αιμοποιητικών κυττάρων. Το ολικό μικροβιακό DNA απομονώθηκε και ποσοτικοποιήθηκε με τη μέθοδο της ποσοτικής PCR πραγματικού χρόνου (qPCR). Η σχετική αφθονία των μικροοργανισμών υπολογίστηκε με τη μέθοδο 2- Δ Ct και εκφράστηκε σε σύγκριση με υγιείς δότες. Τα αποτελέσματα ανέδειξαν σημαντική ετερογένεια μεταξύ των ασθενών, με τάση μείωσης ευεργετικών βακτηρίων, όπως τα *Lactobacillus fermentum* (≈ 1.30 , $p=0.042$), *Bifidobacterium adolescentis* (≈ 1.30 , $p=0.507$), *Prevotella copri* (≈ 1.45 , $p=0.225$) και *Akkermansia muciniphila* (≈ 2.4 , $p=0.001$). Αντίθετα, παρατηρήθηκε αύξηση δυνητικά παθογόνων μικροοργανισμών, όπως τα *Escherichia coli* (≈ 1.1 , $p=0.658$), *Salmonella enterica* (≈ 3 , $p=0.001$) και *Veillonella rogosae* (≈ 1.20 , $p=0.027$). Η μείωση ευεργετικών βακτηρίων υποδηλώνει διαταραχή κρίσιμων μηχανισμών ανοσορρύθμισης, όπως η μειωμένη επαγωγή ρυθμιστικών Τ κυττάρων και η ελαττωμένη παραγωγή IL-10, σε συνδυασμό με αυξημένη ενεργοποίηση του μονοπατιού NF- κ B. Ταυτόχρονα, η αύξηση παθογόνων μικροοργανισμών φαίνεται να σχετίζεται με ενίσχυση προφλεγμονωδών αποκρίσεων (π.χ. Th17) και διαταραχή της ακεραιότητας του εντερικού φραγμού. Συνολικά, τα ευρήματα υποστηρίζουν την ύπαρξη εντερικής δυσβίωσης στο ΠΜ που μπορεί να συμβάλλει στην παθογένεια της νόσου. Επομένως, η αποκατάσταση της μικροβιακής ισορροπίας θα μπορούσε να αναδειχθεί ως δυνητικός προγνωστικός δείκτης και θεραπευτικός στόχος.

METAGENOMIC ANALYSIS IN PATIENTS WITH MULTIPLE MYELOMA

Natsi A.1, Mimikos G.1, Sakoula E.1, Taliouraki A.1, Fakou P.1, Ntanas Stathopoulos I.2, Terpos E.2, Lykousi S.3, Agathaggelidis A.1, Kollia P.1

- 1. Department of Genetics and Biotechnology, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens*
- 2. Therapeutic Clinic, School of Medicine, National and Kapodistrian University of Athens, Alexandra General Hospital of Athens*
- 3. Biochemistry Department, Konstantopouleio General Hospital of Nea Ionia*

Metagenomic analysis in patients with Multiple Myeloma Multiple Myeloma (MM) is a malignancy of plasma cells characterized by significant genetic heterogeneity and complex interactions with the immune microenvironment. Recent findings suggest that the gut microbiome may influence disease progression through inflammatory mechanisms. The aim of this study was to analyze the gut microbiome in MM patients and explore its association with immunological and metabolic processes. Fecal samples from 10 patients were analyzed, including 3 who were evaluated before and after autologous hematopoietic stem cell transplantation. Total microbial DNA was extracted and quantified using quantitative real-time PCR (qPCR). Relative microbial abundance was calculated using the $2^{-\Delta Ct}$ method and compared to healthy donors. The results showed substantial inter-patient heterogeneity, with a trend toward reduced levels of beneficial bacteria such as *Lactobacillus fermentum* (≈ 1.30 , $p=0.042$), *Bifidobacterium adolescentis* (≈ 1.30 , $p=0.507$), *Prevotella copri* (≈ 1.45 , $p=0.225$), and *Akkermansia muciniphila* (≈ 2.4 , $p=0.001$). In contrast, an increase in potentially pathogenic microorganisms was observed, including *Escherichia coli* (≈ 1.1 , $p=0.658$), *Salmonella enterica* (≈ 3 , $p=0.001$), and *Veillonella rogosae* (≈ 1.20 , $p=0.027$). The reduction in beneficial bacteria suggests disruption of key immunoregulatory mechanisms, including decreased induction of regulatory T cells and reduced IL-10 production, along with increased activation of the NF- κ B pathway. At the same time, the rise in pathogenic microorganisms appears to be associated with enhanced pro-inflammatory responses (e.g., Th17) and impaired intestinal barrier integrity. Overall, these findings support the presence of gut dysbiosis in MM, which may contribute to disease pathogenesis. Therefore, restoring microbial balance could emerge as a potential prognostic marker and therapeutic target.

ΕΠΑΓΩΓΗ ΤΗΣ ΕΝΕΡΓΟΠΟΙΗΣΗΣ ΤΗΣ ΤΕΛΟΜΕΡΑΣΗΣ ΑΠΟ ΦΥΣΙΚΑ ΜΟΡΙΑ ΣΕ ΑΝΘΡΩΠΙΝΑ PBMCS

Νικολοπούλου Δήμητρα, Φραγκιαδάκη Περσεφόνη, Ρενιέρη Ελισάβετ, Αλεγκάκης Θανάσης,
Βακωνάκη Έλενα, Φραγκιαδουλάκη Ειρήνη, Τσατσάκης Αριστείδης

*University of Crete, Department of Toxicology & Forensic Sciences, Faculty of Medicine, Heraklion,
Greece Lipeplus S.A., Science & Technological Park of Crete, C Building, Vassilika Vouton, 70013,
Heraklion Crete*

Toxplus S.A., Spin-Off, Heraklion, Greece

*Department of Molecular Biology and Genetics, Democritus University of Thrace, Alexandroupoli,
Greece Computational Biomedicine Laboratory*

Εισαγωγή: Η βράχυνση των τελομερών σχετίζεται με τη γήρανση και ρυθμίζεται από τη δραστηριότητα της τελομεράσης. Σκοπός της μελέτης ήταν η αξιολόγηση φυσικών ενώσεων και συνδυασμών τους στη δραστηριότητα της τελομεράσης σε ανθρώπινα PBMCS. Μέθοδοι: Τα PBMCS εκτέθηκαν σε σκευάσματα που περιείχαν cycloastragenol, Centella asiatica, βιταμίνες D3 και C, ψευδάργυρο, Goji berry, κουρκουμίνη, ginseng, Ganoderma και Fo-Ti. Η δραστηριότητα της τελομεράσης μετρήθηκε με PCR-ELISA (μέθοδος TRAP). Αποτελέσματα: Όλα τα σκευάσματα παρουσίασαν ανιχνεύσιμη δραστηριότητα τελομεράσης. Τα πολυσυστατικά σκευάσματα εμφάνισαν υψηλότερη ενεργότητα σε σχέση με μεμονωμένες ενώσεις. Το Formulation 7D παρουσίασε τη μεγαλύτερη στατιστικά σημαντική αύξηση, ενώ και το Formulation 8C εμφάνισε στατιστικά σημαντική επίδραση. Η Centella asiatica (2B) παρουσίασε αυξημένη ενεργότητα χωρίς στατιστική σημαντικότητα. Συμπεράσματα: Τα αποτελέσματα υποδηλώνουν ότι συγκεκριμένοι συνδυασμοί φυσικών ενώσεων ενδέχεται να ενισχύουν τη δραστηριότητα της τελομεράσης in vitro. Απαιτούνται περαιτέρω μελέτες για την αξιολόγηση της βιολογικής και κλινικής τους σημασίας.

INDUCTION OF TELOMERASE ACTIVATION BY NATURAL MOLECULES IN HUMAN PBMCS

Nikolopoulou Dimitra, Fragkiadaki Persefoni, Renieri Elisavet, Alegakis Thanasis, Vakonaki Elena, Fragkiadoulaki Irene, Spanakis Marios, Tsatsakis Aristidis

University of Crete, Department of Toxicology & Forensic Sciences, Faculty of Medicine, Heraklion, Greece Lifeplus S.A., Science & Technological Park of Crete, C Building, Vassilika Vouton, 70013, Heraklion Crete

Toxplus S.A., Spin-Off, Heraklion, Greece

Department of Molecular Biology and Genetics, Democritus University of Thrace, Alexandroupoli, Greece Computational Biomedicine Laboratory

Background: Telomere shortening is associated with aging and is regulated by telomerase activity. This study evaluated the effects of natural compounds and their combinations on telomerase activity in human PBMCS. Methods: PBMCS were treated with formulations containing cycloastragenol, Centella asiatica, vitamins D3 and C, zinc, Goji berry, curcumin, ginseng, Ganoderma, and Fo-Ti. Telomerase activity was measured using a PCR-ELISA (TRAP-based assay). Results: All formulations exhibited detectable telomerase activity. Multi-component formulations showed higher activity compared to individual compounds. Formulation 7D demonstrated the highest statistically significant increase, while Formulation 8C also showed a statistically significant effect. Centella asiatica (2B) exhibited elevated activity without reaching statistical significance. Conclusions: The findings suggest that selected natural compound combinations may enhance telomerase activity in vitro. Further studies are required to evaluate their biological relevance and potential applications.

**ΜΕΛΕΤΗ ΣΗΜΑΤΟΔΟΤΙΚΩΝ ΜΗΧΑΝΙΣΜΩΝ ΠΟΥ ΕΠΑΓΟΝΤΑΙ ΚΑΤΑ ΤΗΝ
ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΠΑΛΜΙΤΙΚΟΥ ΟΞΕΟΣ ΣΕ C2 ΣΚΕΛΕΤΙΚΟΥΣ ΚΑΙ H9C2
ΚΑΡΔΙΑΚΟΥΣ ΜΥΟΒΛΑΣΤΕΣ**

Ντάγκαλα Νιντά*, Σεμίνη Ίρα*, Γαϊτανάκη Αικατερίνη, Αγγελή Ιωάννα-Κατερίνα

*Τομέας Φυσιολογίας Ζώων και Ανθρώπου, Τμήμα Βιολογίας, ΣΘΕ, ΕΚΠΑ, Πανεπιστιμιούπολη Ιλίσσια,
157 84 Αθήνα*

**Ισοδύναμη συνεισφορά*

Το παλμιτικό οξύ χρησιμοποιείται συχνά ως μέσο προσομοίωσης συνθηκών διατροφής πλούσιας σε λιπαρά. Λόγω της διασύνδεσης αυτού του τύπου διατροφής με μεταβολικά και καρδιαγγειακά νοσήματα, αλλά και δυσλειτουργίες άλλων συστημάτων, συμπεριλαμβανομένου του μυϊκού, η μελέτη των μονοπατιών μεταγωγής σήματος που επάγονται κάτω από αυτές τις συνθήκες παρουσιάζει ιδιαίτερο ενδιαφέρον. Σε αυτό το πλαίσιο, στην παρούσα μελέτη, διερευνήθηκαν επαγόμενες σηματοδοτικές οδοί σε κυτταρικές σειρές που επώαστηκαν με παλμιτικό οξύ. Ειδικότερα, C2 σκελετικοί μυοβλάστες επώαστηκαν με διάλυμα παλμιτικού οξέος (200μΜ) για αυξανόμενα χρονικά διαστήματα, οπότε και αρχικά παρατηρήθηκε ενεργοποίηση της αυτοφαγίας μέσω φωσφορυλίωσης της AMPK. Σημαντική ήταν και η αύξηση στα επίπεδα έκφρασης της POR όσο και της οξυγενάσης της αίμης HOX-1, ενώ παρατηρήθηκε ακόμη χρονοεξαρτώμενη αύξηση στα επίπεδα φωσφορυλίωσης του παράγοντα eIF2α, αποτέλεσμα που υποδεικνύει την κινητοποίηση στρες του ενδοπλασματικού δικτύου κάτω από τις μελετούμενες συνθήκες. Με ενδιαφέρον διαπιστώθηκε επίσης ότι επώαση H9c2 κυττάρων με παλμιτικό οξύ [100 μΜ] οδήγησε σε άμεση φωσφορυλίωση της AMPK, η οποία μεγιστοποιήθηκε στα 15-30 λεπτά. Σε αυτήν την περίπτωση ταυτοποιήθηκε σχετικά καθυστερημένη αύξηση στα επίπεδα έκφρασης της POR (μέγιστο 1-4 ώρες), ενώ δεν εντοπίστηκε σημαντική διακύμανση στα επίπεδα έκφρασης της HOX-1. Παράλληλα, έγινε χρήση αντιοξειδωτικών παραγόντων καθώς και διαφόρων αναστολέων κινασών, προκειμένου να αποσαφηνιστούν πιθανές αλληλεπιδράσεις και συσχετίσεις μεταξύ των παραπάνω αποκρίσεων. Πιστοποίηση τυχόν ευεργετικής συμβολής αυτών των σκευασμάτων στη διατήρηση της ομοιόστασης των κυττάρων, μπορεί να προάγει τη διαμόρφωση προσεγγίσεων και στρατηγικών που θα διασφαλίζουν την κυτταρική επιβίωση κάτω από παρόμοιες στρεσογόνες συνθήκες. *Χρηματοδότηση: Ε.Λ.Κ.Ε. ΕΚΠΑ (Κ.Ε. 20409). Jiang H et al. J Inflamm Res. 2025 18:14515-14533. da Paixão, A.O. et al. Int. J. Mol. Sci. 2021, 22, 2748.*

STUDY OF THE SIGNALING MECHANISMS INDUCED BY PALMITIC ACID IN C2 SKELETAL AND H9C2 CARDIAC MYOBLASTS

Ntagkala Ninta*, Semini Ira*, Gaitanaki Catherine, Aggeli Ioanna-Katerina

Section of Animal and Human Physiology, Faculty of Biology, School of Sciences, National and Kapodistrian University of Athens, University Campus, Ilissia, Athens, Greece

**Equal contribution*

Cellular experimental settings are routinely incubated with palmitic acid so as to simulate a high-fat diet context. Given the tight association of this type of diet with metabolic and cardiovascular diseases as well as with dysregulation of other systems function i.e. that of skeletal muscle, it is of great interest to study the signal transduction pathways that are activated under these conditions. Thus, in the present study, the induction of autophagy was initially observed after incubation C2 skeletal myoblasts with palmitic acid [200μM], via detection of phosphorylation of AMPK. Enhancement in the expression levels of POR as well as of those of heme oxygenase 1 (HOX-1) was also observed, indicative of the cells' attempt to counteract oxidative stress induced. There was also a notable upregulation in the phosphorylation levels of eIF2α, substantiating activation of the endoplasmic reticulum stress response. In addition, after exposing H9c2 cardiac cells to [100μM] palmitic acid, AMPK was once again rapidly phosphorylated, a response maximized at 15-30 min. We also observed a relatively delayed increase in POR expression levels, while there was no significant modification in HOX-1 expression. Using compounds with an antioxidative activity as well as a number of kinase inhibitors, an effort was subsequently made to elucidate potential crosstalk and interactions among the aforementioned responses. Deciphering any potential salutary effect of these compounds on preservation of cellular homeostasis could promote application of approaches and strategies that may contribute to cellular survival under stress conditions. *Funding: Special Research Account of NKUA (K.E. 20409). Jiang H et al. J Inflamm Res. 2025 18:14515-14533. da Paixão, A.O. et al. Int. J. Mol. Sci. 2021, 22, 2748.*

ΠΟΛΥΜΟΡΦΙΣΜΟΙ ΣΕ ΓΟΝΙΔΙΑ ΤΩΝ ΜΟΝΟΠΑΤΙΩΝ ΕΠΙΔΙΟΡΘΩΣΗΣ NER ΚΑΙ BER ΚΑΙ Ο ΠΙΘΑΝΟΣ ΤΟΥΣ ΡΟΛΟΣ ΣΤΗΝ ΚΑΡΚΙΝΟΓΕΝΕΣΗ ΤΟΥ ΠΡΟΣΤΑΤΗ

Νταλάσης Πολυχρόνης¹, Θώδου Ελένη¹, Τζώρτζης Βασίλειος², Γιακουντής Αντώνιος³, Βλαχοστεργίος Παναγιώτης², Σαμαρά Μαρία¹

- 1. Εργαστήριο Παθολογικής Ανατομικής, Τμήμα Ιατρικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Λάρισα*
- 2. Εργαστήριο Ουρολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Πανεπιστημιακή Ουρολογική Κλινική, Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Λάρισας, Λάρισα*
- 3. Εργαστήριο Μοριακής Βιολογίας και Γονιδιοματικής, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Σχολή Επιστημών Υγείας*

Ο καρκίνος του προστάτη αποτελεί τη δεύτερη συχνότερη κακοήθεια και πέμπτη αιτία θανάτου στους άνδρες. Ο κύριος ιστολογικός υπότυπος είναι το αδενοκαρκίνωμα. Μεταλλάξεις και πολυμορφισμοί σε γονίδια επιδιορθωτικών μηχανισμών επηρεάζουν ενδεχομένως τη δραστηριότητα των ενζύμων και συμβάλλουν στην γενωμική αστάθεια. Μελετήσαμε τους πολυμορφισμούς γονιδίων που μετέχουν στις οδούς επιδιόρθωσης NER και BER, καθώς δεν υπάρχει σχετική μελέτη στον ελληνικό πληθυσμό για την κατανομή και το ρόλο τους στην καρκινογένεση του προστάτη. Αναλύσαμε 40 ασθενείς με καρκίνο του προστάτη και 50 υγιή άτομα (ομάδα ελέγχου) για τους πολυμορφισμούς XPC PAT $-/+$ (polyAT), rs861539 του XRCC3, rs13181 του ERCC2/XPD23 και rs1799793 του ERCC2/XPD10 γονιδίου. Απομονώσαμε γενωμικό DNA από περιφερικό αίμα κι ακολούθησε PCR και RFLP ανάλυση των PCR προϊόντων με περιοριστικά ένζυμα. Έγινε συλλογή κλινικοιστολογικών στοιχείων και στατιστική ανάλυση (πρόγραμμα SPSS, έκδοση v22) με τη δοκιμασία chi-square ($p < 0.05$, 95% CI). Αναδείχθηκαν στατιστικώς σημαντικές συσχετίσεις για τους πολυμορφισμούς PAT $+/-$ του XPC γονιδίου, rs13181 και rs1799793 των ERCC2/XPD23 και ERCC2/XPD10 γονιδίων αντίστοιχα ($p < 0.001$). Η παρουσία της ένθεσης polyAT (XPC γονίδιο) είναι συχνότερη στους ασθενείς, υποδεικνύοντας σύνδεση με τον κίνδυνο εμφάνισης του καρκίνου του προστάτη (OR=3.3, 95% CI=1.4-7.9). Το πολυμορφικό αλληλόμορφο C (rs13181) εμφανίζεται επίσης συχνότερα στους ασθενείς (OR= 2.99, 95% CI=1.13-7.86). Στον πολυμορφισμό rs1799793, η παρουσία του πολυμορφικού αλληλομόρφου A είναι λιγότερο συχνή στους ασθενείς, υποδεικνύοντας έναν προστατευτικό ρόλο (OR=0.05, 95% CI = 0.01 – 0.19). Η μελέτη των εξεταζόμενων πολυμορφισμών σε συνδυασμό με το Gleason score των ασθενών Δεν αναδείχθηκαν στατιστικώς σημαντικές συσχετίσεις μεταξύ της κατανομής των πολυμορφισμών και των κλινικοιστολογικών παραμέτρων. Τα ευρήματα της μελέτης χρήζουν επιβεβαίωσης σε μεγαλύτερο αριθμό δειγμάτων.

POLYMORPHISMS IN REPAIR GENES OF NER AND BER PATHWAYS AND THEIR POTENTIAL ROLE IN PROSTATE CARCINOGENESIS

Ntalasis Polychronis¹, Thodou Eleni¹, Tzortzis Vasilios², Giakountis Antonios³, Vlachostergios Panagiotis², Samara Maria¹

1. Department of Pathology, Faculty of Medicine, School of Health Sciences, University of Thessaly, Larissa, Greece

2. Department of Urology, Faculty of Medicine, School of Health Sciences, University of Thessaly, University Hospital of Larissa, Larissa, Greece

3. Laboratory of Molecular Biology and Genomics, Department of Biochemistry and Biotechnology, School of Health Sciences

Prostate cancer is the second most common malignancy and the fifth leading cause of death in men. The main histological subtype is adenocarcinoma. Mutations and polymorphisms in DNA repair mechanism genes potentially affect enzyme activity and contribute to genomic instability. We studied gene polymorphisms involved in the NER and BER repair pathways, as there are no relevant studies in the Greek population on their incidence and potential role in prostate carcinogenesis. We analyzed 40 patients with prostate cancer and 50 healthy individuals (control group) for the polymorphisms XPC PAT -/+ (polyAT), rs861539 in XRCC3, rs13181 in ERCC2/XPD23, and rs1799793 in ERCC2/XPD10. Genomic DNA was extracted from peripheral blood, followed by PCR and RFLP analysis of the PCR products using restriction enzymes. Clinico-histological data were collected, and statistical analysis was performed using SPSS (version 22) with the chi-square test ($p < 0.05$, 95% CI). Statistically significant correlations were observed for the PAT+/- polymorphisms of the XPC gene, and rs13181 and rs1799793 of the ERCC2/XPD23 and ERCC2/XPD10 genes, respectively ($p < 0.001$). The presence of the polyAT insertion (XPC gene) is more frequent in patients, indicating a possible association with prostate cancer risk development (OR=3.3, 95% CI=1.4-7.9). The C allele (rs13181) also appears more frequently in patients (OR= 2.99, 95% CI=1.13-7.86). In the rs1799793 polymorphism, the presence of the A allele is less frequent in patients, suggesting a protective role (OR=0.05, 95% CI = 0.01–0.19). No statistically significant correlations were found between the distribution of polymorphisms and clinico-histological parameters. The findings of this study require confirmation in a larger sample size.

ΣΥΣΧΕΤΙΣΗ ΤΗΣ ΑΠΟΚΡΙΣΗΣ ΑΣΘΕΝΩΝ ΜΕ ΨΩΡΙΑΣΗ ΣΤΗ ΘΕΡΑΠΕΙΑ ΜΕ ΤΟΝ ΑΝΑΣΤΟΛΕΑ ΤΟΥ ΥΠΟΔΟΧΕΑ ΤΗΣ ΙΝΤΕΡΛΕΥΚΙΝΗΣ 17 ΜΕ ΠΟΛΥΜΟΡΦΙΣΜΟΥΣ ΣΤΑ ΓΟΝΙΔΙΑ ΤΩΝ ΦΑΡΜΑΚΕΥΤΙΚΩΝ ΣΤΟΧΩΝ

Ξάνθου Παρασκευή¹, Ζαφειρίου Ευτέρπη², Κούβαρου Όλγα², Μπόγδανος Δημήτριος³, Γιαννούλης Θεμιστοκλής⁴, Σαραφίδου Θεολογία¹, Λιαδάκη Καλλιόπη¹

- 1. Τμήμα Βιοχημείας & Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας*
- 2. Πανεπιστημιακή Δερματολογική Κλινική, ΠΓΝ Λάρισας*
- 3. Πανεπιστημιακή Ρευματολογική Κλινική, ΠΓΝ Λάρισας*
- 4. Τμήμα Επιστήμης Ζωικής Παραγωγής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας*

Η ψωρίαση είναι ένα πολυπαραγοντικό αυτοάνοσο νόσημα, του οποίου η θεραπευτική αντιμετώπιση ποικίλει βάσει κυρίως της βαρύτητας των συμπτωμάτων. Για την θεραπεία της μέτριας/σοβαρής ψωρίασης έχουν εισαχθεί στην κλινική πράξη οι βιολογικοί παράγοντες που αναστέλλουν την δράση φλεγμονωδών κυτταροκινών όπως TNF- α , IL-17 και IL-23. Σε αυτούς ανήκει ο αναστολέας του υποδοχέα της IL-17, μπρονταλουμάμπη, για τον οποίο οι κλινικές δοκιμές έδειξαν ότι ένα ποσοστό των ασθενών που ανέρχεται στο 30% δεν αποκρίνεται αποτελεσματικά. Αυτή η ετερογένεια αναδεικνύει την ανάγκη φαρμακογενετικών μελετών για την ταυτοποίηση γενετικών δεικτών που συσχετίζονται με την απόκριση, ώστε να καταστεί δυνατή η χορήγηση εξατομικευμένης θεραπείας. Η παρούσα φαρμακογενετική ανάλυση πραγματοποιήθηκε σε 20 ασθενείς με μέτρια/σοβαρή ψωρίαση (16 αποκριθέντες, 4 μη αποκριθέντες) οι οποίοι έλαβαν μπρονταλουμάμπη για τουλάχιστον 6 μήνες. Από το περιφερικό αίμα των ασθενών απομονώθηκε γονιδιωματικό DNA το οποίο γονοτυπήθηκε για ~730.000 SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) με το Illumina Infinium Global Screening Array MD v3.0. Τα δεδομένα γονοτύπησης φιλτραρίστηκαν και αναλύθηκαν για συσχέτιση με την απόκριση με το λογισμικό PLINK 1.9. Η ανάλυση συσχέτισης έγινε για όλα τα SNPs εντός των γονιδίων που κωδικοποιούν τις ιντερλευκίνες IL-17A και IL-17F και των δύο υπομονάδων του υποδοχέα (IL-17RA και IL-17RC). Η ανάλυση έδειξε στατιστικά σημαντική συσχέτιση του σπάνιου αλληλομόρφου (C) του rs2241044 εντός της IL-17RA και της απόκρισης στη θεραπεία με μπρονταλουμάμπη. Επιπλέον, η συγκεκριμένη παραλλαγή έχει ταυτοποιηθεί ως protein Qualitative Trait Locus (pQTL) για τον IL-17RA, γεγονός που ενισχύει την υπόθεση ότι πιθανώς να αποτελεί αιτιώδη παράγοντα που σχετίζεται με την απόκριση στη θεραπεία. Τα παραπάνω δεδομένα, κατόπιν επαλήθευσης σε μεγαλύτερο δείγμα ασθενών, μπορούν να συνεισφέρουν στην εξατομικευμένη θεραπεία της ψωρίασης με τον αναστολέα της υπομονάδας A του υποδοχέα της του υποδοχέα της IL-17.

ASSOCIATION OF PSORIASIS PATIENTS RESPONSE TO TREATMENT WITH INTERLEUKIN 17 RECEPTOR INHIBITOR WITH POLYMORPHISMS IN DRUG TARGET GENES.

Xanthou Paraskevi¹, Zafeiriou Efterpi², Kouvarou Olga², Bogdanos Dimitrios³, Giannoulis Themistoklis⁴, Sarafidou Theologia¹, Liadaki Kalliopi¹

1. Department of Biochemistry & Biotechnology, University of Thessaly

2. Department of Dermatology, Faculty of Medicine, University of Thessaly

3. Department of Rheumatology, Faculty of Medicine, University of Thessaly

4. Department of Animal Science, University of Thessaly

Psoriasis is a multifactorial autoimmune disease, and its treatment depends mainly on the severity of symptoms. Biological agents that inhibit inflammatory cytokines, such as TNF- α , IL-17 και IL-23, have been introduced into clinical practice for moderate to severe psoriasis. These include the inhibitor of the interleukin-17 receptor brodalumab, for which an insufficient response to treatment has been reported for up to 30% of the patients. This heterogeneity highlights the need for the identification of genetic markers associated with the response that will allow personalized therapy approaches. Herein, we report a pharmacogenetic analysis that was performed in 20 patients with moderate to severe psoriasis (16 responders, 4 non-responders) who were treated with brodalumab for at least 6 months. Genomic DNA was isolated from patients' peripheral whole blood and was genotyped for ~730,000 single nucleotide polymorphisms (SNPs) with the Illumina Infinium Global Screening Array MD v3.0. The resulting data were filtered and analysed for association with the treatment response using PLINK 1.9 software. The association analysis was performed for all the SNPs located within the genes encoding interleukins IL-17A and IL-17F and the two subunits of the receptor (IL-17RA and IL-17RC). The analysis showed a statistically significant association of the rare allele of rs2241044 (C) within IL-17RA with response to brodalumab. Furthermore, this variant has been identified as a protein Quantitative Trait Locus (pQTL) for IL-17RA, which supports the hypothesis that it may represent a causal factor associated with treatment response. The results of this study, upon verification in a larger cohort of patients, may contribute to the personalized treatment of psoriasis with the inhibitor of the IL-17 receptor A.

**ΕΚΤΙΜΗΣΗ ΠΑΡΑΜΕΤΡΩΝ ΑΥΞΗΣΗΣ ΚΑΙ ΑΝΑΠΑΡΑΓΩΓΙΚΗΣ ΠΕΡΙΟΔΟΥ ΣΕ
ΕΠΤΑ ΠΕΛΑΓΙΚΑ ΕΙΔΗ ΤΟΥ ΒΟΡΕΙΟΥ ΑΙΓΑΙΟΥ**

Οφρυδοπούλου Κωνσταντίνα^{1,2}, Αντωνοπούλου Ευθυμία¹, Τσίκληρας Αθανάσιος³,
Δημητριάδης Ιωάννης², Παπαντωνίου Βασιλική² και Κουτράκης Μάνος²

1. Εργαστήριο Φυσιολογίας Ζώων, Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο
Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα - kofry@bio.auth.gr

2. ΕΛΓΟ – ΔΗΜΗΤΡΑ, Ινστιτούτο Αλιευτικής Έρευνας, Νέα Πέραμος, Καβάλα, Ελλάδα

3. Εργαστήριο Ιχθυολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη,
Ελλάδα

Στην παρούσα εργασία διερευνήθηκαν βασικές βιολογικοί παράμετροι πληθυσμών του Βόρειου Αιγαίου για επτά πελαγικά είδη ιχθύων, με έμφαση στη σχέση μήκους-βάρους, στο μέγεθος πρώτης ωρίμανσης (L50) και στη χρονική κατανομή της αναπαραγωγικής δραστηριότητας εντός του έτους. Συνολικά αναλύθηκαν 5.944 άτομα από επτά είδη: γόπα (*Boops boops*, n=1291), γαύρος (*Engraulis encrasicolus*, n=478), σαρδέλα (*Sardina pilchardus*, n=1337), φρίσσα (*Sardinella aurita*, n=547), κολιός (*Scomber colias*, n=738), σκουμπρί (*Scomber scombrus*, n=567) και γκριζοσαύριδο (*Trachurus trachurus*, n=986), τα οποία συλλέχθηκαν κατά την περίοδο 2023-2026. Για κάθε άτομο καταγράφηκαν το ολικό μήκος, το ολικό και εκσπλαχνισμένο βάρος, το φύλο και το στάδιο γεννητικής ωρίμανσης κατά την κλίμακα MEDITS. Η σχέση μήκους-βάρους προσαρμόστηκε στο μοντέλο $TW=a \times TL^b$ και το L50 εκτιμήθηκε για τα θηλυκά με λογιστική παλινδρόμηση. Οι εκτιμώμενες παράμετροι a και b ήταν αντίστοιχα: για τη γόπα 0,00756 και 3,10554, για τον γαύρο 0,00327 και 3,29239, για τη σαρδέλα 0,00373 και 3,30987, για τη φρίσσα 0,00874 και 2,96002, για τον κολιό 0,00604 και 3,12843, για το σκουμπρί 0,00611 και 3,11735 και για το γκριζοσαύριδο 0,00771 και 3,04054, με R² από 0,95637 έως 0,99452. Οι αντίστοιχες τιμές L50 εκτιμήθηκαν σε 139,9 mm, 107,9 mm, 106,6 mm, 147,1 mm, 198,3 mm, 230,1 mm και 144 mm, με R² από 0,53 έως 0,95. Η μηνιαία κατανομή των σταδίων γεννητικής ωρίμανσης έδειξε ότι η αναπαραγωγική περίοδος εντείνεται από Ιανουάριο έως Μάρτιο για τη σαρδέλα, τον Φεβρουάριο για το σκουμπρί, από Φεβρουάριο έως Απρίλιο για τη γόπα και το γκριζοσαύριδο, από Μάιο έως Ιούλιο για τη φρίσσα και τον κολιό, και από Ιούνιο έως Ιούλιο για τον γαύρο. Τα αποτελέσματα παρέχουν μια αξιόπιστη βάση για τη βιολογική παρακολούθηση και τη διαχείριση των πελαγικών αποθεμάτων του Βόρειου Αιγαίου και δύνανται να αξιοποιηθούν σε συγκριτικές αναλύσεις με πρότυπα αύξησης και αναπαραγωγής αντίστοιχων πληθυσμών τόσο στη Μεσόγειο όσο και στον Ατλαντικό Ωκεανό.

ESTIMATION OF GROWTH PARAMETERS AND REPRODUCTIVE SEASON IN SEVEN PELAGIC FISH SPECIES OF THE NORTHERN AEGEAN SEA

Ofridopoulou Konstantina^{1,2}, Antonopoulou Efthimia¹, Tsikliras C. Athanasios³, Dimitriadis Ioannis², Papantoniou Vasiliki², Koutrakis Manos²

1. Laboratory of Animal Physiology, Department of Zoology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece - kofry@bio.auth.gr

2. Fisheries Research Institute (INALE), ELGO-Dimitra, Nea Peramos, Kavala, Greece

3. Laboratory of Ichthyology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece

The aim of this study was to investigate key biological parameters of seven pelagic fish populations in the Northern Aegean Sea, with emphasis on the length-weight relationship, size at first maturity (L50), and the seasonal pattern of reproductive activity throughout the year. A total of 5,944 individuals were analysed: bogue (*Boops boops*, n=1291), European anchovy (*Engraulis encrasicolus*, n=478), sardine (*Sardina pilchardus*, n=1337), round sardinella (*Sardinella aurita*, n=547), Atlantic chub mackerel (*Scomber colias*, n=738), Atlantic mackerel (*Scomber scombrus*, n=567), and horse mackerel (*Trachurus trachurus*, n=986), collected during the period 2023-2026. For each individual, total length, total and gutted weight, sex, and maturity stage according to the MEDITS scale were recorded. The length-weight relationship was fitted to the model $TW=a \times TL^b$, and L50 was estimated for females using logistic regression. The parameter values a and b were, respectively: bogue 0.00756 and 3.10554, European anchovy 0.00327 and 3.29239, sardine 0.00373 and 3.30987, round sardinella 0.00874 and 2.96002, Atlantic chub mackerel 0.00604 and 3.12843, Atlantic mackerel 0.00611 and 3.11735, and horse mackerel 0.00771 and 3.04054, with R² values ranging from 0.95637 to 0.99452. The corresponding L50 values were 139.9 mm, 107.9 mm, 106.6 mm, 147.1 mm, 198.3 mm, 230.1 mm, and 144 mm, with R² values ranging from 0.53 to 0.95. Monthly maturity-stage distributions indicated that the reproductive period was most intense from January to March for sardine, in February for Atlantic mackerel, from February to April for bogue and horse mackerel, from May to July for round sardinella and Atlantic chub mackerel, and from June to July for European anchovy. These results support the biological monitoring and management of pelagic stocks in the Northern Aegean Sea and provide a reference for comparing growth and reproductive patterns across Mediterranean and Atlantic populations.

**ΠΡΟΚΑΤΑΡΚΤΙΚΑ ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΤΟΥ ΕΡΓΟΥ ΒΙΟΝISLE: ΚΑΤΑΓΡΑΦΗ
ΑΣΠΟΝΔΥΛΗΣ ΠΑΝΙΔΑΣ ΣΕ ΝΗΣΙΑ ΚΑΙ ΝΗΣΙΔΕΣ ΤΟΥ ΕΘΝΙΚΟΥ ΘΑΛΑΣΣΙΟΥ
ΠΑΡΚΟΥ ΝΟΤΙΟΥ ΑΙΓΑΙΟΥ**

Πάδης Νικόλαος¹, Γουδέλη Γαλάτεια², Μπίστα Έλενα¹, Αναστασίου Ιωάννης¹

1. Τομέας Ζωολογίας και Θαλάσσιας Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών

2. Τομέας Οικολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών

Η θέσπιση του νέου Εθνικού Θαλάσσιου Πάρκου Νοτίου Αιγαίου ανοίγει νέους ορίζοντες για τη μελέτη και τη διατήρηση της βιοποικιλότητας στη Μεσόγειο. Δημιουργεί τις απαραίτητες προϋποθέσεις για την κάλυψη των κενών που υπάρχουν στη μελέτη της πανίδας των ασπόνδυλων σε νησιωτικές εκτάσεις εντός των ορίων των θαλάσσιων προστατευόμενων περιοχών. Στο πλαίσιο του έργου BiONISle, επιχειρήθηκε η πρώτη προσπάθεια πλήρους καταγραφής των ειδών ασπόνδυλων επιλεγμένων νησιών και βραχονησίδων στο δυτικό τμήμα του Πάρκου, θέτοντας τις βάσεις για την πληρέστερη γνώση των ειδών, καθώς και τη συστηματική μελέτη των χωρικών και χρονικών προτύπων κατανομής των συναθροίσεων τους. Οι δειγματοληψίες πραγματοποιήθηκαν την περίοδο 2025–2026, με τη χρήση παγίδων παρεμβολής (pitfall traps) και συλλογή με το χέρι. Για το σκοπό αυτό ορίστηκαν σταθμοί δειγματοληψίας οι οποίοι καλύπτουν όλους τους αντιπροσωπευτικούς τύπους ενδιαιτημάτων ανά ομάδα. Τα πρώτα αποτελέσματα των εντόμων, αν και δεν ήταν η κατάλληλη εποχή, έδειξαν σημαντικές διαφοροποιήσεις στη σύνθεση των κοινοτήτων μεταξύ νησιών και τύπων βιοτόπου. Επιπλέον, σε οκτώ βραχονησίδες του Πάρκου πραγματοποιήθηκαν για πρώτη φορά δειγματοληψίες χερσαίων σαλιγκαριών, αποτυπώνοντας τη σύνθεση των ειδών και καλύπτοντας ένα σημαντικό κενό γνώσης για την περιοχή. Οι ασπόνδυλοι οργανισμοί στηρίζουν θεμελιώδεις λειτουργίες των απομονωμένων νησιωτικών οικοσυστημάτων όπως η ροή ενέργειας, η αποικοδόμηση της νεκρής οργανικής ύλης, η επικονίαση και η αναμόχλευση του εδάφους. Αποτελούν τον αναπόσπαστο κρίκο μεταξύ φυτών και σπονδυλωτών, γεγονός που καταδεικνύει τη σημασία συμπερίληψης της ασπόνδυλης πανίδας στη διαχείριση των χερσαίων προστατευόμενων περιοχών εντός του Πάρκου. Η παρούσα μελέτη θέτει τη βάση για μελλοντικές έρευνες που θα εστιάσουν στις βιογεωγραφικές σχέσεις, τη λειτουργική οικολογία και τις εξελικτικές διεργασίες που διαμορφώνουν τη νησιωτική ασπόνδυλη πανίδα του Νοτίου Αιγαίου.

PRELIMINARY RESULTS FROM THE BIONISLE PROJECT: INVERTEBRATE SURVEYS ON ISLANDS AND ISLETS OF THE SOUTH AEGEAN NATIONAL MARINE PARK

Padis Nikolaos, Goudeli Galateia, Elena Bista, Ioannis Anastasiou

1. Section of Zoology and Marine Biology, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens

2. Section of Ecology, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens

The newly established South Aegean National Marine Park creates significant opportunities for biodiversity research and conservation in the Mediterranean, while providing the necessary conditions to address existing knowledge gaps regarding invertebrate fauna in insular terrestrial habitats within the marine protected areas. Within the BiONISle project, the first comprehensive survey of invertebrate species was attempted on selected islands and islets in the western part of the park. The primary objectives were to establish baseline species inventories and to systematically study the spatial and temporal distribution patterns of invertebrate assemblages. Sampling was conducted during 2025–2026 using pitfall traps and hand collection, with sampling stations strategically distributed to encompass all representative habitat types for each taxonomic group. Preliminary results for insects, although collected outside the optimal season, revealed significant differences in community composition between islands and habitat types. Additionally, a comprehensive sampling of terrestrial gastropods was conducted for the first time on eight islets within the Park, documenting species composition and addressing a significant knowledge gap for the region. Invertebrates sustain fundamental ecosystem functions in isolated island systems, including energy flow, decomposition of organic matter, pollination, and soil bioturbation, and constitute an essential link between plants and vertebrates. These findings highlight the importance of integrating terrestrial invertebrate fauna into the management of the Park’s insular protected areas. This study lays the groundwork for future research focusing on biogeographic relationships, functional ecology, and the evolutionary processes shaping invertebrate communities across the islands of the South Aegean.

CYAN-OTE: ΕΝΑ ΑΥΤΟΜΑΤΟΠΟΙΗΜΕΝΟ ΥΠΟΛΟΓΙΣΤΙΚΟ PIPELINE ΓΙΑ ΤΗΝ ΑΝΑΚΤΗΣΗ ΤΟΥ ΠΛΗΡΕΣΤΕΡΟΥ ΥΠΟΜΝΗΜΑΤΙΣΜΟΥ ΓΟΝΙΔΙΩΜΑΤΩΝ ΚΥΑΝΟΒΑΚΤΗΡΙΩΝ

Πάζης Άγγελος, Παρίσης Ευθύμιος, Γκέλης Σπύρος

Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 541-24, Θεσσαλονίκη

Τα Κυανοβακτήρια αποτελούν μια οικολογικά και βιοτεχνολογικά σημαντική ομάδα μικροοργανισμών, κυρίως λόγω της ικανότητας παραγωγής βιοδραστικών ενώσεων. Τα τελευταία χρόνια η ικανότητα παραγωγής βιοδραστικών ενώσεων μελετάται μέσω της γονιδιωματικής ανάλυσης. Ωστόσο, η ανάλυση των γονιδιωμάτων των κυανοβακτηρίων παραμένει πρόκληση, καθώς η απόδοση πολλών από τα διαθέσιμα εργαλεία υπομνηματισμού μειώνεται δραματικά σε μη-πρότυπους οργανισμούς, οδηγώντας συχνά σε μεγάλο ποσοστό μη χαρακτηρισμένων πρωτεϊνών, τα λεγόμενα “Hypothetical Proteins”. Σε αυτή την εργασία παρουσιάζεται το Cyan-ote, μία υπολογιστική ροή εργασίας (pipeline) βασισμένο στο workflow manager Nextflow, σχεδιασμένο για την ανάκτηση ενός πλήρους και αξιόπιστου υπομνηματισμού κυανοβακτηριακών γονιδιωμάτων. Το Cyan-ote συνδυάζει πολλαπλά στάδια ανάλυσης για την πρόβλεψη γονιδίων, τον λειτουργικό χαρακτηρισμό πρωτεϊνών και την ανίχνευση ψευδογονιδίων και βιοσυνθετικών γονιδιακών συστάδων (BGC). Η εφαρμογή του pipeline σε σύνολο κυανοβακτηριακών γονιδιωμάτων έδειξε ότι, σε σύγκριση με βασικές προσεγγίσεις υπομνηματισμού, μπορεί να μειώσει σημαντικά το ποσοστό των υποθετικών πρωτεϊνών και να αυξήσει τις λειτουργικές αναθέσεις σε γνωστές βάσεις δεδομένων. Παράλληλα, βελτιώνει την ανίχνευση γονιδιακών συστάδων που σχετίζονται με δευτερογενή μεταβολισμό. Συνολικά, το Cyan-ote προσφέρει μια κλιμακώσιμη (scalable) και ευέλικτη λύση για τον υπομνηματισμό κυανοβακτηριακών γονιδιωμάτων, διευκολύνοντας τη μελέτη της βιολογίας και του βιοτεχνολογικού τους δυναμικού.

CYAN-OTE: AN AUTOMATED COMPUTATIONAL PIPELINE FOR THE RECOVERY OF COMPREHENSIVE CYANOBACTERIAL GENOME ANNOTATIONS

Pazis Angelos, Parisis Efthymios, Gkelis Spyros

Department of Botany, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, GR-541 24 Thessaloniki, Greece

Cyanobacteria represent an ecologically and biotechnologically significant group of microorganisms, primarily due to their capacity for producing bioactive compounds. In recent years, this capacity for producing bioactive compounds has been extensively studied through genomic analysis. However, the analysis of cyanobacterial genomes remains a challenge, as the performance of many available annotation tools decreases dramatically for non-model organisms, often resulting in a high percentage of uncharacterized proteins—the so-called “Hypothetical Proteins”. Here we present Cyan-ote, a computational pipeline based on the Nextflow workflow manager, designed to recover complete and reliable annotations of cyanobacterial genomes. Cyan-ote integrates multiple analysis stages, including gene prediction, functional protein characterization, and the detection of pseudogenes and biosynthetic gene clusters (BGCs). Implementation of the pipeline on a set of cyanobacterial genomes demonstrated that, compared to baseline annotation approaches, it can significantly reduce the proportion of hypothetical proteins and increase functional assignments across established databases. Furthermore, it enhances the detection of gene clusters associated with secondary metabolism. Overall, Cyan-ote provides a scalable and flexible solution for cyanobacterial genome annotation, facilitating deeper insights into their biology and biotechnological potential.

ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΟΥ ΠΡΟΤΥΠΟΥ ΚΥΤΤΑΡΙΚΟΥ ΘΑΝΑΤΟΥ ΠΟΥ ΔΙΑΜΟΡΦΩΝΕΤΑΙ ΜΕΣΩ ΤΗΣ ΡΥΘΜΙΣΗΣ ΤΟΥ ΓΟΝΙΔΙΟΥ ΧΙΑΡ ΑΠΟ ΤΗΝ Α-ΠΡΟΣ-Ι RNA ΣΤΟΙΧΕΙΟΘΕΣΙΑ ΠΟΥ ΔΙΑΜΕΣΟΛΑΒΕΙΤΑΙ ΑΠΟ ΤΗΝ ADAR1 ΣΤΗΝ ΠΟΛΛΑΠΛΗ ΣΚΛΗΡΥΝΣΗ

Παπαβασιλείου Δανάη¹, Πέττας Σπύρος^{1,2}, Αλκιβιάδης Κατερινόπουλος¹, Καραγιάννη Κορίνα¹, Κανατά Ειρήνη², Ξανθόπουλος Κωνσταντίνος², Κοντογιάννης Λ. Δημήτριος^{1,3}, Σκλαβιάδης Θεόδωρος², Ντάφου Δήμητρα¹

1. Τομέας Γενετικής, Ανάπτυξης και Μοριακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 541 24 Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

2. Τομέας Φαρμακολογίας, Τμήμα Φαρμακευτικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 541 24 Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

3. Ινστιτούτο Βασικής Βιοϊατρικής Έρευνας, Ερευνητικό Κέντρο Βιοϊατρικών Επιστημών “Αλέξανδρος Φλέμινγκ

Η Πολλαπλή Σκλήρυνση (ΠΣ), μια χρόνια νευροφλεγμονώδης διαταραχή του Κεντρικού Νευρικού Συστήματος χαρακτηρίζεται από απομυελίνωση, προοδευτική απώλεια νευρώνων και απορρύθμιση της μικρογλοίας. Η διαμεσολαβούμενη από την ADAR1 Α-προς-Ι RNA στοιχειοθεσία αποτελεί κρίσιμο μετά-μεταγραφικό μηχανισμό που επηρεάζει την γονιδιακή έκφραση σε Νευροεκφυλιστικά νοσήματα. Μεταξύ των στόχων της ADAR1, συμπεριλαμβάνεται το μετάγραφο του γονιδίου ΧΙΑΡ, που αποτελεί ισχυρό αναστολέα της απόπτωσης και φαίνεται να εμπλέκεται στην παθολογία της νόσου. Στην παρούσα μελέτη, διερευνήθηκε ο ρόλος της ADAR1 στην ρύθμιση της έκφρασης του ΧΙΑΡ και στην βιωσιμότητα των μικρογλοιακών κυττάρων χρησιμοποιώντας κύτταρα ανθρώπινης μικρογλοίας με αποσιώπηση στο γονίδιο της ADAR1. Η βιωσιμότητα των κυττάρων και οι αποπτωτικές αποκρίσεις εξετάστηκαν υπό κανονικές συνθήκες αλλά και κατόπιν φλεγμονώδους διέγερσης με LPS ή TNF-α. Η απώλεια της ADAR1 οδήγησε σε αυξημένα επίπεδα κυτταρικού θανάτου, όπως υποδείχθηκε από αυξημένη απελευθέρωση γαλακτικής αφυδρογονάσης κατόπιν διέγερσης με LPS και TNF-α συγκριτικά με τον μάρτυρα. Πρόσθετα, δοκιμασίες ελέγχου δραστηριότητας κασπασών 3/7 αποκάλυψαν μετριασμένη αύξηση στην αποπτωτική σηματοδότηση σε βασικό επίπεδο και μια έντονη ενίσχυσή της, κατόπιν φλεγμονώδους διέγερσης κυττάρων με απώλεια στην ADAR1. Τα ευρήματα αυτά τεκμηριώθηκαν και από χρώση με Ανεξίνη και Ιωδιούχο προπίδιο που αναλύθηκε με κυτταρομετρία ροής και επιβεβαίωσε αύξηση αποπτωτικών και νεκροπρωτικών κυτταρικών πληθυσμών απουσία της ADAR1. Συνολικά, τα αποτελέσματα προτείνουν ότι η διαμεσολαβούμενη από την ADAR1 RNA στοιχειοθεσία διαδραματίζει προστατευτικό ρόλο στην βιωσιμότητα των μικρογλοιακών κυττάρων, πιθανώς μέσω ρύθμισης της έκφρασης του ΧΙΑΡ. Η απώλεια της ADAR1 ευαισθητοποιεί την μικρογλοία σε αποπτωτικό θάνατο προκαλούμενο από φλεγμονή, υπογραμμίζοντας έναν πιθανό μηχανισμό που συμβάλλει στην απορρύθμιση της μικρογλοίας και στον νευροεκφυλισμό στην ΠΣ.

INVESTIGATION OF THE CELL DEATH CASCADE CONFIGURED BY ADAR1-MEDIATED A-TO-I RNA EDITING REGULATION OF XIAP IN MULTIPLE SCLEROSIS

Papavasileiou Danaï1, Pettas Spyros1,2, Katerinopoulos Alkiviadis1, Karagianni Korina1, Kanata Eirini2, Xanthopoulos Konstantinos2, Kontoyiannis L. Dimitrios1,3, Sklaviadis Theodoros2, Dafou Dimitra1

1. Department of Genetics, Development, and Molecular Biology, School of Biology, Faculty of Sciences, Aristotle University of Thessaloniki, 541 24 Thessaloniki, Greece

2. Department of Pharmacology, School of Pharmacy, Faculty of Health Sciences, Aristotle University of Thessaloniki, 541 24 Thessaloniki, Greece

3. Institute of Fundamental Biomedical Research, Biomedical Sciences Research Centre "Alexander Fleming"

Multiple sclerosis (MS) is a chronic neuroinflammatory and demyelinating disease of the central nervous system characterized by progressive neuronal loss and microglial dysregulation. RNA editing, particularly adenosine-to-inosine (A-to-I) editing mediated by ADAR1, has emerged as a critical post-transcriptional mechanism influencing gene expression in neurodegenerative disorders. Among ADAR1 targets, the X-linked inhibitor of apoptosis protein (XIAP), a potent suppressor of both intrinsic and extrinsic apoptotic pathways, has been implicated in MS pathology. In this study, we investigated the role of ADAR1 in regulating XIAP expression and microglial cell survival using ADAR1 knock-out (KO) human microglial HMC3 cells. Cell viability and apoptotic responses were assessed under basal conditions and following inflammatory stimulation with lipopolysaccharide (LPS) or tumor necrosis factor-alpha (TNF- α). ADAR1 deficiency resulted in increased cell death, as demonstrated by elevated lactate dehydrogenase (LDH) release upon LPS and TNF- α treatment compared to control cells. Furthermore, caspase 3/7 activity assays revealed a moderate increase in basal apoptotic signaling and a significant enhancement following inflammatory stimulation in ADAR1 KO cells. These findings were corroborated by Annexin V/propidium iodide staining and flow cytometry analysis, which confirmed increased apoptotic and necroptotic cell populations in ADAR1-deficient cells. Collectively, our results suggest that ADAR1-mediated RNA editing plays a protective role in microglial survival, likely through the regulation of XIAP expression. Loss of ADAR1 sensitizes microglia to inflammation-induced apoptosis, highlighting a potential mechanism contributing to microglial dysfunction and neurodegeneration in MS.

**ΠΡΟΤΥΠΑ ΕΚΦΡΑΣΗΣ ΤΟΥ ΣΥΜΠΛΟΚΟΥ I ΤΗΣ ΟΞΕΙΔΩΤΙΚΗΣ
ΦΩΣΦΟΡΥΛΙΩΣΗΣ ΚΑΤΑ ΤΗ ΜΕΤΑΒΑΣΗ ΣΤΗΝ ΑΝΑΠΑΡΑΓΩΓΙΚΗ
ΩΡΙΜΟΤΗΤΑ ΣΤΟ ΣΟΛΟΜΟ ΤΟΥ ΑΤΛΑΝΤΙΚΟΥ (SALMO SALAR)**

Παπαγγελέτου Μαρία¹, Στούπα Μαρία- Νεφέλη¹, Τσιπουρλιάνος Αντρέας¹, Αγγελακόπουλος Ραφαήλ¹, Γιαννούλης Θεμιστοκλής², Μούτου Α. Κατερίνα¹

1. Εργαστήριο Γενετικής, Συγκριτικής και Εξελικτικής Βιολογίας, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Συγκρότημα Βιόπολις, ΤΚ 415 00, Λάρισα

2. Εργαστήριο Βιολογίας, Γενετικής και Βιοπληροφορικής, Τμήμα Επιστήμης Ζωικής Παραγωγής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Συγκρότημα Γαϊόπολις, ΤΚ 413 34, Λάρισα

Ο Σολομός του Ατλαντικού, *Salmo salar*, είναι ένα ανάδρομο είδος με μεγάλη πλαστικότητα στον κύκλο ζωής του. Εκκολάπτεται και αναπτύσσεται στο γλυκό νερό, ενώ μετά από μορφολογικές και συμπεριφορικές αλλαγές υπόκειται στην καθοδηγούμενη από ορμονικές μεταβολές ωσμωρύθμιση και μεταναστεύει σε αλμυρά ύδατα. Τα βράγχια των ιχθύων συμβάλλουν σημαντικά στη διαδικασία της ωσμωρύθμισης, η οποία είναι αλληλένδετη με το στάδιο αναπαραγωγικής ωριμότητας του ατόμου και αποτελεί μια ενεργοβόρο διαδικασία. Το ίδιο ισχύει και για τη σπερματογένεση στους νεαρούς αρσενικούς ιχθύες. Στα ευκαρυωτικά κύτταρα το 90% της ενέργειας παράγεται μέσω της οξειδωτικής φωσφορυλίωσης, στην οποία συμμετέχουν τα τέσσερα σύμπλοκα της αναπνευστικής αλυσίδας και η ΑΤΡάση. Στην παρούσα εργασία χρησιμοποιήθηκαν δεδομένα RNAseq για τη μελέτη της έκφρασης των πυρηνικών γονιδίων του σολομού που κωδικοποιούν υπομονάδες του Συμπλόκου I της οξειδωτικής φωσφορυλίωσης. Επίσης, ερευνάται η διαφορική έκφραση των γονιδίων αυτών μεταξύ αναπαραγωγικά ώριμων και ανώριμων ιχθύων σε αρσενικά και θηλυκά άτομα, σε 7 ιστούς: γονάδα, εγκέφαλο, ήπαρ, λευκό μυ, πρόσθιο νεφρό, οπίσθιο έντερο και δευτερογενή βραγχιακά νημάτια. Τα αποτελέσματα της ανάλυσης έδειξαν ότι, με ελάχιστες εξαιρέσεις, τα γονίδια του Συμπλόκου I εκφράζονται σε σημαντικό βαθμό σε όλους τους ιστούς ανεξαρτήτως φύλου και σταδίου ωριμότητας. Παράλληλα, στα δευτερογενή βραγχιακά νημάτια των ανώριμων θηλυκών ατόμων, παρατηρήθηκε αυξημένη έκφραση των περισσότερων γονιδίων του Συμπλόκου I σε σχέση με τα ώριμα, ενώ στη σύγκριση ώριμων- ανώριμων αρσενικών στη γονάδα, υπερέκφραση των περισσότερων γονιδίων σημειώθηκε στα ώριμα άτομα. Τα αποτελέσματα αυτά συνάδουν με τις αυξημένες ενεργειακές απαιτήσεις των συγκεκριμένων ιστών κατά τη μετάβαση στην αναπαραγωγική ωριμότητα ατόμων και των δύο φύλων ενός ανάδρομου είδους.

OXIDATIVE PHOSPHORYLATION COMPLEX I EXPRESSION PATTERNS DURING THE TRANSITION TO REPRODUCTIVE MATURITY IN THE ATLANTIC SALMON (SALMO SALAR).

Papangeletou Maria¹, Stoupa Maria- Nefeli¹, Tsipourlianos Andreas¹, Angelakopoulos Rafael¹, Giannoulis Themistoklis², Moutou A. Katerina¹

1. Laboratory of Genetics, Comparative and Evolutionary Biology, Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, Viopolis, 415 00, Larissa, Greece 2. Laboratory of Biology, Genetics and Bioinformatics, Department of Animal Science, University of Thessaly, Gaiopolis, 413 34, Larissa, Greece

The Atlantic Salmon, *Salmo salar*, is an anadromous species, which exhibits significant plasticity in its life cycle. It hatches and grows in freshwater, and after morphological and behavioral changes, it undergoes the hormonally regulated smoltification process and migrates to saltwater. Fish gills are highly plastic osmoregulatory organs in smoltification, which is interconnected with reproductive maturity and it requires large amounts of energy. The same applies for the process of spermatogenesis in young male fish. In the eucaryotic cells 90% of the energy is produced through oxidative phosphorylation, in which the four complexes of the respiratory chain and the ATPase pump are involved. In the present study, RNAseq data were used to monitor the expression of nuclear genes coding for the oxidative phosphorylation Complex I subunits. Furthermore, the expression of those genes was analyzed in seven tissues of reproductively mature and immature individuals, male and female: gonad, brain, liver, fast muscle, head kidney, distal part of the digestive tract (distal intestine) and gill filament. The results of the analysis showed that with few exceptions, Complex I genes present high expression levels in all tissues regardless of sex or maturity state. However, overexpression of most of the Complex I genes was recorded in the gill filament of the immature in contrast to the mature females. Similarly, most genes were overexpressed in the gonad of mature male fish. Both outcomes may be explained by the increased energy needs of the specific tissues, as individuals of different sex of this anadromous species grow towards reproductive maturity.

ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΥΨΗΛΗΣ ΘΕΡΜΟΚΡΑΣΙΑΣ ΣΕ ΔΙΑΙΡΟΥΜΕΝΑ ΚΥΤΤΑΡΑ ΤΟΥ ΠΤΕΡΙΔΟΦΥΤΟΥ ADIANTUM CAPILLUS-VENERIS

Παπαγερίδου Ευγενία Ιωάννα, Παντελής Εμμανουήλ Νικόλαος

Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 541 24, Θεσσαλονίκη

Η κατανίνη είναι πρωτεΐνη κατάτμησης των μικροσωληνίσκων με σημαντικό ρόλο στην οργάνωση των συστημάτων τους, σε όλη τη διάρκεια του κυτταρικού κύκλου. Μεταλλάγματα κατανίνης αγγειόσπερμων φυτών εμφανίζουν ελαττωματική οργάνωση μικροσωληνίσκων κατά τη μεσόφαση, προ-πρόφαση, πρόφαση και κυτοκίνηση, ενώ μένει ανεπηρέαστη η μιτωτική άτρακτος. Πειράματα θερμικής καταπόνησης σε αγγειόσπερμα φυτά έχουν δείξει ότι παρόμοιος φαινότυπος παρατηρείται λόγω υψηλής θερμοκρασίας, πιθανά σχετιζόμενος με αναστολή δράσης της p-60 κατανίνης. Με δεδομένη την απουσία δεδομένων για την επίδραση υψηλής θερμοκρασίας στα πτεριδόφυτα αλλά και τις ιδιαιτερότητες της οργάνωσης των μικροσωληνίσκων σε αυτά, εφαρμόστηκε θερμική καταπόνηση σε ρίζες *Adiantum capillus-veneris* (37°C, 30 min) και έγινε ανοσοσθήμανση σωληνίνης και χρώση του DNA με DAPI, ώστε να παρατηρηθούν πιθανές αποκλίσεις από τη φυσιολογική οργάνωση των συστημάτων μικροσωληνίσκων κατά τον κυτταρικό κύκλο. Η παρατήρηση έγινε με μικροσκοπία ανοσοφθορισμού, τόσο με απλό μικροσκόπιο όσο και με CLSM. Κατά τη μεσόφαση, παρατηρήθηκαν τυχαία διατεταγμένοι μικροσωληνίσκοι. Στην προ-πρόφαση και πρόφαση υπήρχαν πολλοί περιφερειακοί μικροσωληνίσκοι εκτός προ-προφασικής ζώνης, ενώ οι περιπυρηνικοί ήταν ελαττωμένοι. Οι μεταφασικές άτρακτοι περιλάμβαναν ανώμαλα επιμηκυμένους μικροσωληνίσκους και συχνά ήταν κεκαμμένες. Στην κυτοκίνηση τα επηρεασμένα κύτταρα εμφάνιζαν εκτεταμένους φραγμοπλάστες με πολύ περισσότερους μικροσωληνίσκους από το φυσιολογικό. Αν και δεν έχουν χαρακτηριστεί γονίδια κατανίνης στα πτεριδόφυτα, οι αποκλίσεις που παρατηρούνται στα επηρεασμένα κύτταρα του *Adiantum capillus-veneris* μπορούν να αποδοθούν σε υπολειτουργία της p-60 κατανίνης. Οι διαφορές που παρατηρούνται σε σχέση με τα αγγειόσπερμα πιθανά σχετίζονται με ιδιαιτερότητες της κατανομής και της δράσης των KOM, καθώς και της οργάνωσης της ατράκτου και του φραγμοπλάστη στα πτεριδόφυτα σε σχέση με τα ανώτερα φυτά.

**EFFECTS OF HIGH TEMPERATURE ON DIVIDING CELLS OF THE FERN
ADIANTUM CAPILLUS-VENERIS**

Papageridou Evgenia Ioanna, Panteris Emmanuel

Department of Botany, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, 541 24, Thessaloniki

Katanin is a microtubule severing protein, playing an important role in the organization of their arrays during cell cycle. Katanin mutants of angiosperms have been found to display defective microtubule organization during interphase, pre-prophase, prophase and cytokinesis, while the mitotic spindle remains unaffected. Heat stress experiments in various angiosperms have produced a similar phenotype, possibly related to inhibition of p-60 katanin activity due to high temperature. Taking into account that no data exist about such experiments in ferns and that microtubule organization exhibits several peculiarities in them, heat stress was applied to *Adiantum capillus-veneris* roots (37°C, 30 min), followed by tubulin immunolabeling and DNA staining with DAPI, to observe possible deviations in microtubule organization during the cell cycle, by immunofluorescence microscopy, both wide-field and CLSM. In interphase cells, randomly arranged cortical microtubules were observed. In pre-prophase and prophase cells, abundant cortical microtubules were present apart from the preprophase band, while but scarce perinuclear microtubules were recorded. In metaphase, spindle microtubules were longer than normal and the spindles were bent. During cytokinesis the affected cells showed extended phragmoplasts with much more microtubules than normal. It therefore appears that, although katanin genes have not been characterized in pterophytes, the defects observed in heat-stressed *Adiantum capillus-veneris* root cells might be due to p-60 katanin malfunction. The differences among this fern and angiosperms are probably related to MTOC distribution and functionality, as well as the mechanisms of spindle and phragmoplast organization in ferns, in comparison to higher plants.

**ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΟΥ ΠΡΟΣΑΡΜΟΣΤΙΚΟΥ ΡΟΛΟΥ ΤΗΣ ΜΕΘΥΛΙΩΣΗΣ ΤΟΥ DNA
ΣΕ ΠΛΗΘΥΣΜΟΥΣ ΤΟΥ ΕΙΔΟΥΣ GASTEROSTEUS ACULEATUS**

Παπαμιχαήλ Ευαγγελία¹, Shankregowda Aruna M.², Bal Thijs M.P.², Chaturvedi Anurag³,
Gundappa Manu Kumar⁴, Raeymaekers Joost A.M.², Σαγώνας Κώστα¹

1. Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

2. Faculty of Biosciences and Aquaculture, Nord University, Bodø, Norway

3. Department of Biochemistry and Genetics and Center for Human Genetics, Clemson University, South Carolina, United States of America

4. The Roslin Institute and Royal (Dick) School of Veterinary Studies, University of Edinburgh, Edinburgh, UK

Η επιβίωση των οργανισμών σε περιβάλλοντα με έντονες διακυμάνσεις εξαρτάται από την ικανότητα τους να αποκρίνονται άμεσα στις νέες περιβαλλοντικές συνθήκες. Η φαινοτυπική πλαστικότητα, δηλαδή η ικανότητα ενός γονότυπου να παράγει διαφορετικούς φαινοτύπους, αποτελεί βασικό μηχανισμό αυτής της προσαρμοστικής ικανότητας και συχνά διαμεσολαβείται από επιγενετικές τροποποιήσεις, όπως η μεθυλίωση του DNA, οι οποίες μπορούν να επηρεάσουν τη γονιδιακή έκφραση χωρίς να μεταβάλλουν τη νουκλεοτιδική αλληλουχία. Στην παρούσα μελέτη διερευνήθηκε ο ρόλος της μεθυλίωσης του DNA στη διαφοροποίηση πληθυσμών του είδους *Gasterosteus aculeatus* που απαντώνται σε ενδιαίτηματα με διαφορετική αλατότητα. Συνολικά αναλύθηκαν οκτώ πληθυσμοί (192 άτομα) γλυκού και υφάλμυρου νερού, με στόχο την αξιολόγηση των προτύπων μεθυλίωσης και τη διερεύνηση της συμβολής του περιβάλλοντος στη διαμόρφωσή τους. Για το σκοπό αυτό εφαρμόστηκε η τεχνική Reduced Representation Bisulfite Sequencing (RRBS). Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι κάθε πληθυσμός εμφανίζει διακριτό επιγενετικό προφίλ, ενώ παρατηρήθηκε σαφής διαφοροποίηση μεταξύ πληθυσμών διαφορετικής αλατότητας. Οι πληθυσμοί του υφάλμυρου νερού παρουσίασαν μεγαλύτερη ομοιογένεια στη μεταξύ τους επιγενετική δομή, σε αντίθεση με τους πληθυσμούς του γλυκού νερού, οι οποίοι εμφάνισαν αυξημένη διαφοροποίηση τόσο μεταξύ τους όσο και σε σχέση με τους υφάλμυρους πληθυσμούς. Συνολικά, η μελέτη αναδεικνύει τον ρόλο της μεθυλίωσης του DNA ως δυναμικού μηχανισμού φαινοτυπικής πλαστικότητας, ο οποίος μπορεί να συμβάλλει στη διαφοροποίηση των πληθυσμών και να λειτουργεί συμπληρωματικά προς τη γενετική προσαρμογή.

EXPLORING THE ADAPTIVE ROLE OF DNA METHYLATION IN THE THREE-SPINED STICKLEBACK (GASTEROSTEUS ACULEATUS)

Papamichail Evangelia¹, Shankregowda Aruna M.², Bal Thijs M.P.², Chaturvedi Anurag³, Gundappa Manu Kumar⁴, Raeymaekers Joost A.M.², Sagonas Kostas¹

1. Department of Zoology, School Biology, Aristotle University of Thessaloniki

2. Faculty of Biosciences and Aquaculture, Nord University, Bodø, Norway

3. Department of Biochemistry and Genetics and Center for Human Genetics, Clemson University, South Carolina, United States of America

4. The Roslin Institute and Royal (Dick) School of Veterinary Studies, University of Edinburgh, Edinburgh, UK

The survival of organisms in rapidly changing environments depends on their ability to respond effectively to new environmental conditions. Phenotypic plasticity, defined as the ability of a single genotype to produce multiple phenotypes, represents a key mechanism related to this adaptive potential and is often mediated by epigenetic modifications, such as DNA methylation, which can regulate gene expression without altering the underlying nucleotide sequence. In the present study, we investigated the role of DNA methylation in the differentiation of *Gasterosteus aculeatus* populations inhabiting environments with varying salinity levels. A total of eight populations (192 individuals) from brackish-water and freshwater habitats were analyzed to characterize methylation patterns and assess the contribution of environmental factors to their variation. For this purpose, the method of Reduced Representation Bisulfite Sequencing (RRBS) was employed. Our results indicate that each population exhibits a distinct epigenetic profile, with clear differentiation between populations of different salinity levels. Brackish-water populations displayed greater homogeneity in their epigenetic structure, whereas freshwater populations were significantly differentiated both among themselves and relative to brackish-water populations. Overall, this study highlights the role of DNA methylation as a dynamic mechanism of phenotypic plasticity that contributes to population differentiation and may act complementary to genetic adaptation.

Η ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΤΗΣ ΚΛΙΜΑΤΙΚΗΣ ΑΛΛΑΓΗΣ ΣΤΟΥΣ ΚΑΡΧΑΡΙΕΣ ΤΗΣ ΜΕΣΟΓΕΙΟΥ

Παπαναστασίου Αναστασία, Τσίκληρας Αθανάσιος

Εργαστήριο Ιχθυολογίας, 5ος Όροφος Τμήματος Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα, TK 54124

Η κλιματική αλλαγή αποτελεί ένα από τα σημαντικότερα σύγχρονα περιβαλλοντικά ζητήματα, επηρεάζοντας άμεσα τα θαλάσσια οικοσυστήματα. Στην παρούσα εργασία διερευνάται η επίδραση της θερμοκρασίας της θάλασσας στις εκφορτώσεις καρχαριών στις υποπεριοχές της Μεσογείου Θάλασσας. Στόχος ήταν η εκτίμηση πιθανών επιπτώσεων στα διάφορα είδη, σε ένα περιβάλλον συνεχώς μεταβαλλόμενων θερμοκρασιακών συνθηκών, οι οποίες ενδεχομένως να δρουν προσθετικά στους ήδη επιβαρυνμένους από την υπεραλίευση πληθυσμούς. Για τον σκοπό αυτό, αναλύθηκαν δεδομένα εκφορτώσεων καρχαριών από τον Οργανισμό Τροφίμων και Γεωργίας (FAO) για την περίοδο 1982–2023. Η ανάλυση πραγματοποιείται για τέσσερις υποπεριοχές της περιοχής FAO 37 (δυτική, κεντρική και ανατολική Μεσόγειος και Μαύρη Θάλασσα), ενώ ο αριθμός των αλιευτικών σκαφών που δραστηριοποιούνται ανά περιοχή χρησιμοποιήθηκε ως δείκτης αλιευτικής προσπάθειας. Εφαρμόστηκε γενικευμένο προσθετικό μοντέλο (GAM) για τη διερεύνηση της σχέσης μεταξύ των εκφορτώσεων και της θαλάσσιας θερμοκρασίας, της χρονικής τάσης, των διαφορών μεταξύ ειδών και των χωρικών διαφοροποιήσεων. Τα αποτελέσματα έδειξαν διαφοροποιήσεις στις εκφορτώσεις καρχαριών μεταξύ των υποπεριοχών, καθώς και ενδείξεις επίδρασης της θερμοκρασίας της θάλασσας, ιδιαίτερα στη Μαύρη Θάλασσα και τη δυτική Μεσόγειο. Παράλληλα, παρατηρήθηκε διαφοροποιημένη απόκριση μεταξύ των ειδών. Τα ευρήματα αυτά ανέδειξαν την ανάγκη για περαιτέρω διερεύνηση των επιπτώσεων της κλιματικής αλλαγής και τη λήψη κατάλληλων διαχειριστικών μέτρων για τη διατήρηση των πληθυσμών καρχαριών στη Μεσόγειο.

THE IMPACT OF CLIMATE CHANGE ON SHARKS IN THE MEDITERRANEAN

Papanastasiou Anastasia, Tsikliras Athanassios

Laboratory of Ichthyology, 5th Floor, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece, Postal Code 54124

Climate change is one of the most pressing contemporary environmental challenges, directly affecting marine populations and ecosystems. This study investigates the effect of sea temperature on the landings of shark species in the Mediterranean Sea fishing subareas. The aim was to assess potential impacts on species under continuously changing thermal conditions, which may act synergistically on already depleted—due to overfishing—populations. To this end, shark landings data were acquired from the Food and Agriculture Organization (FAO) for the period 1982–2023 and analyzed. The analysis was conducted across the four subareas of FAO Area 37 (western, central, and eastern Mediterranean, and the Black Sea), while the number of fishing vessels operating in each subarea was used as a proxy for fishing effort. A generalized additive model (GAM) was applied to examine the relationship between landings and sea temperature, alongside additional factors such as temporal trends, species-specific differences, and spatial variability. The results indicated variation in shark landings among subareas, as well as evidence of temperature effects, particularly in the Black Sea and the western Mediterranean. At the same time, species-specific responses were observed. These findings highlight the need for further investigation into the impacts of climate change on shark populations and for the implementation of appropriate management measures to support the conservation of sharks in the Mediterranean Sea.

ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΤΟΥ ΕΞΑΣΘΕΝΟΥΣ ΧΡΩΜΙΟΥ [Cr(VI)] ΣΤΗΝ ΟΡΓΑΝΩΣΗ ΤΗΣ F-ΑΚΤΙΝΗΣ ΣΕ ΚΥΤΤΑΡΑ ΡΙΖΑΣ ΧΕΡΣΑΙΩΝ ΦΥΤΩΝ

Παππάς Δημήτριος^{1,2}, Παντερής Εμμανουήλ Νικόλαος¹, Αδαμάκης Ιωάννης-Δημοσθένης Σ.3

1. Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Ελλάδα

2. Ινστιτούτο Πυρηνικών και Ραδιολογικών Επιστημών και Τεχνολογίας, Ενέργειας και Ασφάλειας, ΕΚΕΦΕ «Δημόκριτος», Αγία Παρασκευή, Ελλάδα

3. Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, Ελλάδα

Το εξασθενές χρώμιο [Cr(VI)] αποτελεί περιβαλλοντικό ρύπο με υψηλή τοξικότητα για τη δομή και λειτουργία των φυτικών κυττάρων. Αν και η αρνητική του επίδραση στους μικροσωληνίσκους και το ενδοπλασματικό δίκτυο είναι γνωστή, η επιπτώσεις του στην F-ακτίνη των χερσαίων φυτών δεν έχει διερευνηθεί επαρκώς έως σήμερα. Στην παρούσα μελέτη εξετάστηκε η επίδραση του Cr(VI) στην οργάνωση της F-ακτίνης σε κύτταρα ρίζας του δικοτυλήδονου φυτού-μοντέλου *Arabidopsis thaliana*, και του μονοκοτυλήδονου φυτού μεγάλης καλλιέργειας *Zea mays*. Η μελέτη πραγματοποιήθηκε με συνεστιακή μικροσκοπία σάρωσης laser (CLSM), έπειτα από σήμανση της F-ακτίνης με ειδικό αντίσωμα ή φθορίζουσα φαλλοϊδίνη. Τα φυτά εκτέθηκαν σε συγκεντρώσεις Cr(VI) 100 μM και 250 μM για χρονικά διαστήματα 12, 24 και 48 h. Παρατηρήθηκε ότι το Cr(VI) προκαλεί δοσο-εξαρτώμενη και χρόνο-εξαρτώμενη αποδιοργάνωση της F-ακτίνης και στα δύο φυτικά είδη. Η αποδιοργάνωση αυτή εκδηλώθηκε κυρίως με κατακερματισμό των νηματίων ακτίνης και αλλοίωση του φυσιολογικού δικτύου τους στα μεριστωματικά κύτταρα. Επιπλέον, το *Zea mays* φάνηκε να παρουσιάζει μεγαλύτερη ευαισθησία σε σύγκριση με το *Arabidopsis thaliana*, γεγονός που συνοδεύτηκε από εντονότερη αναστολή της αύξησης της ρίζας. Συνολικά, τα ευρήματα υποδεικνύουν ότι η F-ακτίνη αποτελεί σημαντικό, αν και έως σήμερα υποτιμημένο, στόχο της τοξικότητας του Cr(VI) στα χερσαία φυτά. Παράλληλα, αναδεικνύονται πιθανές διαφοροποιήσεις στην ευαισθησία διαφορετικών φυτικών ειδών απέναντι στην επίδραση του συγκεκριμένου ρύπου.

EFFECTS OF HEXAVALENT CHROMIUM [Cr(VI)] ON F-ACTIN ORGANIZATION IN ROOT CELLS OF TERRESTRIAL PLANTS

Pappas Dimitris^{1,2}, Panteris Emmanuel¹, Adamakis Ioannis-Dimosthenis S.³

1. Department of Botany, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Greece

2. Institute of Nuclear and Radiological Sciences and Technology, Energy and Safety, NCSR "Demokritos", Agia Paraskevi, Greece

3. Section of Botany, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, Greece

Hexavalent chromium [Cr(VI)] is a highly toxic environmental pollutant that adversely affects the structure and function of plant cells. Although its negative effects on microtubules and the endoplasmic reticulum are well documented, its impact on F-actin in terrestrial plants has not been sufficiently investigated to date. In the present study, the effects of Cr(VI) on F-actin organization was examined in root cells of the dicotyledonous model plant *Arabidopsis thaliana* and the monocotyledonous crop plant *Zea mays*. The study was conducted using confocal laser scanning microscopy (CLSM), after F-actin labeling with either a specific antibody or fluorescent phalloidin. Plants were exposed to Cr(VI) at concentrations of 100 μ M and 250 μ M for 12, 24 and 48 h. The results showed that Cr(VI) induced dose- and time-dependent disorganization of F-actin in both plant species. This disorganization was mainly characterized by fragmentation of actin filaments and disruption of the normal actin network in meristematic cells. Moreover, *Zea mays* appeared to be more sensitive than *Arabidopsis thaliana*, as indicated also by stronger inhibition of root growth. Overall, these findings suggest that F-actin is an important, although previously underestimated, target of Cr(VI) toxicity in terrestrial plants. They also highlight potential differences in the sensitivity of plant species to this environmental pollutant.

ΑΠΟΜΟΝΩΣΗ ΚΑΙ ΧΑΡΑΚΤΗΡΙΣΜΟΣ ΒΑΚΤΗΡΙΟΦΑΓΟΥ ΕΝΑΝΤΙ ΑΙΜΟΛΥΤΙΚΟΥ ΚΛΙΝΙΚΟΥ ΣΤΕΛΕΧΟΥΣ ESCHERICHIA COLI

Παρασκευά Μιχάλης¹, Μαβίδη Μαρία Νικολέτα¹, Καρακαλπακίδης Δημήτριος¹, Σκιαθίτης Νικόλαος¹, Αναστασίου Μαρία¹, Κωνσταντινίδης Κωνσταντίνος², Βασιλειάδης Αναστάσιος², Παντερής Εμμανουήλ Νικόλαος³, Καρακασιλιώτης Ιωάννης², Κοτταρίδη Χριστίνα¹

1. Εργαστήριο Γενικής Μικροβιολογίας, Τομέας Γενετικής, Ανάπτυξης και Μοριακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

2. Εργαστήριο Βιολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης, Αλεξανδρούπολη, Ελλάδα

3. Εργαστήριο Βοτανικής, Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

Οι βακτηριοφάγοι (φάγοι) μελετώνται ως εναλλακτικοί αντιμικροβιακοί παράγοντες έναντι κλινικά σημαντικών πολυανθεκτικών βακτηρίων. Στην παρούσα μελέτη παρουσιάζεται η απομόνωση και ο προκαταρκτικός χαρακτηρισμός του Escherichia phage vB_Thess1_205, ο οποίος στοχεύει αιμολυτικό κλινικό στέλεχος Escherichia coli. Ο φάγος απομονώθηκε από λύματα του Γενικού Νοσοκομείου Γιαννιτσών, μετά από εμπλουτισμό με το στέλεχος-ξενιστή, διήθηση, καθαρισμό πλακών και τιτλοδότηση. Η ηλεκτρονική μικροσκοπία διέλευσης ανέδειξε σωματίδια με περίπου εικοσαεδρικό καψίδιο, συμβατά με μορφολογία ουροφόρου βακτηριοφάγου. Η ανάλυση φάσματος ξενιστών έναντι 24 κλινικών στελεχών έδειξε μολυσματικότητα έναντι τριών στελεχών, υποδεικνύοντας στενό φάσμα ξενιστών. Ο φάγος διατήρησε 71,74% και 68,12% μολυσματικότητα μετά από 1 ώρα στους 40 °C και 45 °C, αντίστοιχα, ενώ η επιβίωση μειώθηκε σε 26,59% στους 50 °C, 19,93% στους 55 °C και 6,64% στους 60 °C. Η ανάλυση σταθερότητας σε διαφορετικές τιμές pH έδειξε μέγιστη μολυσματικότητα σε ουδέτερες συνθήκες, μειωμένη επιβίωση σε όξινο και αλκαλικό pH και σχεδόν πλήρη αδρανοποίηση στο pH 2. Η αλληλούχηση ολόκληρου του γονιδιώματος αποκάλυψε δίκλωνο DNA μήκους 167.021 bp, με GC 32,4%, 267 προβλεπόμενα ανοικτά πλαίσια ανάγνωσης και 10 γονίδια tRNA. Η γονιδιωματική επισημείωση ανέδειξε αρθρωτή οργάνωση χαρακτηριστική T4-ομοιάζοντων Escherichia/Shigella φάγων, με γονίδια που σχετίζονται με τη συσκευασία DNA, τη μορφογένεση, την αντιγραφή και τη λύση του κυττάρου-ξενιστή. Η συγκριτική γονιδιωματική ανάλυση, συμπεριλαμβανομένης της εκτίμησης διαγονιδιωματικής ομοιότητας μέσω VIRIDIC, κατέταξε τον φάγο ως νέο στέλεχος εντός υπάρχουσας ομάδας σε επίπεδο είδους. Συνολικά, ο vB_Thess1_205 εμφανίζει βιολογικά και γονιδιωματικά χαρακτηριστικά συμβατά με T4-ομοιάζοντα λυτικό φάγο. Οι δοκιμές προσρόφησης και η καμπύλη ανάπτυξης ενός κύκλου βρίσκονται σε εξέλιξη για τον ακριβέστερο προσδιορισμό της δυναμικής μόλυνσής του.

ISOLATION AND CHARACTERIZATION OF A BACTERIOPHAGE AGAINST A HEMOLYTIC CLINICAL ESCHERICHIA COLI STRAIN

Paraskeva Michalis¹, Mavidi Maria Nikoleta¹, Karakalpakidis Dimitrios¹, Skiathitis Nikolaos¹, Anastasiou Maria¹, Konstantinidis Konstantinos², Vasileiadis Anastasios², Panteris Emmanouil Nikolaos³, Karakasiliotis Ioannis², Kottaridi Christina¹

1. Laboratory of General Microbiology, Department of Genetics, Development and Molecular Biology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece

2. Laboratory of Biology, Department of Medicine, Democritus University of Thrace, Alexandroupoli, Greece

3. Laboratory of Botany, Department of Botany, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece

Bacteriophages (phages) are increasingly investigated as alternative antimicrobial agents against clinically important multidrug-resistant bacteria. In this study, we report the isolation and preliminary characterization of a bacteriophage (Escherichia phage vB_Thess1_205) targeting a hemolytic clinical strain of Escherichia coli. The phage was recovered from wastewater collected from the General Hospital of Giannitsa following host-specific enrichment, filtration, plaque purification, and titration. Transmission electron microscopy revealed phage particles with an approximately icosahedral capsid, consistent with the morphology of tailed bacteriophages. Host range analysis against 24 clinical strains showed infectivity against three strains, indicating a narrow host spectrum. The phage retained 71.74% and 68.12% infectivity after 1 h at 40 °C and 45 °C, respectively, whereas survival decreased to 26.59% at 50 °C, 19.93% at 55 °C, and 6.64% at 60 °C. pH stability analysis showed maximal infectivity under neutral conditions, reduced survival at acidic and alkaline pH values, and near-complete inactivation at pH 2. Whole-genome sequencing revealed a double-stranded DNA genome of 167,021 bp, with 32.4% GC content, 267 predicted open reading frames, and 10 tRNA genes. Genome annotation showed a modular organization typical of T4-like Escherichia/Shigella phages, including genes related to DNA packaging, morphogenesis, replication, and host cell lysis. Comparative genomic analysis, including VIRIDIC-based intergenomic similarity assessment, classified the phage as a novel strain within an existing species-level cluster. Overall, this newly isolated E. coli bacteriophage exhibits biological and genomic features consistent with a T4-like lytic phage. Adsorption assays and one-step growth experiments are ongoing to define its infection dynamics.

**ΠΡΑΣΙΝΗ ΣΥΝΘΕΣΗ ΕΝΟΣ ΣΤΑΔΙΟΥ 3-ΑΜΙΝΟ-2-ΜΕΘΥΛΟ-ΚΙΝΑΖΟΛΙΝΟΝΩΝ
ΚΑΙ ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗ ΤΗΣ ΕΠΙΔΡΑΣΗΣ ΤΟΥΣ ΣΤΗ ΣΗΜΑΤΟΔΟΤΗΣΗ ΤΟΥ
ΜΕΤΑΓΡΑΦΙΚΟΥ ΠΑΡΑΓΟΝΤΑ NF-κΒ**

Πετρίκη Βασιλική, Μίκρα Χρυσούλα, Τσιούπρος Ευάγγελος, Μαντά Στυλιανή, Φυλακτακίδου Κωνσταντίνα, Παπουτσοπούλου Σταματία

1. Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Βιόπολις, 41500 Λάρισα, Ελλάδα
2. Εργαστήριο Οργανικής Χημείας, Τμήμα Χημείας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 54124 Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

Ο καρκίνος αποτελεί ένα πολυπαραγοντικό νόσημα στο οποίο η χρόνια φλεγμονή διαδραματίζει καθοριστικό ρόλο, επηρεάζοντας την ισορροπία μεταξύ αντικαρκινικής ανοσολογικής απόκρισης και ανοσοδιαφυγής. Κεντρικός ρυθμιστής αυτών των διεργασιών είναι ο μεταγραφικός παράγοντας NF-κΒ, ο οποίος λειτουργεί ως «μοριακή γέφυρα» μεταξύ φλεγμονής, ανοσολογικής απόκρισης και καρκινογένεσης. Ο σημαντικός ρόλος του NF-κΒ τον καθιστά έναν ιδιαίτερα ελκυστικό, αλλά και σύνθετο, θεραπευτικό στόχο στον καρκίνο. Οι κινάζολιόνες, ως φυσικά προϊόντα αλλά και συνθετικά παράγωγά τους, παρουσιάζουν σημαντική βιολογική δραστηριότητα, ιδιαίτερα στον τομέα των αντικαρκινικών και αντιμικροβιακών θεραπειών, και κατατάσσονται στις φαρμακοχημικά «προνομιακές δομές», με τη σύνθεσή τους να αποτελεί προϊόν εκτεταμένης μελέτης. Στην παρούσα μελέτη παρουσιάζεται μία νέα, αποδοτική συνθετική προσέγγιση 3-αμινο-2-μεθυλοκινάζολιόνων, ενός σταδίου και τριών συστατικών, με χρήση μικροκυματικής ακτινοβολίας (150 °C, 60 min), από εμπορικά διαθέσιμα ανθρανιλικά οξέα, οδηγώντας σε εξαιρετικές αποδόσεις. Παράλληλα, αξιολογήθηκε η επίδραση επιλεγμένων 3-αμινο-2-μεθυλοκινάζολιν-4(3H)-ονών στη μεταγραφική δραστηριότητα του NF-κΒ, χρησιμοποιώντας τη διαγονιδιακή κυτταρική σειρά HeLa/NF-κΒ-Luc. Αρχικά, εκτιμήθηκε η κυτταρική βιωσιμότητα μέσω χρώσης ιωδιούχου προπιδίου και κυτταρομετρίας ροής, χωρίς να παρατηρηθεί κυτταροτοξική επίδραση. Στη συνέχεια, η μεταγραφική δραστηριότητα του NF-κΒ προσδιορίστηκε μέσω δοκιμασίας λουσιφεράσης μετά από διέγερση των κυττάρων με TNF-α. Από τις υπό εξέταση ενώσεις, μόνο οι 3-αμινο-6-ιωδο-2-μεθυλοκινάζολιν-4(3H)-3-όνη (XM496) και 3-αμινο-2-μεθυλο-6-χλωροκινάζολιν-4(3H)-3-όνη (XM392) ανέστειλαν σημαντικά την TNF-α-επαγόμενη ενεργοποίηση του NF-κΒ σε μεταγραφικό επίπεδο. Συνολικά, τα ευρήματα υποδεικνύουν ότι οι 3-αμινο-2-μεθυλοκινάζολιν-4(3H)-όνες αποτελούν υποσχόμενους ρυθμιστές της σηματοδότησης του NF-κΒ.

GREEN ONE-STEP SYNTHESIS OF 3-AMINO-2-METHYLQUINAZOLINONES AND EVALUATION OF THEIR IMPACT ON NF-KB SIGNALING

Petriki Vasiliki, Mikra Chrysoula, Tsioupros Evaggelos, Manta Styliani, Fylaktakidou Konstantina, Papoutsopoulou Stamatia

1. Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, Biopolis, 41500 Larisa, Greece

2. Laboratory of Organic Chemistry, Department of Chemistry, Aristotle University of Thessaloniki, 54124 Thessaloniki, Greece

Cancer is a multifactorial disease in which chronic inflammation plays a critical role, affecting the balance between antitumor immune response and immune evasion. A central regulator of these processes is the transcription factor NF- κ B, which functions as a molecular bridge between inflammation, immune response, and carcinogenesis. Its pivotal role renders NF- κ B an attractive, yet complex, therapeutic target in cancer. Quinazolinones, both as natural products and synthetic derivatives, exhibit significant biological activity, particularly in the field of anticancer and antimicrobial therapies, and are considered “privileged structures” in medicinal chemistry, with their synthesis being the subject of extensive investigation. In the present study, a novel and efficient one-step, three-component synthetic approach for 3-amino-2-methylquinazolinones is presented, employing microwave irradiation (150 °C, 60 min), starting from commercially available anthranilic acids and affording excellent yields. Furthermore, the effect of selected 3-amino-2-methylquinazolin-4(3H)-ones on NF- κ B transcriptional activity was evaluated using the HeLa/NF- κ B-Luc reporter cell line. Cell viability was initially assessed by propidium iodide staining and flow cytometry, with no cytotoxic effects observed. Subsequently, NF- κ B transcriptional activity was determined via a luciferase assay following stimulation with TNF- α . Among the tested compounds, only 3-amino-6-iodo-2-methylquinazolin-4(3H)-one (XM496) and 3-amino-6-chloro-2-methylquinazolin-4(3H)-one (XM392) significantly inhibited TNF- α -induced NF- κ B activation at the transcriptional level. Overall, these findings suggest that 3-amino-2-methylquinazolin-4(3H)-ones represent promising modulators of NF- κ B signaling.

ΣΧΕΣΗ ΜΗΚΟΥΣ–ΒΑΡΟΥΣ, ΚΑΤΑΝΟΜΗ ΣΥΧΝΟΤΗΤΩΝ ΜΗΚΟΥΣ ΚΑΙ ΔΟΜΗ ΓΕΝΕΩΝ ΤΟΥ ALBURNUS MACEDONICUS ΣΤΗ ΛΙΜΝΗ ΔΟΪΡΑΝΗ

Πετροχείλου Δήμητρα¹, Πετρική Όλγα²

1. Εργαστήριο Ιχθυολογίας, Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Τ.Κ. 54124 Θεσσαλονίκη
2. Τμήμα Αλιείας και Υδατοκαλλιέργειών, Πανεπιστήμιο Πατρών, Τ.Κ. 30200, Μεσολόγγι

Το *Alburnus macedonicus* αποτελεί ενδημικό είδος ψαριού της διασυνοριακής λίμνης Δοϊράνης. Στην παρούσα εργασία διερευνήθηκε η σχέση μήκους–βάρους (WLR), η κατανομή συχνοτήτων μήκους και η σύνθεση γενεών του πληθυσμού, βάσει 11 μηνιαίων δειγματοληψιών που πραγματοποιήθηκαν το 2025. Συνολικά 1607 άτομα συλλέχθηκαν με χρήση βενθικών απλαδιών διχτυών τύπου Nordic (με πολλαπλά ανοίγματα ματιών). Η σχέση μήκους–βάρους εκτιμήθηκε με την εξίσωση $W = aL^b$, μετά από λογαριθμικό μετασχηματισμό και των δύο μεταβλητών, ενώ η διαφορά του b σε σχέση με την ισομετρική τιμή ($b = 3$) ελέγχθηκε με αμφίπλευρο (two tailed) t-test. Η κατανομή των μηκών προέκυψε τόσο από μετρημένα ολικά μήκη ($n = 1378$) όσο και από μήκη που εκτιμήθηκαν από το βάρος σώματος μέσω της αντίστροφης μορφής της εξίσωσης WLR ($n = 229$). Η δομή γενεών αναλύθηκε με εφαρμογή μεικτών γκαουσιανών μοντέλων, ενώ ο βέλτιστος αριθμός συνιστώσων επιλέχθηκε βάσει του Κριτηρίου Πληροφορίας Bayesian (BIC). Η σχέση μήκους–βάρους περιγράφηκε από την εξίσωση $W = 4,36 \times 10^{-6} L^{3,116}$ ($R^2 = 0,962$, $n = 1378$). Η τιμή του εκθέτη b διέφερε στατιστικά σημαντικά από την ισομετρική τιμή ($b = 3$) ($t = 6,93$, $df = 1376$, $p < 0,001$), υποδηλώνοντας θετική αλλομετρική αύξηση. Το εύρος των ολικών μηκών ήταν 65–148 mm. Η κατανομή συχνοτήτων μήκους παρουσίασε πολλαπλές κορυφές με επικράτηση των κλάσεων 110–130 mm. Η ανάλυση με μεικτά γκαουσιανά μοντέλα ανέδειξε πέντε συνιστώσες μεγέθους, οι οποίες ομαδοποιούνται σε τρεις κύριες γενεές με μέσες τιμές ολικού μήκους περίπου στα 68 mm, 100 mm και 127 mm, που αντιστοιχούν σε άτομα ηλικίας 0+, 1+ και $\geq 2+$, αντίστοιχα. Η συνύπαρξη πολλαπλών γενεών υποδηλώνει συνεχή στρατολόγηση και πληθυσμιακή σταθερότητα.

LENGTH–WEIGHT RELATIONSHIP, LENGTH FREQUENCY DISTRIBUTION AND COHORT STRUCTURE OF ALBURNUS MACEDONICUS IN LAKE DOIRANI

Petrocheilou Dimitra¹, Petriki Olga²

1. Laboratory of Ichthyology, Department of Zoology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, 54124 Thessaloniki, Greece

2. Department of Fisheries and Aquaculture, University of Patras, 30200 Mesolongi, Greece

Alburnus macedonicus is an endemic freshwater species restricted to Lake Doirani. The present study investigated the length–weight relationship (WLR), length–frequency distribution, and cohort composition of the species based on 11 monthly sampling events conducted in 2025. In total 1607 specimens were collected using standardized Nordic-type benthic multimesh gillnets. The WLR was estimated using the equation $W = aL^b$ after log-transformation of both variables, and the significance of the b coefficient relative to the isometric value ($b = 3$) was evaluated using a two-tailed t -test. Length–frequency distribution was based on both measured total lengths ($n = 1378$) and lengths estimated from body weights via the inverse WLR equation ($n = 229$). Cohort structure was analyzed using Gaussian mixture models, with the optimal number of components selected according to the Bayesian Information Criterion (BIC). The length–weight relationship was described by the equation $W = 4.36 \times 10^{-6} L^{3.116}$ ($R^2 = 0.962$, $n = 1378$), with the exponent b differing significantly from the isometric value ($t = 6.93$, $df = 1376$, $p < 0.001$), indicating positive allometric growth. The total length ranged from 65 to 148 mm. The length–frequency distribution exhibited a multimodal pattern, with a clear predominance of individuals in the 110–130 mm size classes. Gaussian mixture models identified five size components, which were grouped into three main cohorts centered at approximately 68 mm, 100 mm, and 127 mm total length, corresponding to age classes 0+, 1+, and $\geq 2+$, respectively. The coexistence of these cohorts indicates continuous recruitment and a well-structured population.

**ΚΑΤΕΥΘΥΝΟΜΕΝΟΣ ΑΠΟ ΤΗ ΔΟΜΗ ΣΧΕΔΙΑΣΜΟΣ ΦΑΡΜΑΚΩΝ:
ΜΑΚΡΟΚΥΚΛΙΚΕΣ ΕΝΩΣΕΙΣ ΩΣ ΝΕΑ ΧΗΜΙΚΑ ΙΚΡΙΩΜΑΤΑ ΓΙΑ ΤΗ
ΣΤΟΧΕΥΣΗ ΤΗΣ ΓΛΥΚΟΓΟΝΟΛΥΣΗΣ**

Πιπλίδου Στυλιανή, Κακαλή Δέσποινα, Σκαμνάκη Βασιλική

*Εργαστήριο Δομικής & Λειτουργικής Βιοχημείας, Τμ. Βιοχημείας & Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο
Θεσσαλίας*

Το γλυκογόνο αποτελεί την κυτταρική αποθήκη γλυκόζης, ενώ έχουν αναγνωρισθεί οι πολυδιάστατες λειτουργίες του στην κυτταρική διαφοροποίηση, τη σηματοδότηση, την οξειδοαναγωγική ρύθμιση και τη βλαστική ικανότητα υπό ποικίλες φυσιολογικές και παθοφυσιολογικές συνθήκες.¹ Τα ένζυμα που ελέγχουν τη γλυκογονόλυση για παραγωγή ενέργειας και μεταβολιτών αποτελούν στόχους θεραπευτικού ενδιαφέροντος για νοσήματα, όπως ο διαβήτης τύπου 2 (T2Δ) και ο καρκίνος. Φυσιολογικά, τα επίπεδα γλυκόζης στο πλάσμα ελέγχονται από την εντερική απορρόφηση κατά τη μεταγευματική κατάσταση, τη γλυκογονόλυση και τη γλυκονεογένεση. Η αναστολή της ηπατικής γλυκογονόλυσης θα οδηγήσει σε μείωση των επιπέδων γλυκόζης στο αίμα στην περίπτωση του T2Δ. Στα καρκινικά κύτταρα, ο μεταβολικός επαναπρογραμματισμός και η διοχέτευση της γλυκόζης από το γλυκογόνου (glycogen shunt) παρέχει ενέργεια, μεταβολίτες και διατηρεί την οξειδοαναγωγική ισορροπία². Η φωσφορυλάση του γλυκογόνου καθορίζει τον ρυθμό της γλυκογονόλυσης και η δυνατότητα φαρμακευτικής στόχευσής της έχει μελετηθεί εκτενώς για την ανάπτυξη θεραπειών κατά του T2Δ και του καρκίνου^{3,4}. Το κέντρο δέσμευσης της κερσετίνης (QBS) έχει διερευνηθεί ως υποσχόμενος ηπατικός στόχος, αν και παρουσιάζει προκλήσεις λόγω της διαμόρφωσής του.⁴ Για την ανακάλυψη νέων χημικών ικριωμάτων (scaffolds) που στοχεύουν τη θέση QBS, εξετάζεται η σύνδεση 149 μακροκυκλικών ενώσεων μέσω *in silico* docking. Οι μακροκυκλικές ενώσεις παρουσιάζουν περιορισμούς στη διαμόρφωση και μικρότερο εντροπικό κόστος, ευνοώντας την πρόσδεση. Εφαρμόζονται φαρμακολογικά κριτήρια επιλογής σε μια top-down προσέγγιση και οι τρόποι δέσμευσης των επιτυχημένων ενώσεων αναλύονται δομικά σε σύμπλοκα ηπατικών και μυϊκών ισομορφών, ενώ προτείνονται χημικές τροποποιήσεις. H. Zhang et al., *The FEBS J.* (2020) 288, 3772 2 C. E. Zois et al., *Cell Death & Disease.* (2022), 13,573 3 E. Favaro et al., *Cell Metabolism.* (2012) 16, 751 4 S. Alexopoulos et al., *JAFC.* (2024) 72, 24070

STRUCTURE BASED DRUG DESIGN: MACROCYCLES AS NOVEL CHEMICAL SCAFFOLDS TARGETING GLYCOGENOLYSIS

Piplidou Stylliani, Kakali Despoina, Skamnaki Vasiliki

Structural and Functional Biochemistry Lab, Biochemistry & Biotechnology Dep., University of Thessaly

Glycogen is the cellular glucose depot while its role and versatile functions in cell differentiation, signaling, redox regulation, and stemness under various physiological and pathophysiological conditions are acknowledged¹. The enzymes that control glycogen breakdown (glycogenolysis) to provide energy and metabolites are molecular targets of therapeutic interest for non-communicable diseases such as T2D and cancer. In normal physiology the plasma glucose levels are controlled by intestinal absorption during the fed state, glycogenolysis and gluconeogenesis. Therefore, inhibition of hepatic glycogenolysis will result in lowering of blood glucose levels in case of T2D. In cancer cells, metabolic reprogramming and channeling of glucose via glycogen (glycogen shunt) provides energy, synthetic metabolites and maintains redox balance². Glycogen phosphorylase is the rate-determining enzyme in glycogenolysis, and its druggability has been extensively studied in targeting glycogenolysis for the development of therapeutics against type 2 diabetes (T2D) and, more recently, cancer^{3,4}. The quercetin binding site (QBS) has been probed as a promising liver selective, although conformational challenging target⁴. In a quest to discover novel molecular scaffolds targeting QBS the binding of a series of 149 macrocycles is explored by in silico docking. Macrocycles are bulky, conformationally restricted compounds hence with lower entropy penalties favoring binding. Pharmacological selection criteria are used in a top-down approach and the binding modes of hit compounds are structurally analyzed in liver and muscle isoform complexes while chemical modifications are proposed. 1 H. Zhang et al., *The FEBS Journal*. (2020) 288, 3772 2 C. E. Zois et al., *Cell Death & Disease*. (2022), 13,573 3 E. Favaro et al., *Cell Metabolism*. (2012) 16, 751 4 S. Alexopoulos et al., *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. (2024) 72, 24070.

**ΦΑΡΜΑΚΟΓΕΝΕΤΙΚΗ ΜΕΛΕΤΗ ΤΗΣ ΑΠΟΚΡΙΣΗΣ ΣΤΗ ΘΕΡΑΠΕΙΑ ΜΕ
ΑΝΑΣΤΟΛΕΙΣ ΤΗΣ ΙΝΤΕΡΛΕΥΚΙΝΗΣ 17 ΣΕ ΑΣΘΕΝΕΙΣ ΜΕ ΨΩΡΙΑΣΙΚΗ
ΑΡΘΡΙΤΙΔΑ**

Πλανάκη Αγγελική¹, Σιμοπούλου Θεοδώρα², Γιαννούλης Θεμιστοκλής³, Μπόγδανος Δημήτριος², Ζαφειρίου Ευτέρπη⁴, Σαραφίδου Θεολογία¹, Λιαδάκη Καλλιόπη¹

- 1. Τμήμα Βιοχημείας & Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας*
- 2. Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Πανεπιστημιακή Ρευματολογική Κλινική, ΠΓΝΛάρισα*
- 3. Τμήμα Επιστήμης Ζωϊκής Παραγωγής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας*
- 4. Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Πανεπιστημιακή Δερματολογική Κλινική, ΠΓΝΛάρισα*

Η ψωριασική αρθρίτιδα (ΨΑ) είναι μια χρόνια, προοδευτική φλεγμονώδης νόσος που σχετίζεται με την ψωρίαση και προσβάλλει τις αρθρώσεις, τις ενθέσεις και τον αξονικό σκελετό. Η παθογένεσή της περιλαμβάνει μια πολύπλοκη αλληλεπίδραση γενετικών και περιβαλλοντικών παραγόντων. Οι θεραπευτικές επιλογές για την ΨΑ έχουν εξελιχθεί από τις ευρέως φάσματος ανοσοκατασταλτικές θεραπείες σε στοχευμένους βιολογικούς παράγοντες, συμπεριλαμβανομένων των αναστολέων της ιντερλευκίνης-17Α (π.χ. Secukinumab) και του υποδοχέα της (π.χ. Brodalumab). Παρόλο που αυτές οι θεραπείες είναι γενικά αποτελεσματικές, έχει παρατηρηθεί μεγάλη ετερογένεια στην απόκριση των ασθενών, πιθανώς λόγω γενετικών διαφορών. Μέχρι σήμερα, δεν έχουν αναφερθεί φαρμακογενετικές μελέτες που να εξετάζουν γενετικούς δείκτες πρόβλεψης της απόκρισης σε θεραπείες με αναστολείς της IL-17 στην ΨΑ. Η παρούσα μελέτη είχε ως στόχο να διερευνήσει τη συσχέτιση γενετικών παραλλαγών με την απόκριση σε θεραπεία με αναστολείς της IL-17 σε ελληνικό πληθυσμό ασθενών με ΨΑ. Στη μελέτη συμμετείχαν 13 ασθενείς με ΨΑ (8 αποκριθέντες και 5 μη αποκριθέντες), οι οποίοι έλαβαν θεραπεία με Secukinumab ή Brodalumab για τουλάχιστον 6 μήνες. Το γονιδιωματικό DNA απομονώθηκε από περιφερικό αίμα και γονοτυπήθηκε με τη χρήση της πλατφόρμας Illumina Infinium Global Screening Array MD v3.0. Τα δεδομένα φιλτραρίστηκαν και αναλύθηκαν με το λογισμικό PLINK, εστιάζοντας σε οκτώ γενετικές παραλλαγές που έχουν προηγουμένως συσχετιστεί με την απόκριση σε βιολογικές θεραπείες σε ασθενείς με ΨΑ. Η ανάλυση έδειξε στατιστικά σημαντική συσχέτιση μεταξύ των σπάνιων αλληλομόρφων των rs1801274 και rs1800629 και της μη απόκρισης στη θεραπεία με τους αναστολείς της IL-17. Ωστόσο, εξαιτίας του μικρού μεγέθους δείγματος, τα ευρήματα θα πρέπει να αξιολογηθούν με επιφύλαξη και να επαληθευτούν σε μεγαλύτερες, ανεξάρτητες ομάδες ασθενών, προκειμένου να αποτελέσουν φαρμακογενετικούς δείκτες για την καθοδήγηση εξατομικευμένης θεραπείας της ΨΑ.

PHARMACOGENETIC STUDY OF THE RESPONSE TO TREATMENT WITH INTERLEUKIN-17 INHIBITORS IN PSORIATIC ARTHRITIS PATIENTS

Planaki Angeliki¹, Simopoulou Theodora², Giannoulis Themistoklis³, Bogdanos Dimitrios², Zafiriou Efterpi⁴, Sarafidou Theologia¹, Liadaki Kalliopi¹

1. Department of Biochemistry & Biotechnology, University of Thessaly

2. Department of Rheumatology, Faculty of Medicine, University of Thessaly

3. Department of Animal Science, University of Thessaly

4. Department of Dermatology, Faculty of Medicine, University of Thessaly

Psoriatic arthritis (PsA) is a chronic, progressive inflammatory disease associated with psoriasis, affecting joints, entheses, and the axial skeleton. Its pathogenesis involves a combination of genetic and environmental factors. Treatment options for PsA have expanded significantly, evolving from broad immunosuppressive therapies to targeted biologic agents, including inhibitors of interleukin-17A (e.g., Secukinumab) and its receptor (e.g., Brodalumab). Although these therapies are generally effective, patient response varies considerably, potentially due to genetic differences. To date, pharmacogenetic studies investigating genetic predictors of response to anti-IL-17 therapies in PsA are lacking. The present study aimed to explore associations between genetic variants and response to anti-IL-17 treatment in a Greek PsA cohort. The study included 13 patients with PsA (8 responders, 5 non-responders) who were treated with Secukinumab or Brodalumab for at least 6 months. Genomic DNA was extracted from peripheral blood and genotyped using the Illumina Infinium Global Screening Array MD v3.0. Data were filtered and analyzed using PLINK, focusing on eight variants previously identified to be associated with response to biologic therapies in PsA patients. This analysis showed a statistically significant association between the rare alleles of rs1801274 and rs1800629 and non-response to IL-17 inhibitors. However, given the small sample size, these findings should be interpreted with caution and require validation in larger, independent cohorts to further evaluate their potential as pharmacogenetic markers for guiding personalized treatment of PsA.

ΔΗΜΙΟΥΡΓΙΑ ΚΑΙ ΤΑΥΤΟΠΟΙΗΣΗ ΜΕΤΑΛΛΑΓΜΑΤΩΝ ΡΕΜΟΡΙΝΩΝ ΣΤΟ ARABIDOPSIS THALIANA ΜΕ ΧΡΗΣΗ ΤΕΧΝΙΚΗΣ CRISPR/CAS9

Πλατανίτη Χριστίνα Ιωάννα, Γιουρίεβα Βερόνικα, Κόμης Γεώργιος

Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

Οι ρεμορίνες (Remorins, REM) είναι πρωτεΐνες ειδικές για τα φυτά και ανήκουν σε πολυγονιδιακή οικογένεια με 16 μέλη στο *Arabidopsis thaliana*. Χαρακτηρίζονται από συντηρημένη C-τελική περιοχή, υπεύθυνη για την πρόσδεσή τους στην πλασματική μεμβράνη, ενώ η N-τελική περιοχή είναι μεταβλητή, αποδιοργανωμένη και υπεύθυνη για τις αλληλεπιδράσεις με άλλες πρωτεΐνες. Συχνά σχηματίζουν νανοδομές στην πλασματική μεμβράνη, οι οποίες είναι πλούσιες σε στερόλες και σφιγγολιπίδια, δρώντας ως πλατφόρμες σηματοδότησης. Πιστεύεται ότι σχηματίζουν ολιγομερή και οργανώνουν συστήματα ρύθμισης της δυναμικής της μεμβράνης. Υπάρχουν μελέτες που αναφέρουν τις ρεμορίνες ως πρωτεΐνες-ικριώματα, με πιθανή αλληλεπίδραση με τον κυτταροσκελετό. Η παρούσα εργασία αποτελεί μέρος μιας μεγαλύτερης μελέτης με στόχο την εύρεση και τον λειτουργικό χαρακτηρισμό πρωτεϊνών-ικριωμάτων που πιθανόν εμπλέκονται στον καθορισμό του επιπέδου κυτταροδιαίρεσης. Ωστόσο, λόγω της έκτασης της οικογένειας των ρεμορινών, δεν έχουν ανιχνευθεί ακόμη μεταλλάγματα της υποοικογένειας REM6 που να παρουσιάζουν κάποιο φαινότυπο. Στόχος της παρούσας εργασίας είναι η δημιουργία και ο χαρακτηρισμός μονών, διπλών και τριπλών μεταλλαγμάτων της υποοικογένειας REM6 με τη χρήση της τεχνολογίας CRISPR/Cas9, με απώτερο σκοπό την εξάλειψη τριών γονιδίων της. Χρησιμοποιήθηκαν τεχνικές μοριακής κλωνοποίησης και τροποποιημένη Cas9, η οποία εκφραζόταν υπό την καθοδήγηση του υποκινητή RPS5a. Η συγκεκριμένη τεχνική επιτρέπει την ταχεία κατασκευή CRISPR διαμορφώσεων και οδηγεί σε υψηλή αποδοτικότητα στοχευμένης μεταλλαξιγένεσης, με παραγωγή σταθερών και συχνά ομόζυγων μεταλλάξεων ήδη από την πρώτη γενιά. Η δημιουργία των μεταλλαγμάτων αναμένεται να συμβάλει στην καλύτερη κατανόηση του ρόλου των πρωτεϊνών-ικριωμάτων στην ανάπτυξη του *Arabidopsis thaliana*.

GENERATION AND IDENTIFICATION OF REMORIN MUTANTS IN ARABIDOPSIS THALIANA USING CRISPR/CAS9

Plataniti Christina Ioanna, Giourieva Veronica, Komis George

Department of Botany, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, 54124 Thessaloniki

Remorins (REM) are plant-specific proteins belonging to a multigene family with 16 members in *Arabidopsis thaliana*. They are characterized by a conserved C-terminal region, responsible for their binding to the plasma membrane, while the N-terminal region is variable, highly disordered, and responsible for protein–protein interactions. They often form nanostructures in the plasma membrane, which are rich in sterols and sphingolipids, acting as signaling platforms. It is believed that they form oligomers and organize systems regulating membrane dynamics. Previous studies describe remorins as scaffold proteins, with potential interaction with the cytoskeleton. This study is part of a larger project aimed at identifying and functionally characterizing scaffold proteins that may be involved in regulating the cell division plane orientation. However, due to the size of the remorin family, no mutants in the REM6 subfamily that exhibit a phenotype have yet been identified. The aim of this study is to generate and characterize single, double, and triple mutants in the REM6 subfamily using CRISPR/Cas9 technology, with the ultimate goal of knocking out three of its genes. Molecular cloning techniques were employed, along with a modified Cas9, which was expressed under the control of the RPS5a promoter. This technique allows for the rapid assembly of CRISPR constructs and results in high efficiency of targeted mutagenesis, producing stable and often homozygous mutations as early as the first generation. The generation of these mutants is expected to contribute to a better understanding of the role of scaffold proteins in the development of *Arabidopsis thaliana*.

**ΑΝΑΠΤΥΞΗ ΜΕΘΟΔΩΝ ΠΡΟΣΟΜΟΙΩΣΗΣ ΓΕΝΕΤΙΚΩΝ ΔΕΔΟΜΕΝΩΝ ΓΙΑ ΤΗ
ΜΕΛΕΤΗ ΤΟΥ ΦΑΙΝΟΜΕΝΟΥ ΤΩΝ ΜΗΔΕΝΙΚΩΝ ΑΛΛΗΛΟΜΟΡΦΩΝ ΜΕΣΩ
ΜΗΧΑΝΙΚΗΣ ΜΑΘΗΣΗΣ**

Πολίτη Θεοφύλακτη¹, Ψωμόπουλος Φώτης², Παπαγεωργίου Χ. Αριστοτέλης¹

*1. Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο
Θράκης, 68100 Αλεξανδρούπολη, Ελλάδα*

*2. Ινστιτούτο Εφαρμοσμένων Βιοεπιστημών, Εθνικό Κέντρο Έρευνας και Τεχνολογικής Ανάπτυξης –
ΕΚΕΤΑ, 6ο χλμ. Οδού Χαριλάου-Θέρμης, 57001 Θέρμη, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα*

Ένας γνωστός περιορισμός της τεχνικής της αλυσιδωτής αντίδρασης πολυμεράσης (Polymerase Chain Reaction, PCR) είναι η απόρριψη αλληλομόρφων (Allelic Dropout, ADO), η οποία ορίζεται ως η αποτυχία ενός ή περισσότερων αλληλομόρφων (σιωπηλά αλληλόμορφα) να ενισχυθούν κατά τη διάρκεια της ανάλυσης DNA. Αυτό μπορεί να οδηγήσει σε λανθασμένα δεδομένα γονοτύπων, συνήθως εις βάρος ετερόζυγων γονοτύπων που ταξινομούνται λανθασμένα ως ομόζυγοι. Είναι σημαντικό να διακρίνεται η αιτία των τροποποιημένων συχνοτήτων των γονοτύπων που δεν ταιριάζουν με τις υπολογισμένες/αναμενόμενες συχνότητες, ιδιαίτερα όταν παρατηρείται απώλεια ετεροζυγωτίας, που σημαίνει απώλεια γενετικής ποικιλομορφίας. Για τη μελέτη του εντοπισμού της απόρριψης αλληλομόρφων, σε πληθυσμιακά δεδομένα, δημιουργήσαμε γενετικά δεδομένα πληθυσμών, προσομοιώσαμε σενάρια ελεγχόμενου ζευγαρώματος και εφαρμόσαμε συνθήκες απόρριψης αλληλομόρφων. Τα δεδομένα που προέκυψαν αναλύθηκαν και συγκρίθηκαν για να αξιολογηθεί η επίδραση της απώλειας αλληλομόρφων στην ακρίβεια του γονοτύπου. Έτσι, μπορούμε να απεικονίσουμε με ποιόν τρόπο η απόρριψη αλληλομόρφων επηρεάζει τους πληθυσμούς σε ισορροπία, αλλά και πως αλληλεπιδρά ή διαφοροποιείται σε σχέση με άλλες εξελικτικές δυνάμεις που προκαλούν απώλεια γενετικής ποικιλομορφίας. Λέξεις κλειδιά: Απόρριψη αλληλομόρφων, Προσομοίωση, Γενετική Ποικιλομορφία

**DEVELOPMENT OF GENETIC DATA SIMULATION METHODS FOR STUDYING
THE PHENOMENON OF ALLELIC DROPOUT THROUGH MACHINE LEARNING**

Politi Theofylakti¹, Psomopoulos Fotis², Papageorgiou C. Aristotelis¹

1. Department of Molecular Biology and Genetics, Faculty of Health Sciences, Democritus University of Thrace, 68100 Alexandroupolis, Greece

2. Institute of Applied Biosciences, Centre for Research and Technology, Hellas – Certh, 6th km Harilaou-Thermi Road, 57001 Thermi, Thessaloniki, Greece

A known limitation of the polymerase chain reaction (PCR) technique can be Allelic Dropout (ADO), which is defined as the failure of one or more alleles (null allele) to amplify during DNA analysis. This can lead to false genotype data, usually at the expense of heterozygous genotypes which are misclassified as homozygous. It is important to distinguish the cause of altered genotype frequencies that do not match the calculated/expected frequencies, especially where loss of heterozygosity is present meaning loss of diversity. To investigate the detection of allelic dropout in population genetic data, we generated population data and simulated controlled mating scenarios and applied allelic dropout conditions. The resulting data were analyzed and compared to evaluate the impact of ADO on genotype accuracy. By doing so, we can visualize how allelic dropout affects populations on equilibrium but also how it interacts with or diverges from other evolutionary forces that cause loss of genetic diversity. Keywords: Allelic Dropout, Simulation, Genetic Diversity

ΑΞΙΟΛΟΓΗΣΗ ΑΙΜΟΔΥΝΑΜΙΚΩΝ ΠΑΡΑΜΕΤΡΩΝ ΣΕ ΜΟΝΤΕΛΟ ΣΗΨΗΣ ΕΠΙΜΥΟΣ ΜΕΤΑ ΤΗΝ ΧΟΡΗΓΗΣΗ ΑΓΓΕΙΟΣΥΣΠΑΣΤΙΚΩΝ ΜΕ ΤΗ ΧΡΗΣΗ ΤΟΥ ΣΥΣΤΗΜΑΤΟΣ CODA™ TAIL-CUFF

Πρίφτης Αθανάσιος^{1*}, Δημητρίου Μαρία-Χρηστίνα^{1*}, Μακρής Δημοσθένης², Σταματίου Ροδόπη³, Βασιλάκη Άννα¹

1. Εργαστήριο Φαρμακολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

2. Μονάδα Εντατικής Θεραπείας, Πανεπιστημιακό Νοσοκομείο Λάρισας, Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

3. Εργαστήριο Φυσιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

** Ισότιμη συνεισφορά*

Η σηπτική καταπληξία χαρακτηρίζεται από υπόταση και αγγειοπληξία, καθιστώντας απαραίτητη τη χορήγηση αγγειοσυσπαστικών (VP) για τη σωστή αιμάτωση των οργάνων. Στόχος της μελέτης ήταν η αξιολόγηση των αιμοδυναμικών μεταβολών σε μοντέλο LPS-σήψης αρουραίων και η εκτίμηση της αποτελεσματικότητας χρόνιας VP θεραπείας μέσω του συστήματος CODA™ tail-cuff (KentScientific®). Ενήλικες αρσενικοί αρουραίοι Wistar υπέστησαν χειρισμό και εξοικείωση με το σύστημα. Μετρήσεις πραγματοποιήθηκαν μεταξύ PD39 (μεταγεννητικής ημέρας) και PD59. Τα ζώα χωρίστηκαν σε 4 ομάδες: Control, VP, LPS, LPS+VP. Η σήψη προκλήθηκε την Ημέρα 0 μέσω ενδοπεριτοναϊκής ένεσης LPS (2,5mg/kg). Οι VP ήταν συνδυασμός νορεπινεφρίνης (25μg/kg/ημέρα) και βαζοπρεσίνης (4U/kg/ημέρα) για 10 συνεχείς ημέρες. Από τις πρώτες 6h μετά το LPS και μετά, τα LPS ζώα εμφάνισαν σημαντική πτώση της Μέσης Αρτηριακής Πίεσης (MAP), από 96,9±5,8mmHg σε 85,6±1,2mmHg και από 99±6mmHg σε 86,8±3,5mmHg, στα LPS και LPS+VP ζώα, αντίστοιχα. Η Συστολική (SBP) και Διαστολική πίεση (DBP) μειώθηκαν αντίστοιχα, ενώ στατιστικά σημαντική ήταν η αύξηση της Καρδιακής Συχνότητας από 428,3bpm σε 491,8bpm και από 398,3bpm σε 499,3bpm, αντίστοιχα, αντανακλώντας μια αντιρροπιστική ταχυκαρδία. Η αύξηση σε MAP,SBP,DBP παραμένει στη φάση ελάχιστης συγκέντρωσης φαρμάκου (PD58_TROUGH) σε σύγκριση με τα LPS ζώα: LPS+VP: 107±4,1mmHg, LPS: 93 ±2,4mmHg. 20min μετά την τελευταία έγχυση VP, φάση μέγιστης συγκέντρωσης (PD59_PEAK), οι πιέσεις ήταν σημαντικά υψηλότερες από αυτές της φάσης PD58_TROUGH (MAP:113,5±4,3mmHg, SBP:138,1±4,4mmHg). Η μακροχρόνια χορήγηση αγγειοσυσπαστικών προκάλεσε κλιμακωτά, αντανακλαστική βραδυκαρδία, οδηγώντας τον καρδιακό ρυθμό σε 309.5±16bpm την PD59. Η χρόνια χορήγηση αγγειοσυσπαστικών αναστρέφει επιτυχώς τη σηπτική υπόταση. Η σταδιακά παρατηρούμενη πτώση της καρδιακής συχνότητας λειτουργεί ως μια φυσιολογική αντιρρόπηση στην υπέρταση, υποδηλώνει μια υγιή αυτορρυθμιστική απόκριση του συστήματος στην αγγειοσυσπαστική αγωγή.

ASSESSMENT OF HEMODYNAMIC PARAMETERS IN SEPSIS-RAT MODEL AFTER THE ADMINISTRATION OF VASOPRESSORS USING THE CODA™ TAIL-CUFF SYSTEM

Priftis Athanasios^{1*}, Dimitriou Maria-Christina^{1*}, Makris Dimosthenis², Stamatiou Rodopi³, Vasilaki Anna¹

1. Laboratory of Pharmacology, Faculty of Medicine, University of Thessaly, Larissa, Greece

2. Intensive Care Unit, University Hospital of Larissa, Faculty of Medicine, University of Thessaly, Larissa, Greece

3. Laboratory of Physiology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece

** Equal contribution*

Sepsis-induced shock is characterized by hypotension and vasoplegia, necessitating vasopressor (VP) therapy to maintain organ perfusion. This study aimed to evaluate hemodynamic changes in an LPS-sepsis rat model and assess the efficacy of chronic VP administration using the non-invasive CODA™ tail-cuff system (KentScientific®). Adult male Wistar rats were handled and acclimatized to the system. Measurements were conducted between PD39 (postnatal day) and PD59. Animals were divided into four groups: Control, VP, LPS and LPS+VP. Sepsis was induced on Day 0 via intraperitoneal LPS (2,5mg/kg) single injection. Vasopressors were a combination of Norepinephrine (25µg/kg/day) and Vasopressin (4U/kg/day) for 10 consecutive days. From 6h post LPS and on, LPS groups exhibited a significant reduction in Mean Arterial Pressure (MAP), from 96,9±5,8mmHg to 85,6±1,2mmHg and from 99±6mmHg to 86,8±3,5mmHg, in LPS and LPS+VP group respectively and also in Systolic (SBP) and Diastolic pressure (DBP), while a statistically significant increase was observed in Heart Rate (HR) from 428,3bpm to 491,8bpm and from 398,3bpm to 499,3bpm respectively, reflecting compensatory tachycardia. The increase in MAP, SBP, DBP was maintained during the drug trough phase (PD58_TROUGH) compared to the untreated LPS group mean values: LPS+VP: 107±4,1mmHg, LPS: 93±2,4mmHg. 20 min after the final vasopressors' infusion, peak concentration phase (PD59_PEAK), the pressures were significantly higher than those observed during the PD58_TROUGH phase (MAP:113,5±4,3mmHg, SBP:138,1±4,4mmHg). Notably, long-term treatment elicited a progressive, treatment-dependent reflex bradycardia, with HR declining to 309.5±16 bpm by PD59. Chronic vasopressor therapy successfully reverses sepsis-induced hypotension. The observed decline in HR serves as a robust physiological counterbalance to hypertensive recovery, indicating a healthy autoregulatory response to sustained treatment.

ΗΛΙΚΙΑ ΚΑΙ ΑΥΞΗΣΗ ΤΟΥ *ALBURNUS MACEDONICUS* ΣΤΗ ΛΙΜΝΗ ΔΟΪΡΑΝΗ

Ραπτόπουλος Αντώνιος¹, Πετρίκη Όλγα²

1. Εργαστήριο Ιχθυολογίας, Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Τ.Κ. 54124, Θεσσαλονίκη

2. Τμήμα Αλιείας και Υδατοκαλλιέργειών, Πανεπιστήμιο Πατρών, Τ.Κ. 30200, Μεσολόγγι

Το *Alburnus macedonicus* Karaman, 1928 αποτελεί ενδημικό και απειλούμενο είδος της διασυννοριακής λίμνης Δοϊράνης και κατατάσσεται ως Κινδυνεύον (Endangered) σύμφωνα με τα κριτήρια της IUCN. Σκοπός της παρούσας εργασίας ήταν η εκτίμηση της ηλικίας, της ηλικιακής δομής και της αύξησης του είδους. Ο προσδιορισμός της ηλικίας πραγματοποιήθηκε σε 300 άτομα, τα οποία συλλέχθηκαν σε 10 δειγματοληψίες (30 άτομα ανά δειγματοληψία) κατά την περίοδο 23/01/2025–02/12/2025 με βενθικά απλάδια δίχτυα τύπου Nordic. Η ηλικία εκτιμήθηκε μέσω της αναγνώρισης και καταμέτρησης των ετήσιων δακτυλίων στα λέπια, ενώ η αύξηση περιγράφηκε με την εξίσωση αύξησης von Bertalanffy. Διακρίθηκαν έξι ηλικιακές κλάσεις (0–5 έτη), με κυριαρχία των νεαρών ατόμων ηλικίας 0–3 ετών. Οι τιμές των παραμέτρων αύξησης που εκτιμήθηκαν ήταν: $L_{\infty} = 156,2$ mm, $K = 0,367$ έτος⁻¹ και $t_0 = -1,821$ έτη. Τα αποτελέσματα υποδεικνύουν μέτρια έως ταχεία αύξηση κατά τα πρώτα έτη ζωής, σύντομο κύκλο ζωής και πρόωμη προσέγγιση του ασυμπτωτικού μήκους. Η ηλικιακή δομή του πληθυσμού υποδηλώνει συνεχή στρατολόγηση και παρουσία πολλαπλών ηλικιακών κλάσεων, στοιχεία κρίσιμα για τη διατήρηση ενός απειλούμενου ενδημικού είδους.

AGE AND GROWTH OF ALBURNUS MACEDONICUS IN LAKE DOIRANI

Raptopoulos Antonios¹, Petriki Olga²

1. Laboratory of Ichthyology, Department of Zoology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, 54124 Thessaloniki, Greece

2. Department of Fisheries and Aquaculture, University of Patras, 30200 Mesolongi, Greece

Alburnus macedonicus Karaman, 1928 is an endemic and threatened species of the transboundary Lake Doirani and is classified as Endangered according to the IUCN Red List criteria. The present study aimed to estimate the age, age structure, and growth of the species. Age determination was conducted on 300 individuals, collected during 10 sampling events (30 specimens per sampling event) between 23 January and 2 December 2025 using Nordic-type benthic gillnets. Age was estimated through the identification and counting of annual growth rings on scales, while growth was described using the von Bertalanffy growth function. Six age classes (0–5 years) were identified, with dominance of younger individuals (0–3 years). The estimated growth parameters were: $L_{\infty} = 156.2$ mm, $K = 0.367$ year⁻¹, and $t_0 = -1.821$ years. The results indicate moderate to rapid growth during early life stages, a short life span, and early attainment of asymptotic length. The observed age structure suggests continuous recruitment and multiple age classes, which is particularly important for the conservation of this endangered endemic species.

ΣΤΕΛΕΧΟΕΙΔΙΚΗ ΑΠΟΚΡΙΣΗ ΣΤΟ ΟΞΕΙΔΩΤΙΚΟ ΣΤΡΕΣ ΚΑΙ ΚΥΤΤΑΡΟΣΥΜΒΑΤΟΤΗΤΑ ΜΕΤΑΒΟΛΙΤΩΝ LACTOBACILLUS ΣΕ ΑΝΘΡΩΠΙΝΑ ΚΥΤΤΑΡΙΚΑ ΜΟΝΤΕΛΑ ΔΕΡΜΑΤΟΣ

Ρουμπέας Ηλίας*, Φιρινίδου Αικατερίνη*, Ερμογένους Αντρέας, Παππά Αγλαΐα, Γαλάνης Αλέξης

Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης

**Ισότιμη συνεισφορά*

Τα είδη του γένους *Lactobacillus* είναι Gram-θετικά, προαιρετικά αναερόβια βακτήρια, τα οποία χαρακτηρίζονται από την ικανότητά τους να παράγουν γαλακτικό οξύ. Ορισμένα στελέχη εμφανίζουν προβιοτικές ιδιότητες, συμπεριλαμβανομένης της αντιοξειδωτικής δράσης, και έχουν συσχετιστεί με τη μείωση των ελευθέρων ριζών και του οξειδωτικού στρες. Για τον λόγο αυτό αποτελούν αντικείμενο εκτεταμένης επιστημονικής έρευνας. Στην παρούσα μελέτη αξιολογήθηκε η ανθεκτικότητα στο οξειδωτικό στρες και η πιθανή αντιοξειδωτική δραστηριότητα των εκκρινόμενων μεταβολιτών (Cell-Free Supernatant, CFS) επιλεγμένων δυνητικά προβιοτικών στελεχών, καθώς και η κυτταροσυμβατότητά τους σε μοντέλα ανθρώπινων κυττάρων δέρματος. Η κινητική ανάπτυξης και η επιβίωση των βακτηρίων υπό σταδιακά αυξανόμενες συγκεντρώσεις H_2O_2 εκτιμήθηκαν φωτομετρικά σε διάστημα 72 ωρών, ως δείκτης αντοχής στο οξειδωτικό στρες. Παράλληλα, η ικανότητα του CFS να προστατεύει πλασμιδιακό DNA από οξειδωτική βλάβη εξετάστηκε με ηλεκτροφόρηση σε πηκτή αγαρόζης, κατόπιν επεξεργασίας με την αντίδραση Fenton. Η κυτταροτοξικότητα αξιολογήθηκε με τη μέθοδο sulforhodamine B (SRB) σε ανθρώπινους δερματικούς ινοβλάστες ενηλίκων (NHDF-Ad) και στην κυτταρική σειρά δέρματος HaCaT. Τα αποτελέσματα έδειξαν ότι η ανθεκτικότητα στο H_2O_2 εξαρτάται τόσο από το στέλεχος, όσο και από την συγκέντρωση. Το CFS παρουσίασε δόσοεξαρτώμενες επιδράσεις στα κύτταρα HaCaT, με μείωση της βιωσιμότητας σε υψηλότερες συγκεντρώσεις, ενώ οι χαμηλότερες συγκεντρώσεις ήταν καλά ανεκτές. Αντίθετα, τα κύτταρα NHDF-Ad διατήρησαν σταθερή βιωσιμότητα σε όλες τις εξεταζόμενες συνθήκες. Συνολικά, τα ευρήματα υποδεικνύουν ότι τα στελέχη *Lactobacillus* διαφέρουν ως προς την απόκρισή τους στο οξειδωτικό στρες και ως προς τις βιολογικές επιδράσεις των εκκρινόμενων μεταβολιτών τους. Απαιτούνται περαιτέρω μελέτες για τη διερεύνηση των μοριακών μηχανισμών που διέπουν τη ρύθμιση της οξειδοαναγωγικής ισορροπίας, και την αξιολόγηση τους σε πιθανές δερματολογικές εφαρμογές.

**STRAIN-DEPENDENT OXIDATIVE STRESS RESPONSE AND
CYTOCOMPATIBILITY OF LACTOBACILLUS-DERIVED METABOLITES IN
HUMAN SKIN CELL MODELS**

Roumpeas Elias*, Firinidou Aikaterini*, Ermogenous Antreas, Pappa Aglaia, Galanis Alex

Department of Molecular Biology and Genetics, Democritus University of Thrace

**Equal contribution*

Lactobacillus species are Gram-positive, facultative anaerobic bacteria characterized by their ability to produce lactic acid. Certain strains exhibit probiotic properties, including antioxidant-related activity, and have been associated with the reduction of free radicals and oxidative stress. For this reason, they are the subject of extensive scientific research. In the present study, we evaluated the oxidative stress resistance and cell-free antioxidant-related activity of selected potentially probiotic Lactobacillus strains, along with their cytocompatibility in human skin cell models. Growth kinetics and bacterial survival under progressively increasing concentrations of H₂O₂ were assessed photometrically over a 72-hour period as an indicator of oxidative stress tolerance. In parallel, the ability of the cell-free supernatant (CFS) to protect plasmid DNA from oxidative damage was examined using agarose gel electrophoresis following Fenton reaction treatment. Cytotoxicity was evaluated using the sulforhodamine B (SRB) assay in human adult dermal fibroblasts (NHDF-Ad) and the keratinocyte cell line HaCaT. The results showed that resistance to H₂O₂ was both strain-dependent and dose-dependent. CFS exhibited concentration-dependent effects in HaCaT cells, with reduced viability observed at higher concentrations, while lower concentrations were well tolerated. In contrast, NHDF-Ad cells maintained stable viability across all tested conditions. Overall, these findings indicate that Lactobacillus strains differ in their oxidative stress response and in the biological effects of their secreted metabolites. Further studies are required to elucidate the molecular mechanisms underlying their redox-modulating activity and to assess their potential applicability in skin-related applications.

**ΔΗΜΙΟΥΡΓΙΑ ΒΙΟΑΝΙΧΝΕΥΤΗ (BIONSENSOR) ΤΩΝ ΔΟΜΙΚΩΝ
ΜΕΜΒΡΑΝΙΚΩΝ ΣΤΕΡΟΛΩΝ ΦΥΤΙΚΩΝ ΚΥΤΤΑΡΩΝ ΚΑΙ ΛΕΙΤΟΥΡΓΙΚΗ
ΕΠΙΒΕΒΑΙΩΣΗ**

Σεϊταρίδου Αικατερίνη Αναστασία, Γιουριέβα Βερόνικα, Κόμης Γεώργιος

Εργαστήριο Βοτανικής/ Πανεπιστημιούπολη ΑΠΘ

Οι στερόλες αποτελούν δομικά συστατικά ζωτικής σημασίας για τις ευκαρυωτικές μεμβράνες, καθώς ρυθμίζουν μεταξύ άλλων τη ρευστότητα, τη διαπερατότητα και τον σχηματισμό των λιπιδικών νανοεπικρατειών, οι οποίες είναι απαραίτητες για την κυτταρική σηματοδότηση. Μέχρι σήμερα, ο πιο διαδεδομένος τρόπος ανίχνευσης και παρατήρησης των στερολών της πλασματικής μεμβράνης γίνεται *in situ* με τη χρήση είτε φθορίζουσών ενώσεων όπως η φιλιπίνη ή ο ανιχνευτής (probe) di-4-ANEPPDHQ, ενώσεις οι οποίες όμως παρουσιάζουν πολλά μειονεκτήματα συμπεριλαμβανομένου της φωτοτοξικότητας και του μικρού χρόνου ημιζωής. Πρωτεϊνικοί ανιχνευτές με ικανοποιητική δυνατότητα οπτικοποίησης των στερολών δεν υπάρχουν διαθέσιμοι. Ο στόχος της συγκεκριμένης εργασίας είναι ο σχεδιασμός, η κατασκευή και η λειτουργική επιβεβαίωση βιοανιχνευτών για τον εντοπισμό μεμβρανικών στερολών. Για το λόγο αυτό επιλέχθηκαν δυο υποψήφιες δομικές περιοχές με υψηλή αγκιστεία για στερόλες και κλωνοποιήθηκαν σε κατάλληλους φορείς εκφράσεις χρησιμοποιώντας κλασσικές τεχνικές μοριακής κλωνοποίησης. Η λειτουργική αξιολόγηση και των δυο συστημάτων πραγματοποιήθηκε μέσω παροδικής έκφρασης σε φύλλα του φυτού-μοντέλου *Nicotiana benthamiana*. Η ανάλυση της υποκυττατικής εντόπισης έγινε με την χρήση συστηακού μικροσκοπίου σάρωσης λέιζερ (CLM). Τα πρωταρχικά αποτελέσματα, υποδεικνύουν υποσχόμενη ανίχνευση στερολών στις κυτταροπλασματικές μεμβράνες ωστόσο η πλήρης λειτουργική επιβεβαίωση και ο προσδιορισμός της ειδικότητας της σύνδεσης βρίσκονται υπό περαιτέρω διερεύνηση. Η εργασία αυτή αναδεικνύει τις προοπτικές χρήσης εξειδικευμένων domains για την ανάπτυξη νέων βιοαισθητήρων, προσφέροντας ένα πολύτιμο εργαλείο για την μελέτη και την κατανόηση της λιπιδικής οργάνωσης των κυτταρικών μεμβρανών στα φυτικά συστήματα

**DEVELOPMENT OF A BIOSENSOR FOR PLANT CELL MEMBRANE
STRUCTURAL STEROLS AND FUNCTIONAL VALIDATION**

Seitaridou Aikaterini Anastasia, Giourieva Veronica, Komis George

Lab of Botany/ University Campus Auth

Sterols are vital structural components of eukaryotic membranes, as they regulate, among other things, fluidity, permeability and the formation of lipid nanodomains, which are essential for cellular signaling. To date, the most common method for the in situ detection and observation of plasma membrane sterols involves the use of fluorescent compounds such as filipin or fluorescent probes such as di-4-ANEPPDHQ, however these compounds exhibit several disadvantages, including phototoxicity and a short half time. Currently, there are no protein probes available with a satisfactory capacity for sterol visualization. The objective of this study is the design, construction and functional validation of biosensors for the localization of membrane sterols. For this purpose, two candidate domains with high affinity for sterols were selected and cloned into appropriate expression vectors using molecular cloning techniques. Functional evaluation of both systems was performed via transient expression in leaves of the model plant *Nicotiana benthamiana* using the agro-infiltration method. Subcellular localization was analyzed using confocal laser scanning microscopy. Preliminary results indicate promising sterol detection in plasma membranes, however full functional validation and determination of binding specificity remain under further investigation. This work highlights the potential of using specialized domains to develop biosensors, offering a valuable tool for studying and understanding lipid organization of cellular membranes in plant systems.

ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΤΗΣ ΔΙΑΤΡΟΦΙΚΗΣ ΧΟΡΗΓΗΣΗΣ ΑΣΤΑΞΑΝΘΙΝΗΣ ΣΤΙΣ ΜΙΚΡΟΒΙΑΚΕΣ ΚΟΙΝΟΤΗΤΕΣ ΤΟΥ ΕΝΤΕΡΟΥ ΤΗΣ ΤΣΙΠΟΥΡΑΣ (SPARUS AURATA)

Σιδερά Παρασκευή¹, Μουλιστάνος Αριστοτέλης^{1,2}, Καίτετζίδου Ελισάβετ¹, Παπαματθαίακη Χαρά-Καρολίνα¹, Μαστοράκη Μαρία³, Χατζηφώτης Σταύρος³, Παπακώστας Σπύρος², Αντωνοπούλου Ευθυμία¹, Παντελή Νικόλας¹

1. Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 54124 Θεσσαλονίκη

2. Διεθνές Πανεπιστήμιο, Θεσσαλονίκη

3. Ινστιτούτο Θαλάσσιας Βιολογίας, Βιοτεχνολογίας και Υδατοκαλλιεργειών, Ελληνικό Κέντρο Θαλασσίων Ερευνών, Ηράκλειο Κρήτης

Η εντατικοποίηση της σύγχρονης ιχθυοκαλλιέργειας εκθέτει συχνά τα εκτρεφόμενα είδη σε στρεσογόνους παράγοντες, όπως η υψηλή ιχθυοφόρτιση και οι πρακτικές διαχείρισης της εκτροφής, με αρνητικές συνέπειες για την ευζωία και τη βέλτιστη ανάπτυξή τους. Η ασταξανθίνη, ένα φυσικό λιποδιαλυτό καροτενοειδές, συμβάλλει τόσο στην ανάπτυξη όσο και στη διατήρηση της αντιοξειδωτικής ισορροπίας και της ανοσορρύθμισης. Η παρούσα έρευνα αποσκοπεί στη διερεύνηση της επίδρασης της διατροφικής προσθήκης ασταξανθίνης στη δομή και τη σύσταση των μικροβιακών κοινοτήτων του εντέρου της τσιπούρας (*Sparus aurata*). Για τον σκοπό αυτό, παρασκευάστηκαν τέσσερις πειραματικές δίαιτες με αυξανόμενα επίπεδα συμπερίληψης σκόνης του μικροφύκου *Haematococcus pluvialis*, ώστε να παρέχουν 0, 20, 50 και 100 mg/kg ασταξανθίνης. Ο προσδιορισμός των μικροβιακών κοινοτήτων πραγματοποιήθηκε μέσω αλληλούχισης του γονιδίου 16S rRNA στην πλατφόρμα MinION. Σύμφωνα με τα προκαταρκτικά αποτελέσματα, η συμπερίληψη του *H. pluvialis* διαφοροποίησε σημαντικά τη δομή και τη σύσταση των μικροβιακών κοινοτήτων. Τα υψηλότερα επίπεδα συμπερίληψης ενόησαν τον εμπλουτισμό φύλων, στα οποία συγκαταλέγονται βακτήρια επωφελή για την υγεία. Παράλληλα, η έρευνα βρίσκεται σε εξέλιξη όσον αφορά την ανάλυση της γονιδιακής και πρωτεϊνικής έκφρασης στο έντερο και το ήπαρ των ιχθύων, με έμφαση στην απόκριση στο στρες και στον μεταβολισμό. Τα έως τώρα ευρήματα αναδεικνύουν τις προοπτικές της ασταξανθίνης ως λειτουργικού συστατικού για τη ρύθμιση του μικροβιώματος και την ενίσχυση της υγείας των εκτρεφόμενων ιχθύων.

EFFECT OF DIETARY ASTAXANTHIN SUPPLEMENTATION ON THE GUT MICROBIAL COMMUNITIES OF GILTHEAD SEA BREAM (SPARUS AURATA)

Sidera Paraskevi¹, Moulitanos Aristotelis^{1,2}, Kaitetzidou, Elisavet¹, Papamatthaiaki Chara-Karolina¹, Mastoraki Maria³, Chatzifotis Stavros³, Papakostas Spyros², Antonopoulou Efthimia¹, Panteli Nikolas¹

1. Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece

2. International Hellenic University, Thessaloniki, Greece

3. Hellenic Centre for Marine Research, Heraklion, Greece

The intensification of modern aquaculture frequently exposes farmed species to stressors such as high stocking density and routine husbandry practices, with negative consequences for their welfare and optimal growth. Astaxanthin, a natural lipid-soluble carotenoid, contributes to growth performance as well as to the maintenance of antioxidant balance and immune regulation. The present study aims to investigate the effect of dietary astaxanthin supplementation on the structure and composition of gut microbial communities in gilthead sea bream (*Sparus aurata*). For this purpose, four experimental diets were formulated with increasing inclusion levels of the microalga *Haematococcus pluvialis* powder, providing 0, 20, 50, and 100 mg/kg astaxanthin. Gut microbial communities were characterized through 16S rRNA gene sequencing using the MinION platform. According to preliminary results, the inclusion of *H. pluvialis* significantly altered both the structure and composition of the microbial communities. Higher inclusion levels promoted the enrichment of bacterial taxa, including groups associated with beneficial effects on host health. In parallel, this study is ongoing with respect to the analysis of gene and protein expression in the intestine and liver of the fish, focusing on stress response and metabolism. The findings to date highlight the potential of astaxanthin as a functional dietary component for modulating the gut microbiota and enhancing the health of farmed fish.

ΡΥΘΜΙΣΗ ΤΗΣ ΚΥΤΤΑΡΙΚΗΣ ΑΠΟΚΡΙΣΗΣ ΣΤΗΝ ΥΠΟΞΙΑ ΑΠΟ ΤΗ Ν6-ΜΕΘΥΛΟ-ΑΔΕΝΟΣΙΝΗ

Σιώκα Αναστασία, Folkert van Werven, Σίμος Γεώργιος, Σίδηρη Θεοδώρα

Εργαστήριο Βιοχημείας, Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, 41500, Λάρισα, Ελλάδα

Η Ν6-μεθυλαδενοσίνη (ή m6A) είναι η επικρατέστερη και η πιο ευέλικτη τροποποίηση του ευκαρυωτικού αγγελιοφόρου RNA (mRNA), η οποία εγκαθίσταται από μεθυλάσες (writers), απομακρύνεται από απομεθυλάσες (erasers) και αναγνωρίζεται από πρωτεΐνες που δεσμεύουν το RNA και ονομάζονται readers. Επιπλέον, η m6A ρυθμίζει όλα τα στάδια του κύκλου ζωής του mRNA όπως η συρραφή, η αποικοδόμηση, η έξοδος από τον πυρήνα και η μετάφραση. Παρότι η m6A είναι απαραίτητη για διάφορες κυτταρικές διεργασίες, εμπλέκεται, επίσης, σε ένα εύρος παθολογικών καταστάσεων, συμπεριλαμβανομένου και του καρκίνου. Πιο συγκεκριμένα, η m6A προάγει την επιβίωση των καρκινικών κυττάρων σε κυτταρικές σειρές και δειγματοληψίες όγκων. Η βιβλιογραφία εμπλέκει παράγοντες του μηχανισμού της m6A στην υποξία και τον καρκίνο, αλλά δεν υπάρχει κάποια εμπειριστατωμένη μελέτη. Τα επίπεδα της m6A βρέθηκαν μειωμένα στην υποξία (1% O₂) σε κύτταρα Huh7 συγκριτικά με τη νορμοξία (21% O₂), όπως ποσοτικοποιήθηκαν με τη μέθοδο ELISA που έχουμε αναπτύξει. Επιπλέον, το mRNA της απομεθυλάσης ALKBH5 αυξάνεται στην υποξία σε διαφορετικούς τύπους καρκινικών κυττάρων και η αύξηση αυτή εξαρτάται από τη δραστικότητα του HIF-1. Επιπρόσθετα, τα επίπεδα των πρωτεϊνών ALKBH5 και YTHDC1 αυξάνονται κατά τη διάρκεια της υποξίας σε κύτταρα Huh7. Επίσης, η ALKBH5 εντοπίζεται σε paraspeckles στους πυρήνες κυττάρων Huh7 μετά από 48ωρη έκθεση στην υποξία. Τα παραπάνω αποτελέσματα αποτελούν προς το παρόν το επίκεντρο της έρευνας μας. Τέλος, με σκοπό να κατανοήσουμε το πώς αλλάζει το m6A μεθυλίωμα στην υποξία, χρησιμοποιήσαμε μία μέθοδο χαρτογράφησης του μεταγραφώματος χωρίς αντισώματα (GLORI-seq) και από την ανάλυση των δεδομένων, που βρίσκεται σε εξέλιξη, παρατηρούμε διαφορετική μεθυλίωση σε αρκετές χιλιάδες θέσεις. Το εγχείρημα αυτό θα επιτρέψει την κατανόηση σε μηχανιστικό επίπεδο της αλληλεπίδρασης μεταξύ της m6A τροποποίησης και της απόκρισης στην υποξία.

REGULATION OF THE CELLULAR RESPONSE TO HYPOXIA BY N6-METHYLADENOSINE

Sioka Anastasia, Folkert van Werven, George Simos, Theodora Sideri

Laboratory of Biochemistry, Faculty of Medicine, University of Thessaly

N6-methyladenosine (or m6A) is the most prevalent and versatile modification on the eukaryotic messenger RNA (mRNA), it is installed by methylases (writers), removed by demethylases (erasers) and identified by RNA-binding proteins called readers. Furthermore, m6A regulates all stages of the mRNA life cycle such as splicing, decay, export and translation. Although m6A is essential in several processes, it is also involved in a variety of pathologies including cancer. More specifically, m6A promotes cancer cell survival in cell lines and tumour samples. Several observations in the literature implicate factors of the m6A machinery in hypoxia and cancer, but comprehensive study is lacking. Bulk levels of m6A found to be reduced in hypoxia (1% O₂) in Huh7 cells compared to normoxia (21% O₂) as quantified by the ELISA method we have developed. Additionally, the mRNA of ALKBH5 demethylase is increased in hypoxia in different cancer cell types, and this effect depends on HIF-1 activity. Additionally, the protein levels of ALKBH5 and YTHDC1 (m6A -reader) are increased in Huh7 cells during hypoxia. Also, ALKBH5 localizes to paraspeckles in the nuclei of Huh7 cells after a 48h exposure to hypoxia. These effects currently represent our primary focus of investigation. Finally, to discover how m6A methylome changes under hypoxia we have employed antibody-free mapping (GLORI-seq) and as the data analysis is in progress we observe differential methylation in a few thousands of sites, which will aid to gain mechanistic insight on the interplay between m6A biology and the response to hypoxia.

ΜΟΡΙΑΚΗ ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΟΥ ΣΥΣΤΗΜΑΤΟΣ pmrCAB ΣΕ MDR ACINETOBACTER BAUMANNII ΜΕ ΑΝΤΟΧΗ ΣΤΗΝ ΚΟΛΙΣΤΙΝΗ

Σκιαθίτης Νικόλαος¹, Καρακαλπακίδης Δημητριος¹, Τσιτλακίδου Μιχαέλα-Ευτυχία¹, Μαβίδη Μαρία Νικολέτα¹, Αναστασίου Μαρία¹, Πρόκτερ Κασσάνδρα², Μαρίνου Μαρία², Μπελούκας Απόστολος², Κοτταρίδη Χριστίνα¹

1. Εργαστήριο Γενικής Μικροβιολογίας, Τομέας Γενετικής, Ανάπτυξης και Μοριακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

2. Εργαστήριο Μοριακής Μικροβιολογίας και Ανοσολογίας, Τμήμα Βιοϊατρικών Επιστημών, Πανεπιστήμιο Δυτικής Αττικής, Αιγάλεω, Αττική, Ελλάδα

Το *Acinetobacter baumannii* αποτελεί σημαντικό Gram-αρνητικό ενδονοσοκομειακό παθογόνο, με συχνή εμφάνιση πολυανθεκτικών στελεχών. Η κολιστίνη χρησιμοποιείται ως θεραπεία έσχρατης επιλογής για λοιμώξεις από πολυανθεκτικά στελέχη (Multidrug resistant *Acinetobacter baumannii* MDRAB), ωστόσο η εμφάνιση αντοχής περιορίζει τη θεραπευτική της αξία. Σκοπός της παρούσας μελέτης ήταν η διερεύνηση της παρουσίας μεταλλάξεων σχετιζομένων με την αντοχή στην κολιστίνη σε 40 κλινικά στελέχη MDRAB, απομονωμένα από ασθενείς των Γ.Ν.Θ. «Ιπποκράτειο» και «Παπανικολάου». Η ευαισθησία στην κολιστίνη αξιολογήθηκε με VITEK 2 και τη μέθοδο μικροαραιώσεων σε ζωμό. Μετά την απομόνωση γενωμικού DNA, πραγματοποιήθηκε MLST (Multilocus Sequence Typing) σε υποσύνολο στελεχών, σύμφωνα με το σχήμα Pasteur, καθώς και PCR, ηλεκτροφόρηση και αλληλούχηση κατά Sanger των γονιδίων *pmrA*, *pmrB* και *pmrC* του οπερονίου *pmrCAB*. Το MLST ανέδειξε κυριαρχία του ST2, που εμπεριέχεται στον Διεθνή Κλώνο 2 (International Clone 2), καθώς και παρουσία των ST115 και ST1. Δεν ανιχνεύθηκαν μεταλλάξεις στο *pmrA*. Στο *pmrB*, συχνότερη ήταν η μετάλλαξη A226V, ενώ ανιχνεύθηκαν επίσης οι E210D, K179D, A275E και η εισαγωγή 273_274ins[LA]. Στο *pmrC*, η N284D ανιχνεύθηκε σε όλα τα στελέχη, ενώ η πλειονότητα εμφάνισε ταυτόχρονα τις V42I, K515T, R109P και F160L. Τα ευρήματα υποδεικνύουν ότι μεταλλάξεις στα *pmrB* και *pmrC* πιθανώς σχετίζονται με την αντοχή στην κολιστίνη στα κλινικά στελέχη MDRAB. Ιδιαίτερο ενδιαφέρον παρουσιάζει η εισαγωγή 273_274ins[LA], η οποία δεν έχει αναφερθεί έως σήμερα στη βιβλιογραφία και χρήζει περαιτέρω λειτουργικής διερεύνησης.

MOLECULAR INVESTIGATION OF THE PMRCAB SYSTEM IN COLISTIN-RESISTANT MDR ACINETOBACTER BAUMANNII

Nikolaos Skiathitis¹, Dimitrios Karakalpakidis¹, Michaela-Eftychia Tsitlakidou¹, Michalis Paraskeva¹, Maria Nikoleta Mavidi¹, Maria Anastasiou¹, Kassandra Procter², Maria Marinou², Apostolos Beloukas², Christine Kottaridi¹

1. Laboratory of General Microbiology, Department of Genetics, Development and Molecular Biology, School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece

2. Laboratory of Molecular Microbiology and Immunology, Department of Biomedical Sciences, University of West Attica, Egaleo, Greece

Acinetobacter baumannii is a major Gram-negative nosocomial pathogen, with frequent occurrence of multidrug-resistant strains. Colistin is used as a treatment of last resort for infections caused by multidrug-resistant strains (Multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii*, MDRAB); however, the emergence of resistance limits its therapeutic value. The aim of this study was to investigate the presence of mutations associated with colistin resistance in 40 clinical MDRAB strains isolated from patients at the “Ippokratio” and “Papanikolaou” General Hospitals. Sensitivity to colistin was assessed using VITEK 2 and the broth microdilution method. Following genomic DNA isolation, MLST (Multilocus Sequence Typing) was performed on a subset of strains according to the Pasteur scheme, as well as PCR, electrophoresis, and Sanger sequencing of the *pmrA*, *pmrB*, and *pmrC* genes of the *pmrCAB* operon. MLST revealed the predominance of ST2, which is contained in International Clone 2, as well as the presence of ST115 and ST1. No mutations were detected in *pmrA*. In *pmrB*, the A226V mutation was the most common, while E210D, K179D, A275E, and the 273_274ins[LA] insertion were also detected. In *pmrC*, N284D was detected in all strains, while the majority also exhibited V42I, K515T, R109P, and F160L. The findings suggest that mutations in *pmrB* and *pmrC* are likely associated with colistin resistance in clinical MDRAB strains. Of particular interest is the 273_274ins[LA] insertion, which has not been reported in the literature to date and warrants further functional investigation.

**ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΗΣ ΕΜΠΛΟΚΗΣ ΤΩΝ ΣΤΕΡΟΕΙΔΩΝ ΟΡΜΟΝΩΝ ΣΤΙΣ
ΒΙΟΧΗΜΙΚΕΣ ΔΙΕΡΓΑΣΙΕΣ ΤΗΣ ΓΗΡΑΝΣΗΣ ΣΕ ΝΕΥΡΙΚΑ ΚΑΙ ΜΥΪΚΑ
ΚΥΤΤΑΡΑ**

Σουϊλεμέζη Σταυρούλα, Τοπαλίδου Σουσάνα, Μπόκαρη Μαρία, Ζιώγα Αναστασία και Ψαρρά Άννα-Μαρία

Εργαστήριο Δομικής και Λειτουργικής Βιοχημείας, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Λάρισα, Ελλάδα, 41500

Η γήρανση προκαλείται από ενδογενείς και εξωγενείς παράγοντες και χαρακτηρίζεται από σταδιακή απορρύθμιση του ενεργειακού μεταβολισμού. Ειδικότερα, ο μεταβολισμός νευρικών και μυϊκών κυττάρων μεταβάλλεται κατά τη γήρανση, με έμφαση στο μεταβολισμό της γλυκόζης και στη μιτοχονδριακή λειτουργία. Κατά τη γήρανση παρατηρούνται διαταραχές στο ενδοκρινικό σύστημα πυροδοτώντας ενδιαφέρον για την κατανόηση της σχέσης μεταξύ γήρανσης και ενδοκρινικής λειτουργίας. Σε αυτή τη μελέτη, εστιάζουμε στην κατανόηση των μεταβολών των βιοχημικών διεργασιών κατά τη γήρανση νευρικών και μυϊκών κυττάρων, που σχετίζονται με σηματοδότηση στεροειδών ορμονών. Ως κυτταρικό μοντέλο χρησιμοποιήθηκαν μυϊκά κύτταρα C2C12 και νευρικά N2A, στα οποία είχε επαχθεί κυτταρική γήρανση, υπό την επίδραση της D-γαλακτόζης, μοντέλο το οποίο εφαρμόζεται ευρέως και χαρακτηρίζεται από πρόκληση οξειδωτικού στρες, δυσλειτουργία των μιτοχονδρίων και φλεγμονή. Στα κύτταρα αυτά διερευνήθηκε η επίδραση της δεξαμεθαζόνης (DEX), η οποία αποτελεί συνθετικό γλυκοκορτικοειδές. Συγκεκριμένα, μελετήθηκε η επίδραση της D-γαλακτόζης, στον κυτταρικό πολλαπλασιασμό, στα επίπεδα έκφρασης και στην υποκυτταρική κατανομή μορίων, που σχετίζονται με τη σηματοδότηση στεροειδών ορμονών, σε σύγκριση με κύτταρα αναφοράς, στα οποία δεν είχε επαχθεί κυτταρική γήρανση ή είχαν υποστεί κατεργασία με DEX. Στη μελέτη εφαρμόστηκαν δοκιμασίες κυτταρικής βιωσιμότητας MTT, Western Blot, ανοσοκυτταροχημεία φθορισμού και δοκιμασία αξιολόγησης της μιτοχονδριακής λειτουργίας. Τα αποτελέσματα έδειξαν μεταβολή των πρωτεϊνικών επιπέδων και του υποκυτταρικού εντοπισμού του υποδοχέα γλυκοκορτικοειδών (GR), που συνοδεύτηκαν από αλλαγές στα πρωτεϊνικά επίπεδα μορίων που σχετίζονται με τη σηματοδότηση GR και εμπλέκονται στον ενεργειακό μεταβολισμό, στην απόπτωση και στην οξειδωτική φωσφορυλίωση. Τα αποτελέσματά της μελέτης υποστηρίζουν περαιτέρω τη στενή συσχέτιση της σηματοδότησης GR με τη γήρανση, ο ακριβής μηχανισμός της οποίας παραμένει προς διερεύνηση.

INVESTIGATION OF THE ROLE OF STEROID HORMONES IN THE BIOCHEMICAL PROCESSES OF AGING IN NEURAL AND MUSCLE CELLS

Souilemezi Stavroula, Topalidou Sousana, Bokari Maria, Zioga Anastasia and Psarra Anna-Maria

Laboratory of Structural and Functional Biochemistry, Department of Biochemistry and Biotechnology, School of Health Sciences, University of Thessaly, Larissa, Greece, 41500

Aging is caused by endogenous and exogenous factors and is characterized by a gradual dysregulation of energy metabolism. Specifically, the metabolism of neural and muscle cells is altered during aging, with an emphasis on glucose metabolism and mitochondrial function. During aging, disturbances in the endocrine system are observed, sparking interest in understanding the relationship between aging and endocrine function. In this study, we focus on understanding the changes in biochemical processes during the aging of neural and muscle cells that are related to steroid hormone signaling. C2C12 muscle cells and N2A neural cells, were used as the cellular model, which had undergone cellular aging under the impact of D-galactose, a model that is widely used and characterized by oxidative stress, mitochondrial dysfunction and inflammation. In these cells, the effect of dexamethasone (DEX), which constitutes a synthetic glucocorticoid, was investigated. Particularly, the effect of D-galactose was studied on cell proliferation, expression levels and subcellular distribution of molecules associated with steroid hormone signaling, compared to control cells that had not undergone cellular senescence or had been treated with DEX. The study employed MTT cell viability assay, Western Blot, fluorescence immunocytochemistry and mitochondrial oxygen consumption assay. The results showed changes in protein levels and subcellular localization of the glucocorticoid receptor (GR), accompanied by changes in protein levels of molecules associated with GR signaling, including molecules involved in energy metabolism, apoptosis and oxidative phosphorylation. Findings from the study further support the close association between GR signaling and aging, the exact mechanism of which remains to be elucidated.

ΤΟ ΑΠΟΤΥΠΩΜΑ ΤΩΝ ΓΟΝΙΔΙΩΜΑΤΙΚΩΝ ΔΙΠΛΑΣΙΑΣΜΩΝ ΣΤΑ ΣΥΜΠΛΟΚΑ I ΚΑΙ II ΤΗΣ ΟΞΕΙΔΩΤΙΚΗΣ ΦΩΣΦΟΡΥΛΙΩΣΗΣ ΣΤΟ ΣΟΛΟΜΟ ΤΟΥ ΑΤΛΑΝΤΙΚΟΥ (SALMO SALAR)

Στούπα Μαρία - Νεφέλη, Τσιπουρλιάνος Αντρέας, Αγγελακόπουλος Ραφαήλ, Γιαννούλης Θεμιστοκλής, Μούτου Α. Κατερίνα

- 1. Εργαστήριο Γενετικής, Συγκριτικής και Εξελικτικής Βιολογίας, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Σχολή Επιστημών Υγείας, Συγκρότημα Βιόπολις, ΤΚ 415 00, Λάρισα*
- 2. Εργαστήριο Βιολογίας, Γενετικής και Βιοπληροφορικής, Τμήμα Επιστήμης Ζωικής Παραγωγής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Συγκρότημα Γαιόπολις, ΤΚ 41334, Λάρισα*

Ο σολομός του Ατλαντικού (*Salmo salar*) συγκαταλέγεται στα πλέον σημαντικά είδη ψαριών σε παγκόσμια οικονομική κλίμακα, και χαρακτηρίζεται από έναν περίπλοκο κύκλο ζωής, κατά τον οποίο μεταναστεύει και απαντάται τόσο σε γλυκά, όσο και θαλάσσια ύδατα. Δεδομένου ότι ο ανάδρομος κύκλος ζωής του σολομού συνοδεύεται από αυξημένες ενεργειακές απαιτήσεις, ο τέταρτος γύρος γονιδιωματικού διπλασιασμού στα σολομοειδή αποτελεί πιθανό εξελικτικό υπόβαθρο για τη διατήρηση και λειτουργική διαφοροποίηση παράλογων γονιδίων, συμπεριλαμβανομένων γονιδίων που σχετίζονται με την οξειδωτική φωσφορυλίωση. Η οξειδωτική φωσφορυλίωση αποτελεί τον κύριο μηχανισμό παραγωγής ενέργειας του κυττάρου. Παρότι έχει μελετηθεί εκτενώς σε εκπροσώπους των τετραπόδων, παραμένουν σημαντικά κενά γνώσης όσον αφορά τους τελεόστεους ιχθύες, και ιδιαίτερα τα σολομοειδή. Στην παρούσα εργασία διερευνήθηκαν οι επιπτώσεις των γονιδιωματικών διπλασιασμών στα πυρηνικά γονίδια των υπομονάδων των Συμπλόκων I και II της οξειδωτικής φωσφορυλίωσης στο είδος *S. salar*. Μέσω φυλογενετικής ανάλυσης και ανάλυσης συνταϊνικότητας μελετήθηκε η εξελικτική προέλευση των παράλογων γονιδίων που εντοπίστηκαν στο γονιδίωμα του σολομού. Ταυτόχρονα, λαμβάνοντας υπόψη τα δομικά και λειτουργικά χαρακτηριστικά των αλληλουχιών, ελέγχθηκε η εξελικτική μοίρα του κάθε παραλόγου. Τα αποτελέσματα των αναλύσεων φανέρωσαν ότι τα σολομοειδή διαθέτουν περίπου τον διπλάσιο αριθμό αλληλουχιών των γονιδίων των Συμπλόκων I και II σε σύγκριση με τα υπόλοιπα σπονδυλωτά, γεγονός που αντανακλά την εκτεταμένη διατήρηση παραλόγων γονιδίων. Ως προς την εξελικτική τους πορεία, η συχνότερη μοίρα των γονιδίων αυτών φαίνεται να είναι η διατήρηση της λειτουργίας τους. Συνολικά, τα ευρήματα αναδεικνύουν τον σημαντικό ρόλο του τέταρτου γύρου διπλασιασμού στον καθορισμό του αριθμού των γονιδίων που συγκροτούν τα συγκεκριμένα σύμπλοκα, συμβάλλοντας πιθανώς στην αύξηση της πολυπλοκότητας τόσο της οξειδωτικής φωσφορυλίωσης, όσο και των ρυθμιστικών της μηχανισμών.

THE IMPACT OF WHOLE GENOME DUPLICATIONS ON COMPLEXES I AND II OF OXIDATIVE PHOSPHORYLATION IN ATLANTIC SALMON (SALMO SALAR)

Stoupa Maria - Nefeli, Tsipourlianos Andreas, Angelakopoulos Rafael, Giannoulis Themistoklis, Moutou A. Katerina

1. Laboratory of Genetics, Comparative and Evolutionary Biology, Department of Biochemistry and Biotechnology, School of Medical Sciences, University of Thessaly, Viopolis, Mezourlo, 41500 Larissa, Greece

2. Laboratory of Biology, Genetics and Bioinformatics, Department of Animal Science, University of Thessaly, Greece Gaiopolis, 41334 Larissa, Greece

The Atlantic salmon (*Salmo salar*) is among the most economically important fish species worldwide and is characterized by a complex life cycle, during which it migrates between freshwater and marine environments. Given that the anadromous life cycle of salmon is associated with increased energetic demands, the fourth round of whole-genome duplication in salmonids may provide an evolutionary basis for the retention and functional diversification of paralogous genes, including those involved in oxidative phosphorylation. Oxidative phosphorylation is a fundamental biological process as the energy factory of the cell. Although it has been extensively studied in tetrapods, significant knowledge gaps remain regarding teleost fishes, and particularly salmonids. To address a gap, the impact of genome duplications on nuclear genes encoding the subunits of Complexes I and II of oxidative phosphorylation in Atlantic salmon was investigated in the present study. Through phylogenetic and synteny analyses, the evolutionary origin of paralogous genes was identified to the genome duplication events from which they arose. To further explore the evolutionary fate of each paralogous gene, both structural *in silico* and functional analyses were conducted assessing based on their respective protein sequences. The results revealed that salmonids possess approximately twice the number of gene sequences encoding the subunits of Complexes I and II of oxidative phosphorylation compared with other vertebrates, reflecting the extensive retention of paralogous genes. The most common fate of these paralogous genes appears to be the preservation of their function. Overall, the findings highlight the pivotal role of the fourth round of duplication in shaping the number of the genes that constitute these complexes, likely contributing to increased complexity in both oxidative phosphorylation and its regulatory mechanisms.

ΒΙΟΜΕΤΑΤΡΟΠΗ ΥΠΟΛΕΙΜΜΑΤΩΝ ΕΣΠΕΡΙΔΟΕΙΔΩΝ ΣΕ ΠΟΥΛΟΥΛΑΝΗ ΓΙΑ ΤΗΝ ΑΝΑΠΤΥΞΗ ΒΙΟΜΕΜΒΡΑΝΩΝ ΜΕ ΠΡΟΟΠΤΙΚΕΣ ΕΦΑΡΜΟΓΗΣ ΣΤΗ ΣΥΣΚΕΥΑΣΙΑ ΤΡΟΦΙΜΩΝ

Συρίγου Μαρία¹, Λαδέρος Δημήτριος¹ Κοτίδης Παντελεήμων², Παπαευσταθίου Γιάννης Σ.2, Αθανασοπούλου Ευμορφία³, Τσιρώνη Θεοφανία³, Χατζηνικολάου Δημήτριος Γ.1,4, Τσούκο Ερμίντα¹

1. Τομέας Γενετικής & Βιοτεχνολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, 15784 Αθήνα, Ελλάδα
2. Τμήμα Χημείας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, 15784 Αθήνα, Ελλάδα
3. Εργαστήριο Μηχανικής Τροφίμων, Τμήμα Επιστήμης Τροφίμων και Διατροφής του Ανθρώπου, Γεωπονικό Πανεπιστήμιο Αθηνών, Ιερά Οδός 75, 11855, Αθήνα, Ελλάδα
4. Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών, 15784 Αθήνα, Ελλάδα

Η Πουλουλάνη είναι ένας εξωκυτταρικός πολυσακχαρίτης με εξαιρετική ικανότητα σχηματισμού σταθερών δομών γέλης, γεγονός που την καθιστά ιδανική για την ανάπτυξη προηγμένων βιοϋλικών. Η παρούσα μελέτη διερευνά τις παραμέτρους βιοσύνθεσής της από το στέλεχος *Aureobasidium pullulans* NRRL 58012, αξιοποιώντας υπολείμματα αγροτοβιομηχανίας εσπεριδοειδών. Αρχικά, πραγματοποιήθηκαν ζυμώσεις σε κωνικές φιάλες (ενεργός όγκος 50 mL), όπου αξιολογήθηκε η επίδραση της πηγής άνθρακα, της αρχικής συγκέντρωσης γλυκόζης, του εκχυλίσματος ζύμης και της θερμοκρασίας επώασης. Η βέλτιστη απόδοση στο συνθετικό μέσο (36,7 g/L) επιτεύχθηκε με 75 g/L γλυκόζης και 5 g/L εκχυλίσματος ζύμης στους 30 °C. Η χρήση υδατικού εκχυλίσματος φλούδας πορτοκαλιού ως πλήρες θρεπτικό μέσο οδήγησε σε σημαντική αύξηση της συγκέντρωσης του βιοπολυμερούς, φτάνοντας τα 46,5 g/L. Η συγκέντρωση αυτή αυξήθηκε περαιτέρω κατά 9,5% κατά την κλιμάκωση της διεργασίας σε εργαστηριακό βιοαντιδραστήρα (ενεργός όγκος 1 L, παροχή αέρα 2 vvm). Η παραχθείσα πουλουλάνη αξιοποιήθηκε για την ανάπτυξη βιομεμβρανών μέσω της μεθόδου εξάτμισης διαλύτη, με χρήση μίγματος γλυκερόλης/πολυαιθυλενογλυκόλης (70:30) ως πλαστικοποιητή. Οι μεμβράνες παρουσίασαν εξαιρετικές μηχανικές ιδιότητες (επιμήκυνση θραύσης = 251,0%) και αποτελεσματικό φραγμό στην υγρασία (ρυθμός διαπερατότητας = 27,87 g/(h×m²)). Ωστόσο, η υψηλή υδροφιλικότητά τους (γωνία επαφής = 23,95°) αναδεικνύει την ανάγκη μελλοντικής ενίσχυσης της υδροφοβικότητας μέσω τεχνικών εμβολιασμού με υδρόφοβα βιοπολυμερή. Η παρούσα μελέτη αναδεικνύει τη βιομετατροπή παραπροϊόντων εσπεριδοειδών σε πουλουλάνη ως μια βιώσιμη στρατηγική υψηλής προστιθέμενης αξίας, προσφέροντας καινοτόμες λύσεις στον τομέα της κυκλικής βιοοικονομίας και των συσκευασιών τροφίμων.

BIOCONVERSION OF CITRUS PEEL WASTE INTO PULLULAN AND DEVELOPMENT OF BIO-BASED FILMS WITH FOOD PACKAGING ORIENTATION

Syrigou Maria¹, Laderos Dimitrios¹, Kotidis Panteleimon², Papaefstathiou Ioannis S.², Athanaspoulou Evmorfia³, Tsironi Theofania³, Chatzinikolaou Dimitrios G.^{1,4}, Tsouko Erminta¹

1. Division of Genetics & Biotechnology, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, 15784 Athens, Greece

2. Department of Chemistry, National and Kapodistrian University of Athens, 15784 Athens, Greece 3. Laboratory of Food Process Engineering, Department of Food Science and Human Nutrition, Agricultural University of Athens, Iera Odos 75, 11855, Athens, Greece

4. Section of Botany, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, 15784 Athens, Greece

Pullulan is an extracellular polysaccharide with an exceptional capacity for forming stable gel structures, making it ideal for the development of advanced biomaterials. The present study investigates its biosynthetic parameters using the strain *Aureobasidium pullulans* NRRL 58012, by valorizing citrus agro-industrial residues. Initially, batch fermentations were conducted in shake flasks (50 mL working volume) to evaluate the effects of carbon source, initial glucose concentration, yeast extract, and incubation temperature. The optimal yield in synthetic medium (36.7 g/L) was achieved with 75 g/L glucose and 5 g/L yeast extract at 30 °C. The utilization of orange-peel derived substrate as a complete nutrient medium led to a significant increase in biopolymer concentration, reaching 46.5 g/L. This concentration was further enhanced by 9.5% upon scaling up the process in a laboratory bioreactor (1 L working volume, 2 vvm aeration rate). The produced pullulan was utilized for the development of bio-based membranes via the solvent casting method, employing a glycerol/polyethylene glycol mixture (70:30) as a plasticizer. The films exhibited excellent mechanical properties (elongation at break = 251.0%) and an effective moisture barrier (water vapor transmission rate = 27.87 g/(h×m²)). However, their high hydrophilicity (contact angle = 23.95°) highlights the necessity for future enhancement of hydrophobicity through grafting techniques with hydrophobic biopolymers. This study underscores the bioconversion of citrus by-products into pullulan as a sustainable, high-value strategy, offering innovative solutions within the framework of the circular bioeconomy and food packaging sectors.

ΟΙ ΠΡΩΤΕΪΝΕΣ GCN5 ΚΑΙ ADA2B ΡΥΘΜΙΖΟΥΝ ΤΗΝ ΑΝΑΠΤΥΞΗ ΤΩΝ ΡΙΖΙΚΩΝ ΤΡΙΧΙΔΙΩΝ ΤΟΥ ΦΥΤΟΥ ARABIDOPSIS THALIANA

Τερσενίδης Χρήστος¹, Kris Vissenberg², Βλαχονάσιος Κωνσταντίνος^{1,3}

1. Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Ελλάδα

2. Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Πανεπιστήμιο Αμβέρσας, Βέλγιο

3. Κέντρο Αριστείας Φυσικών Προϊόντων ΑΠΘ, Κέντρο Διεπιστημονικής Έρευνας και Καινοτομίας ΑΠΘ, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

Η GENERAL CONTROL NON-DEREPRESSIBLE 5 (GCN5) είναι μία ακετυλοτρανσφεράση των ιστονών, που εξειδικεύεται στην ακετυλίωση καταλοίπων λυσίνης στην ιστόνη H3 των νουκλεοσωμάτων. Ως μέλος του συμπλόκου SAGA, η GCN5 αλληλοεπιδράει με τον μεταγραφικό προσαρμοστή ALTERATION/DEFICIENCY IN ACTIVATION 2b (ADA2b), ώστε να ρυθμίσουν την γονιδιακή έκφραση μέσω της ακετυλίωσης των ιστονών. Παρόλο που η εμπλοκή των GCN5 και ADA2b στην ανάπτυξη του τριχώματος των φύλλων έχει εξεταστεί εκτενώς, δεν έχει μελετηθεί η ρύθμιση της ανάπτυξης των ριζικών τριχιδίων. Για το σκοπό αυτό, αρχικά προσδιορίστηκε με μικροσκοπία το πρότυπο έκφρασης των GCN5-GFP και ADA2b-GFP στη ρίζα και στα ριζικά τριχίδια, ενώ στη συνέχεια χρησιμοποιήθηκαν μεταλλάγματα *gen5-1* και *ada2b-1* ώστε να πραγματοποιηθεί πλήρης φαινοτυπικός χαρακτηρισμός των ριζικών τριχιδίων αυτών. Οι GCN5 και ADA2b εκφράζονται σε όλους τους κυτταρικούς τύπους της ρίζας του *Arabidopsis thaliana* και η έκφρασή τους παραμένει κατά την ανάπτυξη των ριζικών τριχιδίων. Τα δύο μεταλλάγματα παρουσίασαν παρόμοιο φαινότυπο μεταξύ τους, ο οποίος αποκλίνει από τον άγριο τύπο. Πιο συγκεκριμένα, τα *gen5-1* και *ada2b-1* εμφάνισαν νωρίτερα τα πρώτα αναπτυσσόμενα ριζικά τριχίδια, καθώς αυτά βρίσκονταν πιο κοντά στο άκρο της ρίζας, όπως νωρίτερα εμφανίστηκαν και τα ριζικά τριχίδια με το μέγιστο μήκος. Επίσης, τα ριζικά τριχίδια των μεταλλαγμάτων, παρόλο που έχουν μεγαλύτερη διακύμανση μηκών, έφταναν σε μεγαλύτερο τελικό μήκος από τον άγριο τύπο. Παράλληλα, παρατηρήθηκε απόκλιση στη διαφοροποίηση των επιδερμικών κυττάρων, καθώς τα *gen5-1* και *ada2b-1* παρουσίασαν γειτονικά ριζικά τριχίδια ή/και διαλείπουσα διαφοροποίηση ριζικών τριχιδίων στην ίδια κυτταρική σειρά. Συμπερασματικά, οι πρωτεΐνες GCN5 και ADA2b ρυθμίζουν τόσο τον καθορισμό της μοίρας διαφοροποίησης των ριζικών τριχιδίων όσο και την αύξηση αυτών στο *Arabidopsis thaliana*.

GCN5 AND ADA2B REGULATE ROOT HAIR DEVELOPMENT IN ARABIDOPSIS THALIANA

Tersenidis Christos¹, Kris Vissenberg², Vlachonasios Konstantinos^{1,3}

1. Department of Botany, School of Biology, Faculty of Sciences, Aristotle University of Thessaloniki, Greece

2. Department of Botany, School of Biology, Faculty of Science, University of Antwerp, Belgium

3. Natural Products Research Centre of Excellence (NatPro-AUTH), Center of Interdisciplinary Research and Innovation of Aristotle University of Thessaloniki (CIRI-AUTH), Thessaloniki, Greece

GENERAL CONTROL NON-DEREPRESSIBLE 5 (GCN5) is a histone acetyltransferase which acetylates histone H3 lysine residues in nucleosomes. In plants, GCN5 and ALTERATION/DEFICIENCY IN ACTIVATION 2b (ADA2b) are members of the SAGA complex and interact to regulate gene expression through histone acetylation. Although GCN5 and ADA2b act as key epigenetic regulators of Arabidopsis leaf trichome development, their involvement in root hair development remains obscure. Accordingly, we observed the expression patterns of GCN5-GFP and ADA2b-GFP in roots and root hair, and subsequently, *gcn5-1* and *ada2b-1* were subjected to detailed phenotypic root hair characterization. GCN5 and ADA2b are expressed in all cell files of the Arabidopsis thaliana root, and their expression is preserved during root hair development. Both mutants showed similar root hair phenotypes that diverged from wild-type. Root hair emergence occurred earlier in *gcn5-1* and *ada2b-1*, as the root hair bulge was formed closer to the root tip. In addition, the maximum root hair length was greater in both mutants, and it was reached earlier, even though the root hair length had a larger variance. Our data also highlight aberrations in root hair differentiation in *gcn5-1* and *ada2b-1*, as they exhibited either neighbouring root hair or misspecification of root hair in the same cell file. Overall, our results support the notion that GCN5 and ADA2b are regulators of both root hair specification and root hair growth in Arabidopsis thaliana.

**ΑΠΟΚΩΔΙΚΟΠΟΙΩΝΤΑΣ ΤΟΥΣ ΓΕΝΕΤΙΚΟΥΣ ΜΗΧΑΝΙΣΜΟΥΣ ΤΗΣ ΠΡΩΙΜΗΣ
ΕΜΒΡΥΪΚΗΣ ΑΝΑΠΤΥΞΗΣ ΤΟΥ ΕΓΚΕΦΑΛΟΥ**

Τζάκα Φραγκούλη Κυριακούλα, Μακρίδου Άννα, Κορομηλά Θεοδώρα

Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

Ένα από τα βασικά ερωτήματα της αναπτυξιακής γονιδιωματικής είναι η κατανόηση του τρόπου με τον οποίο η γονιδιακή ρύθμιση συντονίζεται χωρικά και χρονικά, ώστε να ελέγχει την πρώιμη εμβρυϊκή διαμόρφωση. Η γονιδιακή έκφραση ρυθμίζεται μέσω της αλληλεπίδρασης cis-ρυθμιστικών στοιχείων, όπως ενισχυτές και υποκινητές, καθώς και μέσω της χωρικής οργάνωσης της χρωματίνης. Κατά την πρώιμη εμβρυογένεση της *Drosophila melanogaster*, μεταγραφικοί παράγοντες όπως οι Odd-paired (Opa)/ZIC3 και Ocelliless (Oc)/OTX1/2 ρυθμίζουν την έκφραση γονιδίων που σχετίζονται με την ανάπτυξη της κεφαλής. Στην παρούσα μελέτη διερευνάται το ρυθμιστικό τοπίο των κεφαλοειδικών γονιδίων *tailless (tll)/TLx* και *empty spiracles (ems)/EMX*. Το *tll*, ένας πυρηνικός υποδοχέας της οικογένειας NR2E, και το *ems*, ένας συντηρημένος μεταγραφικός παράγοντας τύπου homeobox, αποτελούν κεντρικούς ρυθμιστές της πρόσθιας διαμόρφωσης και της ανάπτυξης της κεφαλής. Εξετάζεται πώς η γονιδιακή έκφραση προκύπτει από τη συνδυαστική δράση πολλαπλών cis-ρυθμιστικών στοιχείων και από τη χωρική τους οργάνωση. Ιδιαίτερη έμφαση δίνεται στο *tll* ως αντιπροσωπευτικό παράδειγμα αυτής της ρυθμιστικής αρχιτεκτονικής. Για τη διερεύνηση των μηχανισμών αυτών, πραγματοποιήθηκε μετα-ανάλυση διαθέσιμων πολυ-ομικών δεδομένων, συνδυάζοντας δεδομένα προσβασιμότητας χρωματίνης, τρισδιάστατης οργάνωσης της και δέσμευσης μεταγραφικών. Επιπλέον, χρησιμοποιήθηκε απεικόνιση fluorescence in situ hybridization (FISH) για την επιβεβαίωση των χωρικών προτύπων γονιδιακής έκφρασης και της οργάνωσης της χρωματίνης in vivo. Η παρούσα μελέτη παρέχει ένα πλαίσιο κατανόησης του τρόπου με τον οποίο διακριτά cis-ρυθμιστικά στοιχεία, όπως απομακρυσμένοι ενισχυτές και στοιχεία εγγύς του υποκινητή, αλληλεπιδρούν με τους υποκινητές και συμβάλλουν συλλογικά στη διαμόρφωση του τελικού προτύπου γονιδιακής έκφρασης.

DECIPHERING THE GENETIC MECHANISMS OF EARLY EMBRYONIC BRAIN DEVELOPMENT

Tzaka Fragkouli Kyriakoula, Makridou Anna, Koromila Theodora

Department of Biology, Aristotle University of Thessaloniki

One of the key challenges in developmental genomics is understanding how gene regulation is coordinated in space and time to control early embryonic patterning. Gene expression is governed by the interplay of cis-regulatory elements such as enhancers and promoters, as well as higher-order chromatin organization. In early *Drosophila melanogaster* embryogenesis, transcription factors including Odd-paired (Opa)/ZIC3 and Ocelliless (Oc)/OTX1/2 regulate head-specific gene expression within defined spatiotemporal domains. This study examines the regulatory landscape of key head patterning genes focusing on tailless (tll)/TLx and empty spiracles (ems)/EMX. Tll, an NR2E nuclear receptor, and ems, a conserved homeobox transcription factor, are central regulators of anterior patterning and head development. Gene expression is examined as arising from the combinatorial activity of multiple cis-regulatory elements and their spatial organization. Particular emphasis is placed on the tll locus as a representative example of this regulatory architecture. To investigate these regulatory mechanisms, a meta-analysis of publicly available multi-omics datasets was performed, integrating chromatin accessibility, transcription factor binding, and 3D genome organization data. In addition, fluorescence in situ hybridization (FISH) imaging was employed to validate spatial expression patterns and chromatin organization in vivo. This study provides a framework to understand how distinct cis-regulatory elements, including distal enhancers and promoter-proximal elements, interact with promoters and collectively contribute to the establishment of the final gene expression pattern.

ΑΝΙΧΝΕΥΣΗ ΓΟΝΙΔΙΩΝ ΛΟΙΜΟΓΟΝΩΝ ΠΑΡΑΓΟΝΤΩΝ ΣΕ ΚΛΙΝΙΚΑ ΣΤΕΛΕΧΗ KLEBSIELLA PNEUMONIAE: ΠΡΟΔΡΟΜΑ ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ

Τζαμπαζλής Βασίλειος¹, Σπανόπουλος Διονύσιος¹, Ευθυμίου Γεώργιος¹, Σκεύα Αικατερίνη¹, Ξανθοπούλου Αθηνά¹, Χρονόπουλος Δημήτριος¹, Πετράκης Βασίλειος², Λιμπαντέ Αναστασία-Μαρία¹, Σταυρίδου Γεωργία¹, Μαυρομιχάλη Δέσποινα¹, Παπαμιχαήλ Αικατερίνη¹, Μπαταρλή Αλεξάνδρα¹, Φωτιάδου Ελένη¹, Κωνσταντινίδης Θεοχάρης¹, Πανοπούλου Μαρία¹

1. Εργαστήριο Μικροβιολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης & Π.Γ.Ν. Αλεξανδρούπολης

2. Β' Παθολογική Κλινική, Τμήμα Ιατρικής, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης & Π.Γ.Ν. Αλεξανδρούπολης

Εισαγωγή: Η *Klebsiella pneumoniae* (Kp) αποτελεί έναν από τους σημαντικότερους αιτιολογικούς παράγοντες σοβαρών νοσοκομειακών λοιμώξεων. Τα υπερλοιμογονόνα στελέχη διαθέτουν ειδικούς παράγοντες λοιμογονικότητας, αποκτώντας ικανότητα πρόκλησης βαρέων λοιμώξεων ακόμη και στην κοινότητα. Ο σκοπός της παρούσας μελέτης ήταν να εκτιμηθεί η παρουσία γονιδίων λοιμογόνου δύναμης σε πολυανθεκτικά στελέχη Kp που απομονώθηκαν στο νοσοκομείο μας. Υλικά και μέθοδοι: Μελετήθηκαν 11 πολυανθεκτικά στελέχη Kp, που απομονώθηκαν από καλλιέργειες αίματος και κεντρικών φλεβικών καθετήρων (ΚΦΚ). Η ταυτοποίηση και ο έλεγχος ευαισθησίας των στελεχών στα αντιμικροβιακά φάρμακα έγινε με Vitek II (Bio Merieux, France). Διενεργήθηκε string test σε όλα τα στελέχη (μήκος >5 mm, θεωρήθηκε ως θετικό αποτέλεσμα). Ακολούθησε απομόνωση του γενετικού υλικού των στελεχών σε αυτοματοποιημένο αναλυτή GenoXtract® (BRUKER, Germany). Η ανίχνευση των γονιδίων λοιμογόνων παραγόντων όπως *rmpA2*, *iroB*, *ybt*, *RmpA*, *iucA*, *clbB* έγινε με multiplex real time PCR, με τη χρήση ειδικά σχεδιασμένων primers και probes (YOUSEQ, UK). Ως εξωτερικό control χρησιμοποιήθηκε πρότυπο στέλεχος *K. pneumoniae* (ATCC 13883) και ως αρνητικό (NTC) φυσιολογικός ορός NaCl 0.9%. Αποτελέσματα: Ένα στέλεχος (9%), από τα 11, βρέθηκε θετικό στο string test. Από τα γονίδια λοιμογόνου δύναμης ανιχνεύθηκε σε 5 στελέχη (45,4%) το *ybt* της *yersiniabactin*. Στο πρότυπο στέλεχος δεν ανιχνεύθηκαν γονίδια λοιμογόνων παραγόντων. Τα υπόλοιπα γονίδια δεν ανιχνεύθηκαν στο σύνολο των στελεχών. Συμπέρασμα: Η ανεύρεση και πιθανή έκφραση γονιδίων λοιμογονικότητας, σε συνδυασμό με την ανθεκτικότητα στα αντιμικροβιακά φάρμακα, στελεχών *K. pneumoniae* αναδεικνύει τον κίνδυνο ανάπτυξης σοβαρών, δύσκολων στη θεραπεία λοιμώξεων. Η αναγνώριση των φαινοτυπικών και γενετικών χαρακτηριστικών των παθογόνων βακτηρίων βοηθά στην κατανόηση της παθοφυσιολογίας και στην στοχευμένη θεραπευτική αντιμετώπιση των λοιμώξεων. Η μελέτη συνεχίζεται.

DETECTION OF VIRULENCE GENES IN CLINICAL STRAINS OF KLEBSIELLA PNEUMONIAE: PRELIMINARY RESULTS

Tzampazlis Vasileios¹, Spanopoulos Dionysios¹, Efthymiou Georgios¹, Skeva Aikaterini¹, Xanthopoulou Athina¹, Chronopoulos Dimitrios¹, Petrakis Vasileios², Limpante Anastasia-Maria¹, Stavridou Georgia¹, Mavromichali Despoina¹, Papamichail Aikaterini¹, Batarli Alexandra¹, Fotiadou Eleni¹, Konstantinidis Theocharis¹, Panopoulou Maria¹

1. Laboratory of Microbiology, Department of Medicine, Democritus University of Thrace & University General Hospital of Alexandroupolis

2. Second Department of Internal Medicine, Department of Medicine, Democritus University of Thrace & University General Hospital of Alexandroupolis

Introduction: *Klebsiella pneumoniae* (Kp) is one of the most significant causative agents of severe hospital-acquired infections. Hypervirulent strains possess specific virulence factors, enabling them to cause severe infections even in community settings. The aim of the present study was to assess the presence of virulence genes in multidrug-resistant Kp strains isolated in our hospital. **Materials and Methods:** A total of 11 multidrug-resistant Kp strains, isolated from blood cultures and central venous catheters (CVCs), were studied. Identification and antimicrobial susceptibility testing were performed using the Vitek II system (BioMérieux, France). A string test was conducted on all isolates (string length >5 mm was considered positive). Genetic material was subsequently extracted using the automated GenoXtract® system (Bruker, Germany). Detection of virulence-associated genes (*rmpA2*, *iroB*, *ybt*, *rmpA*, *iucA*, *clbB*) was carried out using multiplex real-time PCR with specifically designed primers and probes (YOUSEQ, UK). A reference *K. pneumoniae* strain (ATCC 13883) was used as an external control, while 0.9% NaCl served as a negative control (NTC). **Results:** One out of eleven strains (9%) tested positive in the string test. Among the virulence genes examined, the *ybt* gene (*yersiniabactin*) was detected in 5 strains (45.4%). No virulence genes were detected in the reference strain. The remaining genes were not identified in any of the isolates. **Conclusion:** The detection and potential expression of virulence genes, in combination with antimicrobial resistance in *K. pneumoniae* strains, highlights the risk of developing severe and difficult-to-treat infections. Identification of phenotypic and genetic characteristics of pathogenic bacteria contributes to a better understanding of pathophysiology and supports targeted therapeutic approaches. The study is ongoing.

**ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΩΝ ΜΗΧΑΝΙΣΜΩΝ ΔΡΑΣΗΣ ΤΗΣ MENTHA PIPERITA ΣΤΗΝ
ΕΠΙΛΗΨΙΑ: ΜΙΑ ΠΡΟΣΕΓΓΙΣΗ ΦΑΡΜΑΚΟΛΟΓΙΑΣ ΔΙΚΤΥΩΝ ΓΙΑ ΤΗΝ
ΑΝΑΔΕΙΞΗ ΜΟΡΙΑΚΩΝ ΣΤΟΧΩΝ ΚΑΙ ΣΗΜΑΤΟΔΟΤΙΚΩΝ ΜΟΝΟΠΑΤΙΩΝ**

Τούντα Αικατερίνη - Παρασκευή^{1,2}, Βουλγαρίδου Γεωργία-Περσεφόνη¹, Παγωνοπούλου
Όλγα³

1. Εργαστήριο Φυσιολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, ΔΠΘ
2. Τμήμα Μοριακής Βιολογίας & Γενετικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, ΔΠΘ
3. Εργαστήριο Νευροφυσιολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, ΔΠΘ

Η επιληψία αποτελεί χρόνια νευρολογική διαταραχή με παθοφυσιολογία που περιλαμβάνει διαταραχή της ισορροπίας διεγερτικών/ανασταλτικών σημάτων (εμπλοκή GABAεργικών και γλουταματεργικών συστημάτων) και οξειδωτικό στρες. Πρόσφατη πειραματική μελέτη από την ομάδα μας σε μοντέλο PTZ ανέδειξε την αντιοξειδωτική και νευροπροστατευτική δράση αιθέριων ελαίων της ελληνικής χλωρίδας, με τη *Mentha piperita* από τη Θράκη να είναι η πιο αποτελεσματική. Μέσω GC-MS ανάλυσης τα κύρια συστατικά της ταυτοποιήθηκαν ως μενθόλη, μενθόνη και ισομενθόνη. Στην παρούσα μελέτη εφαρμόστηκε *in silico* προσέγγιση network pharmacology για τη διερεύνηση των μοριακών μηχανισμών δράσης των ενώσεων αυτών. Η αξιολόγηση των φαρμακοκινητικών ιδιοτήτων πραγματοποιήθηκε με το εργαλείο SwissADME, η πρόβλεψη στόχων με SwissTargetPrediction, ενώ γονίδια σχετικά με την επιληψία συλλέχθηκαν από βάσεις όπως η GeneCards. Ακολούθησε ανάλυση επικάλυψης, κατασκευή δικτύων (STRING, Cytoscape) και λειτουργικός εμπλουτισμός. Τα αποτελέσματα ανέδειξαν GABAεργικά, ντοπαμινεργικά και σεροτονινεργικά μονοπάτια. Ενώσεις όπως η μενθόλη και η μενθόνη προβλέπεται να στοχεύουν ρυθμιστές νευρωνικής σηματοδότησης, όπως GABBR1, DRD2, CHRM1, υποδηλώνοντας ενίσχυση ανασταλτικής σηματοδότησης και ρύθμιση της νευρωνικής διεγερσιμότητας. Παράλληλα, η δικτυακή ανάλυση ανέδειξε πολυπαραγοντική δράση μέσω ταυτόχρονης ρύθμισης πολλαπλών γονιδίων. Συνολικά, τα ευρήματα υποδεικνύουν ότι τα συστατικά της *Mentha piperita* δρουν σε πολλαπλά επίπεδα βιολογικών δικτύων σχετιζόμενα με την επιληψία. Μελλοντικά πειράματα απαιτούνται για την επιβεβαίωση της *in vivo* δράσης και της κλινικής σημασίας των βασικών μοριακών στόχων που αναδείχθηκαν.

INVESTIGATING THE MECHANISMS OF ACTION OF MENTHA PIPERITA IN EPILEPSY: A NETWORK PHARMACOLOGY APPROACH FOR THE IDENTIFICATION OF MOLECULAR TARGETS AND SIGNALING PATHWAYS

Tounta Aikaterini-Paraskevi^{1,2}, Voulgaridou Georgia-Persephoni¹, Pagonopoulou Olga³

1. Laboratory of Physiology, Medical School, Faculty of Health Sciences, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis

2. Department of Molecular Biology and Genetics, Faculty of Health Sciences, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis

3. Laboratory of Neurophysiology, Medical School, Faculty of Health Sciences, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis

Epilepsy is a chronic neurological disorder characterized by imbalance between excitatory and inhibitory signals (GABAergic/glutamatergic systems) and oxidative stress. A recent experimental study by our group in a PTZ model showed antioxidant and neuroprotective effects of Greek flora essential oils, with *Mentha piperita* from Thrace being the most effective. GC-MS analysis identified its main constituents as menthol, menthone, and isomenthone. In this study, an *in silico* network pharmacology approach was applied. Pharmacokinetics were evaluated using SwissADME, target prediction with SwissTargetPrediction, and epilepsy-related genes were collected from GeneCards. Overlap analysis, network construction (STRING, Cytoscape), and functional enrichment were performed. Results revealed GABAergic, dopaminergic, and serotonergic pathways. Compounds such as menthol, menthone, and isomenthone are predicted to target neuronal signaling regulators (GABBR1, DRD2, CHRM1), suggesting enhanced inhibitory signaling and modulation of neuronal excitability. Network analysis also indicated a multi-target action through simultaneous regulation of multiple genes. Overall, the findings indicate that *Mentha piperita* constituents act at multiple levels of biological networks associated with epilepsy. Future experiments are required to confirm their *in vivo* activity and the clinical relevance of the identified molecular targets.

**ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΗΣ ΔΡΑΣΗΣ ΤΟΥ ΑΙΘΕΡΙΟΥ ΕΛΑΙΟΥ LAVANDULA
ANGUSTIFOLIA ΣΕ MYCN-ΕΝΙΣΧΥΜΕΝΟ ΚΑΙ ΜΗ-ΕΝΙΣΧΥΜΕΝΟ
ΝΕΥΡΟΒΛΑΣΤΩΜΑ: ΣΥΝΔΥΑΣΤΙΚΗ ΠΡΟΣΕΓΓΙΣΗ ΜΕΤΑΓΡΑΦΩΜΙΚΗΣ ΚΑΙ
ΦΑΡΜΑΚΟΛΟΓΙΑΣ ΔΙΚΤΥΩΝ**

Τούντα Αικατερίνη Παρασκευή^{1,2}, Παππά Αγλαΐα², Mohlin Sofie^{3,4}, Παγωνοπούλου Όλγα⁵,
Βουλγαρίδου Γεωργία-Περσεφόνη¹

1. Εργαστήριο Φυσιολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, ΔΠΘ
2. Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, ΔΠΘ
3. Division of Pediatrics, Clinical Sciences, Lund University, Lund, Sweden
4. Lund Stem Cell Center, Lund University, Lund, Sweden
5. Εργαστήριο Νευροφυσιολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, ΔΠΘ

Το νευροβλάστωμα αποτελεί έναν από τους συχνότερους παιδιατρικούς όγκους και χαρακτηρίζεται από έντονη βιολογική ετερογένεια. Η ενίσχυση του ογκογονιδίου MYCN αποτελεί βασικό μοριακό δείκτη, χαρακτηριστικό αυξημένης επιθετικότητας και δυσμενούς πρόγνωσης. Στη μελέτη αυτή εφαρμόστηκε βιοπληροφορική προσέγγιση που συνδυάζει μεταγραφωμική ανάλυση και φαρμακολογία δικτύων για τη διερεύνηση της δράσης βιοδραστικών ενώσεων του αιθέριου ελαίου λεβάντας (λιναλοόλης, οξικού λιναλυλεστέρα) έναντι του νευροβλαστώματος. Δεδομένα γονιδιακής έκφρασης από τη βάση GEO αναλύθηκαν με GEO2R για την ταυτοποίηση διαφορικά εκφραζόμενων γονιδίων μεταξύ MYCN-ενισχυμένων και μη-ενισχυμένων δειγμάτων νευροβλαστώματος. Παράλληλα, συλλέχθηκαν γονίδια σχετιζόμενα με το νευροβλάστωμα και προβλέφθηκαν πιθανοί μοριακοί στόχοι των ενώσεων. Ακολούθησε συγκριτική ανάλυση, κατασκευή δικτύου αλληλεπίδρασης πρωτεϊνών και λειτουργικός εμπλουτισμός για την ανάδειξη των βασικών μοριακών οδών που εμπλέκονται στις δύο ομάδες. Τα αποτελέσματα ανέδειξαν διακριτές μεταγραφωμικές υπογραφές μεταξύ των δύο ομάδων. Παρά την ύπαρξη κοινών γονιδίων, η διαφορική τους έκφραση διαμορφώνει διακριτά μοριακά προφίλ. Επιπλέον, οι ενώσεις της λεβάντας προβλέπεται ότι στοχεύουν κοινά γονιδιακά δίκτυα, με μεγαλύτερη συσχέτιση για μη-ενισχυμένο νευροβλάστωμα, κυρίως σε μονοπάτια σηματοδότησης, κυτταρικού κύκλου και διαφοροποίησης. Συνολικά, η μελέτη αναδεικνύει τη δυναμική της συνδυαστικής μεταγραφωμικής ανάλυσης και φαρμακολογίας δικτύων για τον εντοπισμό ειδικών μοριακών στόχων. Τα ευρήματα αυτά θα καθοδηγήσουν τον στοχευμένο πειραματικό σχεδιασμό με κυτταρικές σειρές νευροβλαστώματος SH-SY5Y (μη-ενισχυμένο MYCN) και SK-N-BE(2)c (MYCN-ενισχυμένο), όπου η *in vitro* η δράση του ελαίου βρίσκεται ήδη υπό διερεύνηση.

EXPLORING THE EFFECT OF LAVANDULA ANGUSTIFOLIA ESSENTIAL OIL IN MYCN-AMPLIFIED VS MYCN-NON-AMPLIFIED NEUROBLASTOMA: AN INTEGRATED TRANSCRIPTOMICS AND NETWORK PHARMACOLOGY APPROACH

Tounta Aikaterini-Paraskevi^{1,2}, Pappa Aglaia², Mohlin Sofie^{3,4}, Pagonopoulou Olga⁵, Voulgaridou Georgia-Persephoni¹

1. Laboratory of Physiology, Medical School, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis, Greece

2. Department of Molecular Biology and Genetics, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis, Greece

3. Division of Pediatrics, Clinical Sciences, Lund University, Lund, Sweden

4. Lund Stem Cell Center, Lund University, Lund, Sweden

5. Laboratory of Neurophysiology, Medical School, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis, Greece

Neuroblastoma is one of the most common pediatric malignancies and is characterized by high biological heterogeneity. Amplification of the MYCN oncogene is strongly associated with increased aggressiveness and poor prognosis. In this study, an integrative bioinformatics approach combining transcriptomics and network pharmacology was applied to investigate the potential effects of bioactive compounds from *Lavandula angustifolia* essential oil, primary linalool and linalyl acetate, on neuroblastoma. Publicly available transcriptomic datasets from the GEO database were analyzed using GEO2R to identify differentially expressed genes between MYCN-amplified and MYCN non-amplified samples. In parallel, neuroblastoma-related genes were collected, and functional enrichment analysis was subsequently performed to highlight the key molecular pathways involved in the two phenotypes. The results demonstrated distinct transcriptomic signatures between the two groups. Despite the presence of common genes, differences in expression levels led to divergent molecular profiles. Lavender-derived compounds were predicted to target shared gene networks, with preferential targeting of MYCN non-amplified group, mainly involving pathways related to signaling, cell cycle regulation and cellular differentiation. Overall, this study highlights the potential of integrating transcriptomic analysis with network pharmacology for identifying specific molecular targets. These findings will guide targeted experimental design using the neuroblastoma cell lines SH-SY5Y (MYCN non-amplified) and SK-N-BE(2)c (MYCN-amplified), where the in vitro activity of the essential oil is currently being evaluated.

ΜΟΡΙΑΚΗ ΜΕΛΕΤΗ ΤΗΣ ΑΝΤΙ-ΙΚΗΣ ΑΠΟΚΡΙΣΗΣ ΣΕ ΠΛΗΘΥΣΜΙΑΚΟ ΕΠΙΠΕΔΟ

Τσαγκίνης Δημήτριος, Μαρούλη Ασπραδενή Νίκη, Σιανίδης Γεώργιος, Βαρβαγιάννης Κωνσταντίνος, Κυριλής Φώτης, Αλεξοπούλου Ειρήνη, Βατσέλλας Ιωάννης, Φουταδάκης Σπύρος, Βαλάκος Δημήτριος, Θάνος Δημήτρης

Εργαστήριο Μοριακής Βιολογίας, Ίδρυμα Ιατροβιολογικών Ερευνών της Ακαδημίας Αθηνών, Σωρανού Εφεσίου 4, 115 27 Αθήνα, Ελλάδα

Οι ιογενείς λοιμώξεις αποτελούν διαρκή απειλή για την ανθρωπότητα, απαιτώντας ισχυρούς αμυντικούς μηχανισμούς που συντονίζονται από εξειδικευμένα προγράμματα γονιδιακής ρύθμισης. Η έμφυτη ανοσία και ειδικότερα η επαγωγή του γονιδίου της ιντερφερόνης β (IFNB1), συνιστά την πρώτη γραμμή αντι-ικής άμυνας, κρίσιμη για την καταπολέμηση των λοιμώξεων αυτών. Στην παρούσα μελέτη, διερευνήσαμε τη δυναμική πρόσδεσης του μεταγραφικού παράγοντα IRF3 στο ανθρώπινο γονιδίωμα, ο οποίος ρυθμίζει την επαγωγή της IFNB1 και πολλών άλλων αντι-ικών γονιδίων. Εντοπίσαμε περιοχές που χαρακτηρίζονται από επαναλαμβανόμενες συστάδες μοτίβων πρόσδεσης των IRF μεταγραφικών παραγόντων με την αλληλουχία GAAANN, οι οποίες παρουσιάζουν υψηλή συχνότητα δομικών πολυμορφισμών στον ανθρώπινο πληθυσμό. Κατασκευάσαμε ολιγονουκλεοτίδια που αναπαράγουν αυτές τις περιοχές *in vitro* και αξιολογήσαμε τη μεταγραφική τους ενεργότητα μετά από ιική μόλυνση, χρησιμοποιώντας πλασμίδια αναφοράς. Σε πειράματα διαμόλυνσης ανθρώπινων κυττάρων, αποδείξαμε ότι η αύξηση των επαναλήψεων των IRF μοτίβων από 4 σε 8 οδηγεί σε σημαντική αύξηση της μεταγραφικής ενεργότητας του γονιδίου αναφοράς. Αύξηση του αριθμού των μοτίβων από 8 σε 12 δεν προκάλεσε ανάλογη αύξηση της μεταγραφικής ενεργότητας, υποδηλώνοντας κορεσμό της μεταγραφικής μηχανής. Πειράματα μεταβολής ηλεκτροφορητικής κινητικότητας (EMSA) χρησιμοποιώντας ανασυνδυασμένη πρωτεΐνη IRF3 έδειξαν ότι η αύξηση των θέσεων πρόσδεσης από 4 σε 8, 10 και 12 δεν οδηγεί σε συνεργατική πρόσδεση στο DNA. Αυτό επιβεβαιώθηκε μέσω κρυο-ηλεκτρονικής μικροσκοπίας, η οποία αποκάλυψε ότι διαδοχικά μόρια IRF3 προσδέονται ασύμμετρα στο DNA με επαναλαμβανόμενες θέσεις πρόσδεσης, εξηγώντας την απουσία συνεργατικότητας. Συμπερασματικά, η γενετική ποικιλομορφία στις επαναλήψεις των IRF στοιχείων μεταξύ ατόμων συσχετίζεται με την ένταση της αντι-ικής απόκρισης, παρέχοντας νέα μηχανιστική ερμηνεία για την ικανότητα των ατόμων ενός πληθυσμού στην αποτελεσματική αντιμετώπιση ιογενών λοιμώξεων.

MOLECULAR STUDY OF THE ANTIVIRAL RESPONSE AT THE POPULATION LEVEL

Tsapkinis Dimitrios, Marouli Astradeni Niki, Sianidis Georgios, Varvagiannis Konstantinos, Kyrilis Fotis, Alexopoulou Eirini, Vatsellas Giannis, Foutadakis Spyros, Valakos Dimitrios, Thanos Dimitris

Molecular Biology Laboratory, Biomedical Research Foundation of the Academy of Athens, 4 Soranou Ephessiou St., 115 27 Athens, Greece

Viral infections pose a persistent threat to humanity, requiring robust cellular defense mechanisms coordinated by specialized gene regulatory programs. Innate immunity and specifically the induction of the interferon-beta (IFNB1) gene, constitutes the first line of antiviral defense, crucial for combating these infections. Herein, we investigated the binding dynamics of the transcription factor IRF3 within the human genome, which regulates the induction of IFNB1 and numerous other antiviral genes. We identified genomic regions characterized by repetitive clusters of IRF transcription factor binding motifs containing the GAAANN sequence, which exhibit a high frequency of structural polymorphisms in the human population. We synthesized oligonucleotides that replicate these regions in vitro and evaluated their ability to activate transcription following viral infection using reporter plasmids. In human cell transfection experiments, we demonstrated that increasing the number of IRF3 binding motif repeats from 4 to 8 leads to a significant increase in the transcriptional activity of the reporter gene. A further increase in the number of motifs from 8 to 10 or 12 did not induce a proportional increase in transcriptional activity, suggesting saturation of the transcriptional machinery. Electrophoretic mobility shift assays (EMSA), utilizing recombinant IRF3 indicated that increasing the binding sites from 4 to 8, 10, and 12 does not result in cooperative DNA binding. This was confirmed via cryo-electron microscopy (cryo-EM), which revealed that adjacent IRF3 molecules bind asymmetrically to DNA sequences featuring repetitive binding sites, thereby explaining the absence of cooperativity. In conclusion, genetic diversity in IRF element repeats among individuals correlates with the intensity of the antiviral response, providing a novel mechanistic interpretation for the differential capacity of individuals within a population to effectively combat viral infections.

Η ΣΗΜΑΣΙΑ ΤΟΥ HPV DNA TEST ΣΕ ΚΥΤΤΑΡΟΛΟΓΙΚΟ ΥΛΙΚΟ ΠΑΡΑΚΕΝΤΗΣΗΣ ΜΕ ΛΕΠΤΗ ΒΕΛΟΝΗ ΚΥΣΤΙΚΩΝ ΑΛΛΟΙΩΣΕΩΝ ΤΡΑΧΗΛΟΥ ΣΤΗ ΔΙΑΓΝΩΣΗ ΜΕΤΑΣΤΑΤΙΚΟΥ ΠΛΑΚΩΔΟΥΣ ΚΑΡΚΙΝΩΜΑΤΟΣ ΜΕ ΠΡΩΤΟΠΑΘΕΣ ΣΤΟ ΣΤΟΜΑΤΟΦΑΡΥΓΓΑ

Τσατσούλη Νεφέλη Μιχαέλα¹, Σαμαρά Μαρία¹, Νέγκα Χαριτίνη¹, Παπαχαραλάμπους Κωνσταντίνα², Παπαμιχάλη Ροϊδούλα¹, Θώδου Ελένη¹

1. Εργαστήριο Παθολογικής Ανατομικής, Τμήμα Ιατρικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Λάρισα

2. Εργαστήριο Παθολογικής Ανατομικής, ΙΑΣΩ Θεσσαλίας, Λάρισα

Το HPV (Human Papillomavirus) εξαρτώμενο πλακώδες καρκίνωμα του στοματοφάρυγγα παρουσιάζεται συχνά με κυστικές μεταστάσεις σε τραχηλικούς λεμφαδένες. Η κυτταρολογική εξέταση με λεπτή βελόνη (Fine Needle Aspiration, FNA) θέτει τη διάγνωση. Ωστόσο, η μειωμένη κυτταροβρίθεια ή η παρουσία εκφυλισμένων, άτυπων πλακωδών κυττάρων, προσομοιάζοντα με αντιδραστικά, καλοήγη πλακώδη κύτταρα, δυσχεραίνουν τη διάγνωση. Η μελέτη διερευνά τη χρησιμότητα της μοριακής ανίχνευσης του ιού HPV (HPV DNA TEST) σε υλικό FNA για διάγνωση μεταστατικού πλακώδους καρκινώματος. Αναλύσαμε 14 περιπτώσεις ασθενών, 9 άνδρες και 5 γυναίκες, μέσης ηλικίας 61,5 έτη (44 –79) με τραχηλική διόγκωση κάτωθεν της γωνίας της κάτω γνάθου (επίπεδο II). Η FNA απέδωσε σταγόνες έως και 20 ml υποκίτρινου υγρού. Η κυτταρολογική απάντηση ήταν πλακώδες καρκίνωμα σε 9/14 ασθενείς (64,3%) και κυστική επεξεργασία τραχήλου με παρουσία άτυπων πλακωδών κυττάρων σε 5/14 (35,7%) ασθενείς. Πραγματοποιήθηκε μοριακός έλεγχος για HPV (Vision Array® HPV Chip 1.0, MENARINI) στο νωπό υλικό της κυστικής αλλοίωσης ή υλικό από το cell block ή υλικό προερχόμενο από τα κεχρωσμένα επιχρίσματα. Οι 12/14 περιπτώσεις (85,7%) ήταν θετικές για HPV υψηλού κινδύνου (HPV 16 σε 10 περιπτώσεις και HPV 31 και HPV 35 από μια περίπτωση). Σε όλες τις θετικές περιπτώσεις η ιστολογική εξέταση επιβεβαίωσε μεταστατικό πλακώδες καρκίνωμα με πρωτοπαθές στο στοματοφάρυγγα (παρίσθια ή γλωσσική αμυγδαλή). Η μία περίπτωση με αρνητικό HPV TEST ιστολογικά αφορούσε σε μεταστατικό πλακώδες αγνώστου πρωτοπαθούς και η δεύτερη σε καλοήγη βραγχιακή κύστη. Συμπερασματικά, η εφαρμογή του μοριακού ελέγχου για την ανίχνευση HPV DNA, ως reflex test, σε FNA κυστικών αλλοιώσεων πλάγιας ανώτερης τραχηλικής χώρας είναι εξαιρετικά σημαντική, καθώς εφαρμόζεται σε ποικίλης μορφής κυτταρολογικό υλικό και κυρίως μπορεί να τεκμηριώσει τη διάγνωση μεταστατικού HPV-εξαρτώμενου πλακώδους καρκινώματος και να καθοδηγήσει στην ανίχνευση της πρωτοπαθούς βλάβης στο στοματοφάρυγγα.

THE SIGNIFICANCE OF HPV DNA TESTING IN FINE-NEEDLE ASPIRATION (FNA) MATERIAL OF CYSTIC NECK LESIONS FOR THE DIAGNOSIS OF METASTATIC SQUAMOUS CELL CARCINOMA PRIMARY TO THE OROPHARYNX

Tsatsouli Nefeli Mihaela¹, Samara Marial¹, Nepka Charitini¹, Papacharalambous Konstantina², Papamichali Roidoula¹, Thodou Eleni¹

1. Pathology Department, Faculty of Medicine, School of Health Sciences, University of Thessaly, Larissa

2. Department of Anatomic Pathology, Iaso Thessalias, Larissa

HPV-associated oropharyngeal squamous cell carcinoma (OPSCC) frequently presents with cystic metastases in the cervical lymph nodes. While Fine Needle Aspiration (FNA) cytology is the primary diagnostic method, its sensitivity can be limited due to low cellularity or degenerated, atypical squamous cells that mimic reactive, benign cells. This study evaluates the clinical utility of molecular HPV DNA testing in FNA cytological material for the diagnosis of metastatic OPSCC. We evaluated 14 patients with a median age of 61.5 years (range, 44–79 years) who presented with lateral cervical masses (Level II). FNA yielded serous fluid ranging from droplets to 20 ml. Molecular analysis for HPV was performed using the VisionArray® HPVChip 1.0 (MENARINI) on various substrates, including fresh cystic fluid, cell block sections, and material microdissected from stained smears. Cytological report showed squamous cell carcinoma in 9/14 (64,3%) cases, while 5/14 (35,7%) had cystic lesions with atypical squamous cells. 12/14 cases (85,7%) were positive for high-risk HPV (HPV 16 in 10 cases, HPV 31 and HPV 35 in the remaining 2 cases respectively). All HPV-positive cases were histologically confirmed as metastatic squamous cell carcinomas with a primary site in the oropharynx (palatine or lingual tonsil). Histology of the two HPV-negative cases revealed a metastatic squamous cell carcinoma of unknown primary and a benign branchial cyst. In conclusion, HPV DNA detection as a reflex test in FNA samples from cystic lateral neck lesions is a robust diagnostic tool. Its high sensitivity across diverse cytological preparations facilitates the definitive diagnosis of metastatic HPV-associated carcinoma and provides critical guidance for locating the primary malignancy in the oropharynx.

**ΑΝΑΠΤΥΞΗ ΝΕΩΝ ΒΙΟΛΕΙΤΟΥΡΓΙΚΩΝ ΝΑΝΟΙΝΩΔΩΝ ΙΚΡΙΩΜΑΤΩΝ ΜΕΣΩ
ΗΛΕΚΤΡΟΣΤΑΤΙΚΗΣ ΙΝΟΠΟΙΗΣΗΣ ΜΕ ΠΙΘΑΝΕΣ ΕΦΑΡΜΟΓΕΣ
ΙΣΤΟΜΗΧΑΝΙΚΗΣ**

Τσιαγγάλη Ε.Α.1, Τσιώτα Σ.2, Αναστασίου Κ.Σ.1, Αθανασιάδης Χ.1, Γκουντινούδης Χ.Γ.3,
Πετεινάκη Ε.3, Τσιβιντζέλης Ι.2, Ψαρρά Α.-Μ.Γ.1 και Μαρράς Σ.Ι.1

1. Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Λάρισα, Ελλάδα
2. Τμήμα Χημικών Μηχανικών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη, Ελλάδα
3. Τμήμα Ιατρικής Βιοπαθολογίας, Πανεπιστημιακό Νοσοκομείο Λάρισας, Λάρισα, Ελλάδα

Η Ηλεκτροστατική Ινοποίηση είναι μια ευρέως διαδεδομένη τεχνική για την παραγωγή βιοσυμβατών και βιοαποικοδομήσιμων νανοϊνωδών μεμβρανών με ποικίλες φαρμακευτικές και βιοιατρικές εφαρμογές. Η ιδιαίτερη μορφολογία τους, η οποία εμφανίζει υψηλό πορώδες, μπορεί να λειτουργήσει ως τεχνητή εξωκυττάρια μήτρα, παρέχοντας προσωρινά ένα περιβάλλον, που μπορεί να υποστηρίξει τη διείσδυση, τη σύνδεση και τον πολλαπλασιασμό των κυττάρων. Στην παρούσα εργασία, μελετήθηκαν ινώδεις μεμβράνες με βάση την πολύ(ε-καπρολακτόνη) (PCL), στις οποίες ενθυλακώθηκαν όμοιες συγκεντρώσεις σιλυβίνης, κερκετίνης και γαλλικού οξέος. Η PCL αποτελεί ένα συνθετικό, ημικρυσταλλικό, βιοαποικοδομήσιμο και βιοσυμβατό πολυμερές, το οποίο χαρακτηρίζεται από υψηλή μηχανική ευστάθεια και σχετικά αργό ρυθμό αποδόμησης, ενώ οι ουσίες που ενθυλακώθηκαν είναι γνωστές για τις ισχυρές αντιοξειδωτικές και αντιφλεγμονώδεις ιδιότητές τους. Οι σύνθετες μεμβράνες που παρασκευάστηκαν εξετάστηκαν ως προς τις φυσικοχημικές και βιολογικές τους ιδιότητες. Ειδικότερα υπολογίστηκε το πορώδες των μεμβρανών και διερευνήθηκε η υδροφιλικότητα της επιφάνειάς τους, με μέτρηση της γωνίας επαφής. Έλεγχος της κυτταρικής συμπεριφοράς στην επιφάνεια των μεμβρανών έδειξε ότι οι ουσίες που ενθυλακώθηκαν και ιδιαίτερα η σιλυβίνη προάγουν τον κυτταρικό πολλαπλασιασμό της μη καρκινικής κυτταρικής σειράς ανθρώπινων κερατινοκυττάρων HaCaT. Επιπρόσθετα, αξιολογήθηκε η κυτταρική μετανάστευση με δοκιμή επούλωσης τραύματος (scratch assay), παρουσία των ινωδών μεμβρανών, ενώ εξετάστηκαν πιθανές αντιμικροβιακές ιδιότητες των υλικών έναντι παθογόνων βακτηρίων.

DEVELOPMENT OF NEW BIOFUNCTIONAL NANOFIBROUS SCAFFOLDS VIA ELECTROSPINNING TECHNIQUE FOR TISSUE ENGINEERING APPLICATIONS

Tsiangali E.A.1, Tsiota S.2, Anastasiou K.S.1, Athanasiadis C.1, Gkountinoudis C.G.3, Petinaki E.3, Tsivintzelis I.2, Psarra A.-M.G.1 and Marras S.I.1

1. *Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly, Larissa, Greece*
2. *Department of Chemical Engineering, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki, Greece*
3. *Department of Medical Biopathology, University Hospital of Larissa, Greece*

Electrospinning is a widely used technique for producing biocompatible and biodegradable nanofibrous membranes, with a range of pharmaceutical and biomedical applications. Their distinctive morphology, characterized by high porosity, can mimic an artificial extracellular matrix, temporarily providing an environment that supports cell infiltration, attachment and proliferation. In this study, fibrous membranes based on poly(ϵ -caprolactone) (PCL) were produced, in which equal concentrations of silybin, quercetin and gallic acid were encapsulated. PCL is a synthetic, semicrystalline, biodegradable and biocompatible polymer, known for its high mechanical stability and slow degradation rate. The encapsulated compounds are known for their strong antioxidant and anti-inflammatory properties. The prepared composite membranes were evaluated in terms of their physicochemical and biological properties. Specifically, the membranes porosity was estimated and the surface hydrophilicity were investigated by measuring the contact angle. Assessment of cell interference with the membrane surfaces showed that the encapsulated compounds, particularly silybin, promote the proliferation of the non-cancerous HaCaT cell line. Additionally, cell migration was evaluated using a wound healing (scratch) assay in the presence of the fibrous membranes, while potential antimicrobial properties of the materials against pathogenic bacteria were also revealed.

ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΗΣ ΙΚΑΝΟΤΗΤΑΣ ΤΗΣ ΠΡΩΤΕΪΝΗΣ hALDH3A1 ΝΑ ΣΧΗΜΑΤΙΖΕΙ ΥΠΕΡΜΟΡΙΑΚΕΣ ΔΟΜΕΣ

Τσιάμη Παναγιώτα, Φαδούλογλου Ε. Βασιλική

*Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης,
68100 Αλεξανδρούπολη, Ελλάδα*

Οι ανθρώπινες αλδεϋδικές αφυδρογονάσες (hALDHs) αποτελούν μία υπεροικογένεια 19 ισοενζύμων που κατέχουν σημαντικό ρόλο στην ανθρώπινη βιολογία, καθώς εμπλέκονται σε μηχανισμούς άμυνας και αποτοξίνωσης αλλά και σε πολυάριθμες βιοσυνθετικές, μεταβολικές και σηματοδοτικές οδούς που σχετίζονται με την παθογένεια. Η ανθρώπινη αλδεϋδική αφυδρογονάση 3A1 (hALDH3A1) είναι ένα μέλος αυτή της υπεροικογένειας που εκφράζεται σε μεγάλη ποσότητα στον κερατοειδή των θηλαστικών, όπου φαίνεται να διαδραματίζει διττό ρόλο: αφενός δρα ως κρυσταλλίνη, συμβάλλοντας στη διαφάνεια και στις διαθλαστικές ιδιότητες του, αφετέρου έχει προστατευτικό ρόλο έναντι του οξειδωτικού στρες που προκαλείται από την υπερϊώδη ακτινοβολία (UV) και άλλους παράγοντες. Η παρούσα εργασία, σε πειραματικό και υπολογιστικό επίπεδο, αποσκοπεί στη μελέτη των φυσικοχημικών ιδιοτήτων της hALDH3A1, εστιάζοντας στη δυνατότητα της να σχηματίζει ολιγομερείς δομές πέραν της γνωστής διμερούς της μορφής. Πειραματικά, διερευνάται η επίδραση ενός εύρους συνθηκών pH και μονοσθενών/δισθενών αλάτων στην τεταρτοταγή δομή του ενζύμου. Υπολογιστικά, χρησιμοποιείται το λογισμικό AlphaFold για την μοντελοποίηση των πιθανών ολιγομερών καθώς και την σύγκριση τους με διαθέσιμες συγγενείς δομές. Η έρευνα αυτή φιλοδοξεί να προσφέρει νέες χρήσιμες πληροφορίες για την δομική πλαστικότητα της hALDH3A1.

INVESTIGATING THE ABILITY OF HALDH3A1 PROTEIN TO FORM HIGHER ORDER STRUCTURES

Tsiami Panagiota, Fadouloglou E. Vasiliki

Department of Molecular Biology and Genetics, Faculty of Health Sciences, Democritus University of Thrace, 68100 Alexandroupolis, Greece

Human aldehyde dehydrogenases (hALDHs) constitute a superfamily of 19 isoenzymes that play a significant role in human biology, as they are involved in defense and detoxification mechanisms as well as in numerous biosynthetic, metabolic, and signaling pathways associated with pathogenesis. Human aldehyde dehydrogenase 3A1 (hALDH3A1) is a member of this superfamily that is highly expressed in the cornea of mammals, where it appears to play a dual role: on the one hand it acts as a crystallin, contributing to its transparency and refractive properties, and on the other hand, it plays a protective role against oxidative stress caused by ultraviolet (UV) radiation and other factors. This study, conducted at both experimental and computational levels, aims to investigate the physicochemical properties of hALDH3A1, focusing on its ability to form oligomeric structures beyond the known dimeric form. Experimentally, the effect of a range of pH conditions and monovalent/divalent salts on the quaternary structure of the enzyme is investigated. Computationally, the Alphafold software is used to model the possible oligomers as well as to compare them with available related structures. This research hopes to provide new and useful insights into the structural plasticity of hALDH3A1.

**ΑΝΑΛΥΣΗ ΜΕΘΥΛΙΩΣΗΣ DNA ΤΟΥ ΓΟΝΙΔΙΟΥ PD-L1 ΣΕ ΑΣΘΕΝΕΙΣ ΜΕ
ΑΔΕΝΟΚΑΡΚΙΝΩΜΑ ΠΝΕΥΜΟΝΑ (ΜΗ ΜΙΚΡΟΚΥΤΤΑΡΙΚΟΣ ΚΑΡΚΙΝΟΣ
ΠΝΕΥΜΟΝΑ) ΠΟΥ ΛΑΜΒΑΝΟΥΝ ΑΝΟΣΟΘΕΡΑΠΕΙΑ**

Τσιμπανογιάννη Ιουλία Ραφαέλα¹, Λούπος Λεντιόνα¹, Γεωργιάδης Γεώργιος Ραφαήλ^{1,2},
Καρατίδης Γεώργιος^{1,2}, Αβραμίδου Ελένη¹, Παπαευαγγέλου Παρασκευή¹, Μπογατσά
Ευαγγελία Ιωάννα¹, Μαρτον Ελισάβετ¹, Χατζόπουλος Πέτρος¹, Τσιτούρας Βασίλης^{1,2},
Τσιούδα Θεοδώρα³, Μπαλγκουρανίδου Ιωάννα¹, Γαλάνης Αλέξης², Ματθαίος Δημήτρης¹

1. Ογκολογικό Τμήμα, Ιατρική Σχολή, Σχολή Επιστημών Υγείας, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης, Αλεξανδρούπολη

2. Τμήμα Μοριακής Βιολογίας και Γενετικής, Σχολή Επιστημών Υγείας, Δημοκρίτειο Πανεπιστήμιο Θράκης, Αλεξανδρούπολη

3. Πνευμονολογικό - Ογκολογικό Τμήμα, Αντικαρκινικό Νοσοκομείο Θεαγένειο, Θεσσαλονίκη

Ο καρκίνος του πνεύμονα αποτελεί μία από τις συχνότερες κακοήθειες παγκοσμίως και η αντιμετώπισή του περιλαμβάνει συνδυασμό χημειοθεραπείας, ανοσοθεραπείας και στοχευμένων θεραπευτικών προσεγγίσεων. Η ανάπτυξη αξιόπιστων βιοδεικτών, βασισμένων στο κυκλοφορούν καρκινικό DNA (ctDNA), είναι ιδιαίτερα σημαντική, καθώς το ctDNA απελευθερώνεται από αποπτωτικά ή νεκρωτικά καρκινικά κύτταρα και μπορεί να ανιχνευθεί στο αίμα των ασθενών. Η παρούσα μελέτη είχε ως στόχο τη διερεύνηση ctDNA ως βιοδείκτη και την αξιολόγηση κατά πόσο τα πρότυπα μεθυλίωσης DNA που ανιχνεύονται σε δείγματα αίματος μπορούν να χρησιμοποιηθούν για πρόβλεψη της ανταπόκρισης των ασθενών στην ανοσοθεραπεία, συγκριτικά με την έκφραση του PD-L1 στον καρκινικό ιστό. Το ctDNA που αναλύθηκε προήλθε από μεταστατικούς ασθενείς με NSCLC που υποβάλλονταν σε ανοσοθεραπεία. Συγκεκριμένα, αξιολογήθηκε η κατάσταση μεθυλίωσης γονιδίων που εμπλέκονται στη ρύθμιση των ανοσολογικών σημείων ελέγχου, με κύρια έμφαση στο γονίδιο PD-L1, βασικό στόχο των ανοσοθεραπευτικών παραγόντων. Συνολικά, συμπεριλήφθηκαν 52 δείγματα ασθενών από το τμήμα μας, εκ των οποίων 30 έλαβαν ανοσοθεραπεία. Η ανάλυση μεθυλίωσης πραγματοποιήθηκε με τη μέθοδο methylation-specific PCR. Τα αποτελέσματά μας έδειξαν ότι το 66,7% των ασθενών που έλαβαν ανοσοθεραπεία παρουσίασαν μη μεθυλιωμένη κατάσταση του γονιδίου PD-L1, η οποία σχετίζεται με υψηλή έκφραση του PD-L1 στον ιστό. Από αυτούς, οι 11 στους 13 εμφάνισαν καλύτερη θεραπευτική ανταπόκριση. Οι ασθενείς αυτοί παρουσίασαν βελτιωμένη έκβαση, με μέση συνολική επιβίωση 17,8 μήνες, σε σύγκριση με 6,4 μήνες σε ασθενείς με μεθυλιωμένο γονίδιο PD-L1. Απαιτείται περαιτέρω διερεύνηση για να καθοριστεί εάν τα δεδομένα μεθυλίωσης από το αίμα μπορούν να αποτελέσουν αξιόπιστο βιοδείκτη πρόβλεψης της ανταπόκρισης στην ανοσοθεραπεία και εάν βρίσκονται σε πλήρη συμφωνία με την έκφραση του PD-L1 στον ιστό. Επιπλέον, η αύξηση του μεγέθους του δείγματος είναι απαραίτητη ενίσχυση της στατιστικής σημαντικότητας των προκαταρκτικών ευρημάτων.

DNA METHYLATION ANALYSIS OF THE PD-L1 GENE IN IMMUNOTHERAPY-TREATED PATIENTS WITH LUNG ADENOCARCINOMA (NON-SMALL CELL LUNG CANCER)

Tsimpanogianni Ioulia Rafaela¹, Loupos Lentional¹, Georgiadis Georgios Rafail^{1,2}, Karatidis Georgios^{1,2}, Avramidou Eleni¹, Papaevangelou Paraskevi¹, Bogatsa Evaggelia Ioanna¹, Marton Elisavet¹, Chatzopoulos Petros¹, Tsitouras Vasilis¹, Tsiouda Theodora³, Balgkouranidou Ioanna¹, Galanis Alex², Matthaios Dimitris¹

1. Oncology Department, School of Medicine, Faculty of Health Sciences, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis

2. Department of Molecular Biology and Genetics, Faculty of Health Sciences, Democritus University of Thrace, Alexandroupolis

3. Pulmonology-Oncology Department, Theagenion Cancer Hospital, Thessaloniki

Lung cancer is one of the most common malignancies worldwide, and its management involves a combination of chemotherapy, immunotherapy, and targeted therapeutic approaches. The development of reliable biomarkers, based on circulating tumor DNA (ctDNA), is of great importance, as ctDNA is released from apoptotic or necrotic tumor cells and can be detected in patients' blood. The present study aimed to investigate ctDNA as a biomarker and to assess whether DNA methylation patterns detected in blood samples can be used to predict patient response to immunotherapy, in comparison with PD-L1 expression in tumor tissue. The ctDNA analyzed in this study was obtained from metastatic patients with non-small cell lung cancer (NSCLC) undergoing immunotherapy. Specifically, we evaluated the methylation status of genes involved in immune checkpoint regulation, focusing primarily on the PD-L1 gene, a key target of immunotherapeutic agents. A total of 52 patient samples from our department were included in the study, of which 30 patients received immunotherapy. Methylation analysis was performed using methylation-specific PCR. Our results indicate that 66.7% of patients receiving immunotherapy exhibited an unmethylated status of the PD-L1 gene, which is associated with high PD-L1 expression in tissue. Among these patients, 11 out of 13 showed a better therapeutic response. These patients demonstrated improved outcomes, with a mean overall survival of 17.8 months, compared to 6.4 months in patients with a methylated PD-L1 gene. Further investigation is required to determine whether blood-based methylation data can serve as a reliable biomarker for predicting response to immunotherapy and whether it is fully concordant with tissue-based PD-L1 expression. Additionally, increasing the sample size is essential to enhance the statistical significance of these preliminary findings.

Ο ΜΕΤΑΓΡΑΦΙΚΟΣ ΠΡΟΣΑΡΜΟΣΤΗΣ ADA2b ΔΡΑ ΣΕ ΣΥΝΕΡΓΕΙΑ ΜΕ ΤΟΝ ΥΠΟΔΟΧΕΑ ΤΩΝ ΒΡΑΣΣΙΝΟΣΤΕΡΟΕΙΔΩΝ BRL1 ΣΤΟ ARABIDOPSIS THALIANA

Τσολακίδου Μαρία^{1,2}, Τερσενίδης Χρήστος¹, Παπαδημητρίου Αλέξανδρος¹, Βλαχονάσιος Κωνσταντίνος¹

1. Τομέας Βοτανικής, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

2. ΠΜΣ Εφαρμογές στη Βιολογία, “Βιοτεχνολογία-Μοριακός και Μικροβιολογικός Έλεγχος Προϊόντων και Τροφίμων”, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

Ο μεταγραφικός προσαρμοστής ALTERATION/DEFICIENCY IN ACTIVATION 2b (ADA2b) ενισχύει τη δράση της ακετυλοτρανσφεράσης των ιστονών GENERAL CONTROL NON-DEPRESSIBLE 5 (GCN5) στο σύμπλοκο SAGA στο Arabidopsis. Μεταλλάγματα ada2b παρουσιάζουν νανισμό, παρεκκλίνουσα ανάπτυξη της ρίζας, του βλαστού και των ανθέων. Τα βρασσινοστεροειδή είναι στεροειδείς ορμόνες των φυτών που συμμετέχουν σε διάφορες αναπτυξιακές διεργασίες, όπως είναι η κυτταρική διαίρεση και επιμήκυνση. Ο BRASSINOSTEROID INSENSITIVE-1 (BRI1) είναι ο κεντρικός υποδοχέας αντίληψης των βρασσινοστεροειδών στην κυτταρική επιφάνεια και χαρακτηρίζεται από ευρύ πρότυπο έκφρασης, ενώ η έκφραση του ομόλογου υποδοχέα BRI1-LIKE 1 (BRL1) περιορίζεται στο αγγειακό σύστημα. Προκειμένου να βρεθεί αν υπάρχει γενετική αλληλεπίδραση μεταξύ της ADA2b και της σηματοδότησης των βρασσινοστεροειδών στο Arabidopsis, δημιουργήθηκε και μελετήθηκε το διπλό μετάλλαγμα ada2b-1brl1. Ο φαινοτυπικός χαρακτηρισμός των ada2b-1brl1 σε διάφορα αναπτυξιακά στάδια έδειξε πως το brl1 ενίσχυε το φαινότυπο του ada2b-1 στα υπέργεια μέρη του φυτού αλλά και κατά την ανάπτυξη της ρίζας. Πιο συγκεκριμένα, τα ada2b-1brl1 χαρακτηρίζονταν από νανισμό, καθώς ήταν μικρότερα σε μέγεθος από ίδιας ηλικίας ada2b-1, από σκούρα πράσινα αναδιπλωμένα φύλλα και στείρα άνθη. Η ρίζα τους ήταν κοντύτερη από τη ρίζα των ada2b-1 και brl1 και αναπτυσσόταν με βραδύτερο ρυθμό. Συνολικά, φαίνεται πως ο μεταγραφικός προσαρμοστής ADA2b δρα συνεργιστικά με τον υποδοχέα BRL1 κατά την ανάπτυξη της ρίζας, του βλαστού και των ανθέων του *A. thaliana*.

**THE TRANSCRIPTIONAL ADAPTOR ADA2B ACTS SYNERGISTICALLY WITH
THE BRASSINOSTEROID RECEPTOR BRL1 IN ARABIDOPSIS THALIANA**

Tsolakidou Maria^{1,2}, Tersenidis Christos¹, Papadimitriou Alexandros¹, Vlachonassios Konstantinos^{1,2}

1. Department of Botany, School of Biology, Faculty of Science, Aristotle University of Thessaloniki

2. MSc in Biological Applications, "Biotechnology-Molecular and Microbiological Analysis of Products and Food", School of Biology, Faculty of Science, Aristotle University of Thessaloniki

The transcriptional adaptor ALTERATION/DEFICIENCY IN ACTIVATION 2b (ADA2b) enhances the activity of GENERAL CONTROL NON-DEPRESSIBLE 5 (GCN5), a histone acetyltransferase, in the SAGA complex of Arabidopsis. *ada2b* mutants are characterized by dwarfism and aberrant root, shoot and flower development. Brassinosteroids are plant steroidal hormones involved in various developmental processes such as cell division and elongation. BRASSINOSTEROID INSENSITIVE-1 (BRI1) is the main receptor mediating brassinosteroid perception in the cell surface and is characterized by a wide expression pattern in the plant, while the expression of its homolog BRI1-LIKE 1 (BRL1) is mainly limited to the vascular tissues. Accordingly, *ada2b-1brl1* double mutants were generated and studied to investigate whether a genetic interaction exists between ADA2b and brassinosteroid signaling in Arabidopsis. Phenotypic characterization of *ada2b-1brl1* showed that *brl1* enhances the phenotype of *ada2b-1* in the above-ground organs and the root. Moreover, *ada2b-1brl1* were characterized by dwarfism, as they were even shorter than *ada2b-1* plants of the same age, dark green folded leaves and sterile flowers. Their roots were shorter than those of the single mutants and presented a reduced growth rate. Overall, ADA2b and BRL1 act synergistically to regulate root, shoot, and flower development in *A. thaliana*.

**ΜΕΛΕΤΗ ΤΗΣ ΠΟΙΚΙΛΟΤΗΤΑΣ, ΒΙΟΓΕΩΓΡΑΦΙΑΣ ΚΑΙ ΣΥΣΤΗΜΑΤΙΚΗΣ
ΕΝΤΟΜΩΝ ΤΗΣ ΟΙΚΟΓΕΝΕΙΑΣ STAPHYLINIDAE (INSECTA: COLEOPTERA)
ΣΤΗΝ ΕΛΛΑΔΑ ΜΕ DNA BARCODING ΕΥΡΕΙΑΣ ΚΛΙΜΑΚΑΣ: ΠΡΟΚΑΤΑΡΚΤΙΚΑ
ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ**

Τσολερίδης Κωνσταντίνος^{1*}, Χατζηκαλλινικίδης Γεώργιος^{1*}, Καλαεντζής Κωνσταντίνος^{1,2},
Αβτζής Δημήτριος³, Καλτσίδης Αχιλλέας^{3,4}, Καϊτετζίδου Ελισάβετ¹, Κόκκαρη Αναστασία⁴,
Φλώρος Γεώργιος⁴, Κωβαίος Δημήτριος⁴, Τριανταφυλλίδης Αλέξανδρος¹

*1. Τομέας Γενετικής, Ανάπτυξης και Μοριακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Σχολή Θετικών Επιστημών,
Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης*

2. Ελληνικό Κέντρο Θαλάσσιων Ερευνών, Υδροβιολογικός Σταθμός Ρόδου

3. Ινστιτούτο Δασικών Ερευνών, Ελληνικός Γεωργικός Οργανισμός «ΔΗΜΗΤΡΑ»

*4. Εργαστήριο Εφαρμοσμένης Ζωολογίας και Παρασιτολογία, Σχολή Γεωπονίας, Αριστοτέλειο
Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης*

**Ισότιμη συνεισφορά*

Η Οικογένεια Staphylinidae (Insecta: Coleoptera) είναι μια από τις πολυπληθέστερες σε αριθμό ειδών Οικογένειες Κολεόπτερον στον πλανήτη. Η μελέτη ειδών της Οικογένειας στην Ελλάδα έχει επικεντρωθεί κυρίως σε νησιά και βασίζεται σχεδόν αποκλειστικά σε μορφολογικά κριτήρια. Με την ανάπτυξη γενετικών μεθόδων ταυτοποίησης ειδών, όπως το DNA barcoding, προκύπτει η ανάγκη μιας μαζικής μελέτης των εντόμων της Οικογένειας Staphylinidae στην Ελλάδα, με σκοπό τον προσδιορισμό της ποικιλότητας, βιογεωγραφίας και συστηματικής τους. Στο πλαίσιο του ευρωπαϊκού προγράμματος BGE (Biodiversity Genomics Europe) πραγματοποιήθηκε δειγματοληψία από πολλαπλές περιοχές της Ελλάδας και έγινε η αλληλούχιση του μιτοχονδριακού δείκτη COI. Από την ανάλυση 342 δειγμάτων, έγινε η ταυτοποίηση 30 ειδών αποκλειστικά χρησιμοποιώντας DNA barcoding και φυλογενετικές αναλύσεις. Επιπλέον, βρέθηκαν άλλες 25 διακριτές ταξινομικές μονάδες, για τις οποίες απαιτείται περαιτέρω μορφολογική εξέταση. Συνολικά, βρέθηκαν έντομα που κατατάσσονται σε 29 γένη από 9 υπο-οικογένειες. Παρουσιάζονται οι πρώτες εθνικές καταγραφές εννέα ειδών στην Ελλάδα και πραγματοποιείται ο εμπλουτισμός της βάσης γενετικών δεδομένων BOLD με 223 νέα barcodes. Κρίνεται αναγκαία η αναθεώρηση πολλών ταξινομικών μονάδων μετά από εύρεση κρυπτικών ειδών κατά τη διενέργεια φυλογενετικών αναλύσεων, καθώς και η διόρθωση λανθασμένων ταυτοποιήσεων στη βάση δεδομένων BOLD.

STUDY OF THE DIVERSITY, BIOGEOGRAPHY AND SYSTEMATICS OF INSECTS OF THE FAMILY STAPHYLINIDAE (INSECTA: COLEOPTERA) IN GREECE USING LARGE-SCALE DNA BARCODING: PRELIMINARY RESULTS

Tsoleridis Konstantinos^{1*}, Chatzikalnikidis Georgios^{1*}, Kalaentzis Konstantinos^{1,2}, Avtzis Dimitrios³, Kaltsidis Achilleas^{3,4}, Kaitetzidou Elisavet¹, Kokkari Anastasia⁴, Floros Georgios⁴, Koveos Dimitrios⁴, Triantafyllidis Alexandros¹

1 Department of Genetics, Development & Molecular Biology, School of Biology, Faculty of Science, Aristotle University of Thessaloniki

2 Hellenic Centre for Marine Research. Hydrobiological Station of Rhodes

3 Forest Research Institute, Hellenic Agricultural Organization «Dimitra»

4 Laboratory of Applied Zoology and Parasitology, School of Agriculture, Aristotle University of Thessaloniki

**Equal contribution*

Staphylinidae (Insecta: Coleoptera) is one of the largest and most diverse beetle families, comprising an enormous number of species with worldwide distribution. Taxonomic studies of Staphylinidae in Greece are mainly based on insular specimens and rely almost exclusively on morphological criteria. Advances in species identification techniques based on genetic markers, such as DNA barcoding, set the ground for a large-scale research of Staphylinidae in Greece, in order to determine the diversity, biogeography and taxonomy of this taxon. As part of the Biodiversity Genomics Europe initiative, specimens were collected from multiple regions of mainland and insular Greece and were studied using the mitochondrial COI marker. Through analysis of 342 specimens, a total of 30 species were identified solely based on their genetic barcodes and phylogenetic analyses, as well as 25 additional MOTUs were distinguished, but require morphological identification. In total, 29 genera were identified, belonging to 9 subfamilies. In this study, first national records for Greece are presented for nine species, while the BOLD database is enriched with 223 new barcodes. Finally, the revision of several taxonomic units is proposed, due to the discovery of putative cryptic species, as well as the corrections of numerous misidentified specimens in BOLD.

Η ΠΑΡΑΓΟΜΕΝΗ ΑΠΟ ΜΑΚΡΟΦΑΓΑ ΙΝΤΕΡΛΕΥΚΙΝΗ-6 ΩΣ ΔΥΝΗΤΙΚΟΣ ΒΙΟΔΕΙΚΤΗΣ ΓΙΑ ΤΗ ΣΧΙΖΟΦΡΕΝΕΙΑ

Υφαντίδης Ο.1, Janho Μ.2, Παπαλιάγκα Μ.Ν.3, Μεζίλης Λ.2, Χαλαλάκη Ε.2, Κυλινδρής Β.2, Χριστοδούλου Ν.3, Β.Ι. Campbell4, Ασπροδίνη Ε2., Παπουτσοπούλου Σ.1

1. Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας
2. Εργαστήριο Κλινικής Φαρμακολογίας, Τμήμα Ιατρικής, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας
3. Ψυχιατρική Κλινική, Πανεπιστημιακό Γενικό Νοσοκομείο Λάρισας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας
4. Institute of Infection, Veterinary & Ecological Sciences, Faculty of Health and Life Sciences, University of Liverpool

Η σχιζοφρένεια αποτελεί ένα χρόνια, πολυπαραγοντικό, ψυχιατρικό νόσημα που χαρακτηρίζεται, μεταξύ άλλων, από θετικά και αρνητικά συμπτώματα και γνωσιακά ελλείμματα, επηρεάζοντας σε σημαντικό βαθμό την ποιότητα ζωής των ασθενών. Η εμπλοκή φλεγμονωδών διαμεσολαβητών στην παθοφυσιολογία της νόσου έχει γίνει ευρέως αποδεκτή, και ιδιαίτερα αυτή της ιντερλευκίνης 6 (IL-6). Η IL-6, εκτός του ρόλου της στη φλεγμονή, λειτουργεί δίκην νευροτροφίνης, παίζει σημαντικό ρόλο στη νευρογένεση, στη λειτουργία των νευρώνων και των νευρογλοιακών κυττάρων, και η έκφρασή της επηρεάζεται σε ποικίλες νόσους του εγκεφάλου. Καθώς η δυσλειτουργία του ανοσιακού συστήματος μπορεί να συμβάλει στην παθογένεια της σχιζοφρένειας, διερευνήσαμε τα επίπεδα της IL-6, τόσο στον ορό του αίματος, όσο και σε καλλιέργειες μακροφάγων προερχόμενων από μονοκύτταρα του περιφερικού αίματος (PBMC-προερχόμενα μακροφάγα), μεταξύ υγιών δοτών και ασθενών με σχιζοφρένεια. Στην παρούσα, περιγραφική, συγχρονική μελέτη ασθενών-μαρτύρων, συμμετείχαν 14 ασθενείς και 6 υγιείς δότες, αντίστοιχης ηλικίας και δείκτη μάζας σώματος (BMI). Τα επίπεδα της IL-6 στον ορό του αίματος ανιχνεύθηκαν με ELISA. PBMC-προερχόμενα μακροφάγα καλλιεργήθηκαν και ενεργοποιήθηκαν με 100 ng/ml λιποπολυσακχαρίτη (LPS) για 24 ώρες. Ακολούθησε μέτρηση της εξωκυτταρίως εκκρινόμενης IL-6 με ELISA και της ενδοκυττάριας IL-6 με κυτταρομετρία ροής. Η IL-6 ήταν μη ανιχνεύσιμη στον ορό των συμμετεχόντων, με εξαίρεση δύο ασθενείς που παρουσίασαν υψηλά επίπεδα IL-6 (1,500.0 pg/ml and 6,000.0 pg/ml). Αντίθετα, οι καλλιέργειες μακροφάγων υγιών δοτών παρήγαγαν στατιστικώς σημαντικά υψηλότερα επίπεδα IL-6, συγκριτικά με κύτταρα από ασθενείς. Τα αποτελέσματα της παρούσας, πιλοτικής μελέτης υποδηλώνουν μία πιθανώς εγγενή δυσλειτουργία των διαφοροποιημένων μακροφάγων των ασθενών στην έκκριση IL-6 *in vitro* και συμφωνούν με τη διεθνή βιβλιογραφία περί ανοσολογικής δυσλειτουργίας στη σχιζοφρένεια, επισημαίνοντας τον δυναμικό ρόλο της IL-6 ως βιοδείκτη της νόσου.

MACROPHAGE-SPECIFIC INTERLEUKIN-6 LEVELS AS A POTENTIAL BIOMARKER FOR SCHIZOPHRENIA

Yfantidis O.1, Janho M.2, Papaliaga M.N.3, Mezilis L.2, Chalalaki E.2, V. Kilindris2, Christodoulou N.3, Asproдини E.2, Papoutsopoulou S.1, B.J. Campbell4

1. Department of Biochemistry and Biotechnology, University of Thessaly

2. Laboratory of Clinical Pharmacology, Faculty of Medicine, University of Thessaly

3. Psychiatry Clinic, Faculty of Medicine, University of Thessaly

4. Institute of Infection, Veterinary & Ecological Sciences, Faculty of Health and Life Sciences, University of Liverpool

Schizophrenia is a chronic and multifactorial psychiatric disorder characterized by positive, negative and cognitive symptoms, leading to significant impairment in patients' quality of life. The involvement of inflammatory mediators in the pathophysiology of the disorder has been well documented, with particular emphasis on interleukin-6 (IL-6). IL-6 has a neurotrophin-like function, plays a pivotal role in neurogenesis and in neuronal and glial function and its expression is affected in several brain diseases. As disturbances of the immune system may contribute to the pathogenesis of schizophrenia, we investigated the IL-6 levels in serum and in peripheral blood mononuclear cells (PBMCs)-derived macrophage cultures between healthy donors and patients. This case-control descriptive cross-sectional study was conducted on 14 patients with schizophrenia and 6 healthy volunteers matched for age and BMI to the patient group. IL-6 levels in serum were measured by ELISA. PBMC-derived macrophages were stimulated with 100ng/ml lipopolysaccharide (LPS) for 24h and IL-6 levels were assessed by ELISA (extracellular) and by flow cytometry (intracellular). IL-6 was undetectable in the serum of all donors except of two patients who exhibited high IL-6 serum levels (1,500.0 pg/ml and 6,000.0 pg/ml). Moreover, LPS-stimulated macrophages derived from healthy donors produced statistically significant higher levels of IL-6 compared to cells derived from patients. The preliminary findings of the present study are indicative of a putative defective ability of differentiated macrophages in IL-6 production and are in line with the current literature demonstrating immune dysregulation in schizophrenia, highlighting the potential role of IL-6 as a biomarker of the disorder.

ΕΠΙΔΡΑΣΗ ΤΩΝ ΠΡΟΪΟΝΤΩΝ ΘΕΡΜΑΝΣΗΣ ΚΑΠΝΟΥ (HEATED TOBACCO PRODUCTS, HTPs) ΣΤΗΝ ΑΝΑΠΤΥΞΗ ΜΙΚΡΟΦΥΚΩΝ ΓΛΥΚΟΥ ΚΑΙ ΑΛΜΥΡΟΥ ΝΕΡΟΥ

Φιστέ Αναστασία Αποστολία¹, Καϊρακτίδη Νεφέλη Ζωή¹, Αγιανδρίτης Γεράσιμος¹, Δελή Χαραλαμπία¹, Γιοβά Λαμπρινή¹, Νταϊλιάνης Στέφανος¹, Αντωνοπούλου Μαρία², Βλαστός Δημήτρης¹

1. Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 26504, Πάτρα

2. Τμήμα Αειφορικής Γεωργίας, Πανεπιστήμιο Πατρών, 30131, Αγρίνιο

Η χρήση των προϊόντων θέρμανσης καπνού (Heated Tobacco Products, HTPs) έχει παρουσιάσει σημαντική αύξηση τα τελευταία χρόνια, γεγονός που αποδίδεται στην εκτιμώμενη μειωμένη παραγωγή τοξικών ουσιών σε σύγκριση με τα συμβατικά τσιγάρα, καθώς ο καπνός θερμαίνεται σε χαμηλότερες θερμοκρασίες (~350 °C έναντι ≥600 °C). Παρ' όλα αυτά, ο περιβαλλοντικός αντίκτυπος της αυξανόμενης χρήσης των προϊόντων αυτών εγείρει σοβαρές ανησυχίες, δεδομένου ότι ετησίως αποτίθενται στο περιβάλλον περίπου 4,5 τρισεκατομμύρια αποτσίγαρα και ράβδοι καπνού. Η παρούσα μελέτη διερευνά τις οικοτοξικολογικές επιπτώσεις του εκπλύματος HTPs σε τέσσερα είδη μικροφυκών γλυκού και αλμυρού νερού (*Scenedesmus rubescens*, *Chlorococcum* sp., *Tisochrysis lutea* και *Dunaliella tertiolecta*). Με στόχο την προσομοίωση φυσικών περιβαλλοντικών συνθηκών, σε 1 L απιονισμένο νερό προστέθηκαν 120 HTPs και διατηρήθηκαν για 10 ημέρες, υπό ελεγχόμενες συνθήκες, όπως συνεχής παροχή οξυγόνου, σταθερή θερμοκρασία (22 °C), φωτοπερίοδος 12/12 ωρών φωτός/σκότους και περιοδική ανάδευση διάρκειας 4 ωρών ημερησίως. Οι καλλιέργειες των μικροφυκών εκτέθηκαν για 96 ώρες σε 0.1, 0.5 και 1% v/v του εκπλύματος, υπό συνθήκες σταθερής θερμοκρασίας (22° C), φωτισμού (3200 lux) και συνεχούς ανάδευσης. Ανά 24 ώρες πραγματοποιήθηκε καταμέτρηση κυττάρων και υπολογισμός του ρυθμού ανάπτυξης (growth rate, μ) και του ποσοστού παρεμπόδισης της ανάπτυξης (I%). Τα αποτελέσματα έδειξαν δόσοεξαρτώμενη μείωση του ρυθμού ανάπτυξης σε όλα τα είδη, ενώ η παρεμπόδιση αυξανόταν με το χρόνο έκθεσης. Τα επίπεδα τοξικότητας διαφοροποιήθηκαν μεταξύ των ειδών, λόγω διαφορών στη μορφολογία και στους αντιοξειδωτικούς μηχανισμούς τους. Τα ευρήματα της παρούσας μελέτης υποδεικνύουν τις δυσμενείς οικοτοξικολογικές επιπτώσεις των HTPs σε φωτοσυνθετικούς μικροοργανισμούς γλυκού και αλμυρού νερού, επισημαίνοντας την ανάγκη περαιτέρω έρευνας για τις συνέπειες που μπορεί να επιφέρουν στα υδάτινα οικοσυστήματα.

EFFECTS OF HEATED TOBACCO PRODUCTS (HTPs) ON THE GROWTH OF FRESHWATER AND MARINE MICROALGAE

Fiste Anastasia Apostolia¹, Kairaktidi Nefeli Zoi¹, Agiandritis Gerasimos¹, Deli Charalampia¹, Giova Lambrini¹, Dailianis Stefanos¹, Antonopoulou Maria², Vlastos Dimitris¹

1. Department of Biology, University of Patras, GR-26504, Patras

2. Department of Sustainable Agriculture, University of Patras, GR-30131 Agrinio, Greece

The use of heated tobacco products (HTPs) has increased significantly in recent years, a trend attributed to their reportedly lower production of toxic substances compared to conventional cigarettes, as tobacco is heated at lower temperatures (~350 °C versus ≥600 °C). Nevertheless, the environmental impact of the growing use of these products raises serious concerns, given that approximately 4.5 trillion cigarette butts and tobacco sticks are discarded into the environment annually. The present study investigates the ecotoxicological effects of HTPs leachate on four species of freshwater and marine microalgae (*Scenedesmus rubescens*, *Chlorococcum* sp., *Tisochrysis lutea*, and *Dunaliella tertiolecta*). For the preparation of the leachate, 120 HTPs were added in 1 L of deionized water for 10 days under controlled conditions, including continuous aeration, constant temperature (22 °C), a 12/12 h light/dark photoperiod, and periodic agitation for 4 h daily, in order to simulate natural environmental conditions. Microalgal cultures were exposed for 96 hours to 0.1, 0.5, and 1% v/v of leachate under constant temperature (22 °C), illumination (3200 lux), and continuous agitation. Every 24 hours, cell counts were performed and the growth rate (μ) and percentage growth inhibition (I%) were calculated. The results demonstrated a dose-dependent reduction in growth rate across all species, while growth inhibition increased with exposure time. Toxicity levels varied among species due to differences in morphology and antioxidant mechanisms. The findings of the present study indicate the adverse ecotoxicological effects of HTPs on photosynthetic microorganisms in freshwater and marine environments, highlighting the need for further research into their potential impacts on aquatic ecosystems.

**ΤΑΥΤΟΠΟΙΗΣΗ ΚΑΙ ΜΕΛΕΤΗ ΕΞΩΧΡΩΜΟΣΩΜΙΚΩΝ DNA ΣΕ ΑΝΘΡΩΠΙΝΕΣ
ΚΑΡΚΙΝΙΚΕΣ ΣΕΙΡΕΣ ΧΡΗΣΙΜΟΠΟΙΩΝΤΑΣ ΤΗΝ ΤΕΧΝΟΛΟΓΙΑ
ΑΛΛΗΛΟΥΧΗΣΗΣ ΣΕ ΝΑΝΟΠΟΡΟ**

Φλέγκα Πλητώ-Θεοδώρα, Τσιακανίκας Παναγιώτης, Αθανασοπούλου Κωνσταντίνα,
Αδαμόπουλος Παναγιώτης, Σκορίλας Ανδρέας

Τομέας Βιοχημείας και Μοριακής Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Πανεπιστήμιο Αθηνών

Τα εξωχρωμοσωμικά κυκλικά DNA (eccDNAs) είναι αυτοτελείς γενετικές οντότητες οι οποίες προκύπτουν από την ατελή επιδιόρθωση σοβαρών γενετικών βλαβών, όπως η χρωμοθρύψη, οι θραύσεις διπλής αλυσίδας και τα σφάλματα αντιγραφής. Η σύγχρονη έρευνα υπογραμμίζει τον κρίσιμο ρόλο τους στην ογκογένεση, την καρκινική εξέλιξη και την κυτταρική ετερογένεια, καθώς οι αυτόνομες αυτές δομές αποτελούν μηχανισμό γονιδιακής επέκτασης, ενώ ταυτόχρονα μπορούν και να ενισχύουν την έκφραση ογκογονιδίων λειτουργώντας ως υπερ-ενισχυτές. Η παρούσα μελέτη είχε ως στόχο την ταυτοποίηση και τη διερεύνηση της δομής και της λειτουργίας των eccDNAs σε ανθρώπινες καρκινικές κυτταρικές σειρές. Η μεθοδολογία που ακολουθήθηκε περιελάμβανε την απομόνωση του DNA και τον στοχευμένο εμπλουτισμό των eccDNAs μέσω της ενζυμικής αποδόμησης του γραμμικού χρωμοσωμικού, αλλά και του μιτοχονδριακού DNA, αφού πρώτα το τελευταίο μετατράπηκε σε γραμμικό *in vitro* με τη χρήση της νουκλεάσης Cas9 και κατάλληλων οδηγών RNA. Στη συνέχεια, τα eccDNAs ενισχύθηκαν με τη μέθοδο του κυλιόμενου κύκλου, αναλύθηκαν μέσω αλληλούχησης μακράς ανάγνωσης (nanopore sequencing) και μελετήθηκαν βιοπληροφορικά. Τα αποτελέσματα της έρευνας αποκάλυψαν την ύπαρξη περισσότερων από 1.000 διαφορετικών eccDNAs τα οποία προέρχονταν από όλα τα χρωμοσώματα, ανεξάρτητα από το μέγεθός τους. Το πιο σημαντικό εύρημα, ωστόσο, ήταν πως η πλειοψηφία αυτών των δομών (άνω του 30%) αντιστοιχεί σε μεταγραφικά ενεργές περιοχές. Παράλληλα, διαπιστώθηκε σημαντικός εμπλουτισμός των eccDNAs σε γενωμικές θέσεις στις οποίες εδράζονται ογκοσχετιζόμενα γονίδια (όπως τα PIK3CB, WNT2B και NCAM1), υποδεικνύοντας την πιθανά άμεση και λειτουργική συμβολή τους στην παθογένεια των ανθρώπινων κακοηθειών.

IDENTIFICATION AND STUDY OF EXTRACHROMOSOMAL CIRCULAR DNA IN HUMAN CANCER CELL LINES USING NANOPORE SEQUENCING

Flegka Plito-Theodora, Tsiakanikas Panagiotis, Athanasopoulou Konstantina, Adamopoulos Panagiotis, Scorilas Andreas

Department of Biochemistry and Molecular Biology, University of Athens

Extrachromosomal circular DNAs (eccDNAs) are unique genetic entities located within eukaryotic nuclei. Recently, interest has shifted toward their potential roles in development, evolution and contribution to the heterogeneity of human malignancies. eccDNA formation is typically associated with repair deficits following genetic events like chromothripsis, double-strand breaks, breakage-fusion-bridge (BFB) cycles, and replication errors. These processes enable specific genomic segments to be excised and reorganized into independent circular structures. Functionally, eccDNAs promote oncogenesis by driving oncogene amplification and acting as super-enhancers. This study aimed to provide a detailed structural investigation of eccDNAs in human cancer cell lines. DNA was isolated from cancer cell lines and enriched for eccDNAs through enzymatic cleavage of linear chromosomal DNA. Similarly, mitochondrial DNA was removed after being linearized in vitro using the Cas9 nuclease and specific guide RNAs (gRNAs). Enriched eccDNAs were then amplified through rolling circle amplification (RCA). These products served as the template for constructing long-read sequencing libraries using nanopore technology. Finally, bioinformatics analysis was used to detect, annotate and functionally characterize the identified eccDNAs. The study successfully identified over 1,000 distinct eccDNAs originating from all chromosomes, regardless of their size. A key finding was that the majority of these structures (over 30%) correspond to transcriptionally active genomic regions. Furthermore, a significant enrichment of eccDNAs was observed at genomic loci hosting tumor-related gene sequences (such as PIK3CB, WNT2B and NCAM1), suggesting a direct and functional contribution to the pathogenesis of human malignancies.

**ΔΙΕΡΕΥΝΗΣΗ ΤΗΣ ΠΛΗΘΥΣΜΙΑΚΗΣ ΔΟΜΗΣ ΚΑΙ ΤΗΣ ΦΥΛΟΓΕΩΓΡΑΦΙΚΗΣ
ΙΣΤΟΡΙΑΣ ΤΟΥ ΓΚΡΙΖΟΥ ΛΥΚΟΥ (CANIS LUPUS) ΣΤΗΝ ΕΛΛΑΔΑ**

Φυτά Αθανασία¹, Γαλάνη Κερασία¹, Ηλιόπουλος Γιώργος², Ιωακειμίδου Αιμιλία¹, Πετρίδου Μαρία^{2,3}, Καραϊσκού Νικολέττα¹

- 1. Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, Θεσσαλονίκη 54124*
- 2. Περιβαλλοντική Οργάνωση Καλλιστώ, Βελισσαρίου 3, Θεσσαλονίκη 54640*
- 3. Τμήμα Βιολογικών Εφαρμογών και Τεχνολογιών, Πανεπιστήμιο Ιωαννίνων, Ιωάννινα 45110*

Παρά την ευρεία ιστορική εξάπλωση του γκριζου λύκου (*Canis lupus*) στην Ευρώπη, ανθρωπογενείς επιδράσεις και πιέσεις οδήγησαν σε σημαντική συρρίκνωση των πληθυσμών του. Ωστόσο, τα τελευταία χρόνια, χάρη στην εφαρμογή μέτρων προστασίας, ο λύκος υφίσταται πληθυσμιακή ανάκαμψη σε αρκετές περιοχές της Ευρώπης, μεταξύ αυτών και στην Ελλάδα. Στόχος της παρούσας μελέτης ήταν η διερεύνηση της φυλογεωγραφίας του ελληνικού πληθυσμού του είδους καθώς και η εκτίμηση της γενετικής ποικιλότητας και της γενετικής του δομής. Για το σκοπό αυτό, αναλύθηκαν 45 δείγματα ιστού και αίματος, με προέλευση κυρίως από τη βόρεια και κεντρική Ελλάδα, σε τμήμα της περιοχής της D-loop του mtDNA καθώς και σε 13 μικροδορυφορικούς δείκτες. Από την ανάλυση του μιτοχondριακού DNA, εντοπίστηκαν 11 απλότυποι, εκ των οποίων οι τέσσερις καταγράφονται στην Ελλάδα για πρώτη φορά και οι τρεις είναι μοναδικοί για την χώρα, ενώ τα επίπεδα της απλοτυπικής και νουκλεοτιδικής ποικιλότητας ήταν υψηλά. Η σύγκριση με αντίστοιχους ευρωπαϊκούς απλότυπους επιβεβαιώνουν το διαχωρισμό του ελληνικού πληθυσμού γκριζου λύκου σε δύο διακριτές απλοομάδες, οι οποίες αντανακλούν διαφορετικές εξελικτικές γραμμές και ιστορικά γεγονότα. Η υψηλή γενετική ποικιλότητα επιβεβαιώνεται και από την ανάλυση του μικροδορυφορικού DNA, ενώ η απουσία σαφούς γενετικής δομής και η ύπαρξη ενός γενετικά συνεκτικού πληθυσμού στην Ελλάδα είναι συμβατή είτε με το σενάριο αυξημένης και συνεχιζόμενης γονιδιακής ροής εντός του πληθυσμού, είτε αποδίδεται σε προχωρημένο στάδιο ανάμειξης παλαιότερων γενεαλογικών συνιστωσών ή υποπληθυσμών. Συνολικά, τα αποτελέσματά μας αναδεικνύουν για άλλη μια φορά την συμβολή της Ελλάδας στη διατήρησης υψηλή γενετικής ποικιλότητας στα Βαλκάνια. Η μελέτη υλοποιήθηκε με τη χρηματοδότηση του Προγράμματος LIFE WILD WOLF και του Προγράμματος για τα Μεγάλα Σαρκοφάγα που υλοποιείται από την Περιβαλλοντική Οργάνωση Καλλιστώ στο πλαίσιο της πρωτοβουλίας Συμμαχία για την Άγρια Ζωή.

**INVESTIGATION OF THE POPULATION STRUCTURE AND THE
PHYLOGEOGRAPHIC HISTORY OF THE GREY WOLF (CANIS LUPUS) IN
GREECE**

Fyta Athanasia¹, Galani Kerasia¹, Iliopoulos Yorgos², Ioakeimidou Aimilia¹, Petridou Maria^{2,3}, Karaiskou Nikoleta¹

1. School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, Thessaloniki 54124

2. Callisto Wildlife and Nature Conservation Society, Velissariou 3, Thessaloniki 54640

3. Department of Biological Applications and Technology, University of Ioannina, Ioannina 45110

Despite the wide historical distribution of the grey wolf (*Canis lupus*) in Europe, anthropogenic impacts and pressures led to a significant decline in its populations. However, in recent years, thanks to the implementation of protection measures, the wolf is undergoing a population recovery in several regions of Europe, including Greece. The aim of the present study was to investigate the phylogeography of the Greek population of the species, as well as to assess its genetic diversity and genetic structure. For this purpose, 45 tissue and blood samples, originating mainly from northern and central Greece, were analyzed in a segment of the D-loop region of mtDNA, as well as in 13 microsatellite markers. From the analysis of mitochondrial DNA, 11 haplotypes were identified, of which four are recorded in Greece for the first time and three are unique to the country, while the levels of haplotypic and nucleotide diversity were high. Comparison with corresponding European haplotypes confirms the separation of the Greek grey wolf population into two distinct haplogroups, which reflect different evolutionary lineages and historical events. The high genetic diversity is also confirmed by the microsatellite DNA analysis, while the absence of a clear genetic structure and the presence of a genetically cohesive population in Greece is compatible either with the scenario of increased and continuous gene flow within the population, or it can be attributed to an advanced stage of admixture among older genealogical components or subpopulations. Overall, our results highlight once again the contribution of Greece to the maintenance of high genetic diversity in the Balkans. This study was funded under the LIFE WILD WOLF project and the Large Carnivores Project: Activities Supporting the Conservation of Large Carnivores and their Coexistence with Humans in Greece, implemented by the Callisto Wildlife and Nature Conservation Society as part of the Greek Wildlife Alliance initiative.

ΕΝΤΑΤΙΚΟΠΟΙΗΣΗ ΤΗΣ ΓΕΩΡΓΙΑΣ ΚΑΙ ΔΙΑΘΕΣΙΜΟΤΗΤΑ ΤΡΟΦΙΚΩΝ ΠΟΡΩΝ ΣΕ ΑΓΡΟΟΙΚΟΣΥΣΤΗΜΑΤΑ: Η ΣΥΜΒΟΛΗ ΤΩΝ ΕΛΑΦΟΒΙΩΝ ΚΟΛΕΟΠΤΕΡΩΝ ΩΣ ΔΕΙΚΤΕΣ ΔΥΝΗΤΙΚΗΣ ΛΕΙΑΣ

Χρηστάκης Χρήστος, Μακρή Μαρία, Σφουγγάρης Αθανάσιος

Εργαστήριο Διαχείρισης Οικοσυστημάτων και Βιοποικιλότητας, Τμήμα Γεωπονίας Φυτικής Παραγωγής και Αγροτικού Περιβάλλοντος, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας, Οδός Φυτόκου, 384 46 Ν.Ιωνία, Μαγνησία

Τα κολεόπτερα αποτελούν σημαντική ομάδα οργανισμών στα αγροοικοσυστήματα, συμβάλλοντας σε βασικές οικολογικές λειτουργίες και λειτουργώντας ως δείκτες βιοποικιλότητας. Η παρούσα μελέτη διερευνά την αφθονία και τη δομή της κοινότητας των εδαφόβιων Κολεοπτέρων σε αγροτικά οικοσυστήματα της Θεσσαλικής πεδιάδας κατά την αναπαραγωγική περίοδο του κικινεζιού (*Falco naumanni*), με έμφαση στη δυνητική διαθεσιμότητα λείας. Συνολικά καταγράφηκαν 18 οικογένειες Κολεοπτέρων, με κυρίαρχες τις Carabidae, Anthicidae, Silphidae, Tenebrionidae, Elateridae και Scarabaeidae. Η αφθονία τους, παρουσίασε σημαντικές διαφοροποιήσεις μεταξύ τύπων καλλιεργειών και δειγματοληπτικών περιόδων. Οι υψηλότερες τιμές καταγράφηκαν σε ψυχανθή, σιτηρά και αγραναπαύσεις, ενώ εντατικές καλλιέργειες όπως το βαμβάκι και το καλαμπόκι εμφάνισαν χαμηλότερες τιμές. Ταυτόχρονα, σημαντική επίδραση παρατηρήθηκε τόσο από τον τύπο καλλιέργειας όσο και από την εποχικότητα, καθώς και από την αλληλεπίδρασή τους. Τα αποτελέσματα υποδεικνύουν ότι τα αγροτικά τοπία με υψηλή ετερογένεια και παρουσία ημιφυσικών στοιχείων μπορούν να υποστηρίξουν αυξημένη διαθεσιμότητα των συγκεκριμένων θηραμάτων για το κικινέζι. Αντίθετα, η εντατικοποίηση της γεωργίας φαίνεται να περιορίζει τη διαθεσιμότητα αυτών των πόρων. Συνεπώς, η διατήρηση μωσαϊκού καλλιεργειών και αγραναπαύσεων αποτελεί κρίσιμη στρατηγική για τη διατήρηση της βιοποικιλότητας και την υποστήριξη ειδών αγροτικών οικοσυστημάτων.

AGRICULTURAL INTENSIFICATION AND TROPHIC RESOURCE AVAILABILITY IN AGROECOSYSTEMS: THE CONTRIBUTION OF GROUND COLEOPTERA AS INDICATORS OF POTENTIAL PREY

Christakis Christos, Makri Maria, Sfougaris Athanassios

Laboratory of Ecosystem Management and Biodiversity, Department of Agriculture Crop Production and Rural Environment, University of Thessaly, Fytokou street, 384 46, Volos

Coleoptera represent an important group of organisms in agroecosystems, contributing to key ecological functions and serving as indicators of biodiversity. The present study investigates the abundance and community structure of ground Coleoptera in agricultural ecosystems of the Thessaly Plain during the breeding season of the Lesser Kestrel (*Falco naumanni*), with emphasis on potential prey availability. A total of 18 Coleoptera families were recorded, with Carabidae, Anthicidae, Silphidae, Tenebrionidae, Elateridae and Scarabaeidae being the most dominant. Their abundance showed significant variation among crop types and sampling periods. The highest values were recorded in legumes, cereals and fallow land, while intensive crops such as cotton and maize exhibited lower values. At the same time, both crop type and seasonality, as well as their interaction, had a significant effect on Coleoptera abundance. The results suggest that agricultural landscapes characterized by high heterogeneity and the presence of semi-natural elements can support increased availability of these prey resources for the Lesser Kestrel. In contrast, agricultural intensification appears to reduce the availability of such resources. Therefore, the maintenance of a mosaic of crop types and fallow land constitutes a key strategy for biodiversity conservation and for supporting species associated with agroecosystems.

ΕΚΤΙΜΗΣΗ ΒΙΟΛΟΓΙΚΟΥ ΦΥΛΟΥ ΜΕ ΒΑΣΗ ΤΑ ΜΕΤΑΚΑΡΠΙΑ ΚΑΙ ΤΑ ΜΕΤΑΡΣΙΑ ΣΕ ΣΥΓΧΡΟΝΗ ΕΛΛΗΝΙΚΗ ΣΚΕΛΕΤΙΚΗ ΣΥΛΛΟΓΗ

Χριστοδούλου Χριστίνα, Γαρούφη Νεφέλη, Μαρκάκης Μάνος, Νικήτα Ευθυμία, Χοβαλοπούλου Μαρία-Ελένη

Εργαστήριο Φυσικής Ανθρωπολογίας Τμήματος Βιολογίας Εθνικού και Καποδιστριακού Πανεπιστημίου Αθηνών

Η εκτίμηση φύλου αποτελεί μία από τις σημαντικότερες παραμέτρους στη φυσική ανθρωπολογία κατά τη μελέτη σκελετικών καταλοίπων, καθώς, σε συνδυασμό με την ηλικία θανάτου, την καταγωγή και το ανάστημα, συμβάλλει καθοριστικά στην ταυτοποίηση του ατόμου και στη διαμόρφωση του βιολογικού του προφίλ. Στο πλαίσιο της παρούσας μελέτης, η εκτίμηση φύλου διερευνήθηκε μέσω οστεομετρικών μετρήσεων στα 1α και 5α μετακάρπια και 1α και 2α μετατάρσια οστά της σύγχρονης σκελετικής Συλλογής Αθηνών. Το συνολικό δείγμα αποτελούνταν από 162 ενήλικα άτομα, εκ των οποίων 86 ήταν αρσενικά και 76 θηλυκά. Χρησιμοποιήθηκαν μεταβλητές μήκους και πλάτους στην κεφαλή, τη βάση, και το μέσο σημείο της διάφυσης των οστών, οι οποίες εξετάστηκαν ξεχωριστά για έκφραση φυλετικού διμορφισμού. Στη συνέχεια, για την κατασκευή προκαταρκτικών μοντέλων εκτίμησης βιολογικού φύλου έγινε χρήση μεθόδων διαχωριστικής ανάλυσης. Συγκεκριμένα, διερευνήθηκαν συνδυασμοί μεταβλητών ανά οστό, ανατομική πλευρά, καθώς και με το σύνολο των σκελετικών στοιχείων. Τα αποτελέσματα της στατιστικής ανάλυσης ανέδειξαν σαφείς και στατιστικά σημαντικές διαφορές μεταξύ ανδρών και γυναικών στις μετρήσεις των εξεταζόμενων οστών. Συγκεκριμένα, οι άνδρες παρουσίασαν υψηλότερες μέσες τιμές στις περισσότερες μεταβλητές, επιβεβαιώνοντας την ύπαρξη φυλετικού διμορφισμού στα μετακάρπια και μετατάρσια οστά. Επιπλέον, η διακριτική ανάλυση έδειξε υψηλά ποσοστά ορθής ταξινόμησης με μέγιστη τιμή ακρίβειας 89.7% μετά από αξιολόγηση, υποδηλώνοντας ότι τα συγκεκριμένα οστά μπορούν να χρησιμοποιηθούν αποτελεσματικά για την εκτίμηση φύλου. Αξίζει να σημειωθεί πως το 2ο μετατάρσιο οστό έδωσε τα χειρότερα αποτελέσματα, ενώ η καλύτερη ακρίβεια ταξινόμησης παρατηρήθηκε στον συνδυασμό μετακαρπίων οστών. Συνεπώς, τα μετακάρπια και τα μετατάρσια αποτελούν χρήσιμα ανθρωπολογικά εργαλεία, ιδιαίτερα σε περιπτώσεις όπου τα σκελετικά κατάλοιπα είναι αποσπασματικά ή απουσιάζουν τα πλέον διαγνωστικά στοιχεία, όπως η πύελος ή το κρανίο.

SEX ESTIMATION BASED ON THE METACARPALS AND METATARSALS ON A MODERN GREEK SAMPLE

Christodoulou Christina, Garoufi Nefeli, Markakis Manos, Nikita Euthymia, Chovalopoulou Maria-Eleni

Physical Anthropology Laboratory Department of Biology National and Kapodistrian University of Athens

Sex estimation is one of the most critical parameters in physical anthropology when analyzing skeletal remains, as, in conjunction with age at death, ancestry, and stature, it plays a fundamental role in individual identification and the reconstruction of the biological profile. In the present study, sex estimation was investigated through osteometric measurements of the first and fifth metacarpals, as well as the first and second metatarsals, derived from the modern Athens skeletal collection. The total sample comprised 162 adult individuals, including 86 males and 76 females. Metric variables of length and breadth were recorded at the head, base, and midshaft of each bone and analyzed independently for the expression of sexual dimorphism. Subsequently, discriminant function analysis was applied to develop preliminary models for biological sex estimation. Specifically, variable combinations were examined by bone, anatomical side, and across the entire set of skeletal elements. The statistical analysis revealed clear and statistically significant differences between males and females in the measurements of the examined bones. In particular, males exhibited higher mean values across most variables, confirming the presence of sexual dimorphism in both metacarpal and metatarsal bones. Moreover, discriminant analysis demonstrated high classification accuracy, reaching a maximum of 89.7% following validation, indicating that these bones can be reliably used for sex estimation. Notably, the second metatarsal yielded the lowest performance, whereas the highest classification accuracy was achieved when combining measurements from the metacarpals. Overall, metacarpals and metatarsals represent valuable anthropological tools, particularly in cases where skeletal remains are fragmentary or when the most diagnostically informative elements, such as the pelvis or the skull, are absent.

ΚΑΤΑΓΡΑΦΗ ΤΗΣ ΕΡΠΕΤΟΠΑΝΙΔΑΣ ΣΤΟ ΝΕΟ ΘΑΛΑΣΣΙΟ ΠΑΡΚΟ ΝΟΤΙΟΥ ΑΙΓΑΙΟΥ: ΠΡΟΚΑΤΑΡΚΤΙΚΑ ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΚΑΙ ΠΡΟΟΠΤΙΚΕΣ ΔΙΑΤΗΡΗΣΗΣ

Χριστόπουλος Απόστολος^{1,2}, Καψανάκη Βασιλική¹, Δειμέζης-Τσίκουτας Άρης¹, Παφίλης Παναγιώτης^{1,2}

- 1. Τομέας Ζωολογίας και Θαλάσσιας Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών*
- 2. Ζωολογικό Μουσείο Εθνικού και Καποδιστριακού Πανεπιστημίου Αθηνών*

Η δημιουργία του νέου Θαλάσσιου Πάρκου Νοτίου Αιγαίου αποτελεί ένα ιστορικό βήμα για τη διατήρηση της βιοποικιλότητας στην περιοχή της Μεσογείου. Οι νησιωτικές εκτάσεις που περιλαμβάνονται εντός των ορίων των θαλάσσιων προστατευόμενων περιοχών φιλοξενούν πλούσια ερπετοπανίδα, η οποία παραμένει σε μεγάλο βαθμό λιγότερο καταγεγραμμένη. Στο πλαίσιο υλοποίησης του έργου BionIsle πραγματοποιήθηκε καταγραφή ερπετοπανίδας σε επιλεγμένες νησιωτικές περιοχές στο δυτικό τμήμα του νέου πάρκου, καθώς και αξιολόγηση κατανομής και σχετικής αφθονίας των ειδών. Οι δειγματοληψίες πραγματοποιήθηκαν την περίοδο 2025–2026, με συνδυασμό μεθοδολογιών πεδίου (γραμμικές διαδρομές, ενεργή αναζήτηση, τοποθέτηση φωτοπαγίδων), σε βραχονησίδες και νησιά του πάρκου. Παράλληλα, συλλέχθηκαν δεδομένα περιβαλλοντικών παραμέτρων με τοποθέτηση μετεωρολογικών σταθμών αέρος και εδάφους. Επιπλέον, πραγματοποιήθηκε καταγραφή πιέσεων, όπως η παρουσία ανθρωπογενών δραστηριοτήτων ή εισβλητικών ειδών. Τα προκαταρκτικά αποτελέσματα καταδεικνύουν υψηλή ποικιλότητα ειδών, με την παρουσία ενδημικών και νησιωτικών πληθυσμών σαυρών του γένους *Podarcis*, αντιπροσωπευτικών ειδών άλλων γενών σαυρών και φιδιών, καθώς και την ανακάλυψη πληθυσμού Βαλκανοβάτραχου στο νησί της Φολεγάνδρου. Παρατηρούνται διαφοροποιήσεις στην κατανομή των ειδών μεταξύ νησιών, οι οποίες φαίνεται να σχετίζονται με το μέγεθος του νησιού και τη δομή του ενδιαιτήματος. Τα ευρήματα υπογραμμίζουν τη σημασία ένταξης της χερσαίας ερπετοπανίδας στο σχεδιασμό και τη διαχείριση των θαλάσσιων προστατευόμενων περιοχών. Ιδιαίτερη σημασία παρουσιάζουν οι βραχονησίδες, οι οποίες λειτουργούν ως κρίσιμα μικροκαταφύγια υψηλής οικολογικής αξίας, υποστηρίζοντας απομονωμένους και ενδημικούς πληθυσμούς ερπετών. Η μελέτη αυτή αποτελεί ένα σημαντικό βήμα για την κατανόηση της οικολογίας των ερπετών στην περιοχή και θέτει τη βάση για μελλοντικές έρευνες που θα εστιάσουν στη λειτουργική οικολογία, τη συμπεριφορά και τις εξελικτικές διεργασίες σε νησιωτικά οικοσυστήματα.

SURVEY OF THE HERPETOFAUNA IN THE NEW SOUTH AEGEAN MARINE PARK: PRELIMINARY RESULTS AND CONSERVATION PROSPECTS

Christopoulos Apostolos^{1,2}, Kapsanaki Vassiliki¹, Deimezis-Tsikoutas Aris¹, Pafilis Panayiotis^{1,2}

1. Section of Zoology and Marine Biology, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, Panepistimioupolis, 15784 Athens, Greece

2. Museum of Zoology, National and Kapodistrian University of Athens, Panepistimioupolis, 15784 Athens, Greece

The creation of the new South Aegean Marine Park marks a historic step towards the conservation of biodiversity in the Mediterranean region. The island areas within the boundaries of marine protected areas are home to a rich herpetofauna, which remains largely under-documented. As part of the implementation of the BionIsle project, a survey of herpetofauna was conducted in selected island areas in the western part of the new marine park, along with an assessment of species distribution and relative abundance. Sampling was conducted in 2025–2026, using a combination of field methodologies (transect surveys, active search and camera trap deployment) on the park’s islets and islands. At the same time, environmental data were collected through the installation of meteorological stations measuring both air and soil parameters. Furthermore, pressures such as the presence of human activities or that of invasive species were documented. Preliminary results indicate high species diversity, with the presence of endemic and insular populations of lizards of the genus *Podarcis*, representative species of other lizard and snake genera, as well as the discovery of a population of the Balkan frog on the island of Folegandros. Differences in species distribution between islands were observed, which appear to be related to island size and habitat structure. These findings underscore the importance of incorporating terrestrial herpetofauna into the planning and management of marine protected areas. Of particular importance are the rocky islets, which serve as critical micro-refuges of high ecological value, supporting isolated and endemic reptile populations. This study represents an important step towards understanding the ecology of reptiles in the region and lays the groundwork for future research focusing on functional ecology, behavior and evolutionary processes in island ecosystems.

Η ΙΣΤΟΡΙΚΗ ΣΥΛΛΟΓΗ ΑΥΓΩΝ ΠΤΗΝΩΝ ΤΟΥ ΜΟΥΣΕΙΟΥ ΖΩΟΛΟΓΙΑΣ ΤΟΥ ΠΑΝΕΠΙΣΤΗΜΙΟΥ ΑΘΗΝΩΝ: ΤΕΚΜΗΡΙΩΣΗ ΤΗΣ ΠΑΓΚΟΣΜΙΑΣ ΒΙΟΠΟΙΚΙΛΟΤΗΤΑΣ ΚΑΙ Η ΕΠΙΣΤΗΜΟΝΙΚΗ ΤΗΣ ΑΞΙΑ

Χριστόπουλος Απόστολος^{1,2}, Πέτα Χαρούλα², Βαλάκος Δ. Ευστράτιος^{2,3}

1. Τομέας Ζωολογίας και Θαλάσσιας Βιολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών

2. Ζωολογικό Μουσείο Εθνικού και Καποδιστριακού Πανεπιστημίου Αθηνών

3. Τομέας Φυσιολογίας Ζώων και Ανθρώπου, Τμήμα Βιολογίας, Εθνικό και Καποδιστριακό Πανεπιστήμιο Αθηνών

Οι μουσειακές συλλογές αποτελούν πολύτιμα αρχεία βιοποικιλότητας και σημαντικό υλικό για τη μελέτη της φυσικής ιστορίας των οργανισμών. Ιδιαίτερη θέση κατέχουν οι ιστορικές συλλογές αυγών πτηνών, οι οποίες παρέχουν πληροφορίες για τη βιοποικιλότητα, τη γεωγραφική κατανομή και τη βιολογία της αναπαραγωγής τους. Η παρούσα εργασία εξετάζει μια ιστορική συλλογή αυγών πτηνών που φυλάσσεται στο Μουσείο Ζωολογίας του Εθνικού και Καποδιστριακού Πανεπιστημίου Αθηνών και διατηρείται για τουλάχιστον 160 χρόνια, με το παλαιότερο δείγμα να χρονολογείται το 1853. Η συλλογή περιλαμβάνει περισσότερα από 5000 δείγματα από έξι διαφορετικές ηπείρους και αντιπροσωπεύει πάνω από 1500 είδη πτηνών. Στόχος της μελέτης είναι η καταγραφή και τεκμηρίωση της συλλογής, καθώς και η ανάδειξη της επιστημονικής και εκπαιδευτικής της αξίας. Τα δείγματα μελετήθηκαν με βάση τις διαθέσιμες ετικέτες και το συνοδευτικό αρχειακό υλικό της αρχικής αναγνώρισης του εκάστοτε αυγού και καταγράφηκαν ως προς τα είδη και τη γεωγραφική τους προέλευση. Τα αποτελέσματα δείχνουν ότι η συλλογή περιλαμβάνει αυγά από ποικίλες οικογένειες πτηνών και διαφορετικές γεωγραφικές περιοχές παγκοσμίως, αντικατοπτρίζοντας την παλαιότερη πρακτική συλλογής και την ποικιλότητα των πτηνών. Επιπλέον, περιλαμβάνει ιδιαίτερα σπάνια δείγματα, όπως ένα αυγό Κορμοράνου του Πάλλας *Urile perspicillatus*, είδος που σήμερα θεωρείται παγκοσμίως εξαφανισμένο και ένα αυγό Αγριόγαλου *Otis tarda* από τον Παρνασσό, είδος που δεν αναπαράγεται στον ελλαδικό χώρο για πάνω από έναν αιώνα. Η μελέτη υπογραμμίζει τη σημασία των ιστορικών βιολογικών συλλογών ως πηγών δεδομένων για τη βιολογική έρευνα, ιδιαίτερα στην ορνιθολογία, και αναδεικνύει την ανάγκη συστηματικής καταγραφής, διατήρησης, ορθής αποθήκευσης και συντήρησής τους, καθώς πρόκειται για ευαίσθητα δείγματα.

THE HISTORICAL BIRD EGG COLLECTION AT THE ZOOLOGICAL MUSEUM OF THE UNIVERSITY OF ATHENS: DOCUMENTING GLOBAL BIODIVERSITY AND ITS SCIENTIFIC VALUE

Christopoulos Apostolos^{1,2}, Peta Charoula², Valakos D. Efstratios^{2,3}

1. Section of Zoology and Marine Biology, Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, Athens, Greece

2. Zoological Museum, National and Kapodistrian University of Athens, Athens, Greece

3. Section of Animal and Human Physiology Department of Biology, National and Kapodistrian University of Athens, Athens, Greece

Museum collections constitute valuable archives of biodiversity and important resources for the study of the natural history of organisms. Historical bird egg collections, in particular, provide key information on biodiversity, species distribution, and reproductive biology. This study examines a historical bird egg collection deposited at the Zoological Museum of the National and Kapodistrian University of Athens, which has been preserved for at least 160 years, with the oldest specimen dating back to 1853. The collection comprises more than 5,000 specimens from six different continents, representing over 1,500 bird species. The aim of the study is to document and catalogue the collection, as well as to highlight its scientific and educational value. Specimens were studied based on available labels and associated archival material from their initial identification and were recorded in terms of species identity and geographic origin. The results indicate that the collection includes eggs from a wide range of bird families and geographic regions worldwide, reflecting both historical collecting practices and global avian diversity. In addition, the collection it includes particularly rare specimens, such as an egg from the Spectacled cormorant *Urile perspicillatus*, a species now considered extinct worldwide, and a Great bustard's *Otis tarda* egg, originated by the Mount Parnassus, a species that has not bred in Greece for over a century. This study highlights the importance of historical oological collections as sources of data for biological research, particularly in ornithology, and emphasizes the need for their systematic documentation, preservation, proper storage, and conservation, given the fragile nature of the material.

ΠΡΩΤΟΠΟΡΟΙ ΜΕΤΑΓΡΑΦΙΚΟΙ ΠΑΡΑΓΟΝΤΕΣ: ΧΡΟΝΙΚΟΣ ΚΑΙ ΧΩΡΙΚΟΣ ΣΥΝΤΟΝΙΣΜΟΣ ΑΝΑΠΤΥΞΙΑΚΩΝ ΓΟΝΙΔΙΩΝ ΣΤΗΝ ΠΡΩΙΜΗ ΕΜΒΡΥΟΓΕΝΕΣΗ ΤΗΣ DROSOPHILA

Ψαρρά Αικατερίνη, Χαρίτος Γεώργιος, Μακρίδου Άννα, Κορομηλά Θεοδώρα

Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 54124 Θεσσαλονίκη, Ελλάδα

Η πρώιμη εμβρυϊκή ανάπτυξη καθοδηγείται από γονιδιακά ρυθμιστικά δίκτυα που ελέγχουν την κυτταρική ταυτότητα στις βλαστικές στιβάδες. Οι πρωτοπόροι μεταγραφικοί παράγοντες όπως οι Zelda(Zld),GAGA-Factor(GAF) και Odd-paired(Opa/ZIC3),ελέγχουν την προσβασιμότητα της χρωματίνης, ενώ οι ενισχυτές διαφέρουν ως προς την εξάρτησή τους από αυτούς. Η δράση τους συντονίζεται με παράγοντες όπως ο Suppressor of Hairless[Su(H)] και οι πρωτείνες Polycomb(PcG),οι οποίες ρυθμίζουν την προσβασιμότητα των ενισχυτών και τον χρόνο της γονιδιακής ενεργοποίησης. Η πρώιμη πρόσδεση της RNA πολυμεράσης II στους υποκινητές προετοιμάζει τα γονίδια για μεταγραφή. Ο Opa, λειτουργεί ως πρωτοπόρος μεταγραφικός παράγοντας, ικανός να προσδέεται σε συμπυκνωμένη χρωματίνη και να προάγει την προσβασιμότητα ρυθμιστικών περιοχών. Εκφράζεται κατά το δεύτερο κύμα μεταγραφής και συνδέεται με μεθλίωση ιστονών. Ο Su(H) αναστέλλει τη δράση του, ενώ σε υψηλότερα επίπεδα ο Opa υπερνικά αυτή την καταστολή και ενεργοποιεί τη γονιδιακή έκφραση. Σε έμβρυα με καταστολή του Opa(knockdown), αναμένονται διαφορές στην έκφραση γονιδίων μεταξύ του σταδίου nc14A και των μεταγενέστερων σταδίων. Ο GAF συμβάλλει στη διατήρηση ανοιχτής χρωματίνης μέσω δέσμευσης σε αλληλουχίες πλούσιες σε GA και στρατολόγησης συμπλεγμάτων αναδιαμόρφωσης της χρωματίνης. Τα γονίδια ρυθμίζονται από εγγύς ενισχυτές που είναι πρώιμα προσβάσιμοι, υποστηριζόμενοι από την εγγύτητα στον υποκινητή και τη πρόσδεση της RNA πολυμεράσης II. Οι καταστάσεις χρωματίνης διαμορφώνονται από τροποποιήσεις ιστονών, που συμβάλλει στην ειδική έκφραση στους διάφορους ιστούς. Το rhomboid(rho) κωδικοποιεί διαμεμβρανική πρωτεΐνη που συμμετέχει στη διαφοροποίηση της κοιλιακής επιδερμίδας, ενώ το brinker(brk) ρυθμίζεται από cis-ρυθμιστικές περιοχές και ένα στοιχείο εγγύς του υποκινητή που ρυθμίζει με ακρίβεια την έκφρασή του. Συνολικά, τα γονίδια αυτά δείχνουν πώς η προσβασιμότητα της χρωματίνης, τα χρονικά όρια και η χωρική ρύθμιση εξασφαλίζουν αξιόπιστη εμβρυϊκή ανάπτυξη.

BEYOND PIONEER FACTORS: TEMPORAL AND SPATIAL COORDINATION OF DEVELOPMENTAL GENES IN EARLY DROSOPHILA EMBRYOGENESIS

Psarra Aikaterini, Charitos George, Makridou Anna, Koromila Theodora

School of Biology, Aristotle University of Thessaloniki, 54124 Thessaloniki, Greece

Early embryonic development is governed by gene regulatory networks that control cell identity across the germ layers. Pioneer factors (PFs) such as Zelda(Zld),GAGA-Factor(GAF) and Odd-paired(Opa/ZIC3) establish early chromatin accessibility, although enhancers vary in their dependence on them. Their activity is coordinated with Suppressor of Hairless[Su(H)] and Polycomb group(PcG) proteins, which regulate enhancer accessibility and gene activation timing. Early RNA Polymerase II loading prepares genes for rapid transcription, enabling precise responses. Opa functions as a pioneer-like factor capable of binding compact chromatin and promoting accessibility at regulatory regions. It is expressed during the second transcriptional wave in the trunk and is associated with histone methylation. Its activity is influenced by Su(H): at low levels, Su(H) inhibits Opa activity, whereas increased Opa levels overcome this repression and activate gene expression. In Opa knockdown embryos, differences occur between nc14A and later stages(nc14C-D). GAF further contributes by maintaining open chromatin through binding GA-rich sequences and recruiting chromatin remodelers. The genes examined are regulated by proximal enhancers accessible early, supported by promoter proximity and RNA Pol II loading, and reinforced by PF binding. Chromatin states are shaped by histone modifications, including H3K27me3, contributing to tissue-specific expression. rhomboid(rho) encodes a transmembrane protein involved in ventral epidermal differentiation, while brinker(brk) is controlled by cis-regulatory modules (CRMs) and a promoter-proximal element (PPE) that fine-tunes its expression. The GAL4-UAS system enables controlled Opa knockdown and functional analysis. Together, these genes illustrate how chromatin accessibility, timing factors, and spatial regulation integrate to ensure robust embryonic patterning.

ΑΝΑΛΥΣΗ ΒΙΩΣΙΜΟΤΗΤΑΣ ΠΛΗΘΥΣΜΩΝ (POPULATION VIABILITY ANALYSIS) ΤΗΣ ΣΑΥΡΑΣ ΤΗΣ ΣΚΥΡΟΥ (PODARCIS GAIGEA)

Ωραιοπούλου Κωνσταντίνα, Σαγώνας Κωνσταντίνος

Τομέας Ζωολογίας, Τμήμα Βιολογίας, Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης, 54124 Θεσσαλονίκη

Τα νησιωτικά οικοσυστήματα αποτελούν σημαντικά φυσικά πρότυπα για τη μελέτη της πληθυσμιακής δυναμικής και της βιωσιμότητας μικρών και απομονωμένων πληθυσμών. Ο γεωγραφικός κατακερματισμός, το μικρό μέγεθος πληθυσμού και η περιορισμένη διασπορά αυξάνουν την επίδραση στοχαστικών, δημογραφικών και περιβαλλοντικών παραγόντων, καθώς και γενετικών διεργασιών όπως η γενετική παρέκκλιση και η ενδογαμία. Η Ανάλυση της Βιωσιμότητας Πληθυσμών (PVA) αποτελεί ένα ευρέως χρησιμοποιούμενο εργαλείο στη βιολογία διατήρησης, καθώς επιτρέπει την εκτίμηση της πιθανότητας επιβίωσης ή εξαφάνισης και την επισήμανση των σημαντικότερων παραμέτρων που επηρεάζουν τη μακροχρόνια δυναμική τους. Σκοπός της παρούσας εργασίας ήταν η διερεύνηση της δυναμικής και της πιθανότητας επιβίωσης πληθυσμών της σαύρας της Σκύρου (*Podarcis gaigeae*) από μικρές νησίδες του Αρχιπελάγους της Σκύρου μέσω προσομοιώσεων πληθυσμιακής βιωσιμότητας. Για το σκοπό αυτό χρησιμοποιήθηκε το λογισμικό VORTEX το οποίο επιτρέπει τη μοντελοποίηση της δυναμικής πληθυσμών λαμβάνοντας υπόψη δημογραφικούς, γενετικούς και περιβαλλοντικούς παράγοντες. Τα μοντέλα βασίστηκαν σε δημοσιευμένα δεδομένα καθώς και σε δεδομένα πεδίου σχετικά με τη δημογραφική δομή, τα χαρακτηριστικά του κύκλου ζωής και βασικές οικολογικές παραμέτρους του είδους. Οι προσομοιώσεις επέτρεψαν την αξιολόγηση της σχετικής σημασίας διαφορετικών δημογραφικών και περιβαλλοντικών παραγόντων στη δυναμική των πληθυσμών. Από τις προσομοιώσεις που παρατηρήθηκαν μεταβολές στα μεγέθη των πληθυσμών, φάνηκε πως οι πληθυσμοί αυτοί επηρεάζονται από την αναπαραγωγική επιτυχία των θηλυκών καθώς και από απεριοδικές περιβαλλοντικές μεταβολές. Το σημαντικότερο, όμως, εύρημα ήταν ότι η απουσία κρίσιμων δεδομένων μπορεί να οδηγήσει σε αδύναμα αποτελέσματα. Η παρούσα εργασία αποτελεί μία από τις λίγες απόπειρες αναλύσεων PVA για είδη ερπετών στον ελληνικό χώρο.

**POPULATION VIABILITY ANALYSIS (PVA) OF THE SKYROS WALL LIZARD
(PODARCIS GAIGEAEE)**

Oraiopoulou Konstantina, Sagonas Konstantinos

Department of Zoology, School Biology, Aristotle University of Thessaloniki, 54124 Thessaloniki

Island ecosystems constitute model systems for studying population dynamics and the viability of small, isolated populations. Geographical fragmentation, small population size and restricted dispersal increase the effects of stochastic, demographic and environmental factors, as well as genetic processes such as genetic drift and inbreeding. Population Viability Analysis (PVA) is a widely used tool in conservation biology, as it allows for the estimation of extinction risk and the identification of key parameters that may affect long-term population dynamics. The aim of this study was to investigate the population dynamics and survival probability of the Skyros wall lizard (*Podarcis gaigeae*) inhabiting small islets of the Skyros Archipelago, using population viability simulations. To this end, we used the VORTEX software that models population dynamics while incorporating demographic, genetic and environmental factors. The models were based on both published and unpublished field-collected data on the species' demographic structure, life-history traits and key ecological parameters. The simulations allowed the assessment of the relative importance of different demographic and environmental factors in shaping population dynamics. Results indicated that population trends were particularly influenced by female reproductive success, as well as stochastic environmental variation. However, the most important finding was that lack of critical data may lead to weak viability analysis. This study represents one of the few attempts to apply PVAs to reptile species in Greece.

ΕΥΡΕΤΗΡΙΟ ΠΡΩΤΩΝ ΣΥΓΓΡΑΦΕΩΝ

ΕΥΡΕΤΗΡΙΟ

- Αδαμάκης Ι.-Δ. 1
Αθανασοπούλου Κ. 23
Ακτσελής Ι. 41
Αλεξιάδη Χ.-Α. 43
Αλεξόπουλος Χ. 3
Αναστασίου Κ. 45
Αναστασίου Μ. 47 49
Αντωνίου Ο. 161
Αρβανίτης Κ. 51
Ατσαλάκη Α. 53
Βαλμάς Μ. 25
Βελιώτης Ν. 55
Βόϊτκο Β. 57
Γαζούλη Μ 5
Γαρούφη Ν. 27
Γαρούφη Ν. 59
Γεωργάτης Ι. 61
Γεωργιάδης Γ.-Ρ. 63
Γεωργιακάκης Π. 65
Γεωργίου Γ. 67
Γιαννάτος Γ. 69
Γιοβά Λ. 71
Γκότση Ε.-Φ. 75
Γολεγού Π. 77
Γούμενος Α. 79
Γρίβα Α.-Ν 81
Δορμούσογλου Μ. 83
Δουλγέρης Ι. 85
Δουλοπούλου Ε. 87
Δρόσος Χ. 89
Ερμογένους Α. 91 93
Ευθυμίου Α. 95
Ζαλοκώστας Θ.-Α. 97
Ζαχάρη Σ 99
Ζιατάκη Ε. 101
Ζιώγα Α. 103
Θανοπούλου Ε. 107
Θάνος Δ. 7
Κακαγιάννη Μ. 9
Κακαέ Ζ. 105
Καλαμαράς Γ. 109
Καλιγέρου Χ. 79
Καπάκογλου Ε. 111
Καπίρη Α. 113
Καραβέντζα Μ. 115
Καραμπατζάκης Θ. 117
Καρίνου 119
Καρπώνη Ε. 121
Κάτσηνου Ε. 123
Καφάση Μ. 125
Καφταντζή Μ.- Α 127
Καψή Α. 129
Κοιλάκος Σ. 131
Κονδυλάτος Γ 133
Κόνιαρη Ε. 135
Κουγιουμτζής Ι. 137
Κουρή Μαυροφόρου Α. 139
Κουτσανδρέα Π 141
Κωνσταντινίδη Χ.-Ε. 143
Κωτσή Π 145
Λεονάρδος Μ. 147
Λιμπαντέ Α.-Μ 149
Λυσιώβα Ε.-Σ. 151
Μακρή Μ 153
Μαντζώρου Θ. 155
Μανώλα Ε. 157
Μανώλη Χ. 159
Μαρούλη Α.-Ν 161
Μιχαλάκης Δ. 163
Μορφέσης Κ. 165
Μουστάκα Σ. 167
Μούτου Κ. 11
Μούτσι Σ. 169
Μπαντούνας Ι. 13
Μπισμπιρούλας Α. 171
Μπλιώνα Β. 173
Μπόκαρη Μ. 175
Ναζίρης Α 177
Νάτση Α. 179
Νικολοπούλου Δ. 181
Ντάγκαλα Ν 183
Νταλάσης Π 185
Nieto E. 35
Ξάνθου Π. 187
Οφρυδοπούλου Κ. 189
Πάδης Ν. 191
Πάζης Α 193
Παπαβασιλείου Δ. 195
Παπαγγελέτου Μ. 197
Παπαγερίδου Ε.-Ι. 199
Παπαμιχαήλ Ε. 201
Παπαναστασίου Α. 203
Παππάς Δ. 205
Παρασκευά Μ. 207
Πετρίκη Β 209
Πετροχείλου Δ 211

Πέττας Σ. 29	Τούντα Α.-Π. 247
Πιπλίδου Σ. 213	Τραχανά Β. 17
Πλανάκη Α. 215	Τσαγκίνης Δ. 251
Πλατανίτη Χ.-Ι. 217	Τσατσούλη Ν.-Μ. 253
Πολίτη Θ. 219	Τσιαγγάλη Ε.Α. 255
Πρίφτης Α. 221	Τσιάμη Π. 257
Ραπτόπουλος Α. 223	Τσιμπανογιάννη Ι.-Ρ. 259
Ρηγάτου Δ. 31	Τσολακίδου Μ. 261
Ρουμπέας Η. 225	Τσολερίδης Κ. 263
Σεϊταρίδου Α. 227	Τσούκο Ε. 19
Σεμίνη Ί. 183	Υφαντίδης Ο. 265
Σιδερά Π. 229	Φιρινίδου Α. 225
Σιώκα Α. 231	Φιστέ Α.-Α. 267
Σκαπέρδα Ζ. 33	Φλέγκα Π.-Θ. 269
Σκιαθίτης Ν. 233	Φυτά Α. 271
Σουϊλεμέζη Σ. 235	Χατζή Β. 93
Στάγκος Δ. 15	Χατζηκαλλινικίδης Γ. 263
Στούπα Μ.-Ν. 237	Χατζηλάκου Δ. 21
Συρίγου Μ. 239	Χρηστάκης Χ. 273
Τερσενίδης Χ. 241	Χριστοδούλου Χ. 275
Τζάκα Φ.-Κ. 243	Χριστόπουλος Α. 277 279
Τζαμπαζλής Β. 245	Ψαρρά Α. 281
Τούντα Α.-Π. 249	Ωραιοπούλου Κ. 283

ΔΕΝ ΤΥΠΩΝΕΤΑΙ



ΧΟΡΗΓΟΙ

