

INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI

Polskiej Akademii Nauk

**ul. Pawińskiego 5A
02-106 Warszawa**

***SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2001 r.***

Instytut Biochemii i Biofizyki
Polskiej Akademii Nauk
ul. Pawińskiego 5A, 02-106 Warszawa

DYREKTOR: **prof. dr hab. Włodzimierz ZAGÓRSKI-OSTOJA**

PRZEWODNICZĄCY RADY NAUKOWEJ: **prof. dr hab. Andrzej PASZEWSKI**

Instytut Biochemii i Biofizyki PAN ma uprawnienia do nadawania stopni doktora i doktora habilitowanego nauk biologicznych w zakresie biologii, biochemii i biofizyki.

UPRAWIANE DYSCYPLINY NAUKOWE:

- biochemia
- biofizyka
- bioinformatyka
- biologia molekularna
- genomika
- biotechnologia

NAKŁADY NA DZIAŁALNOŚĆ IBB PAN w 2001 r.:

<i>Przyznane dotacje</i>	<i>23 633 340</i>
<i>w tym:</i>	
Działalność statutowa	16 281 000
Projekty badawcze KBN	4 212 690
Projekty UE	1 579 330
SPUB-M	1 560 320
<i>Inne</i>	<i>3 152 400</i>
<i>w tym:</i>	
Działalność gospodarcza	1 077 280
Działalność finansowa	1 097 740
Pozostałe	977 380
<i>ŁĄCZNIE:</i>	<i>26 785 740</i>

PUBLIKACJE IBB PAN w 2001 r.:

• podręczniki lub ich rozdziały	4
• publikacje ukazujące się w czasopismach recenzowanych o zasięgu międzynarodowym	69
• publikacje ukazujące się w naukowych czasopismach krajowych	13
• prace popularno-naukowe	13
• doniesienie zjazdowe i konferencyjne	147
• inne publikacje	5
<i>OGÓŁEM:</i>	<i>251</i>

Krótkie omówienie wyników prac badawczych prowadzonych w 2001 r.

- Zespoły Instytutu, realizowały w sumie w 2001 r. 92 różne projekty badawcze. Prowadzono badania nad strukturami i funkcjami biologicznie czynnych związków drobno- i wysokocząsteczkowych oraz nad biologią molekularną wirusów, bakterii, grzybów niższych, roślin i owadów.
- Zaawansowane metody chemiczne, fizyczne, biologiczne i bioinformatyczne użyto w pracach nad strukturą i funkcjami kwasów nukleinowych i ich składników, białek o różnych funkcjach enzymatycznych oraz izoprenoidów. Szczególną uwagę zwrócono na możliwe biotechnologiczne zastosowania analizowanych substancji i procesów.
- Wybrane procesy metaboliczne analizowano na poziomie molekularnym u bakterii, grzybów niższych i roślin. Badano przede wszystkim procesy replikacji, transkrypcji, mutagenyzy i naprawy DNA, reakcje biosyntetyczne ze szczególnym uwzględnieniem aspektów regulacyjnych, potranslacyjne modyfikacje, interakcje i sekrecję białek. Studiowano mechanizmy stabilnego dziedziczenia plazmidów bakteryjnych. Kontynuowano analizy genomowe, wprowadzając m.in. elementy tzw. genomiki funkcjonalnej.
- Uzyskano dalszy postęp w badaniach nad procesami patogenezy u roślin, w tym mechanizmami obrony roślin przed infekcjami wirusowymi i grzybowymi, skonstruowano różne rośliny transgeniczne.

Poniżej, tytułem ilustracji prac prowadzonych w Instytucie, przedstawiono nieco szerzej cztery wybrane wyniki, reprezentujące różne kierunki badawcze:

Rola α -helikalnego białka KfrA z rodziny SMC w stabilnym dziedziczeniu plazmidów IncP.

Małgorzata Adamczyk, Michał Jonczyk, Christopher M. Thomas¹, Grażyna Jagura-Burdzy.

Badania nad rolą białek ParA i ParB w rozdziale plazmidów do komórek potomnych nabrały nowego znaczenia w świetle osiągnięć genomiki. Znalezione geny chromosomalne kodujące homologii ParA i ParB w większości zsekwencjonowanych genomów bakteryjnych i potwierdzono ich udział w procesie segregacji chromosomów bakteryjnych. Do pytań bez odpowiedzi należą: co warunkuje właściwą lokalizację plazmidów i chromosomów w czasie cyklu komórki i czy istnieje analog wrzeciona mitotycznego, dzięki któremu następuje rozdzielenie par cząsteczek plazmidu (a może i chromosomów) do komórek potomnych. Nasze badania nad plazmidem R751 z IncP-1 β wykazały, że stabilne dziedziczenie zależy nie tylko od białek ParA i ParB ale od obecności nieuszkodzonego α -helikalnego, miozyno-podobnego białka KfrA. Brak lub nadprodukcja KfrA prowadzi do aberacji w lokalizacji plazmidów lub kondensacji i niewłaściwej segregacji chromosomów gospodarza. Analiza właściwości KfrA sugeruje, że należy do białek modelujących DNA typu SMC (Structural Maintenance of Chromosomes), znanych u Eukaryota a niedawno odkrytych u Prokaryota i Archea. Badania nad KfrA mogą pomóc zrozumieć jaką rolę białka SMC pełnią w kondensacji i segregacji genomów bakteryjnych.

¹The University of Birmingham, Edgbaston, Birmingham, United Kingdom

Rola ligazy ubikwitynowo-białkowej w funkcjonowaniu cytoszkieletu aktynowego i endocytozy u drożdży *S. cerevisiae*

Teresa Żołądek, Joanna Kamińska, Beata Gajewska, Anita Hopper¹

Modyfikacja białek ubikwityną pełni rolę regulatorową w procesach komórkowych. Rsp5 jest ligazą ubikwitynowo-białkową zaangażowaną w endocytozę u drożdży. Analiza genetyczna wykazała, że mutacje *rsp5* w połączeniu z mutacjami w genach kodujących białka szkieletu aktynowego wykazują efekt addytywny. Nadekspresja Rsp5 poprawia wzrost, odwraca defekt organizacji cytoszkieletu i defekt endocytozy mutantu *arp2-1*, z mutacją w

genie kodującym białko Arp2, składnik kompleksu niezbędnego do polimeryzacji filamentów aktynowych. Aktywność katalityczna ligazy Rsp5 jest do tego niezbędna. Metodą immunofluorescencji pokazaliśmy, że normalnie Rsp5 znajduje się w licznych kompleksach w cytoplazmie, lecz w mutantach *arp2* jest dodatkowo zlokalizowane w agregatach zawierających aktynę i inne białka cytoszkieletu. Ponadto mutanty *rsp5* mają stabilniejszy szkielet aktynowy i są odporne na latrunkulinę A, związek chemiczny wiążący aktynę. Dane te wskazują po raz pierwszy, że ubikwitynacja z udziałem ligazy Rsp5 jest zaangażowana w regulację polimeryzacji szkieletu aktynowego, co jest niezbędne do prawidłowej endocytozy.

¹Pennsylvania State University, College of Medicine, Hershey, USA

Reakcja obronna komórek tytoniu na infekcję bakterii *Psuedomonas syringae*.

Jacek Hennig⁴, Daniel Klessig¹, Dorota Konopka⁴, Magdalena Krzymowska², Anna Maassen⁴, Violetta Macioszek³

Pomimo dokonanego postępu w badaniach wzajemnych oddziaływań pomiędzy rośliną i atakującym ją patogenem, w chwili obecnej nadal trudno jest przedstawić kompletny model opisujący, na poziomie molekularnym, zachodzące reakcje. Reakcje te obejmują m.in. wzmocnienie ściany komórkowej, syntezę różnych związków o właściwościach mikrobobójczych a także syntezę specyficznych roślinnych białek obronnych.

Dzięki nawiązaniu współpracy z ośrodkami badawczymi w Niemczech, Stanach Zjednoczonych oraz w Polsce wykorzystaliśmy techniki badawcze z obszaru biochemii, fizjologii, cytologii i biologii molekularnej wykazując, że odpowiedź komórek tytoniu (*Nicotiana tabacum*) na infekcję bakterii *Psuedomonas syringae* pv. *maculicola* ma znamiona programowanej śmierci komórkowej (apoptozy). Bezpośredniego dowodu dla takiej tezy dostarczyły nam doświadczenia typu TUNEL wskazujące na pojawianie się specyficznych pęknięć w DNA jądrowym infekowanych komórek.

Stwierdziliśmy ponadto, że w charakteryzowanej odpowiedzi komórek roślinnych uczestniczą kolejno, następujące cząsteczki sygnałowe: NO, H₂O₂ oraz kwas salicylowy. W rezultacie ich sekwencyjnego działania dochodzi do aktywacji rodziny genów związanych z patogenezą (Pathogenesis Related genes). Produkty właśnie tych genów mają za zadanie minimalizację skutków infekcji.

Całość obserwowanych zmian wykazuje daleko idące podobieństwa do nieswoistej odpowiedzi obronnej (Innate Immunity) obserwowanej w układzie immunologicznym ssaków.

¹ Boyce Thompson Institute for Plant Research, Ithaca, USA

² Leibnitz Institute of Plant Biochemistry, Halle/Saale Germany

³ Uniwersytet Łódzki, Łódź

⁴ Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Sekwencjonowanie genomu i analiza funkcjonalna genów pierwotniaka *Paramecium tetraurelia*

Joanna Rytka, Marek Zagulski, Robert Gromadka, Róża Kucharczyk, Andrzej Migdalski, Marek Juszczyk, Beata Babińska, Ewa Kalińska, Małgorzata Ostrowska

Paramecium tetraurelia (pl. Pantofelek) jest niepatogennym, orzęsionym pierwotniakiem z gromady *Orzęski*. Charakterystyczną cechą tego organizmu jest dualizm jądrowy polegający na posiadaniu dwóch rodzajów jąder. Genom *Paramecium* posiada około 20.000 genów i jest szacowany na około 100 milionów par zasad. *Paramecium* charakteryzuje wiele unikalnych mechanizmów takich jak: a) rearanżacja DNA, ten proces obejmuje: DNA splicing oraz eliminację wewnętrznych sekwencji (IES), fragmentację chromosomów i masową amplifikację DNA; b) komórkowa morfogeneza; c) przekazywanie sygnałów; d) kontrolowana sekrecja; e) wrażliwość na bodźce błon komórkowych; f) epigenetyczna ekspresja genów; g) selektywne rozpoznawanie bodźców komórkowych; itp., co czyni ten

organizm niezwykle interesującym obiektem badań, a ze względu na swą niepatogenność modelowym system badań nad pierwotniakami chorobotwórczymi.

Pierwszy pilotowy zorganizowany przez międzynarodowe konsorcjum program sekwencjonowania genomu tego organizmu, w którym braliśmy udział zakończył się sukcesem. Zidentyfikowano 1 gen tRNA, 3 geny rRNA i 722 geny kodujące białka z czego tylko 9 było scharakteryzowanych a dla 267 genów nie można było przypisać żadnej funkcji. Wyniki zdeponowano w bazie danych: <http://paramecium.cgm.cnrs-gif.fr>. Ponadto okazało się, że sekwencje aminokwasowe zidentyfikowanych otwartych ramek odczytu są znacznie bliżej filogenetycznie spokrewnione z ludzkimi ramkami odczytu niż z *C. elegans* lub *D. melanogaster*.

Dobre wyniki projektu pilotowego skłaniają nas do podjęcia kolejnego kroku - zsekwencjonowania jednego z chromosomów *Paramecium* o wielkości 1-1.5 Mb. Według naszego stanu wiedzy jest pierwszy w Polsce projekt, gdzie za pomocą techniki „shot-gun” będzie sekwencjonowany chromosom o wielkości ponad 1Mb.

Temat nr 1: Synteza, badanie właściwości fizykochemicznych i biologicznych analogów nukleozydów pirymidynowych, potencjalnych substratów/inhibitorów biosyntezy kwasów nukleinowych

Zespół: prof. Tadeusz Kulikowski, dr Maria Bretner, dr. Maria A. Siwecka, mgr. Bożena Janisz, mgr Agnieszka Miazga, mgr Katarzyna Wyszyńska, prof. David Shugar

Kontynuowano cykl badań poświęconych poszukiwaniom nowych inhibitorów RNA ATPazy/helikazy wirusów z rodziny *Flaviviridae* –potencjalnych środków przeciwwirusowych.

Syntetyzowano szereg O-6, N-7 i N-9 podstawionych pochodnych guaniny i zbadano ich aktywności substratowo-inhibitorowe w stosunku do NTPazy/helikazy wirusa Zachodniego Nilu (WNV). Wykazano, że aktywność ATPazowa tej helikazy może być modyfikowana (zwiększana lub zmniejszana) bez wpływu na aktywność helikazową. Aktywność helikazowa również może być modyfikowana bez wpływu na aktywność ATPazową tego enzymu (współpraca z dr P. Borowskim z Bernhardt-Nocht Institut für Tropenmedizin, Hamburg, Niemcy).

Syntetyzowano szereg nowych analogów 5-O-(p-fluorosulfonylobenzoilo)adenozyny (FSBA), (związku nie ulegającego hydrolizie katalizowanej przez NTPazę) i zbadano ich aktywność w stosunku do NTPazy/helikazy wirusów HCV i WNV. Analogi te nie wykazywały wpływu na reakcję hydrolizy katalizowanej przez NTPazę, natomiast efektywnie hamowały aktywność rozwijającą enzymu, przy czym najsilniejszym inhibitorem okazał się FSBI (IC_{50} 80 μ g/ml). Podobne właściwości modelujące wykazały również imidazo[4,5-d]pirydazyny (współpraca z dr P. Borowskim z Bernhardt-Nocht Institut für Tropenmedizin).

Kontynuowano badania dotyczące nowych inhibitorów odwrotnej transkryptazy (RT) z HIV – potencjalnych leków przeciwko AIDS. Syntetyzowano 5'-trifosforany 2',3'-dideoksy-3'-fluorotymidyny (FLT) i 2',3'-dideoksy-3'-fluoro-2-tiotymidyny i zbadano mechanizm wywieranej przez nie inhibicji. Wykazano, że obydwa związki są silnymi, kompetytywnymi inhibitorami RT z HIV (IC_{50} odpowiednio 0,03 i 0,17 μ M), a aktywność inhibitorowa w stosunku do RT jest skorelowana z aktywnością przeciwwirusową.

Przy pomocy wysokorozdzielczych widm 1H NMR zbadano konformacje w roztworze szeregu 3',5-podstawionych 2',3'-dideoksyurydyn o aktywności przeciwko HIV i porównano je z konformacjami odpowiednich 2'-deoksyurydyn. Analiza poziomów energetycznych wykazała, że główną rolę w stabilizacji wygięcia N/S odgrywa elektrostatyczne oddziaływanie $O_{4'-3'}$. Podstawniki elektronowo-akceptorowe uprzywilejowują konformację ekwatorialną podstawników, natomiast podstawniki elektronowo-donorowe stabilizują konformację N. W.wym. badania sugerują, że aktywność w stosunku do HIV RT jest

związana z bezpośrednim oddziaływaniem podstawnika 3' w ddNuc z miejscem wiążącym RT (współpraca z dr J. Poznańskim z Zakładu Bioinformatyki IBB PAN).

Przeprowadzono oparte na widmach ^1H NMR badania konformacyjne szeregu α -anomerów 5-podstawionych 2'-deoksyurydyn i porównano ich konformacje z ich aktywnymi biologicznie β -anomerami. Analiza przesunięć chemicznych, oraz konformacji pierścienia cukrowego oraz rotamerów C4'-C5' pozwoliła na wyznaczenie preferencji konformacyjnych równowagi dynamicznej wokół wiązania glikozydowego w dwóch rejonach – *anti* i *syn*. (współpraca z dr J. Poznańskim z Zakładu Bioinformatyki IBB PAN i dr M. Reminem z Instytutu Fizyki Doświadczalnej UW).

Najważniejszy wynik:

Wykazanie, że aktywności NTPazowa i helikazowa RNA NTPazy/helikazy HCV mogą być niezależnie od siebie modyfikowane (zwiększane lub zmniejszane) przez analogi guaniny.

PUBLIKACJE: 3551, 3554, 3555, 3556, 3557, 3576, 3589, 3593, 3594, 1630/A, 1646/A, 1647/A, 1648/A, 1649/A, 1650/A, 1651/A, 1652/A, 1653/A, 1656/A.

Temat nr 2: Mechanizmy działania fotochemoterapii PUVA (psoralen + UVA)

Zespół: doc. Zofia Zarębska, dr Daniela Barszcz

Otrzymano fotochemiczne addukty psoralenu do kwasu arachidonowego. Fotoprodukt (jeden z izomerów) oczyszczono metodą chromatografii cienkowarstwowej na żelu krzemionkowym i oznaczono jego własności fizykochemiczne za pomocą magnetycznego rezonansu jądrowego i widma masowego. Obydwie metody wskazują na powstawanie mono-adduktu cyklobutanowego pomiędzy psoralenem i jednym z wiązań winylowych kwasu arachidonowego, o wzorze strukturalnym $\text{PSO} \triangleleft \text{AA}$.

Cztery izomery adduktu estru metylowego kwasu arachidonowego $\text{PSO} \triangleleft \text{AAMe}$ rozdzielono za pomocą wysokosprawnej chromatografii cieczowej i oznaczono ich widmo absorpcji w ultrafiolecie. Poczynione badania stanowią wstęp do testowania fotoadduktu $\text{PSO} \triangleleft \text{AA}$ na izolowanych limfocytach ludzkich. Zamierza się ustalić wpływ wolnego kwasu arachidonowego i jego adduktu z psoralenem na zmiany w potencjale przezbłonowym w mitochondriach oraz na wywołanie odległej apoptozy w tych samych limfocytach. Wpływ adduktów na apoptozę limfocytów może być miernikiem wywołania immunosupresji po działaniu terapii PUVA.

Najważniejszy wynik:

Ustalenie warunków otrzymywania i rozdziału adduktów psoralenu do kwasu arachidonowego, $\text{PSO} \triangleleft \text{AA}$.

Temat nr 4: Mechanizm inicjacji transkrypcji genów prokariotycznych

Zespół: prof. Kazimierz L. Wierzchowski, dr Krystyna Bolewska, dr Tomasz Łoziński, dr Jarosław Poznański, dr Iwona K. Kolasa, Teresa Rak

Struktura domeny 4 podjednostki σ^{70} polimerazy RNA z *E. coli*

Wcześniejsze badania NMR i CD pokazały, że C-terminalna domena 4 podjednostki σ^{70} (reszty 528-613) w roztworze wodnym przyjmuje prawdopodobnie formę stopionej globuli zbudowanej z 4 α -helikalnych fragmentów połączonych krótkimi pętlami. Dalsze pomiary widm CD 4- σ^{70} wykazały, że dodanie do roztworu trójfluoroetanolu powoduje wzrost zawartości formy α -helikalnej w strukturze białka, czego można oczekiwać w przypadku stopionej globuli. Zarejestrowano więc w podobnych warunkach widma NMR (HSQC) znakowanego ^{15}N białka, które są obecnie analizowane. Równolegle prowadzono próby rekonstrukcji σ^{70} na drodze reasocjacji domeny 4 z σ^{70} pozbawioną tej domeny (1_3- σ^{70}), co pozwoliłoby to na zbadanie struktury domeny 4 *in situ*. Współdializa obu białek od warunków denaturujących do takich, w których σ^{70} przyjmuje formę natywną pokazała, że kompleks powstaje. Prowadzone są dalsze prace mające na celu ustalenie jego stechiometrii i budowy.

Wpływ sekwencji $A_n.T_n$ w promotorze na kinetykę powstawania otwartego kompleksu transkrypcyjnego.

Wyniki dotychczasowych badań nad wpływem zaginających oś heliksu B-DNA sekwencji $A_n.T_n$ ($n = 5,6$) w promotorze na kinetykę i termodynamikę powstawania otwartego kompleksu transkrypcyjnego z polimerazą RNA *E.coli* podsumowane zostały przez mgr Iwonę K. Kolasę w formie pracy doktorskiej. Przygotowano do druku i opublikowano dane dla kontrolnego, syntetycznego promotora Pa dowodzące, że (i) powstawanie na nim kompleksu transkrypcyjnego przebiega zgodnie z trój-etapowym schematem: asocjacja $\Leftrightarrow$ izomeryzacja $\Leftrightarrow$ topnienie DNA, przyjętym dla naturalnych promotorów „-10/-35”, ale (ii) jony Mg^{2+} nie powodują dalszej jego izomeryzacji. Ten ostatni wniosek potwierdzają wyniki opublikowanych doświadczeń nad utlenianiem KMnO_4 reszt tyminy w kompleksie, pokazujące, że wielkość bąbla transkrypcyjnego nie zależy od obecności jonów Mg^{2+} .

Najważniejszy wynik:

Wbrew przyjętym poglądom jony magnezu nie indukują zmian w budowie kompleksu transkrypcyjnego polimerazy RNA *Escherichia coli*.

PUBLIKACJE: 3556, 3569, 3570, 3571, 3613, 216/N, 1587/A, 1646/A.

Temat nr 5: Regulacja ekspresji niektórych genów w rozwoju osobniczym owada

Temat nr 5.1: Bakulowirusy i ich rekombinanty

Zespół: prof. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, doc. Ludmila Strokovskaya, dr Ewa Szolajska, mgr Renata Grzela

Prowadzono prace nad oczyszczaniem kilku białek, których ekspresję wykonano w systemie ekspresyjnym bakulowirusa.

Opracowano warunki oczyszczania ludzkiej prolaktyny uwalnianej do medium hodowlanego w systemie MaxBac. Zastosowanie jonowymennego złoża Sepharose Q nie pozwoliło na pełne oddzielenie prolaktyny od zawartej w medium albuminy surowiczej.

Wykorzystano zdolność wiązania ludzkiej prolaktyny do heparyny. Zastosowano HiTrap Heparin Column (Amersham Pharmacia Biotech). Hormon wymywano 0.5M NaCl.

Metoda ta pozwala na oczyszczenie do 20mg zrekombinowanego białka z 1 litra medium.

Do ekspresji Vpg wirusa zarazy ziemniaczanej PVY, helikazy HCV (wirusa zapalenia wątroby typu C), ludzkiej dehydrogenazy pirogronianowej i USP (ultraspinal protein) z *Drosophila melanogaster* użyto systemu Bac-to-Bac. Zrekombinowane białka mają sześć histydyn dołączonych na N-końcu, co pozwala na jednostopniowe ich oczyszczenie na kolumnie powinowactwa typu IMAC (immobilized metal affinity chromatography).

Stosując kolumnę kobaltową TALON (Clontech) oczyszczono helikazę z wydajnością około 15mg z litra hodowli komórek owadzych. Otrzymane białko jest aktywne biologicznie.

Wydajność oczyszczonego Vpg wynosi 20mg z 1 litra hodowli.

Dehydrogenaza pirogronianowa jest białkiem o budowie tetramerycznej zawierającym po dwie podjednostki α i β , cDNA których były wklonowane do wektora pFastDual. Podjednostka α zawiera na N-końcu 6His. Produkt ekspresji oczyszczony na kolumnie kobaltowej zawierał obie podjednostki w równych ilościach, co świadczy o tym, że w komórkach owadzych tworzą one kompleks.

Zgłoszenie patentowe nr P-346207 z dnia 01.03.2001 pt: „Sposób wytwarzania czystej prolaktyny ludzkiej”. Autorzy opracowania: Michalik, Szolajska, Strokowska, Solomko, Kalinina, Shwed, Makrelova, Kikhno.

Najważniejszy wynik:

Otrzymano i oczyszczono biologicznie aktywną helikazę HCV. Jednoczesna ekspresja podjednostek ludzkiej dehydrogenazy pirogronianowej w komórkach owadzych prowadzi do powstania ich kompleksu.

PUBLIKACJE: 3573, 1533/A, 1588/A, 1589/A, 237/N

Temat nr 5.2: Rola hormonów w ekspresji genów u *Galleria mellonella*

Zespół: dr hab. Krystyna Grzelak, dr Barbara Kłudkiewicz, Krystyna Gocman

We współpracy z Zakładem Biochemii Politechniki Wrocławskiej kontynuowano badania nad białkiem USP uzyskanym w systemie ekspresyjnym *Pichia pastoris*. Wykazano, że rekombinowane białko USP pochodzące z lizatów drożdżowych jest aktywne biologicznie tzn. jest zdolne do specyficznej interakcji z DNA. Również we współpracy z Politechniką Wrocławską rozpoczęto badania których celem było otrzymanie białka wiążącego hormon juwenilny (ang. Juvenile Hormone Binding Protein, JHBP) w systemie *Pichia pastoris*. Gen kodujący JHBP (z hemolimfy *Galleria*) wklonowano do wektora „sekrecyjnego” pPICZαA Zlinearyzowanym plazmidem transformowano komórki *Pichia* (elektroporacja). Przy pomocy techniki western-blottingu i użyciu przeciwciał anty-JHBP wykazano obecność rekombinowanego białka JHBP (r JHBP) w podłożu hodowlanym. Białko oczyszczono metodą chromatografii powinowactwa na kolumnie Ni-NTA agrazowej uzyskując ok.20 mg białka/1l podłoża. Względna masa cząsteczkowa r JHBP w SDS-PAG wynosi ok. 32kDa i jest zgodna z, otrzymaną w tych samych warunkach, wartością dla białka JHBP izolowanego z hemolimfy *Galleria*. Badania aktywności r JHBP tzn. zdolność wiązania hormonu juwenilnego są w toku.

Kontynuowano współpracę z Instytutem Entomologii Czeskiej Akademii Nauk nad nadprodukcją w *Pichia*, oczyszczaniem i charakterystyką molekularną owadziego inhibitora proteaz (białko SPI-2, silk proteinase inhibitor-2). Wykazano, że komórki *Pichia* syntetyzują i wydzielają do podłoża rekombinowane SPI-2 (r SPI-2). Białko oczyszczono metodą chromatografii powinowactwa na kolumnie Ni-NTA agarozowej. Otrzymano około 200mg białka/1l supernatantu hodowlanego. Wykazano, że r SPI-2 które w miejscu aktywnym (P1) zawiera resztę treoniny, silnie hamuje proteinazę K i elastazę. Sekwencjonowanie N-końca r SPI-2 Thr wykazało całkowitą zgodność z sekwencją przewidywaną. Masa cząsteczkowa tego białka oznaczona metodą spektrometrii masowej wynosi 6802 Da co zgadza się z przewidywaną wartością wynikającą z obliczeń. Otrzymano również r SPI-2, które w miejscu aktywnym zamiast reszty treoniny zawiera alaninę. Okazało się, że podobnie jak SPI-2 Thr hamuje ono proteinazę K i elastazę. Przygotowano materiał, oczyszczone białko SPI-2 Thr, do badania jego struktury przestrzennej techniką spektroskopii NMR.

W ramach współpracy z Zakładem Fizjologii Bezkręgowców kontynuowano badania nad wpływem hormonów na ekspresję genów kodujących białka zapasowe (białka LHP) w ciele tłuszczowym larw *Galleria*. Wykazano, że u larw poddanych stresowi chłodzenia (diapauza larwalna) zarówno hormon juwenilny jak i 20-hydroksyekdyzon nie wpływają na

poziom transkrypcji genu *lhp 76* natomiast oba hormony całkowicie (hormon juvenilny) lub przejściowo (20-hydroksyekdyzon) wygaszają ekspresję genu *lhp-82*. Wyniki wykazują, że ekspresja genów *lhp*, podczas diapauzy larwalnej, podlega różnym mechanizmom regulacyjnym.

Najważniejszy wynik:

Nadprodukcja w *Pichia pastoris* znaczących ilości biologicznie aktywnego białka SPI-2.

PUBLIKACJE: 3564

Temat nr 6: Sekwencjonowanie genomów wybranych szczepów wiroidów i wirusów roślinnych oraz ich detekcja

Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej

Zespół: prof. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr Anna Góra-Sochacka, mgr Wojciech Podstolski, Iwona Rosa

Rozpoczęto nowy eksperyment mający na celu zbadanie replikacji nieinfekcyjnych mutantów PSTVd. Rośliny pomidora odm. „Rutgers” zakażano jednocześnie plazmidami niosącymi pełne kopie cDNA dwóch różnych nieinfekcyjnych wariantów wiroida.

W wyniku hybrydyzacji typu dot-blot z użyciem roślinnych ekstraktów stwierdzono obecność wiroidowego RNA w 7 z pośród 30 analizowanych podwójnie zakażanych roślin. Zakażenia każdym z wariantów z osobna nie prowadziło do wywołania infekcji.

Sekwencjonowanie 20 klonów cDNA otrzymanych z wiroidowego RNA przyniosło nieoczekiwany wynik w postaci nowych nie obserwowanych dotychczas sekwencji, będących wypadkowymi szczepów rodzicielskich.

Rozpoczęto prace nad nowymi roślinami transgenicznymi niosącymi niepełną kopię cDNA PSTVd pod kontrolą promotora 35S CaMV w orientacji (+) - linia nr 136 oraz w orientacji (-) - linia nr 137. Hybrydyzacja typu Northern wykazała obecność transkryptów z promotora 35S CaMV w większości badanych roślin linii transgenicznej 137 i 136. Ponadto zaobserwowano obecność kołowych cząsteczek RNA PSTVd w kilku roślinach linii transgenicznej 136 przy jednoczesnym braku pierwotnych transkryptów. Analiza sekwencji wykazała iż jest to RNA PSTVd o pełnej genomowej długości. Następnie zsekwencjonowano transgen i transkrypty pierwotne w 4 roślinach transgenicznych linii 136. We wszystkich przypadkach potwierdzono zgodność sekwencji z sekwencją konstruktu użytego do transformacji roślin (tj. obecność wprowadzonej delekcji).

Najważniejszy wynik:

Podwójne zakażenia nieinfekcyjnymi wariantami PSTVd mogą prowadzić do infekcji będącej wynikiem namnażania się wiroidowych cząsteczek o nowych sekwencjach.

PUBLIKACJE: 3577, 3601

Temat nr 6.2: Patogenne wirusy RNA - badanie struktury genomu, funkcji białek i ich homologów komórkowych oraz oddziaływań z białkami gospodarza.

Zespół: prof. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr Anna Maria Boguszevska-Chachulska, mgr Agnieszka Gozdek

W roku 2001 kontynuowano prace nad konstrukcją systemu służącego do badania efektu działania inhibitorów helikazy wirusa żółtaczk C (HCV) w drożdżach. Prowadzono prace nad maksymalizacją ekspresji i oczyszczaniem białka helikazy, uruchomiono test aktywności ATP-azowej badanego enzymu. Sklonowano także i oczyszczono peptyd inhibujący helikazę HCV – ewentualny lek przeciw temu wirusowi.

Prowadzono także prace nad helikazą drożdżową JA2 – homologiczną do helikazy HCV, definiując domenę niezbędną do funkcjonowania białka; ustalono metodą immunolokalizacji, gdzie w komórce drożdży lokalizują się obie badane helikazy oraz wyrażona niezależnie w drożdżach helikaza wirusa PVY. Rozpoczęto współpracę w dziedzinie badania polimorfizmu genomu wirusa HCV.

Kontynuowano prace nad analizą kolejnych pokoleń transgenicznego tytoniu opornego na wirusa PVY metodami hybrydyzacji typu Southern.

Najważniejsze wyniki:

1. Uzyskanie nadekspresji i oczyszczenie peptydu – inhibitora helikazy wirusa HCV.
2. Analiza funkcjonalna drożdżowej helikazy RNA JA2.

Temat nr 6.3: Badanie patogenności i zmienności wirusa Y ziemniaka (PVY) oraz tworzenie narzędzi do analizy ekspresji jego genów w układach *in vivo*

Zespół: prof. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr Andrzej Pałucha, mgr Adrianna Łoniewska, mgr Małgorzata Milner, mgr Jarosław Kosakowski, mgr Mariusz Nowacki

Kontynuowano prace mające na celu sklonowanie genu białka płaszcza (BP) wirusa Y ziemniaka (PVY; ang.: *potato virus Y*) w bateryjnym systemie ekspresyjnym pET firmy Novagen. Białko płaszcza nadprodukowano i izolowano z komórek bakteryjnych. Oczyszczone białko płaszcza wirusa posłużyło do prac mających na celu dokładną charakterystykę jego struktury trzeciorzędowej. Ponadto skonstruowano fuzję genu BP z inhibitorem białkowym proteinazy K i wykazano ochronny wpływ inhibitora na białko płaszcza.

Sklonowano pełnej długości cDNA wirusa Y ziemniaka w wektorze bakteryjnym oraz przeprowadzono analizę infekcyjności otrzymanego klonu cDNA PVY. Scharakteryzowano fragmenty cDNA wirusa pod względem ich cytotoksyczności wobec bakterii i wykazano obecność mutacji punktowej w sklonowanej kopii cDNA znoszącej cytotoksyczność oraz

infekcyjność otrzymanego klonu. Ponadto skonstruowano wektor do rekombinacyjnego klonowania w systemie drożdżowym oraz otrzymano szereg klonów niosących pełnej długości kopię cDNA PVY. Prace nad analizą infekcyjności otrzymanych klonów są prowadzone.

Opracowano metodę wydajnego namnażania w reakcji RT-PCR wirusowego cDNA i przeprowadzono metodą RFLP charakterystykę polimorfizmu sekwencji izolatów polowych PVY. Wykazano obecność wirusa powstałego w wyniku rekombinacji genomów RNA dwóch różnych izolatów PVY.

Najważniejsze wyniki:

1. Ekspresja białka płaszcza PVY w systemie bakteryjnym.
2. Otrzymanie i charakterystyka fuzji białka płaszcza wirusa z inhibitorem proteazy.
3. Sklonowanie pełnej długości cDNA PVY w systemie drożdżowym.
4. Analiza polimorfizmu izolatów PVY.

PUBLIKACJE:1587/A, 1588/A, 1589/A

Temat nr 7: Cięcie i składanie genomu wiroida PSTV

Zespół: prof. P. Szafrąński, mgr Jerzy Pawłowicz

Kontynuowano badania dotyczące struktury drugorzędowej RNA wiroida PSTVd, metodą analizy komputerowej, a w szczególności powiązania struktury drugo- i trzeciorzędowej tego RNA z patogennością danego wariantu genomowego PSTVd. Podstawę badań stanowią sekwencje wiroida PSTVd z kolekcji uzyskanej i zsekwencjonowanej przez zespół dr A. Góry-Sochackiej w Zakładzie Biosyntezy Białka. Przewiduje się kontynuowanie w/w badań w następnym roku.

We współpracy z dr Anną Boguszewską-Chachulską rozpoczęto badania poświęcone oczyszczeniu do homogenności białka helikazy HCV (wirusa żółtaczki typu C).

Temat nr 8: Sekwencjonowanie i analiza sekwencyjna genomu drożdży

Zespół: prof. Joanna Rytka, dr Robert Gromadka, dr Marek Zagulski, mgr Róża Kucharczyk, mgr Andrzej Migdalski, Beata Babińska, Ewa Kalińska, Małgorzata Ostrowska

Kontynuowano badania nad funkcją produktu genu *KRR1*, który bierze udział w procesie dojrzewania rRNA. Wykazano, że gen *MIS3* kodujący w drożdżach *S.pombe* białko homologiczne do Krr1p komplementuje letalny efekt mutacji *krr1Δ*. Scharakteryzowano mutant *krr1-1*, który jest niezdolny do wzrostu w temp. 15°C. Metodą komplementacji izolowano funkcjonalne supresory mutacji z banku cDNA *S. pombe*. Wyizolowano 7 genów, 5 z nich koduje białka rybosomalne.

Kontynuowano badania nad funkcją białka kodowanego przez gen **CCZ1**. Wykazano, że białko Ccz1p współdziała z GTPazą Ypt7 w procesie fuzji pęcherzyków przewakuolarnych z błoną wakuoli. Nasze badania wskazują, że białko Ccz1 wchodzi w skład kompleksu aktywującego wymianę GDP/GTP w centrum wiążącym guaninę

Zespół bierze udział we wstępnym projekcie sekwencjonowania i charakterystyki genomu *Paramecium tetraurelia*.

Najważniejszy wynik:

Zaproponowanie modelu centrum wiążącego guaninę w białku Ypt7p i wykazanie udziału białka Ccz1p w tym procesie.

PUBLIKACJE: 3586, 3600, 3620, 208/N, 243/N, 1567/A, 1538/A, 1543/A

Temat nr 10: Udział chromosomowego i pozachromosomowego DNA w różnicowaniu komórek roślinnych

Zespół: prof. Jerzy Buchowicz, dr hab. Barbara Mazuś, dr Marta Dobrzańska, dr Elżbieta Kraszewska, dr Barbara Kroczyńska, dr Maria Bucholc, dr Blanka Szurmak, mgr Cezary Krysiak, mgr Cezary Ciesielski

Obok poprzednio opisanej transformacji biolistycznej niedojrzałych zarodków pszenicy jako materiał doświadczalny zastosowano kultury tkankowe *Arabidopsis thaliana* oraz kultury zawiesin komórkowych tytoniu i marchwi. W każdym przypadku wydajność trwałej transformacji zależała najbardziej od potencjału morfogennego ostrzelanych komórek. Bombardowanie mikrocząstkami wolframowymi, tak opłaszczonymi plazmidowym DNA jak i bez DNA, obniżało ten potencjał o połowę. Ustalono, że mikrocząstki metalicznego wolframu powodują dwuniciowe pęknięcia DNA, w wyniku których zdolność komórek do różnicowania ulega osłabieniu.

Podjęto badania zmierzające do izolacji i charakterystyki roślinnych genów zaangażowanych w naprawę dwuniciowych pęknięć DNA. Stosując technikę RT-PCR i przeszukując biblioteki cDNA wyodrębniono i scharakteryzowano sekwencje cDNA genu *RAD50* oraz *KU70* *A. thaliana*. Ze względu na dalsze badania, mające na celu identyfikację białek oddziałujących z białkami Rad50 i Ku70 w dwuhybrydowym systemie drożdżowym, wybrane geny bądź też ich wyodrębnione domeny przeklonowano do odpowiedniego wektora drożdżowego (pGBT9).

Najważniejszy wynik:

Identyfikacja genów kodujących białka uczestniczące w rekombinacji i naprawie DNA, Rad50 i Ku70, w genomie roślinnym.

PUBLIKACJE: 3553

Temat nr 12: Występowanie i rola lipidów prenylowych i prenylowanych białek w tkankach roślinnych. Badania struktury i biosyntezy

Zespół: prof. Tadeusz Chojnacki, dr hab. Ewa Świeżewska, dr Wiesław Jankowski, mgr Karolina Skorupińska-Tudek mgr Agnieszka Bajda, mgr Joanna Puławska, mgr Magdalena Wojtas, mgr Małgorzata Wanke (do 30.IX.), Józefina Hertel

Ukończono badania *in vitro* nad transportem plastochinonu i ubichinonu w układzie subfrakcji komórkowych pochodzących z liścia szpinaku (praca doktorska M. Wanke); uzyskano przeciwciała specyficzne do lipidów izoprenoidowych (wsp. prof. E. Rode, WSP, Rzeszów). Kontynuowano badania nad mechanizmami biosyntezy związków izoprenoidowych w komórkach roślinnych (wsp. doc. O. Olszowska, AM, Warszawa i prof. M. Rohmer, ULP, Strasbourg) - praca przeglądowa. Prowadzono badania nad biosyntezą prenylowanych białek u *Arabidopsis thaliana* oraz *in vitro* - wykazano, że dekapetyd - analog C-końcowego fragmentu białka DnaJ, ulega prenylacji. Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli, rozszerzono współpracę z firmą Avanti Polar Lipids, USA i dr W. Michalskim, CSIRO, Australia. Opracowano metodę syntezy nowej generacji lipidów kationowych (dr R. Łysek, prof. M. Chmielewski, IChO PAN, Warszawa). Kontynuowano badania nad występowaniem i strukturą poliprenoli w tkankach roślin. Przebadano kilkadziesiąt roślin z rodziny *Euphorbiaceae* i *Ericaceae* (wsp. mgr A. Marczewski, mgr A. Kaczkowska OB CZRB PAN, Powsin, prof. Karolewski, dr A. Bojarczuk, Instytut Dendrologii, Kórnik). Wykazano różnice w zawartości poliprenoli w zależności od stanu fizjologicznego rośliny (mgr M. Roslińska, dr K. Walińska, U. Zielonogórski). Wykazano katabolizm poliprenoli w warunkach naturalnych stanowisk tatrzańskich (mgr A. Delimat, prof. H. Piękoś-Mirek, Inst. Ochrony Przyrody PAN, Kraków).

Prowadzono diagnostykę i różnicowanie enteropatogennych szczepów *E. coli* izolowanych od zwierząt hodowlanych przestawionych na paszę bezantybiotykową metodą fingerprinting DNA (dr W. Jankowski). Wdrażano metodę NMR ciała stałego do diagnostyki i różnicowania ludzkich nowotworów mózgu.

Opracowano rozdział (prof. T. Chojnacki) w monografii poświęconej zagadnieniu starzenia się mózgu.

Najważniejszy wynik:

Wykazanie, że lipidy prenylowe (plastochinon i ubichinon) są transportowane z miejsca biosyntezy do miejsc aktywności biologicznej (chloroplasty i mitochondria) oraz pokazanie różnic w mechanizmie transportu.

PUBLIKACJE: 3545, 3548, 3552, 3567, 3568, 3591, 1512/A, 1513/A, 1554/A, 1562/A, 1595/A, 1600/A, 214/N, 227/N, 228/N, 23/M, 42/M

Temat nr 14: Izolacja i charakterystyka białek roślinnych uczestniczących w procesach fosforylacji

Zespół: prof. Grażyna Muszyńska, dr Jadwiga Szczegielniak, dr Joanna Trojanek, mgr Maria Klimecka, mgr Maja Łebska

Kontynuowano badania dotyczące kinaz białkowych z siewek kukurydzy.

1. Podjęto próbę klonowania genu kodującego kinazę białkową zależną od jonów wapnia i lipidów. Kinazę tę oczyszczono w naszym laboratorium i przeprowadzono minisekwencjonowanie białka. Strategią do klonowania było przeszukiwanie biblioteki cDNA z merystemów kukurydzy (z Centrum Ekspresji Genów Roślinnych, USDA, Kalifornia). Zastosowano sondę, którą jest sekwencja EST z kukurydzy (z banku danych z Uniwersytetu w Stanford) wykazująca 100% identyczności w sekwencji aminokwasowej z sekwencją jednego z peptydów uzyskanych z mikrosekwencjonowania. Drugą sondą był fragment cDNA otrzymany za pomocą RT-PCR, przy zastosowaniu jako matrycy – mRNA z siewek kukurydzy. Startery zaprojektowano na podstawie sekwencji aminokwasowej badanej kinazy.

2. Zidentyfikowano dwie kinazy białkowe (57 kD i 64 kD) fosforylujące tyrozynę w syntetycznych substratach. Kinaza 57 kD, wykazująca znacznie wyższą aktywność enzymatyczną, fosforylowała zarówno tyrozynę jak i serynę w endogennych białkach (oczyszczony preparat kinaz białkowych) oraz w egzogennych substratach (kazeina i enolaza). Fosforylacja obu tych aminokwasów jest dowodem, że są to kinazy białkowe o podwójnej specyficzności (DSK, z ang. Dual – Specificity Protein Kinases).

Upřednio wykazano, że pod wpływem niskiej temperatury w komórkach kukurydzy transformowanych genem kodującym delta-9-desaturazę aktywowana jest niezidentyfikowana kinaza białkowa. Niestety podczas dalszych hodowli komórek nie zaobserwowano aktywności tej kinazy. Powodem było zestarzenie się hodowli i usunięcie, lub wyciszenie transformowanego genu.

Najważniejszy wynik:

Wykazanie, że w siewkach kukurydzy ulegają ekspresji, nieznane dotychczas, dwie kinazy białkowe (57 kD i 64 kD) o podwójnej specyficzności. Uzyskane wyniki wskazują, że endogennym substratem kinazy 57 kD może być enolaza.

PUBLIKACJE: 3612, 211/N, 1607/A, 1608/A.

Temat nr 16: Enzymy nukleolityczne roślin wyższych

Zespół: dr hab. Anna Przykorska, prof. Jan W. Szarkowski, dr Elżbieta Kuligowska, mgr Karina Solecka, mgr Krzysztof Olszak

W celu uzyskania informacji na temat potencjalnej funkcji dwóch nukleaz roślinnych, wyizolowanych przez nas wcześniej z chloroplastów pszenicy (nukleaza ChSI) i jąder komórkowych żyta (nukleaza RnI), przeprowadzono badania ich aktywności wobec rozgałęzionych struktur DNA typu 5' „flap”, powstających jako formy pośrednie w czasie replikacji, rekombinacji czy naprawy DNA. Wykazano, że nukleaza ChS ma wysoką aktywność endonukleolityczną wobec 5' „flap” DNA, podczas gdy w stosowanych przez nas warunkach nukleaza RnI nie posiada takiej aktywności. Nukleaza RnI wykazuje natomiast wyższą, niż nukleaza ChS aktywność egzonukleazy 3'-5', wobec jednoniciowego segmentu w 3' „flap” DNA. Struktura ta proponowana jest, jako forma pośrednia w naprawie przez rekombinację niehomologiczną. Celem wyjaśnienia mechanizmu działania nukleazy ChS wobec 5' „flap” DNA, przygotowano substraty zawierające modyfikacje tej struktury. Wykazano, że wprowadzone zmiany, mogą obniżać badaną aktywność enzymu, co sugeruje, że tzw. „mechanizm przewlekania” jest możliwy. Przeciw takiej możliwości świadczy jednak fakt, że nukleazy ChS i Rn są także aktywne wobec odcinka jednoniciowego, wypchniętego z dwuniciowej struktury DNA (ang. *bouge*), a więc wolny jednoniciowy koniec nie jest niezbędny dla działania enzymu. Obie badane nukleazy są enzymami, specyficznymi wobec jednoniciowego DNA i RNA. Działają one jednak w różny sposób na badane struktury. Być może różnice w ich działaniu wynikają z innej ich lokalizacji w komórce i związane są z odmiennymi funkcjami obu enzymów: ChSI bierze prawdopodobnie udział w replikacji i/lub naprawie chloroplastowego DNA, a RnI przy rekombinacji DNA jądrowego.

Nukleazy ChSI, RnI i V1 oraz jony Pb^{++} zastosowano jako sondy w badaniach nad tworzeniem się kompleksu pomiędzy C-terminalnym fragmentem ssaczej tyrozylowej syntetazy tRNA (TyrRS) i niehomologicznym tRNA^{PHE}. Wykazano, że białko to oddziałuje z dwoma obszarami w tRNA, które obejmują pozycje A14, G15, dHU16, dHU17 w pętli D oraz pozycje U68 i C69 w ramieniu akceptorowym. Dane te pozostają w zgodzie z zaproponowanym modelem oddziaływania pomiędzy domeną C TyrRS i tRNA^{Phe}, który zakłada, że białko to oddziałuje z nukleotydami w obrębie pętli D oraz nukleotydami w obrębie dwuniciowych fragmentów ramienia T i ramienia akceptorowego.

Najważniejszy wynik:

Wykazanie, że nukleaza ChSI z chloroplastów pszenicy ma aktywność specyficznej 5' „flap” nukleazy.

PUBLIKACJE: 1549/A, 1563/A, 1564/A, 1582/A, 1627/A

Temat nr 17: Kultury tkankowe i komórkowe ziemniaka – patogeny oraz transformacja roślin

Zespół: doc. Bernard Wielgat, dr Urszula Maciejewska, dr Anna Szczerbakowa, mgr Danuta Bołtowiec, mgr Lidia Polkowska-Kowalczyk

Kontynuowano badania nad uzyskaniem genetycznej odporności ziemniaka uprawnego (*Solanum tuberosum*) na zarazę ziemniaczaną (*Phytophthora infestans*). Stosowano technikę somatycznej hybrydyzacji z użyciem dzikich gatunków *Solanaceae* jako dawcy cech odporności.

Uzyskane poprzednio mieszańce *S. tbr* + *S. nigrum* posiadają pełną odporność na *P. infestans*. Część tych mieszańców poddano próbie wstecznego krzyżowania generatywnego z *S. tbr*. Z roślin otrzymano kilkaset jagód lecz bez uformowanych nasion. Wyniki te wskazują na różnice w genotypie odpornego mieszańca w porównaniu do wyjściowego genotypu *S. tbr*. Stabilność genetyczna mieszańców jest obecnie sprawdzana cytogenetycznie (badania chromosomów) podczas rozmnażania wegetatywnego (bulwy). Przeprowadzono ponadto fuzję protoplastów *S. tbr* z *S. blb* lub z *S. pnt* oraz fuzję wewnątrzgatunkową pomiędzy diploidalnymi liniami *S. tbr*. (DG 92-117 i DG 81-68) z częściowo odpornymi na zarazę liniami DGD₂413 i DGD₂330. Uzyskane regeneranty zostaną poddane analizie odpornościowej i cytogenetycznej.

Badanie wczesnych mechanizmów indukowanych w roślinie podczas infekcji *P. infestans* prowadzono na *S. ngr*, *S. tbr* odm Bzura i H-8105. Porównano w nich syntezę reaktywnych form tlenu (RFT), peroksydację lipidów i aktywność lipoksygenazy (LOX). W gatunku odpornym *S. ngr* stwierdzono obniżoną syntezę RFT przy skorelowanej w czasie wzmożonej peroksydacji lipidów i wysokiej aktywności LOX. W roślinach *S. tbr* wzrost aktywności LOX występował w czasie obniżonej produkcji RFT. Pomimo syntezy RFT wewnątrzkomórkowa zawartość nadtlenu wodoru w liściach *S. ngr* i *S. tbr* nie uległa znaczącym zmianom. Wyniki te wskazują na istotną rolę systemów antyoksydacyjnych. Opracowano metody oznaczania reduktazy glutationowej, peroksydazy askorbinianowej i transferazy glutationowej w roślinach ziemniaka. Ponadto wykazano wzrost puli plastochinonów w liściach *S. ngr* i *S. tbr* po podaniu elicytora *P. infestans*, co sugeruje na ich udział w poziomie stanu redox w komórce roślinnej podczas patogenezы.

Najważniejszy wynik:

Rośliny ziemniaka reagują na patogen *P. infestans* zmianami w poziomie RFT i prawdopodobnie wzmożoną aktywnością systemów antyoksydacyjnych.

PUBLIKACJE: 3566, 26/M, 242/N, 1561/A, 1570/A, 1580/A.

Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży i niektórych grzybów nitkowatych (*Trichoderma* i *Aspergillus*)

Zespół: prof. Grażyna Palamarczyk, dr Joanna Kruszewska, mgr Urszula Lenart, mgr Kariona Grabińska, mgr Anna Janik, mgr Anna Zakrzewska (do 30.08.01), Wioletta Górka

W okresie sprawozdawczym prowadzono następującą tematykę badawczą:

1. Glikozylacja i sekrecja białek w *Trichoderma reesei*:

Białka sekrecyjne *T.reesei* to głównie glikoproteiny zawierające mannozę związaną z białkiem wiązaniem O-glikozydowym. Stwierdzono, że nadekspresja genu *mpg1* (koduje guanylotransferazę: Man-1P: GTP), powoduje podwyższenie wewnątrzkomórkowego stężenia GDPMan. Towarzyszy temu wydłużanie, związanych O-glikozydowo, poprzez grupę hydroksylową seryny/treoniny, oligosacharydów mannozowych. **Otrzymane tą drogą hyperglikozylowane enzymy celulityczne (najliczniejsze białka sekrecyjne *T. reesei*), mają podwyższoną aktywność enzymatyczną.** Wynik ten jest przedmiotem opracowanego obecnie zgłoszenia patentowego.

2. Badanie wzajemnego oddziaływania białek w szlaku biosyntezy steroli i dolicholi w *Saccharomyces cerevisiae*.

W poprzednim okresie sprawozdawczym wykazano interakcję pomiędzy syntazą dwufosforanu farnezyli (FPP-S) a białkiem Yta7p o nieokreślonej dotąd funkcji. Badania ostatniego roku pozwoliły stwierdzić, że białko Yta7 bierze udział w regulacji dystrybucji substratu, wspólnego w biosyntezie steroli i dolicholi, tj. FPP, pomiędzy syntazą skwalenu, pierwszym enzymem szlaku prowadzącego do syntezy steroli, a cis-prenyl transferazą odpowiedzialną za syntezę dwufosforanu α -dehydrodolicholu, przekształcanego w kolejnych reakcjach w dolichol. Ponadto wykazano, że w biosyntezie dolicholi w *S. cerevisiae* bierze udział kompleks białkowy oraz, że ekspresja genów kodujących niektóre białka kompleksu jest regulowana przez poziom FPP. Stwierdzono również, że poziom biosyntezy dolicholu jest związany ze szlakiem integralności komórki zależnym od kinazy białkowej C.

Najważniejsze wyniki:

Stwierdzenie, że aktywność enzymatyczna enzymów celulitycznych *T. reesei* zależy od stopnia ich mannozylacji. Znalezienie związku pomiędzy szlakiem biosyntezy dolicholi a integralnością komórek *S. cerevisiae*.

PUBLIKACJE: 1565/A, 1566/A, 1567/A, 1568/A, 1569/A, 1636/A, 241/N

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów

Temat nr 20.1: Kontrola funkcji mitochondriów przez jądro komórkowe u drożdży

S.cerevisiae

Zespół: doc. Magdalena Boguta, dr Agnieszka Chacińska, dr Krzysztof Pluta, dr Jerzy Smagowicz, mgr Małgorzata Jakubiec, mgr Danuta Oficjalska, mgr Marta Sidoryk, mgr Joanna Towpik

Przeprowadzono analizę genetyczną i biochemiczną mutantów drożdży w genie *MRF1* kodującym czynnik terminacji translacji mitochondrialnej. Mutanty *mrf1-13* – $^{231}\text{Arg}\rightarrow\text{Gly}$ i *mrf1-780* – $^{164}\text{Pro}\rightarrow\text{Cys}$ nie są zdolne do oddychania, w odróżnieniu od mutantów *mrf1-3* (*nam3*) – $^{352}\text{Ser}\rightarrow\text{Ile}$; *mrf1-16* – $^{313}\text{Arg}\rightarrow\text{Ile}$ i *mrf1-12* – $^{163}\text{Val}\rightarrow\text{Glu}$. Zdolność oddechowa *mrf1-13*, lecz nie *mrf1-780*, może być przywrócona przez nadprodukcję białka chaperonowego Hsp78. Mutanty *mrf1-13* i *mrf1-780* mają zmieniony profil białek syntetyzowanych w mitochondriach: poziom syntezy Cox1 i Cox2 jest obniżony do ok. 5%, a poziom Cox3 do ok. 50% ilości w szczepie kontrolnym, podczas gdy poziom syntezy Cytb i Var1 jest nieznacznie podwyższony. W szczepie *mrf1-780* obserwowano dodatkowy produkt syntezy odpowiadający prawdopodobnie wydłużonemu lub zagregowanemu białku Var1. Wykorzystując dostępne w pracowni przeciwciała oznaczono poziom białek mitochondrialnych Cox2, Cox4, Cytb, Cytb2, Aco1, Agf3, Mdh1, Mrp7, Mrp13, Mrp20, Nam9 i Yme1 w mutancie *mrf1-13*. Oprócz Cox2, którego obecności nie stwierdzono w szczepie *mrf1-13*, wszystkie inne białka występowały w ilości porównywalnej do kontroli.

Kontynuowano pracę nad białkiem Maf1, represorem RNA polimerazy III. Wykorzystując fakt, że proces izopentenylacji tRNA jest odgałęzieniem szlaku izoprenoidowego, badano efekt podwyższonego poziomu tRNA w mutancie *maf1-1* na regulację tego szlaku. W mutancie *maf1-1* stwierdzono podwyższony poziom transkryptu oraz białka Erg20, syntazy dwufosofranu farnezylu, kluczowego enzymu dla regulacji szlaku izoprenoidowego. Jednocześnie poziom ergosterolu w mutancie *maf1-1* był obniżony. Zgodnie z przewidywaniami, oba efekty były zależne od aktywnej tRNA-izopentenylotransfeazy, gdyż nie występowały w mutancie *mod5-1*. Efekt mutacji *maf1-1* jest zatem analogiczny do efektu inhibitorów szlaku, które powodują podwyższenie transkryptów genów *ERG* obniżając równocześnie produkcję ergosterolu.

Najważniejszy wynik:

Wykazano wpływ poziomu syntezy tRNA na regulację szlaku izoprenoidowego i ilość ergosterolu w komórce drożdży.

PUBLIKACJE: 3572, 3578, 28/M, 219/N, 1645/A, 1535/A, 1644/A, 1617/A, 1626/A, 1534/A, 1632/A, 1525/A, 1654/A

Temat nr: 20.2 Genetyczna regulacja metabolizmu w drożdżach *S.cerevisiae*

Zespół: prof. Joanna Rytka, dr Anna Chelstowska (staż we Włoszech), dr Anna Kurlandzka, dr Marek Skoneczny, mgr Agnieszka Białkowska, mgr Krzysztof Flis, mgr Dorota Grabowska, mgr Iwona Karkusiewicz, mgr Monika Wysocka

Kontynuowano badania nad regulacją szlaku biosyntezy hemu w komórkach drożdży *S. cerevisiae*. Skonstruowano szczepy nadprodukujące syntazę oraz dezaminazę porfobilinogenu (PBG). Wykazano limitujący wpływ tych enzymów na wydajność syntezy hemu. Wykazano również, że wydajność syntezy PBG jest regulowana przez poziom kwasu 5-aminolewulinowego w komórkach.

Wyniki poszukiwania genów kodujących białka wykazujące interakcje z ostatnim enzymem szlaku biosyntezy hemu - ferrochelatazą. w systemie dwuhybrydowym wskazały na interakcję pomiędzy cząsteczkami ferrochelatazy drożdżowej. Metodami genetycznymi i fizyko-chemicznymi potwierdzono, że ferrochelataza *S. cerevisiae* jest dimerem. Otrzymano mutantą zaburzonego w procesie dimeryzacji. Zaproponowano strukturalny model drożdżowej ferrochelatazy.

Prowadzone są badania nad charakterystyką produktów genów *S. cerevisiae* kodujących białka mające odpowiedniki w komórkach ssaczych. Analizowane są następujące geny: *ALD6* kodujący dehydrogenazę glukozy-6-fosforanu; *YHR136c* kodujący białko o nieznanej funkcji wykazujące podobieństwo do ludzkiej kinezy; *GEF1* kodujący kanał chlorkowy; *PEX5* kodujący receptor odpowiedzialny za transport białek do peroksisomów.

Najważniejszy wynik:

Wykazanie, że ferrochelataza drożdżowa jest dimerem, zaproponowanie modelu strukturalnego tego białka.

PUBLIKACJE: 3548, 3615, 3616, 1536/A, 1537/A, 1539/A, 1541/A, 1635/A, 221/N

Temat nr 20.3. Genetyczna kontrola szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów

Zespół: prof. Andrzej Paszewski, dr Jerzy Brzywczy, dr Beata Burzyńska, dr Renata Natorff, dr Irmina Lewandowska, dr Małgorzata Piotrowska, dr Marzena Sieńko, dr Marcin Grynberg, mgr Magdalena Kacprzak

Wykazano, że ekspresja genu *metH/D* *A.nidulans* kodującego syntezę metioninową jest indukowana przez homocysteinę, która jest substratem dla tego enzymu. Uzyskano też dane, że homocysteina aktywuje ekspresję drugiego genu metabolizmu folionowego – *metA*, kodującego reduktazę metylenotetrahydrofolianu. Oznacza to, że geny te nie podlegają regulacji przez metaboliczną represję siarkową, lecz przez inny system regulacyjny.

Przeprowadzono analizę wpływu mutacji w genie regulatorowym *metR*, kodującego czynnik transkrypcyjny, na ekspresji innych genów regulatorowych i genów struktury kodujących enzymy metabolizmu siarkowego. Wykazano pozytywny udział tego czynnika w transkrypcji genów *cysB* (syntaza cysteinowa) i *cysD* (syntaza homocysteinowa) oraz, na podstawie poziomu enzymu, arylosulfatazy i reduktazy siarczynowej. Ciekawym spostrzeżeniem było stwierdzenie zwiększonej transkrypcji genu regulatorowego *sconC* w mutantach *metR*, ponieważ świadczy to, że białko METR może mieć również funkcję inhibitora.

Ustawiono metodę analizy interakcji białek w systemie dwuhrybrydowym, który będzie użyty do badania współdziałania białek regulatorowych.

Najważniejszy wynik:

Zidentyfikowanie nowego systemu regulacyjnego w metabolizmie aminokwasów siarkowych zależnego od homocysteiny.

PUBLIKACJE: 3579, 3574, 1519/A, 1520/A, 1521/A, 1522/A, 1540/A

Temat nr 20.4: Rola polimeraz DNA w procesach naprawy DNA u drożdży

Zespół: prof. Witold Jachymczyk, dr Hanna Baranowska-Wyszomirska, dr Agnieszka Hałas, Zofia Policińska

Kontynuowano badania nad rolą DNA polimerazy β w powstawaniu mutacji fazy stacjonarnej w komórkach drożdży. Badano poziom rewersji genu *LYS*⁺ mutacji *lys2 Δ Bgl* w szczepie z dysrupcją genu *pol β* , w porównaniu do szczepu zawierającego nieuszkodzony gen *POL β* . Otrzymane wyniki wskazują, że brak aktywnej polimerazy β powoduje wzrost częstości mutacji typu „frameshift” w komórkach drożdży. Równolegle stwierdzono, że poziom rewersji innego allelu tego samego genu *LYS*⁺ mutacji *lys2-801* (tym razem mutacji „podstawienia”) nie ulega wyraźnym zmianom w szczepie z dysrupcją genu *pol β* - w porównaniu do szczepu typu dzikiego. Dane te wskazują, że DNA polimeraza β może w różny sposób wpływać na mutacje typu frameshift i mutacje podstawienia. Prowadzone są dalsze badania w tej dziedzinie.

Prowadzone są również badania wpływu genów naprawy DNA: *RAD52* i *Rad51*, które są wymagane dla wielu typów rekombinacji genetycznej u drożdży. Badano wpływ tych genów na częstość rewersji mutantów *hom2-1* i *hom2-2* w fazie stacjonarnej. W tym celu utworzono diploidy homo- i heteroalleliczne względem homoseryny zarówno dla mutantu jak i szczepu dzikiego. Stwierdzono, że obecność mutacji *rad52* powoduje znaczny (10 do 70 krotny) wzrost rewersji adaptacyjnej w diploidach homoallelicznych, w porównaniu do

szczepu dzikiego, natomiast w diploidach heteroallelicznych wzrost ten jest ok. 15 krotny. Wzrost ten, aczkolwiek znaczny, jest jednak niższy od oczekiwanego gdyby badane rewertanty powstawały na drodze rekombinacji wewnątrzgenowej oraz rewersji obu mutantów *hom2*. Wydaje się więc, że mutanty te powstają w fazie stacjonarnej w wyniku niesprawności innego systemu naprawczego, np. systemu mismatch repair. Badanie mutantów *RAD51* są w toku.

Najważniejszy wynik:

Stwierdzenie, że w odróżnieniu od bakterii, w komórkach drożdży rekombinacja genetyczna prawdopodobnie nie stanowi głównego czynnika powstawania mutacji w fazie stacjonarnej.

PUBLIKACJE: 207/N, 1523/A, 1524/A

Temat nr 20.5: Mechanizmy transportu białek u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*

Zespół: doc. Teresa Żołądek, dr Joanna Kamińska, mgr Beata Gajewska, mgr Marta Kwapisz

Rsp5p jest ligazą ubikwitynowo-białkową zaangażowaną w proces endocytozy u drożdży. Nasze poprzednie badania wskazywały, że funkcjonuje ona na co najmniej dwóch etapach tego procesu: wpływa na ubikwitynację białka podlegającego endocytozie i na inny bliżej nieokreślony etap. Nasze wnioski zostały poparte wynikami innych autorów. Obecnie szereg danych wskazuje na model w którym drugą rolą Rsp5p w endocytozie jest modelowanie lub regulacja polimeryzacji szkieletu aktynowego:

1. Mutacje *rsp5* w połączeniu z mutacjami w genach kodujących białka szkieletu aktynowego wykazują efekt addytywny. Mutanty podwójne *rsp5 pan1*, *rsp5 arp2* i *rsp5 bee1* są bardziej wrażliwe na temperaturę niż odpowiednie mutanty pojedyncze. Białko Arp2p jest składnikiem kompleksu Arp2/3 niezbędnego do nukleacji filamentów aktynowych. Białka Bee1p i Pan1p są aktywatorami kompleksu Arp2/3/.
2. Dodatkowa kopia *RSP5*, jak również dodatkowa kopia *rsp5-w1/2* z mutacjami powodującym unieczynnienie domen WW Rsp5p, powoduje supresję defektu wzrostu mutantu *arp2-1*. Gen *RSP5* suprymuje też defekt organizacji cytoszkieletu i defekt endocytozy mutantu *arp2-1*. Gen *rsp5-13* z mutacją w domenie katalitycznej ligazy nie przywraca mutantowi *arp2-1* zdolności do wzrostu w restryktywnej temperaturze. Wskazuje to, że aktywność katalityczna ligazy jest potrzebna do supresji.
3. Rsp5p jest zlokalizowane w agregatach zawierających aktynę i białko Sla2p w komórkach badanych mutantów szkieletowych. Normalnie Rsp5p jest znajdowane w licznych kompleksach w cytoplazmie, lecz w mutantach *pan1*, *arp2* i *bee1* jest dodatkowo

zlokalizowane w agregatach zawierających aktynę. Kolokalizację Rsp5p z aktyną w mutantach *pan1* potwierdzono przez immunoprecypitację.

4. Niektóre mutanty *rsp5* są odporne na latrunkulinę A, związek chemiczny, który powoduje depolimeryzację aktyny, co wskazuje, że szkielet aktynowy w tych mutantach *rsp5* jest stabilniejszy.

Najważniejszy wynik:

Wykazano po raz pierwszy, że ubkwitynacja z udziałem ligazy Rsp5p jest zaangażowana w modyfikację komponentów cytoszkieletu aktynowego i że ta funkcja jest niezbędna do prawidłowej endocytozy.

PUBLIKACJE: 3544, 24/M, 215/N 1527/A, 1542/A, 1579/A, 1616/A, 1632/A

Temat nr 21: Regulacja metabolizmu siarkowego u prokariotów

Zespół: doc. Monika Hryniewicz, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr Anna Łochowska, mgr Tomasz Bykowski, mgr Małgorzata Witkowska

Prowadzono badania nad udziałem regulatorów transkrypcyjnych (Cbl i CysB) w inicjacji transkrypcji w promotorach operonów *ssu* i *tau*, reprezentujących regulon *ssi* (sulfate starvation-inducible) u *E. coli*. Wykorzystując system transkrypcji *in vitro*, wykazano że Cbl jest bezpośrednim aktywatorem inicjacji transkrypcji w promotorze *ssu* natomiast CysB częściowo reprimuje aktywność tego promotora. W promotorze *tau* CysB jest bezpośrednim aktywatorem inicjacji transkrypcji a Cbl pełni funkcję pozytywnego koregulatora. Wykazano także, że wczesny metabolit drogi asymilacji siarczanu, adenozyno-5'-fosforan (APS), jest silnym inhibitorem funkcji Cbl jako aktywatora transkrypcyjnego. Badanie ekspresji operonu *ssu* w obecności mutacji blokujących syntezę lub/i dalszy metabolizm APS *in vivo* potwierdziło krytyczną rolę tego metabolitu dla ekspresji genów indukowanych w warunkach „głodu siarczanowego”.

Wyizolowano i wstępnie scharakteryzowano 37 mutantów regulatora Cbl, niezdolnych do aktywacji transkrypcyjnej genów *ssu* i *tau* *in vivo*. Wykazano, że 8 różnych pojedynczych substytucji aminokwasowych w N-terminalnej domenie białka (region 1-88) uszkadza zdolność Cbl do wiązania z DNA. Scharakteryzowano *in vivo* oraz *in vitro* mutant Cbl S149M wykazując konstytutywną (nie hamowaną przez APS) aktywność tego białka w stosunku do promotora *ssu*. Analiza dalszych mutantów Cbl jest w toku.

Kontynuowano badania relacji struktura/funkcja regulatora CysB. Zidentyfikowano dwie reszty aminokwasowe w N-terminalnej domenie białka (27 i 28), których zmiana uszkadza specyficznie funkcję pozytywnej kontroli CysB nie wpływając na wiązanie białka z DNA oraz jego interakcję z induktorem. Zidentyfikowano również mutacje w C-terminalnej

domenie (CTD) podjednostki α polimerazy RNA (substytucje Ala w 12 pozycjach α -CTD) uszkodzające specyficznie CysB-zależną aktywację transkrypcyjną promotora *cysP*. Otrzymane wyniki pozwalają nam wytypować wstępnie miejsca kontaktu CysB - α -CTD.

Najważniejszy wynik:

Wykazanie, że adenozylo-5'-fosfosiarczan (APS) jest metabolitem sygnałowym w procesie alternatywnego wykorzystania nieorganicznych i organicznych źródeł siarki u *E. coli*.

PUBLIKACJE: 3546;209/N;1618/A;1637/A

Temat nr 25: Odpowiedzi komórek bakteryjnych i komórek drożdży na uszkodzenia DNA

Temat nr 25.1. Regulacja wierności replikacji DNA w komórkach bakteryjnych

Zespół: doc. Iwona J. Fijałkowska, dr hab. Piotr Jonczyk, mgr Magdalena Maliszewska-Tkaczyk, mgr Damian Gawęł, mgr Magdalena Banach-Orłowska, mgr Wojciech Kubań, mgr Aleksandra Lipowska, Małgorzata Białoskórska

We wszystkich badanych komórkach obserwuje się pewien podstawowy poziom niestabilności genetycznej nazywany mutagenезą spontaniczną. Ten typ mutagenезy ma zasadnicze znaczenie w genetycznej zmienności organizmów, powstawaniu wielu chorób oraz spontanicznej kancerogenezie. Uprzednio wykazano, że co najmniej połowa mutacji spontanicznych powstaje w wyniku błędów powstających w trakcie replikacji DNA. Zrozumienie mechanizmów kontrolujących wierność replikacji DNA ma więc zasadnicze znaczenie dla wyjaśnienia źródeł mutagenезy spontanicznej.

W ciągu ostatnich lat opracowano w naszej pracowni system umożliwiający badanie wierności replikacji DNA nici prowadzącej i nici opóźnionej podczas syntezy chromosomu *E. coli*. System ten wykorzystano do badania częstości i specyficzności powstawania mutacji typu podstawienia zasad. Ostatnio ukończyliśmy cykl badań dotyczących konstrukcji systemu umożliwiającego badanie częstości i specyficzności powstawania mutacji typu zmiany ramki odczytu (*ang.* frameshift). Przeprowadzone badania wykazały, że zarówno mutacje typu addycji jednego nukleotydu jak i mutacje typu delecji jednego nukleotydu zachodzą z różną częstością na dwóch replikowanych niciach DNA.

Badania przeprowadzone w naszej pracowni w poprzednich latach wykazały, że efekt mutatorowy obserwowany w warunkach indukcji systemu SOS, przy braku uszkodzeń DNA jest specyficzny dla nici opóźnionej. Ostatnio ukończyliśmy prace mające na celu określenie czy w warunkach indukcji systemu SOS, po naświetleniu komórek promieniami UV, replikacja DNA poprzez uszkodzenia, prowadzona przez polimerazę V DNA zachodzi również preferencyjnie dla jednej z replikowanych nici DNA. Badano mutacje typu

podstawienia zasad oraz mutacje typu zmiany ramki odczytu. Wykazano, że po naświetleniu komórek promieniami UV, niezależnie od typu powstającej mutacji, częstość z jaką powstają mutacje jest taka sama na obu syntetyzowanych niciach DNA. Otrzymane wyniki sugerują, że mutasom (polimeraza V DNA wraz z towarzyszącymi jej białkami) jest formowany z taką samą częstością na obu uszkodzonych niciach DNA.

Ostatnio rozpoczęliśmy cykl badań mających wyjaśnić rolę jaką pełnią w mutageniezie spontanicznej polimeraza II DNA i polimeraza IV DNA *E. coli*.

Najważniejszy wynik:

Wykazano, że mutacje typu zmiany ramki odczytu zachodzą z różną częstością podczas replikacji nici prowadzącej i opóźnionej DNA.

PUBLIKACJE: 1612/A, 1613/A, 1614/A, 231/N

Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek *Saccharomyces cerevisiae* na uszkodzenia DNA

Zespół: prof. Zygmunt Cieśla, mgr Marta U. Fikus, mgr Piotr Koprowski, mgr Piotr Dzierzbicki, dr Piotr Mieczkowski (staż w USA)

Poprzednie badania nad udziałem nukleazy Din7 w regulacji stabilności mitochondrialnego DNA (mtDNA) w komórkach drożdży *S. cerevisiae*, skłoniły nas do rozszerzenia tematyki prac o udział białka Msh1, homologa bakteryjnego białka MutS, które zaangażowane jest w naprawę źle sparowanych zasad, w procesach kontrolujących wierność replikacji mtDNA. Stwierdzono, że podwyższona synteza dzikiego typu Msh1p powoduje zmniejszenie ilości błędów popełnianych podczas replikacji mikrosatelitarnych sekwencji poly GT. Nieoczekiwanie okazało się, że w warunkach tych dochodzi do dramatycznej destabilizacji traktów poly AT, która przejawia się powstawaniem dużych delecji w obrębie tych traktów. Według przyjętej przez nas hipotezy roboczej, destabilizacja traktów poly AT jest spowodowana przez interakcję Msh1p z drugorzędowymi strukturami tworzonymi przez te samokomplementujące się sekwencje. Hipoteza ta jest obecnie sprawdzana w systemie *in vitro*, w którym badana jest interakcja Msh1p oraz jego zmutowanych form z oligonukleotydami zawierającymi różne sekwencje powtórzone, a także źle sparowane zasady w ich obrębie. Jednocześnie prowadzono badania z użyciem zmutowanych form Msh1p, które zawierają zmiany aminokwasowe w obrębie silnie konserwowanej, wśród homologów MutS, domenie odpowiedzialnej za wiązanie ATP. Okazało się, że mutacje w domenie ATP-zowej Msh1p zmieniają spektrum delecji powstających w traktach poly AT obecnych w mtDNA, co wynika prawdopodobnie ze zmiany specyficzności Msh1p w rozpoznawaniu potencjalnie mutagennych struktur w mtDNA.

Kontynuowano również prace nad rolą nukleazy Din7 w metabolizmie mtDNA. Przedmiotem badań było szczególnie ustalenie związku między poziomem Din7p a częstością rekombinacji zachodzącej w mitochondrialnym genie *cob*, kodującym cytochrom B. Uzyskane dane wskazują, że inaktywacja *DIN7* prowadzi do ok. dwukrotnego obniżenia poziomu rekombinacji. Sugeruje to udział nukleazy Din7 w tworzeniu intermediatów rekombinacyjnych w mtDNA.

Najważniejszy wynik:

Stwierdzenie przeciwnego efektu Msh1p na stabilność mikrosatelitarnych sekwencji poly GT i poly AT w mtDNA.

PUBLIKACJE: 1611/A

Temat nr 25.3: Komórkowe systemy naprawy uszkodzeń alkilacyjnych w DNA

Zespół: doc. Ewa Śledziwska-Gójska, dr Adrianna Skoneczna, mgr Agnieszka Podlaska, mgr Justyna McIntyre

Kontynuowano badanie roli białka Ump1, maturazy proteasomu 20S, w odpowiedzi komórek drożdży *Saccharomyces cerevisiae* na uszkodzenia DNA. Analiza fenotypów reperacyjnych szczepów drożdży niosących delecję w genie *UMP1* wykazała, że obok zwiększonej wrażliwości na promieniowanie UV, komórki drożdży posiadające defektywne białko Ump1, wykazują charakter mutatora spontanicznego. Częstość powstawania mutacji spontanicznych w tych komórkach wzrasta, w stosunku do kontroli, 2-8 razy zależnie od tła genetycznego i analizowanego markera. Wiadomo, że dysfunkcja Ump1 powoduje nieprawidłowe składanie proteasomu 20S i obniżenie wszystkich trzech jego aktywności peptydazowych: chymotrypsyno-podobnej, trypsyno-podobnej i hydrolazy peptydyloglutamylowej (PGPH). Można więc przypuszczać, że opisane powyżej reperacyjne fenotypy mutacji genu *UMP1* wynikają z upośledzenia aktywności proteasomu 20S. Sprawdziliśmy efekt uszkodzenia poszczególnych aktywności proteasomalnych na poziom mutagenyzy i wrażliwość komórek drożdży na czynniki uszkadzające DNA. W tym celu wykorzystaliśmy serię mutacji, uzyskanych na drodze mutagenyzy sterowanej, zaburzających specyficznie funkcjonowanie centrów aktywnych poszczególnych peptydaz proteasomalnych. Wyniki naszych badań wykazują, że zaburzenie aktywności chymotrypsyno-podobnej, głównej aktywności proteasomów eukariontycznych, ma silnie plejotropowy efekt prowadzący do uwrażliwienia komórek drożdży na działanie zarówno UV jak i MMS, ale także na działanie szeregu czynników stresowych nie związanych z uszkodzeniami DNA. W przeciwieństwie do tego niespecyficznego efektu, uszkodzenie aktywności trypsyno-podobnej

powoduje specyficznie zwiększenie wrażliwości komórek drożdży na promieniowanie UV. Poziom tej wrażliwości jest podobny do tego jaki obserwujemy w mutantach *ump1*. Uszkodzenie aktywności PGPH – nie wpływa na wrażliwość komórek drożdży na uszkodzenia DNA.

Badanie poziomu mutacji spontanicznych w szczepach niosących dysfunkcje poszczególnych peptydaz proteasomalnych pokazuje, z kolei, że chociaż mutacje proteasomalne prowadzą, podobnie jak to obserwowaliśmy dla mutacji *ump1*, do zwiększenia częstości powstawania mutacji spontanicznych, to efektu tego nie udaje się związać z dysfunkcją poszczególnych peptydaz proteasomalnych. Wynik taki sugeruje, że fenotyp mutatorowy wiąże się z uszkodzeniem innych, alternatywnych funkcji proteasomu 20S.

Najważniejszy wynik:

Uzyskane wyniki potwierdzają udział proteasomu 20S w utrzymywaniu stabilności genetycznej komórek drożdży. Wykazują równocześnie, że mamy do czynienia z dwoma różnymi mechanizmami angażującymi proteasom 20S z jednej strony w ochronę komórek przed letalnym efektem promieniowania UV, a z drugiej strony w utrzymywanie niskiego poziomu mutacji spontanicznych w DNA.

PUBLIKACJE: 1544/A, 1623/A, 1624/A

Temat nr 26: Mechanizmy mutagenyzy indukowanej przez promieniowanie UV

Zespół: prof. Irena Pietrzykowska, dr Anna Bębenek, mgr Joanna Krwawicz

Kontynuowano badania nad mechanizmem mutagenyzy indukowanej przez promienie UV i MMS niezależnej od replikacji DNA. Wcześniej wykazaliśmy, że UV- i MMS-indukowana mutagenyza w fagu λ sus 0₈ w komórkach niepermissywnych dla replikacji DNA faga zachodzi na innej drodze niż w gospodarzu permissywnym. Różnice dotyczą zarówno wymagań wobec białek UmD i C jak też typu tworzonej mutacji oraz ich podatności na naprawę przez system naprawy błędnie sparowanych zasad (mismatch repair, MMR).

Obecnie sprawdzano rolę systemu naprawy zasad (BER) [base excision repair] w procesie mutagenyzy niezależnej od replikacji DNA. Skonstruowano szczepy *E.coli* su⁻ niepermissywne dla replikacji DNA faga λ sus 0₈ z mutacjami *xthA* i Δxth pozbawione głównej aktywności AP-endonukleazy w komórkach *E.coli* oraz z potrójnymi mutacjami *nth-1 nfo-1 $\Delta xthA$* pozbawione aktywności 2-ch DNA glikozylaz aktywnych wobec pirymidyn z wysyconym wiązaniem 5,6 pierścienia pirymidynowego oraz AP-endonukleazy. Uzyskane wyniki wykazały, że brak aktywności AP-endonukleazy powoduje ponad 2-krotne obniżenie częstości mutacji w fagu λ sus 0₈ indukowanych przez promienie UV i 2,5-krotne w

przypadku MMS. Natomiast w potrójnym mutancie *nth-1 nfo-1 Δxth* poziom UV-mutagenyzy był obniżony 3-krotnie a indukowanej MMS'em 10-cio-krotnie.

Wyniki te wskazują na udział systemu naprawy BER w procesie mutagenyzy niezależnej od replikacji DNA. Jest to ponadto pokazanie po raz pierwszy, że naprawa typu BER może prowadzić do powstawania mutacji, dotąd była uważana za błędną.

W badaniach *in vitro* wykazano, że białko UmuD może tworzyć kompleks z DNA polimerazą I. Biorąc pod uwagę nasze wcześniejsze wyniki wykazujące istotną rolę białka Umu D w procesie mutagenyzy niezależnej od replikacji DNA oraz fakt, że DNA polimeraza I jest główną polimerazą w naprawie BER wyniki te mogą stanowić potwierdzenie hipotezy, że w mutagenyzie w warunkach niepermissywnych dla replikacji mutacje powstają w wyniku błędnej naprawy przez wycinanie zasad.

Najważniejszy wynik:

Uzyskane wyniki wskazują na udział systemu naprawy przez wycinanie zasad (BER) w procesie mutagenyzy niezależnej od replikacji DNA, a ponadto pokazują po raz pierwszy, że naprawa typu BER dotąd uważana za bezbłędną, może prowadzić do mutacji.

Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów plazmidu bakterii Gram dodatnich pSM19035

Zespół: doc. Piotr Cegłowski, dr Izabella Kern-Zdanowicz, dr Urszula Zielenkiewicz, mgr Izabela Sitkiewicz, mgr Maksymilian Zienkiewicz, mgr Marcin Gołębiwski

Kontynuowano badania nad genami *omega*, *epsilon* i *zeta*, zaangażowanymi w stabilne utrzymywanie w komórkach plazmidu pSM19035. Geny te stanowią operon, który jest autogennie regulowany przez produkt genu *omega*, natomiast zasadniczą i bezpośrednią rolę w stabilizacji plazmidów odgrywają geny *zeta* i *epsilon*, których produkty funkcjonują na zasadzie „trucizna-odtrutka”. W bieżącym roku zbadano m.in. rolę regulatorowego genu *omega* w funkcjonowaniu tego operonu jako kasety zapewniającej stabilne dziedziczenie plazmidów w komórkach *Bacillus subtilis*. Zaobserwowano, że inaktywacja genu *omega*, poprzez wprowadzenie w obręb jego ramki odczytu kodonu stop, prowadzi do podwyższonej, konstytutywnej ekspresji całego operonu i powoduje zarazem obniżenie jego zdolności do stabilizacji plazmidów. Efekt ten ujawnia się stosunkowo późno, po zajściu ok. 80 podziałów komórkowych i najprawdopodobniej wynika z „wymiareczkowania” proteazy komórkowej degradującej białko odtrutki Epsilon.

W oddzielnym projekcie, poświęconym genomice plazmidowej, kontynuowano prace nad charakterystyką plazmidów o znaczeniu medycznym lub biotechnologicznym poprzez określenie ich kompletnych sekwencji nukleotydowych. Analizowane są trzy plazmidy:

[1]- pCTX-M-3 (90 kb), który rozprzestrzenił wśród wielu gatunków *Enterobacteriaceae*, w kilku szpitalach rozsiągnięty po całym kraju;

[2] – p1658/97 (120 kb), w którym selektywnie ulega amplifikacji gen β -laktamazy *bla*_{SHV};

[3] – pIBB510, (40 kb), ze szczepu *L. lactis* IBB500 wytwarzającego pullulanazę.

Ustalanie kompletnych sekwencji plazmidów [1] i [2] jest bliskie ukończenia – uzyskane sekwencje cząstkowe złożono już pojedyncze tzw. kontigi i obecnie odbywa się opisywanie (annotacja) sekwencji niezbędne do ich zdeponowania w bazach danych, natomiast sekwencje cząstkowe plazmidu [3] wymagają jeszcze złożenia w jeden kontig i annotacji.

Najważniejszy wynik:

Wykazano bezpośrednią rolę regulatorowego genu *omega* w stabilnym utrzymywaniu plazmidów w *Bacillus subtilis*.

PUBLIKACJE: 3614, 1593/A, 1639/A, 217/N, 226/N, 230/N, 235/N, 236/N

Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenyzy i reperacji adduktów cyklicznych

Zespół: prof. Jarosław Kuśmierek, mgr Agnieszka Maciejewska, mgr Ewa Borys-Brzywczy, mgr Katarzyna Lichota.

Degradacja modyfikowanych przez mutageny 5'-trójfosforanów deoksynukleozydów (dNTP) przez enzymy komórkowe. Zasady w puli dNTP ulegają, podobnie jak w DNA, uszkodzeniom przez różne czynniki endo- i egzogenne. Inkorporacja uszkodzonych dNTP do DNA może prowadzić do mutacji. Dawno temu odkryty mutator *mutT* z *E. coli* koduje pirofosfohydrolazę specyficznie hydrolizującą 8OHdGTP. Analogiczne enzymy znaleziono u innych organizmów. Ludzki analog hMTH1 hydrolizuje również 2OH- i 8OHdATP. Jest mało prawdopodobne aby mechanizmy oczyszczania puli dNTP były ograniczone do eliminacji nielicznych typów uszkodzonych dNTP. Podjęto więc badania nad degradacją różnych modyfikowanych dNTP przez MutT i hMTH1 a także przez homogenaty komórkowe w celu ewentualnego wykrycia innych typów niż MutT aktywności enzymatycznych. Syntetyzowano szereg modyfikowanych dNTP, m. inn. 8OHdGTP, 2OHdATP oraz eteno (ϵ) dNTP, oczyszczono MutT, trwają prace nad klonowaniem i ekspresją *hMTH1*. Jedynie 8OHdGTP ze wszystkich badanych dNTP jest hydrolizowany przez MutT i przez homogenat *E. coli*. Badania homogenatów ludzkich tkanek (tkanka nowotworowa płuca i obrzeże) wykazały, że 8OHdGTP i ϵ dCTP są hydrolizowane szybciej, natomiast ϵ dATP wolniej, podobnie jak niemodyfikowane dNTP. Ponadto, homogenaty tkanek nowotworowych w porównaniu z obrzeżem hydrolizują znacznie szybciej 8OHdGTP i ϵ dCTP niż ϵ dATP i

niemodyfikowane dNTP. Wstępne wyniki wskazują, że w ludzkich komórkach są obecne enzymy oczyszczające pulę dNTP z niektórych typów adduktów cyklicznych dNTP, *e.g.* ϵ dCTP.

Reperacja adduktów cyklicznych. Stosując skonstruowany model doświadczalny wykazano, że ϵ C jest wycinana z DNA przez bakteryjną glikozylazę uracylową Mug oraz z mniejszą wydajnością przez jej drożdżowy (sp2) i ludzki homolog (TDG). Wstępne doświadczenia wskazują, że addukt akroleiny do cytozyny jest wycinany przez bakteryjne glikozylazy Mug i AlkA.

Najważniejszy wynik:

Wstępne wyniki wskazują, że w komórkach ludzkich są obecne aktywności enzymatyczne usuwające z puli dNTP nie tylko uszkodzenia oksydacyjne lecz również niektóre addukty cykliczne dNTP.

PUBLIKACJE: 3565, 1547/A, 1559/A, 1628A, 1640A, 1641/A, 1642/A

Temat nr 29: Analiza molekularna genów kodujących enzymy katabolizmu argininy u *Aspergillus*.

Zespół: prof. Piotr Węgleński, dr Piotr Borsuk, dr Agnieszka Dzikowska, dr Joanna Empel, mgr Anna Grzelak, mgr Michał Koper, mgr Anna Olszewska

Przeprowadzono analizę funkcjonalną promotorów genów *agaA* i *otaA* kodujących odpowiednio arginazę i transaminazę ornitynową. Wykazano istotność sekwencji wiążących odpowiedzialnych za wiązanie białek regulacyjnych AREA, CREA i ARC. Wyniki prac nad promotorem genu *otaA* zebrano w pracy Dzikowska A., Kacprzak M., Tomecki R., Koper M., Scazzocchio C., Węgleński P. *Specific induction and carbon/nitrogen repression of arginine catabolism gene of *Aspergillus nidulans* – functional in vivo analysis of the otaA promoter*”, którą przesłano do druku w Fungal Genetics and biology.

Sklonowano i ustalono sekwencję genu *suDpro*, jednego z regulatorów katabolizmu argininy, kodującego potencjalną glikoproteazę. Zbadano charakter mutacji znalezionych w tym genie i przeprowadzono analizę efektów fenotypowych poszczególnych mutacji.

Najważniejszy wynik:

Przeprowadzenie funkcjonalnej analizy promotora genu *otaA*.

PUBLIKACJE: 3622, 244/N, 245/N, 246/N

Temat nr 30: Analiza mutantów typu *suv 3* u *S. cerevisiae*

Zespół: prof. Piotr P. Stępień, dr Aleksandra Dmochowska, mgr Andrzej Dziembowski, mgr Michał Mińczuk, mgr Jan Piwowski

W celu wyizolowania natywnego kompleksu degradosomu mitochondrialnego zastosowano metodę TAP-TAG czyli tandemową chromatografię powinowactwa. Uzyskano homogenne i aktywne preparaty. Ich analiza wykazała, że degradosom mitochondrialny składa się tylko z dwóch podjednostek: kodowanych w jądrze przez geny SUV3 i DSS1; degradosom ma aktywność helikazy RNA i RNazy; kompleks ten jest zasocjowany z rybosomami mitochondrialnymi. Na podstawie analizy 3' i 5' końców mitochondrialnych RNA w mutantach zaproponowano model działania degradosomu jako mechanizmu kontroli jakości RNA w mitochondriach. Opracowano nową metodę analizy 3' i 5' końców RNA za pomocą mapowania na stałym złożu.

PUBLIKACJE: 3580, 3581, 222/N, 223/N

Temat nr 31: Studium Doktoranckie

Kierownik studium: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk

Szkoła Biologii Molekularnej (Studia doktoranckie) liczy 107 osób w tym 74 pobierające stypendia. Rok 1-szy studiów doktoranckich (od 1-szego października) 16 osób, 2-gi 14 osób, 3-ci 17, 4-ty 10 osób. 20-tu doktorantów otrzymało zgodę na przedłużenie studiów na rok 5-ty

Stopień doktora otrzymało w roku 2001, czternaście osób.

Działalność dydaktyczna:

W okresie luty, marzec 2001 odbył się cykl wykładów na temat: Prokaryota-modelowe organizmy w badaniach biologii molekularnej. Cykl ten, opracowany przez doc. Iwonę Fijałkowską obejmował następujące tematy:

1. Porównanie specyficzności substratowej białek opiekuńczych prokariota i eukariota (prof.dr hab. M.Żylicz, MIBM),
2. Molekularne podstawy bakteryjnej patogenez (prof. K. Jagusztyn-Krynicka, UW),
3. Inicjacja transkrypcji jako główny punkt kontrolny w transkrypcji genu (doc. M. Hryniewicz, IBB PAN),
4. Regulacja inicjacji replikacji DNA (prof.G. Węgrzyn, UG),
5. Mechanizmy replikacji chromosomalnego DNA, (doc. P. Jonczyk, IBB PAN),
6. Mechanizmy warunkujące wierność replikacji, (doc. I. Fijałkowska, IBB PAN),

7. Mutacje adaptacyjne, (doc. E. Grzesiuk).

Cykl wykładów zakończono testem zaliczeniowym. Do testu przystąpiło 28 doktorantów, 25-ciu uzyskało wynik pozytywny.

Osiągnięcia naukowe doktorantów:

Dwudziestu dziewięciu doktorantów jest współautorami pełnych prac naukowych opublikowanych w roku 2000 oraz dziewięćdziesięciu jeden komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych.

15-tu doktorantów (A. Bugajska M. Banach-Orłowska, A. Dobruk, K. Flis, B. Gajewska, D. Grabowska, A. Janik, A. Janowicz, M. Kęsik, K. Lichota, F. Liszewska, A. Podlawska, L. Polkowska-Kowalczyk, W. Podstolski, J. Wiwatowska) przedstawiło projekty badawcze pisane wg wzorów projektów grantowych KBN. Wysokość finansowania została zróżnicowana w zależności od uzyskanej oceny projektu i wynosiła 4500 lub 5500 zł. na projekt. Fundusze te mogły być przeznaczone na zakup odczynników i drobnego sprzętu lub sfinansowanie uczestnictwa w dowolnie wybranej konferencji naukowej. Odbiorców grantów obowiązywać będzie przedstawienie sprawozdania merytorycznego i finansowego. Sprawozdanie to będzie podstawą do ewentualnego przedłużenia grantu na rok następny.

Finanse:

Fundusz SBM/Studium Doktoranckiego wyniósł w roku 2001 150 000 zł. W jego ramach finansowano częściowo udział doktorantów w konferencjach międzynarodowych odbywających się za granicą a także w całości w konferencjach w Polsce. Warunkiem dofinansowania wyjazdu było otrzymanie częściowego pokrycia kosztów uczestnictwa w konferencji z funduszy nie pochodzących z IBB.

Z funduszy SBM/Studium pokrywano również koszty prowadzenia zajęć dydaktycznych dla doktorantów.

Planujemy przeznaczenie pozostałych funduszy (ok. 120000 zł) na dofinansowanie najlepszych projektów badawczych przedstawianych przez doktorantów w konkursie na rok 2002.

Temat nr 32: Pracownia Biologii Molekularnej IBB PAN

Temat nr 32.1: Montaż, dziedziczenie i rozpad kompleksu replikacyjnego bakteriofaga lambda

Zespół: dr hab. Alicja Węgrzyn, dr Agata Czyż, dr Magdalena Gabig,
prof. Grzegorz Węgrzyn (Uniwersytet Gdański - konsultacje naukowe)

Na podstawie badań kierunkowości replikacji DNA bakteriofaga lambda z zastosowaniem technik dwukierunkowej elektroforezy agarozowej i mikroskopii elektronowej oraz doświadczeń genetycznych i biochemicznych, włączając analizę replikacji DNA techniką przesunięcia gęstościowego, zaproponowano mechanizm regulacji zmiany typu replikacji DNA bakteriofaga lambda z modelu teta na model sigma. W zaproponowanym mechanizmie kluczową rolę odgrywa białko DnaA, które stymulując aktywację transkrypcyjną rejonu origin reguluje kierunkowość replikacji DNA bakteriofaga lambda, która z kolei ma zasadnicze znaczenie w wyborze jednego z dwu modeli replikacji DNA.

Dotychczasowy stan wiedzy o zjawisku dziedziczenia kompleksu replikacyjnego lambda i związanymi z nim procesami regulacji rozwoju bakteriofaga zostały przedstawione w dwu pracach przeglądowych.

Badania stabilności białka O bakteriofaga lambda, jak również innych białek tego faga, w różnych mutantach *Escherichia coli* pozwoliły na wykazanie fizjologicznej roli szybkiej degradacji białka O przez komórkową proteazę ClpP/ClpX, która polega na regulacji decyzji „liza czy lizogenia” w specyficznych warunkach wzrostu komórek bakteryjnych.

Szczegółowe badania replikacji plazmidów pochodzących od bakteriofaga lambda pozwoliły na przedstawienie modelu niezgodności tych plazmidów z mutantami *Escherichia coli* zawierającymi punktowe zmiany w genie *dnaA*.

Badania nad regulację replikacji i transkrypcji u bakteriofaga lambda pozwoliły stwierdzić, że białko SeqA, uważane za jeden z głównych czynników regulujących replikację chromosomu *E. coli*, jest także specyficznym czynnikiem transkrypcyjnym.

Najważniejsze wyniki:

1. Zaproponowanie mechanizmu regulacji zmiany typu replikacji DNA bakteriofaga lambda.
2. Wykazanie, że białko SeqA jest specyficznym czynnikiem transkrypcyjnym.

PUBLIKACJE: 3592, 3602, 3603, 3604, 3605, 3606, 3607, 3608, 3609, 3610, 3611, 1526/A, 1530/A, 1596/A, 1597/A, 1598/A, 1599/A, 1601/A, 1602/A, 1603/A, 1604/A, 1605/A, 1606/A, 1643/A, 206/N, 44/M

Temat nr 32.2: Białka opiekuńcze w komórkach nowotworowych

Zespół: mgr Frank King (do 01.07.01), mgr Aleksandra Helwak, mgr Leszek Lipiński
prof. Maciej Żylicz (zatrudniony w Międzynarodowy Instytut Biomologii Molekularnej i
Komórki - konsultacje naukowe)

Zrekonstruowaliśmy *in vitro* poszczególne etapy prowadzące do wiązania się białek opiekuńczych do zmutowanej i niezmutowanej formy białka supresorowego p53. Wykazaliśmy, że białko opiekuńcze Hsc70 wiąże się z białkiem p53 za pośrednictwem Hsp40. Dopiero po utworzeniu się trójskładnikowego kompleksu *mut* p53-Hsp40-Hsc70 w obecności białka Hop, białko opiekuńcze Hsp90 wiąże się z tym kompleksem. Ten wieloenzymatyczny kompleks jest relatywnie odporny na dysocjację katalizowaną przez Bag-1 i jest odpowiedzialny za zahamowanie importu p53 do jądra komórkowego. W przypadku niezmutowanej formy p53, Hsp90 wiąże się bezpośrednio z p53 zapobiegając tworzeniu się kompleksu p53 z Hsc70 i Hsp40. Czynniki antyapoptyczne Bag-1 powoduje dysocjację kompleksu p53-Hsp90. Odkrycie oddziaływania Hsp90 z niezmutowaną formą p53 sugeruje udział Hsp90 w transporcie p53 do jądra komórkowego (analogia do roli Hsp90 w imporcie receptora hormonu sterydowego).

PUBLIKACJE: 3619, 3621, 1657/A, 213/N

Temat nr 33: Mechanizmy aktywnej segregacji niskokopijnego plazmidu P1 do komórek potomnych w czasie podziału komórkowego

Zespół: dr Małgorzata Łobocka, dr Krystyna Krajewska-Grynkiewicz, mgr Olga Bugajska,
mgr Aneta Dobruk

1. Zastosowano fuzję ParB-Gfp, do badań *in vivo* nad destabilizacją plazmidów niosących centromer P1 przez ParB. Podczas destabilizacji plazmidu mini-pSC101-*parS*⁺ przez ParB-Gfp liczba ognisk fluorescencji reprezentujących wewnątrzkomórkowe kompleksy ParB-Gfp z DNA tego plazmidu zmniejszała się po podziałach komórkowych według schematu rozcieńczeń. Dostarczenie białka RepA w układzie *trans* znosiło destabilizację. Przeczyło to hipotezie, że białko ParB po interakcji z centromerem polimeryzuje na sąsiadującym DNA i chroni je przed dostępem innych białek. Zaproponowano, że ParB hamuje selektywnie transkrypcję genów sąsiadujących z centromerem.
2. Zademonstrowano, że jedną z funkcji wewnętrznych promotorów operonu *par* jest zwiększenie syntezy ParB w stosunku do ParA w stacjonarnej fazie wzrostu komórek. Jednym z inhibitorów transkrypcji z głównego promotora w tej fazie okazało się białko IHF.
3. Wykazano, że ParB modyfikuje efekt nadmiaru ParA w komórce na kondensację i partycję chromosomu oraz podziały komórkowe. Białko jednego z mutantów partycyjnych

parA jest tak toksyczne w nadmiarze jak dzikie ParA. Analiza jego właściwości umożliwia wstępną identyfikację rejonu ParA niezbędnego dla toksyczności dla komórki.

4. Oczyszczono natywne białko ParB-6xHis. Nie różni się ono od ParB ani w zdolności do wiązania *parS* ani we właściwościach oligomeryzacyjnych. Zmodyfikowano osiem zmutowanych form genu *parB*, poprzez dołączenie znacznika histydynowego. Wybrano mutanty niezdolne do wyciszania transkrypcji genów sąsiadujących z *parS*, ale zdolne do wiązania *parS*, defektywne w późniejszych reakcjach partycyjnych. Porównano właściwości oligomeryzacyjne białek mutantów i dzikiego białka ParB-6xHis. Jedno z białek, ParB I105T, które tworzy z *parS* kompleksy o innej ruchliwości w żelu niż białko typu dzikiego, ma obniżoną zdolność do tetrameryzacji. Zaproponowano model wskazujący na udział tetrameryzacji ParB w tworzeniu funkcjonalnego, wypętlonego kompleksu centromerowego.

5. Porównano kompletnych sekwencje genomowe bakteriofaga P1 i P7.

Najważniejszy wynik:

Wykazanie, że ParB nie blokuje dostępu innych białek do DNA sąsiadującego z centromerem.

PUBLIKACJE: 3588, 239/N

Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów

Zespół: prof. Andrzej Jerzmanowski, mgr Katarzyna Olczak, mgr Tomasz Sarnowski, mgr Szymon Świeżewski, Monika Banaszak

Podtemat dotyczący badania biologicznej funkcji histonu H1: Zidentyfikowano i sklonowano gen kodujący wariant histonu H1, tzw. H1C, z tytoniu. Porównanie sekwencji H1C z sekwencjami innych histonów z grupy H1 i analiza filogenetyczna pozwoliły zaliczyć sklonowany wariant do podgrupy pobocznych (minor) roślinnych wariantów H1 indukowanych suszą. Analiza nie ulegających translacji fragmentów *H1C* oraz fragmentów promotora sugeruje, że transkrypcja *H1C* może być regulowana przez stężenie sacharozy. Wyłączenie w roślinach tytoniu nie wyrażających głównych (major) wariantów H1 (H1A i H1B) ekspresji genu *H1C* i jego bliskiego homologa genu *H1D* nie wpływa na charakterystyczny fenotyp roślin bez H1A i H1B polegający na męskosterylności. Wykazano także, że selektywne wyłączenie w roślinach wariantów H1C i H1D nie wpływa na zdolność roślin do wzrostu i rozwoju.

Podtemat dotyczący roślinnych kompleksów typu SWI/SNF, remodelujących chromatynę: Korzystając z dostępności pełnej sekwencji DNA *Arabidopsis thaliana* przeprowadzono pełną analizę filogenetyczną potencjalnych podjednostek rdzeniowych

(ATPaza typu SNF-2, białka typu SNF5 i SWI3) oraz podjednostka typu Swp73 roślinnych kompleksów remodelujących typu Swi/Snf. Zidentyfikowano 10 białek, potencjalnych składników kompleksu. Na podstawie analizy motywów sekwencyjnych nadreprezentowanych w promotorach genów kodujących te białka zidentyfikowano 4 białka, jako najbardziej prawdopodobne składniki rzeczywistego kompleksu typu Swi/Snf w *Arabidopsis*. Wstępna analiza chromatograficzna dużych kompleksów białkowych obecnych w całkowitym ekstrakcie białkowym z *Arabidopsis* potwierdziła prawidłowość analizy metodami filogenetycznymi i bioinformatycznymi.

Najważniejsze wyniki:

1. Ustalenie sekwencji pobocznego wariantu H1 w tytoniu (H1C) i wykazanie, że wyłączenie jego ekspresji nie wpływa na zdolność roślin do wzrostu i rozwoju.
2. Identyfikacja za pomocą metod filogenetycznych i bioinformatycznych najbardziej prawdopodobnych składników kompleksu typu Swi/Snf przebudowującego chromatynę w *Arabidopsis*.

PUBLIKACJE: 3547, 1655/A

Temat nr 35: Ekspresja genów bakteryjnych w roślinach

Zespół: dr hab. Agnieszka Sirko, dr Robert Brodzik (urlop bezpłatny), mgr Anna Błaszczyk, mgr Frantz Liszewska, mgr Kacper Kazimierzuk

Badania koncentrowały się wokół dwóch projektów badawczych. Pierwszy projekt dotyczy wykorzystania transgeniczných roślin do produkcji wybranych antygenów dwóch drobnoustrojów chorobotwórczych, *Helicobacter pylori* i wirusa EHV-1 (Equine Herpes Virus 1), w celu uzyskania odpowiednich szczepionek podjednostkowych. Drugi projekt dotyczy badania regulacji oraz możliwości modyfikacji metabolizmu siarki w roślinach poprzez ekspresję wybranych genów z *Escherichia coli* i *Schizosaccharomyces pombe*.

Większość wyników uzyskanych w ciągu tego roku to wyniki cząstkowe, które zostaną w pełni wykorzystane dopiero w dalszych etapach pracy. Do takich wyników należą: (1) Uzyskanie transgeniczných linii tytoniu stransformowanych konstruktami zawierającymi gen reporterowy *uidA* pod kontrolą czterech różnych promotorów roślinnych w celu porównania ich aktywności w różnych organach roślin oraz zidentyfikowania promotora najbardziej odpowiedniego do dalszych badań [analiza roślin rozpoczęta zostanie w lutym 2002]; (2) Sklonowanie genu *hspB* *H. pylori* oraz nadprodukcja białka HspB w *E. coli* w celu uzyskania przeciwciał; (3) Uzyskanie plazmidów zawierających cDNA wybranych cytokin (ludzkiej IL-2, mysiego i ludzkiego GM-CSF) oraz antygenów gC i gD wirusa EHV-1, niezbędnych do przygotowania finalnych konstruktów służących do transformacji roślin;

- (4) Sklonowanie genów *gshA* *E. coli* oraz PCS *S. pombe* kodujących odpowiednio syntetazę γ -glutamylcysteiny (ECS) oraz syntetazę fitochelatyn, przygotowanie konstruktów do transformacji roślin i ich pozytywna weryfikacja w systemie przejściowej ekspresji *in planta*;
- (5) Nadprodukcja białek ECS i PCS w *E. coli* w celu uzyskania przeciwciał.

Najważniejsze wyniki:

Porównanie kilku transgenicznych linii roślin tytoniu produkujących bakteryjne enzymy szlaku biosyntezy cysteiny (SAT i OAS-TL) oraz zbadanie wpływu wybranych związków na produkcję cysteiny i glutationu przez te rośliny.

PUBLIKACJE: 3590, 1532/A

Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej

Zespół: prof. Piotr Zielenkiewicz, dr Piotr Pawłowski, mgr Jerzy Dyczkowski, mgr Grzegorz Wieczorek

Opracowano program STOCKS służący do stochastycznych symulacji kinetyki procesów biochemicznych. Program jest udostępniony w ramach licencji GNU GPL. Opracowano udoskonalony model ekspresji genu prokariotycznego i uzyskano kompletny wykres fazowy zależności fluktuacji w prędkości syntezy białka od częstości inicjacji transkrypcji i translacji. Oprogramowano także nowy algorytm który wielokrotnie przyspiesza stochastyczne symulacje procesów, w których biorą udział reakcje różniące się prędkością o wiele rzędów wielkości. Umożliwi to symulacje bakteryjnych procesów metabolicznych z uwzględnieniem zarówno regulacji ekspresji genów jak i aktywności produkowanych enzymów.

Znaleziono homologi genów remodelujących chromatynę SNF5, SNF2, SWI3 i SNF12 i przy pomocy analizy ich regionów promotorowych określono, które z nich prawdopodobnie wchodzi w skład kompleksu SWI/SNF u *Arabidopsis thaliana*. Rozpoczęto prace nad wykorzystaniem danych z publicznie dostępnych mikromacierzy DNA, analizą homologii i motywów sekwencji dla znalezienia pozostałych składników kompleksu SWI/SNF w *Arabidopsis thaliana*. Odkryto dwie nowe domeny charakterystyczne dla niektórych helikaz remodelujących chromatynę.

Napisano program do dynamiki brownowskiej przeznaczony do symulacji układów o dużym zagęszczeniu cząsteczek. Za pomocą w/w wykonano obliczenia mające ustalić wpływ zatłoczenia na stałą dyfuzji dla sferycznych cząsteczek o różnej wielkości. Rozpoczęto badania wpływu zatłoczenia środowiska na stałą szybkości reakcji asocjacji białek na przykładzie prostych modeli.

PUBLIKACJE: 3549

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych
Zespół: doc. Jacek Hennig, dr Dorota Konopka, dr Andrzej Talarczyk (do 31.10.2001)
mgr Anna Barabasz, mgr Anna Maassen, mgr Agnieszka Mac

We wcześniejszych naszych badaniach wyizolowaliśmy z roślin ziemniaka *Solanum tuberosum* odm. Desirée kilka genów kodujących białka o aktywności 1,3- β -glukanazy. 1,3- β -Glukanazy (EC 3.2.1.39) są hydrolazami szeroko rozpowszechnionymi w świecie roślin. Aktywność niektórych z tych białek jest silnie indukowana w odpowiedzi roślin na infekcje mikroorganizmów, co wiąże się z ich funkcją obronną. Znaczny wzrost ekspresji wyizolowanych przez nas genów obserwuje się po infekcji roślin: wirusem Y (PVY) a także po potraktowaniu liści filtratem z hodowli *Phytophthora infestans* i kwasem salicylowym dlatego zaliczyliśmy je do rodziny PR (ang. Pathogenesis Related – geny kodujące białka obronne, związane z patogenezą). Stwierdziliśmy ponadto, że charakteryzowane przez nas 1,3- β -glukanazy podlegają indukcji (na poziomie mRNA oraz białka) podczas tworzenia i rozwoju kwiatów, a maksimum ekspresji przypada na stadium całkowicie rozwiniętego kwiatu. Analiza organów i tkanek tworzących kwiat wykazała, że ekspresja badanych glukanaz lokalizuje się w tkankach tworzących słupek. Dla umiejscowienia tej ekspresji wykonaliśmy analizę immunocytochemiczną, która jednoznacznie pokazała, że charakteryzowane białko występuje w cytoplazmie, zewnętrznej warstwy komórek tworzących znamię słupka.

Stwierdziliśmy także, że w procesie odpowiedzi roślin na infekcję bakterii *Pseudomonas syringae* zasadniczą rolę odgrywają szereg niskocząsteczkowe efektory takie jak: reaktywne formy tlenu i kwas salicylowy. W tym okresie sprawozdawczym wykazaliśmy, że już w 30 minut po infekcji tkanki roślinnej, następuje silna (20 – krotna) indukcja aktywności syntazy tlenku azotu. Indukcja ta poprzedza pojawianie się w tkance podwyższonego poziomu reaktywnych form tlenu oraz kwasu salicylowego.

Najważniejszy wynik:

Stwierdziliśmy, że w odpowiedzi typu „non-host”, roślin tytoniu (*N. tabacum* po infekcji bakteriami *P. syringae* pv. *maculicola*) uczestniczą kolejno następujące cząsteczki sygnałowe: NO, H₂O₂ oraz kwas salicylowy.

PUBLIKACJE: 3595, 1518/A, 1528/A 1571/A, 1572/A, 1573/A, 30/M, 33/M, 210/N, 218/N, 224/N, 233/N

Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej

Zespół: prof. Ewa Bartnik, mgr Katarzyna Mroczek, mgr Janusz Piechota

Przebadano w sumie 152 próbki mitochondrialnego DNA (mtDNA) z populacji polskiej. Do badań zastosowano enzymy restrykcyjne *AvaII*, *BamHI*, *HaeII*, *HpaI* i *PstI*. Gdy było to potrzebne DNA sekwencjonowano w celu ustalenia dokładnego miejsca polimorficznego. Stwierdzono, że 67% haplotypów dla tych enzymów jest identycznych, zaś pozostałe 33% to 21 różnych haplotypów. 15 z nich wykryto tylko u pojedynczych osób. Wykryto szereg nowych morfów (polimorfizmów) dla enzymu *AvaII*. Niektóre znalezione w populacji polskiej morfy były już wykryte uprzednio w zupełnie innych populacjach, np. w plemieniu Wolof w Senegalu.

PUBLIKACJE: 25/M, 34/M, 38/M, 39/M, 40/M, 41/M, 226/N, 230/N, 232/N, 234/N, 1529/A, 1531/A, 1591/A, 1592/A.

Temat nr 40: Centrum Polsko-Francuskie Biotechnologii Roślin

Dyrektor: prof. Anne-Lise Haenni

Zadaniem Polsko-Francuskiego Centrum Biotechnologii Roślin jest inicjowanie i koordynacja badań w zakresie biologii i genetyki molekularnej, prowadzonych przez naukowców polskich i francuskich. Środki na ten cel przyznawane są przez rządy obu krajów.

W ramach dotacji otrzymanej z Komitetu Badań Naukowych, Centrum subwencionowało w 2001 roku realizację następujących programów badawczych w Polsce przy współpracy z placówkami francuskimi:

Kontynuacja programów z roku 2000:

Anna Góra-Sochacka, Wojciech Podstolski (IBB) Dr Thierry Candresse, Wpływ mutacji na żywotność i stabilność genetyczną wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka. Analiza molekularna roślin transgeniczných niosących niepełne kopie cDNA PSTVd. – współpraca ze Station de Pathologie Végétale, INRA w Bordeaux.

Dr Anna Przykorska, Dr Elżbieta Kuligowska, Karina Solecka, Krzysztof Olszak (IBB), Dr Gerard Keith. Roślinne enzymy nukleolityczne jako sondy strukturalne do badania struktury przestrzennej RNA i DNA. – współpraca z Institut de Biologie Moleculaire et Cellulaire w Strasburgu.

Dr Bożenna Rempola, Iwona Karkusiewicz (IBB), prof. Piotr Słonimski, Dr J-P di Rago. Funkcjonalna analiza ORF-ów YIL153w i YPL152w z *S. cerevisiae* kodujących białka o homologii do ludzkiego polipeptydu PTPA (phosphotyrosyl phosphatase activator). – współpraca z Centre de Génétique Moléculaire, CNRS w Gif-sur-Yvette i Institut de Biochimie et Genetique Cellulaire, CNRS Bordeaux.

Prof. Joanna Rytka, M. Zagulski, R. Gromadka, R. Kucharczyk, W. Wysocka, A. Migdalski, B. Babińska, M. Ostrowska, W. Racki (IBB), prof. Piotr Słonimski, dr. Ch. Herbert, R. Haguenaue-Tsapis. Analiza funkcjonalna nowoodkrytych ramek odczytu w genomie drożdży

Saccharomyces cerevisiae. – współpraca z Centre de Génétique Moléculaire, CNRS w Gif-sur-Yvette i Institut J. Monod CNRS w Paryżu.

Prof. Andrzej Jerzmanowski, Andrzej Wierzbicki, Agnieszka Sokół, Piotr Koźbiał (IBER UW), prof. Nicole Chaubet. Funkcja wariantów histonu H1 w rozwoju roślin – współpraca z Institut de Biologie Moléculaire des Plantes, CNRS w Strasburgu.

Prof. Piotr Węgleński, dr Piotr Borsuk, dr Agnieszka Dzikowska, Anna Kaźmierczak, prof. C. Scazzocchio. Genetyczna regulacja katabolizmu argininy i proliny u *Aspergillus nidulans*. – współpraca z Institut de Génétique et Microbiologie, Université Paris-sud w Orsay.

Dr Jerzy Smagowicz, K. Pluta (IBB), dr. A. Sentenac. Badania represji transkrypcji genów zależnych od polimerazy RNA III przez białko Maflp w różnych fazach wzrostu komórek drożdży *in vivo* i *in vitro*. – współpraca z Centre d’Energie Nucleaire w Saclay.

Dr Paweł Stróżycki, Alina Kasperska, Iwona Femiak, Katarzyna Kołaczowska, Anna Skąpska (IBCh), Yves Dessaux (ISV), Jean-Francois Briat (INRA). Gospodarka żelazem w oddziaływaniach symbiotycznych i patogennych. – współpraca z Institut des Sciences Végétales CNRS w Gif-sur-Yvette i Institut National de la Recherche Agronomique et Ecole Nationale Supérieure d’Agronomie w Montpellier.

Prof. Piotr Stępień, prof. E. Bartnik, dr A. Dziembowski, Michał Mińczuk (ZG UW), J. Piwowarski, prof. J. Łazowska. Poszukiwania genu kodującego trzecią podjednostkę degradosomu mitochondrialnego drożdży *Saccharomyces cerevisiae* – współpraca z Centre de Génétique Moléculaire, CNRS w Gif-sur-Yvette.

Dr Bożenna Maciejewska, Dr Renata Bogatek (IBER UW), prof. Daniel Come, prof. Francoise Corbinau. Aktywność metaboliczna w kulturach kalusa wyprowadzonych z nasion o różnej głębokości spoczynku. – współpraca z Laboratoire de Physiologie Végétale Appliquée Université Pierre et Marie Curie w Paryżu.

Prof. Anna Rychter, Izabela Juszczuk, Bożena Szal (IBER UW), prof. Pierre Dizengremel. Mechanizmy adaptacji roślin do stresu tlenowego wywołanego hypoksją i ozonem. – współpraca z Laboratoire de Biologie Forestière, Université Henri Poincaré w Nancy.

Programy rozpoczęte w roku 2001:

Prof. Jan Barciszewski (ICHB PAN), dr M.Giel-Pietraszuk, Iwona Gawrońska, dr Andre Dietrich, prof. J.H. Weil. Badania właściwości kinetyny. – współpraca z Institut de Biologie Moleculaire des Plantes du CNRS w Strasburgu.

Prof. Mirosława Barciszewska (ICHB PAN), Michał Mielcarek, Elżbieta Wieczorek, dr. G. Keith. 8-oxo-guanozyna jako znacznik uszkodzeń kwasów nukleinowych u roślin. – współpraca z Institut de Biologie Moleculaire et Cellulaire du CNRS w Strasburgu.

Dr Magdalena Boguta, Joanna Wiwatowska, Małgorzata Jakubiec, Monika Pachuca, prof. Charles Zelwer. Terminacja translacji mitochondrialnej u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. – współpraca z Centre de Biophysique Moleculaire w Orleanie

Dr Anna Chachulska, prof. Anne-Lise Haenni. Analiza białek wirusów RNowych w drożdżach. – współpraca z Institut Jacques Monod, Dept. of Plant System na Uniwersytecie Paris VII.

Dr Anna Chelstowska, prof. Joanna Rytka, Marta Hoffman, dr J. M. Camadro, dr B. Gguiard. Regulacja szlaku biosyntezy hemu w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*: poszukiwanie białek biorących udział w wewnątrzkomórkowym transporcie hemu. - współpraca z Laboratoire d’Ingenierie des Proteines et Controle metabolique, Institut Jacques Monod na Uniwersytecie Paris VII, oraz z Centre de Génétique Moléculaire, CNRS w Gif-sur-Yvette.

Monika Kamińska (ICHB PAN), Marzanna Deniziak, Elżbieta Wieczorek, Iwona Gawrońska, dr Marc Mirande. Charakterystyka roślinnych syntetaz metionyl-tRNA. – współpraca z Laboratoire d'Enzymologie et Biochimie Structurales – CNRS w Gif-sur-Yvette.

Dr Michał Sikorski, Luiza Handschuh, Alina Kasperska, Oliwia Pasternak, prof. Robert Esnault. Geny łubinu żółtego kodujące białka wiążące cytokininę. - współpraca z ISV, CNRS, w Gif-sur-Yvette

Dr Ewa Świeżewska, Karolina Skorupińska, Joanna Puławska, prof. M. Rohmer, prof. G. Dallner. Biosynteza i struktura wybranych składników isoprenolowych u roślin. - współpraca z Institute Le Bel, Uniwersytetu Louis Pasteur w Strasburgu, oraz Dept. of Biochemistry, na Uniwersytecie w Sztokholmie.

Dr Eliza Wyszko (ICHB PAN), Joanna Szepeta, Witold Szaflarski, prof. Bernard Ehresmann. Badania oddziaływań roślinnego białka rybosomalnego L30 z kwasami nukleinowymi. – współpraca z Institut de Biologie Moleculaire et Cellulaire du CNRS w Strasburgu.

Wyjazdy częściowo finansowane przez PFCBR:

Dr. Anna Przykorska podczas 3 tygodniowego pobytu w Institut de Biologie Moléculaire et Cellulaire CNRS w Strasburgu uzyskała 22 próbki tRNA mitochondrialnego a część z nich poddała reakcji enzymatycznej.

Dr Agnieszka Dzikowska przebywała miesiąc w Institut de Génétique et Microbiologie, CNRS, Université Paris-Sud, w Orsay. Podczas tego stażu pracowała nad regulacją ekspresji genu *otaA* z *Aspergillus nidulans*. Doświadczenia dotyczyły badania promotora tego genu w warunkach indukcji, jej braku, represji i derepresji.

Dr Wiesław Jerzy Smagowicz w czasie miesięcznego pobytu w Centre d'Energie Nucleaire w Saclay badał zmiany właściwości polimerazy RNA III pod wpływem nadekspresji fragmentu C160 pod nieobecność białka *maf1-1*.

Dr. Bożenna Rempoła podczas 3 tygodniowego pobytu w Centre de Génétique Moléculaire CNRS w Gif-sur-Yvette powieliła kolekcję zmutowanych szczepów drożdży *S.cerevisiae*, które będą wykorzystane do badań w IBB funkcji genów drożdżowych.

Dr Michał Rurek przebywał 3 tygodnie w Institut de Biologie Moléculaire des Plantes du CNRS w Strasburgu gdzie badał kompleksy białkowe błony mitochondrialnej łubinu żółtego metodą dwuwymiarowej, natywnej, niebieskiej elektroforezy oraz identyfikował je metodami immunologicznymi.

Mgr Bożena Szal odbyła 3 miesięczny staż w Laboratoire de Biologie Rorestière de l'Université Henri Poincare w Nancy. W jego trakcie izolowała i oczyszczała mitochondria z korzeni jęczmienia.

Mgr Ewa Maciaszczyk podczas 3 miesięcznego pobytu w Centre de Génétique Moléculaire CNRS w Gif-sur-Yvette zsekwencjonowała geny ACR (ACR1, ACR2, ACR3) *S. douglasii*, które następnie próbowała z odpowiadającymi im genami u *S. cerevisiae*. Sekwencje DNA genów ACR *S. douglasii* przepisano na sekwencje aminokwasów i również przeprowadzono porównanie z *S. Cerevisiae*.

Mgr Marta Fikus przebywała 1,5 miesiąca w Centre de Génétique Moléculaire CNRS w Gif-sur-Yvette. W trakcie tego pobytu analizowała ona częstość rekombinacji genów w krzyżówkach szczepów *mit⁻* (posiadających mutacje punktowe w różnych miejscach genu *cyt b*.

Mgr Tamara Aleksandrzak w czasie 2 miesięcznego pobytu w Laboratoire de Génétique Microbienne INRA w Jouy en Josas zajmowała się badaniem funkcji dwóch operonów zaangażowanych w produkcję celobiozy u bakterii *Lactococcus lactis*.

W wyniku realizacji badań w ramach tematyki Centrum w okresie od 1994r do 2001r opublikowano ogółem 225 prac, w tym 110 komunikatów. W roku sprawozdawczym ukazały się liczne publikacje (w ramach CPF), również prac naukowych z poza IBB PAN:

1. B.Maciejewska „Metabolic activity in callus culture derived from apple seeds differing in the depth of dormancy” 52th Congress of Polish Botanical Society, 24-28 September, Poznań 2001
2. P.M. Stróżycki „Iron management in pathogenic and symbiotic interactions” 13th International Congress on Nitrogen Fixation, Hamilton, Canada
3. P.Węgleński, A. Dzikowska, M.Kacprzak, R.Tomecki, M.Koper, C.Scazzocchio „Specific induction and carbon/nitrogen repression of arginine catabolism gene of *Aspergillus nidulans* – functional *in vivo* analysis of the *otaA* promoter” Fungal Genetics and Biology, *submitted*
4. P.Węgleński, J.Empel, I.Sitkiewicz, A.Andrukiewicz, K.Lasocki, P.Borsuk „*arcA*, the regulatory gene of arginine catabolic pathways in *Aspergillus nidulans*” Mol. Genet. Genomics, 266; 591-597, (2001)

PUBLIKACJE: 3578, 3591, 1534/A, 1549/A, 1563/A, 1564/A, 1565/A, 1575/A, 1576/A, 1577/A, 1578/A, 1583/A, 1628/A

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA

Zespół: dr Barbara Tudek, dr Jarosław Cieśla, dr Maria-Anna Grązewicz (staż w USA), mgr Elżbieta Speina, mgr Paweł Kowalczyk, mgr Tomasz Obtulowicz, mgr Gertruda Pokrywińska (od 1.04.2001)

Przedmiotem zainteresowania pracowni jest mechanizm powstawania i degradacji egzocyklicznych adduktów zasad DNA oraz ich naprawa i znaczenie w patologii wybranych nowotworów. Poprzednio wykazaliśmy, że 1,*N*⁶-etenoadenina (ϵ A) jest uszkodzeniem chemicznie niestabilnym ulegając spontanicznej rearanzacji do kilku produktów: $\epsilon A \rightarrow B \rightarrow C \rightarrow D$, z których **D** jest produktem depurynacji. Nie są one naprawiane przez glikozylazę N-metylopuryn eliminującą z DNA ϵA , ale związek **B** jest wycinany przez glikozylazy utlenionych puryn (białko Fpg) oraz pirymidyn (białko Nth) z *E. coli*. Obecnie ustaliliśmy stałe kinetyczne wycinania pochodnej **B** w zależności od zasady leżącej naprzeciw. Białko Fpg wycina **B** z par **B**:T i **B**:C, ale jest nieaktywne jeśli zasadą leżącą naprzeciw jest G lub A. Białko Nth efektywnie wycina produkt **B** sparowany z G>C=T, ale nie z pary **B**:A. Badając enzymy drożdżowe, stwierdziliśmy, że jedynie homolog Nth (białko Ntg2) wykazuje aktywność wobec **B** i posiada taką samą specyficzność względem zasady

leżącej naprzeciw. Tak więc para **B:A** nie jest naprawiana, co pozostawia czas na dokończenie rearanżacji i wytworzenie miejsc apurynowych. Może być to jeden z mechanizmów powstawania mutacji AT→TA obserwowanych najczęściej w nowotworach indukowanych chlorkiem winylu. Badaliśmy również powstawanie uszkodzeń DNA w ludzkim genie *p53* indukowanych jednym z produktów peroksydacji lipidów, *trans*-4-hydroksy-2-nonenalem (HNE). Metodą odcisku palca polimerazy DNA stwierdziliśmy, że najbardziej podatne na modyfikację są zasady w obrębie egzonów 5-8 cDNA genu *p53*, w tym również „gorące” miejsca mutacji w rakach jelita grubego. Jest to nowotwór zależny od stanów zapalnych i diety wysokotłuszczowej. Modyfikacji najczęściej ulegały reszty C>G>A, ale również T, przy czym addukty C i T były dotychczas nieznane.

Najważniejszy wynik:

Produkt rearanżacji 1,*N*⁶-etenoadeniny jest naprawiany przez bakteryjne i drożdżowe glikozylazy utlenionych puryn i pirymidyn jeśli występuje w parze z tyminą, cytozyną lub guaniną, ale nie ulega naprawie w parze z adeniną, co umożliwia dokończenie rearanżacji, powstawanie miejsc apurynowych i indukcję mutacji AT→TA.

PUBLIKACJE: 3565, 3582, 21/M, 37/M, 205/N, 229/N, 1511/A, 1547/A, 1556/A, 1559/A, 1594/A, 1628/A, 1640/A, 1642/A

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne

Zespół: dr hab. Elżbieta Grzesiuk, prof. Celina Janion, dr Anna Sikora, dr Daniel Laubitz, mgr Anetta Nowosielska.

Mutacje adaptacyjne są to obserwowane podczas nie letalnej selekcji mutacje spontaniczne, powstające w warunkach głodzenia, w nie dzielących się lub wolno dzielących się komórkach. Do badań nad tymi mutacjami wykorzystano chromosomalną mutację *argE3* w szczepie *E.coli* AB1157. Rewersja *argE3*→Arg⁺ umożliwia wzrost bakterii AB1157 na płytkach z podłożem minimalnym pozbawionym argininy. Badano udział polimeraz Pol III, Pol IV i Pol V *E.coli* w mutagenezie adaptacyjnej i stwierdzono, że:

1. Mutacje w podjednostce ε Pol III DNA: *dnaQ49* i *mutD5* podwyższają poziom rewर्सji adaptacyjnych Arg⁺.
2. Dodatkowa delecja operonu *umuDC* (brak Pol V) podwyższa poziom mutacji adaptacyjnych w szczepie *dnaQ49*, ale szczególnie w szczepie *mutD5*.
3. Podobnie, rezultatem nie funkcjonalnej Pol IV (mutacja *dinB*) jest podwyższenie poziomu mutacji adaptacyjnych w szczepie *mutD5*.

4. Brak funkcjonalnych polimeraz IV i V w dzikim szczepie AB1157 prowadzi do obniżenia poziomu mutacji zarówno tych zależnych od wzrostu jak i adaptacyjnych powstających w warunkach głodzenia w nie dzielących się komórkach.

Kontynuowano badania nad zjawiskiem indukcji systemu SOS w potrójnym mutancie *nth xth nfo*. Wydaje się, że indukcja SOS w omawianym mutancie zachodzi na skutek braku egzonukleazy III, produktu genu *xth*. Enzym ten usuwa 90 % miejsc AP w komórce. Analizowano również efekty indukowane światłem widzialnym i promieniowaniem UVA w szczepach *E.coli hemH* ze szczególnym uwzględnieniem wpływu defektów w genach kodujących enzymy naprawy uszkodzeń oksydacyjnych w DNA. Zaobserwowano znacznie podwyższoną światłowrażliwość w podwójnym mutancie *hemH xth* oraz poczwórnym mutancie *hemH nth nfo xth*. Otrzymane wyniki sugerują, że nagromadzona w komórkach *hemH* protoporfiryna IX działa głównie letalnie, a w znacznie mniejszym stopniu mutagenie.

Najważniejszy wynik:

Mutacje w podjednostce korektorskiej Pol III DNA są głównym źródłem mutacji adaptacyjnych w szczepach *dnaQ49* i *mutD5 E.coli*. Natomiast Pol IV i Pol V naprawiają błędy popełniane przez defektywną Pol III.

PUBLIKACJE: 3582, 3583, 3584, 3585, 1545/A, 1546/A, 1555/A, 1557/A, 1558/A, 22/M, 31/M, 240/N

Temat nr 43: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP *Escherichia coli*.

Zespół: doc. Grażyna Jagura-Burdzy, mgr Małgorzata Adamczyk, mgr Aneta Bartosik, mgr Anna Kulińska, mgr Krzysztof Lasocki

Plazmidowe systemy aktywnego rozdziału determinują stabilność niskokopijnych plazmidów. Kompleks białek ParA-ParB (w przypadku plazmidów grupy IncP są to jednocześnie globalne regulatory IncC i KorB) oddziaływując z centromero-podobną sekwencją DNA decyduje o właściwej lokalizacji i segregacji kopii plazmidów do komórek potomnych. Jedną z interesujących właściwości białek ParB z plazmidów P1 i F jest zdolność do wyciszania transkrypcji genów w pobliżu centromeru (polimeryzacja na DNA). Wykazano, że podobne właściwości ma białko KorB z plazmidu R751 IncPβ. Rodziny białek ParA i ParB obejmują białka plazmidowe i chromosomalne. Te ostatnie wydają się uczestniczyć w segregacji chromosomów w czasie podziału komórkowego. Analiza właściwości ParB z *Pseudomonas aeruginosa* pokazała, że ParB_{P.a} także powoduje wyciszenie genów sąsiadujących z sekwencją potencjalnego centromeru. C-terminalne części białek KorB_{RK2} i ParB_{P.a} stanowią aktywne *in vitro* domeny dimeryzacyjne w układach hybrydowych N-ParB_{P.a}-C-KorB_{RK2} czy N-KorB_{RK2}-C-ParB_{P.a}. Obecnie wykazano, że

zdolności obu białek do wyciszania genów są zależne od obecności C-końca i motywu H-T-H i że heterologiczna domena dimeryzacyjna przywraca tę zdolność.

Drugi kierunek badań nad plazmidami IncP dotyczy funkcji α -helikalnego białka KfrA (342aa). Homologii tego białka są zakodowane w genomach wielu plazmidów i chromosomów bakteryjnych (MukB, SMC). Poprzednio wykazano, że mutant R751 Δ CkfrA traci stabilność w *E.coli*. Badania immunofluorescencyjne przy użyciu przeciwciał anty-KfrA wykazały kolokalizację ognisk KfrA i plazmidu R751 oraz zaburzenia w lokalizacji komórkowej mutantu R751 Δ CkfrA. Nadmiar KfrA prowadzi do kondensacji chromosomów bakteryjnych i niewłaściwej segregacji genomów.

Najważniejsze wyniki:

1. Wykazanie uniwersalnych właściwości wyciszania genów dla plazmidowych i chromosomalnych białek typu ParB (polimeryzacja zapoczątkowana wiązaniem do centromeru) oraz
2. Wykazanie, że KfrA jest białkiem modelującym DNA a brak KfrA wpływa na delokalizację plazmidów IncP w czasie cyklu komórkowego i prowadzi do filamentacji komórek.

PUBLIKACJE: 1590/A; 1593/A; 238/N

Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

Zespół: doc. Andrzej Ejchart, dr Jacek Wójcik, dr Waldemar Anczewski, dr Beata Toczyłowska, dr Igor Zhukov, mgr Marta Oleszczuk, mgr Hanna Kozłowska, Liliya Zhukov.

Badanie dynamiki białka CMTI(M8L). Pomiary parametrów relaksacyjnych jąder ^{15}N szkieletowych grup amidowych rozszerzono na pola 14,1 T i 17,6 T. Łącznie z wykonanymi wcześniej pomiarami w polu 11,7 T dane te pozwoliły na wyznaczenie lokalnej ruchliwości szkieletowych wiązań N-H w białku z rozdzielaniem na ruchy o różnych skalach czasowych. Szczególnie istotne było wydzielenie powolnych ruchów konformacyjnych obejmujących obszary Arg5 – Glu9 i Leu17 – Cys20 zawierające reszty aminokwasowe Leu8, Ile6 i Leu17, których łańcuchy boczne tworzą klaster hydrofobowy silnie zdestabilizowany przez mutację reszty ósmej.

Badanie struktury i dynamiki wołowego białka S100A1 w utlenionej formie apo. Wyznaczono strukturę trzecio- i czwartorzędową wiążącego jony wapnia dimerycznego białka S100A1 w utlenionej formie apo w roztworze metodą NMR. W odróżnieniu od należącego do tej samej rodziny białka S100B, badane białko posiada w łańcuchu polipeptydowym łączącym dwa motywy EF-hand nieduży fragment helikalny (reszty Ser42 – Ala47). Dimer jest stabilizowany przez oddziaływania hydrofobowe łańcuchów bocznych

aromatycznych reszt aminokwasowych należących do różnych podjednostek (10 reszt w każdej podjednostce). Dynamikę szkieletu białkowego wyznaczono z parametrów relaksacyjnych jąder ^{15}N szkieletowych grup amidowych. Poza wyraźnym zmniejszeniem ruchliwości reszt aminokwasowych tworzących helisy stwierdzono, że reszty w obu helisach znajdujących się bliżej łącznika charakteryzują się ruchliwością zwiększoną w stosunku do reszt tworzących helisy zewnętrzne.

Badanie wczesnych etapów powstawania helisy. Do badań modelowych wczesnych etapów powstawania helisy wybrana została seria peptydów będących analogami trzeciej pętli wiążącej jony wapnia w kalmodulinie: $\text{AcDKDGDGYISAAE(A)}_n\text{NH}_2$, gdzie $n=1-4$ z selektywnie znakowanymi izotopem ^{15}N resztami alaninowymi. W peptydach tych odcinek helikalny $\text{-SAAE(A)}_n\text{NH}_2$ jest stopniowo wydłużany na końcu C przez dodawanie alaniny, aminokwasu znanego z właściwości prohelikalnych. Znakowanie izotopem ^{15}N pozwoliło na dokładne wyznaczenie szybkości wymiany protonów H_N z rozpuszczalnikiem oraz obliczenie współczynnika protekcji służących do określenia dynamiki konformacyjnej helisy α i oddziaływań stabilizujących tę konformację. Wyniki te można będzie rozszerzyć o dynamikę helisy, której wyznaczenie jest planowane w oparciu o relaksację jąder ^{15}N .

Badania NMR płynu mózgowo-rdzeniowego do celów diagnostycznych. Dokonano analizy widm 102 próbek płynu mózgowo-rdzeniowego pobranego od pacjentów w trakcie zabiegów neurochirurgicznych. Stwierdzono, że możliwe jest zróżnicowanie pomiędzy przyjętymi grupami patologii i grupą kontrolną. Metoda może znaleźć zastosowanie w diagnostyce klinicznej.

Najważniejszy wynik:

Stwierdzenie, że czwartorzędowa struktura dimerycznego białka S100A1 w utlenionej formie *apo* jest stabilizowana przez oddziaływania hydrofobowe łańcuchów bocznych aromatycznych reszt aminokwasowych należących do różnych podjednostek co powoduje, że znajdująca się w każdej podjednostce jedna reszta cysteinowa w formie utlenionej jest zaangażowana w tworzenie mieszanych dwusiarczków z małymi cząsteczkami posiadającymi grupę tiolowe (np. glutation).

PUBLIKACJE: 3550, 3561, 3565, 3569, 3587, 3597, 3598, 3599, 1514/A, 1515/A, 1516/A, 1517/A, 1550/A, 1551/A, 1552/A, 1553/A, 1560/A, 1583/A, 1584/A, 1585/A, 1586/A, 20/M, 220/N.

Temat nr .45: Regulacje biosyntezy pochodnych kwasu mewalonowego w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*

Zespół: dr hab. Anna Szkopińska

Prace prowadzone nad regulacją biosyntezy ubichinonów w drożdżach pozwoliły na stwierdzenie, że czynnikiem decydującym o poziomie ich ilości jest dostępność prekursorów łańcucha bocznego pochodzących ze szlaku kwasu mewalonowego. Zaprojektowany szczep drożdżowy z mutacjami w genie kodującym syntazę difosforanu farnezyli i genie kodującym syntazę skwalenową syntetyzuje w warunkach represji i derepresji glukozowej najwięcej ubichinonu. Powodem może być podniesiona ilość difosforanu geranyli (*erg20*) lub przesunięcie przepływu wspólnego intermediatu jakim jest difosforan farnezyli ze szlaku syntezy steroli (*erg9*) do szlaku syntezy ubichinonów. Badane są obie możliwości. Ponadto wykazano, że indukcja peroksysomów kwasem olejowym powoduje pojawienie się dodatkowej rodziny dłuższych dolicholi. Wynik ten świadczy o udziale peroksysomów drożdżowych w syntezie dolicholi.

Najważniejszy wynik:

Stwierdzenie, że difosforan geranyli może być optymalnym starterem dla *trans*-prenyltransferazy.

PUBLIKACJE: 3548, 1562/A

Temat nr 46: Badania konformacji peptydów i białek wiążących wapń

Zespół: prof. Andrzej Bierzyński, dr Grażyna Goch, mgr Hanna Kozłowska, mgr Elżbieta Soszyńska, mgr Maciej Maciejczyk, dr hab. Wojciech Bal

Kontynuowano badania krótkich helis α w peptydach o sekwencji Ac-Asp-Lys-Asp-Gly-Asp-Gly-Tyr-Ile-Ser-Ala-Ala-Glu-(Ala) $_n$ -NH₂ zawierających pętlę koordynującą jony lantanu Asp1-Glu12, która niezwykle efektywnie stabilizuje konformację helikalną C-terminalnej sekwencji począwszy od reszty Ala10. Otrzymanie syntetycznych peptydów zawierających reszty alaniny znakowane izotopem ¹⁵N umożliwiło pomiar szybkości wymiany protonów amidowych alanin techniką NMR zwaną „saturation transfer”, co pozwoliło na oszacowanie populacji wiązań wodorowych tworzonych przez alaninowe grupy amidowe. Do plazmidu *E. coli* wklonowano geny peptydów o sekwencji Asp-Gln-Asp-Gly-Asp-Gly-Tyr-Ile-Ser-Ala-Ala-Glu-(Ala) $_n$ -Met, co otworzyło możliwość otrzymywania na drodze acylacji N-terminalnej grupy aminowej i reakcji z CNBr C-terminalnej metioniny serii peptydów Ac-Asp-Lys-Asp-Gly-Asp-Gly-Tyr-Ile-Ser-Ala-Ala-Glu-(Ala) $_n$ -Lakton Homoseryny w pełni znakowanych izotopem ¹⁵N i o zablokowanych grupach końcowych

NH₂ i COO⁻, które będą wykorzystywane w dalszych badaniach helisy α prowadzonych metodą NMR.

Badania białka S100A1 metodą spektrometrii masowej wykazały, że utleniona forma białka nie jest, jak dotychczas przypuszczano, kowalencyjnym dimerem podjednostek związanych mostkiem dwusiarczkowym, lecz mieszanym dwusiarczkiem pomiędzy podjednostkami dimeru a niskocząsteczkowymi tiolami. Wykazano, że w mózgu wołowym znaczna część białka tworzy mieszany dwusiarczek z glutationem. Przeprowadzono pomiary stałych koordynacji jonów wapnia przez białko modyfikowane glutationem i wykazano, że taka modyfikacja prowadzi do zwiększenia stałych wiązania o trzy rzędy wielkości. Wszystko wskazuje więc na to, że glutationylacja jest ważnym mechanizmem regulacji aktywności biologicznej białka S100A1 a najprawdopodobniej także wielu innych białek z rodziny S100.

Najważniejszy wynik:

Odkrycie nowego mechanizmu regulacji aktywności białek S100 polegającego na glutationylacji reszt cysteiny.

PUBLIKACJE: 3617, 1515/A, 1516/A, 1550/A, 1551/A, 1552/A, 1553/A, 1560/A, 1581/A, 1583/A, 1584/A

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek

Zespół: prof. Piotr Zielenkiewicz, dr Danuta Płochocka, dr Andrzej Kierzek, mgr Szymon Kaczanowski

Ferrochelataza, ostatni enzym szlaku biosyntezy hemu w niższych organizmach jest aktywny jako monomer. Na podstawie danych krystalograficznych znaleziono, że ludzka ferrochelataza tworzy homodimer i jak wynikało z danych eksperymentalnych enzym drożdżowy również jest aktywny jako dimer. Ferrochelataza drożdżowa wykazuje dużą homologię sekwencji (powyżej 60%) z enzymem ludzkim, zatem wykorzystując dane krystalograficzne dla dimeru ludzkiej ferrochelatazy skonstruowano przestrenny model ferrochelatazy z *Saccharomyces cerevisiae*. Otrzymany model pozwolił na wytłumaczenie wpływu mutacji: D246V/Y248F, E314A, L62Y oraz delG47 na funkcjonowanie enzymu.

Rozpoczęto prace nad stworzeniem nowego inhibitora dla ludzkiej metylotransferazy cytozyny. Zaprojektowano model struktury przestrzennej części tego enzymu zawierającej centrum aktywne wiążące DNA. We współpracy z DKFZ-Heidelberg zaprojektowano, przeprowadzono docking i wprowadzono modyfikacje kilku nowych cząsteczek inhibitorów. Rozpoczęto także prace nad stworzeniem inhibitora nie będącego analogiem cytozyny.

Kontynuowano prace nad projektowaniem sekwencji białkowych realizujących pożądaną strukturę przestrzenną. Wykorzystano metody projektowania sekwencji do zbadania jakie cechy strukturalne białek są konserwowane ewolucyjnie. Zbadano, które sekwencje EST *Chlamydomonas* kodują motywy unikalne dla zwierząt i pierwotniaków.

PUBLIKACJE: 3546, 3559, 3560

Temat nr 48: Badanie wczesnych etapów zwijania białek

Zespół: doc. Michał Dadlez, dr Aleksandra Wyslouch-Cieszyńska, dr Agnieszka Szpineta, mgr Konrad Zdanowski, mgr Agnieszka Jabłonowska, mgr Magdalena Bakun, mgr Urszula Borkowska, mgr Jacek Olędzki, mgr Jacek Sikora.

Kontynuowano badanie zarodków zwijania i agregacji w nowych układach modelowych. Uzyskano protokoły stabilnej ekspresji fragmentów mioglobiny i peptydu związanego z chorobą Alzheimera na poziomie miligramowym. Na tak uzyskanym materiale prowadzono pomiary zależności stężeniowej tendencji do zarodkowania struktury w układzie wewnątrzcząsteczkowym i międzycząsteczkowym. Pomiary prowadzono z użyciem testu kinetyki tworzenia mostków dwusiarczkowych, spektrometrii mas i sączenia na sitach molekularnych.

Prowadzone są badania nad wpływem modyfikacji posttranslacyjnych na strukturę i aktywność biologiczną białek np. białek odpowiedzialnych za inicjację translacji (fosforylacja eIF4E, 4E-BP1) oraz białek S100 wiążących wapń (modyfikacja cystein). Opracowano metody otrzymywania miligramowych ilości selektywnie modyfikowanych białek m.in. poprzez składanie białek z fragmentów uzyskanych przez nadekspresję w bakteriach lub syntezę chemiczną. Dla czynnika inicjacji translacji eIF4E specyficznego ufosforylowanego na serynie 209 przeprowadzono badanie wpływu tej modyfikacji posttranslacyjnej na oddziaływanie białka z mRNA oraz mono i dinukleotydowymi analogami „czapeczki” cap-mRNA (eksperymenty „gel-shift” pokazujące oddziaływanie fosforylowanego eIF4E ze znakowanym radioaktywnie „capowanym” mRNA, rekonstytucję translacji *in vitro*, wyznaczenie stałych wiązania przy pomocy fluorescencji, próby krystalizacji). Otrzymano również selektywnie ufosforylowane fragmenty białka wiążącego eIF4E (4E-BP1) - inhibitora inicjacji translacji, które pomogły w precyzyjnym określeniu wpływu wielokrotnej fosforylacji na aktywność.

Uruchomiono Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas i proteomiki. Laboratorium wykonuje głównie oznaczenia mas białek i peptydów ale również innych cząsteczek np. oligonukleotydów. Dokładność pomiaru jest rzędu pojedynczych daltonów dla

białek o masie kilkudziesięciu kDa. Wymagania ilościowe do oznaczeń są na poziomie nanogramowym, pozytywny rezultat zależy od stopnia zanieczyszczenia białka (sole, detergenty etc.). Laboratorium wykonuje również identyfikację białek z prążków żeli PAGE poprzez sekwencjonowanie masowe peptydów powstałych przez trawienie białka w żelu enzymami restrykcyjnymi. Żele mogą być barwione Coomassie bądź srebrem. Wykonano sto kilkadziesiąt oznaczeń, również dla użytkowników spoza Instytutu.

PUBLIKACJE: 3575, 3596, 3618, 1622/A

Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych

Zespół: dr hab. Jacek Bardowski, mgr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk,
mgr Magda Kowalczyk, mgr Agnieszka Szczepańska

Kontynuowano dwa główne, dotychczasowe kierunki badawcze na modelu *Lactococcus* – jeden, dotyczący powiązania katabolizmu laktozy z katabolizmem celobiozy; drugi związany z wytwarzaniem pullulanazy.

W badaniach biochemiczno-fizjologicznych nad szczepem dzikim *L. lactis* oraz jego mutantami BglR⁻ i CcpA⁻ zaobserwowano, że katabolizm laktozy i celobiozy przebiega drogą homofermentacji. Badania te sugerowały również możliwość transportu celobiozy przez ten sam system PEP:PTS, co ten używany do transportu laktozy. Stosując mutagenizację ukierunkowaną, fuzję transkrypcyjną z genem reporterowym *lux* kodującym lucyferazę oraz testy wzrostowe wykazano, że produkty białkowe pewnych genów, w tym należących do systemów PEP:PTS transportujących β -glukozyd celobiozę, są zaangażowane również w transport laktozy. Stwierdzono, że mutacje w genach *celB* oraz *ptcB*, prowadzące do ich inaktywacji, uniemożliwiają wzrost *L. lactis* zarówno na celobiozie jak i laktozie. Zaobserwowano także, iż mutacja genu *yebF*, który koduje hipotetyczne białko regulatorowe, uniemożliwia wzrost *L. lactis* na obydwu badanych węglowodanach.

Zsekwencjonowano regiony otaczające gen pullulanazy wykazując, że wchodzi on w skład multicistronowego operonu. Kontynuowano również badania nad regulacją ekspresji genu *pul* stosując fuzję transkrypcyjną z genem reporterowym *lux*. Wykazano, że regulacja ta zachodzi przy udziale mechanizmu represji glukozowej. Zbadano również siłę regionu promotorowego poprzedzającego gen *pul*.

Najważniejszy wynik:

Wykazanie, że gen *celB* jest niezbędny dla i uczestniczy w transporcie celobiozy i laktozy u *Lactococcus lactis*.

PUBLIKACJE: 1574/A, 1575/A, 1576/A, 1577/A, 1578/A, 36/M, 43/M, 225/N

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach

Zespół: doc. Grażyna Dobrowolska, mgr Anna Kelner, mgr Monika Pacocha (do 30. 06.2001)

Badanie mechanizmów przesyłania sygnału stresu osmotycznego w roślinach jest tematem badań prowadzonych w pracowni. W poprzednich latach wykazano, że pod wpływem stresu osmotycznego w komórkach tytoniu aktywowane są dwie kinazy białkowe – kinaza MAP oraz kinaza o ciężarze molekularnym 42 kD należąca do rodziny kinaz SnRK2b nazwana OSAK (Osmotic Stress Activated Kinase).

Kontynuowano charakterystykę biochemiczną kinazy OSAK. Stwierdzono, że specyficzność substratowa jest zbliżona do specyficzności drożdżowych kinaz SNF1, zwierzęcych AMPK oraz roślinnych kinaz SnRK1. Poszukiwano specyficznych inhibitorów badanego enzymu. Niestety wśród 15 potencjalnych inhibitorów tylko staurosporyna (niespecyficzny inhibitor kinaz białkowych) wydajnie hamowała aktywność enzymu.

Podjęto próbę klonowania cDNA kodującego OSAK. Na podstawie mikrosekwencji oczyszczonego do homogenności enzymu, zaprojektowano startery do reakcji PCR. Jako matrycę w tej reakcji użyto cDNA uzyskane za pomocą odwrotnej transkrypcji mRNA z komórek tytoniu poddanych działaniu stresu osmotycznego. Uzyskany produkt RT PCR posłużył jako sonda do przeglądania biblioteki cDNA komórek tytoniu BY-2. Uzyskane dwa klony zawierające sekwencje kodującą OSAK są obecnie analizowane.

Najważniejszy wynik:

Ustalenie specyficzności substratowej kinazy białkowej OSAK.

PUBLIKACJE: 1609/A, 1610/A, 212/N

Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej

Koordinacja: Prof. Andrzej Rabczenko

W ramach działalności Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej w okresie od stycznia do grudnia 2001, IBB PAN odwiedziło 36 naukowców w Unii Europejskiej i krajów stowarzyszonych, a także 22 naukowców z IBB wyjechało do europejskich laboratoriów, uczestniczyło w konferencjach i krótkich wizytach roboczych.

Organizacja spotkań, warsztatów i konferencji:

12–13 maja 2001 – spotkanie Rady Naukowej CEMB, która oceniła początkową działalność Centrum;

04–10 czerwca 2001 – współorganizacja z Howard Hughes Medical Institute, National Academy of Sciences (USA) zaawansowany kurs *Determination of High Resolution Structures for the Post-Genomic Age*. W wykładach i ćwiczeniach prowadzonych przez

specjalistów z USA, Europy Zachodniej i Polski, wzięło udział 25 słuchaczy z Polski i krajów Europy Środkowo-Wschodniej;

25–27 czerwca 2001 – współorganizacja kursu *Sekwencjonowanie DNA i analiza wyników* zorganizowany w przez Zakład Sekwencjonowania Oligonukleotydów;

05–09 września 2001, Gdańsk – konferencja *Molecular Aspects of Chemotherapy*, której współorganizatorem i sponsorem był CEMB, (sfinansowanie 24 naukowców z Unii Europejskiej);

09–15 września 2001 – współorganizacja międzynarodowej konferencji *Inhibitors of Protein Kinases*. W konferencji wzięło udział 200 naukowców z Europy i USA;

19–22 września 2001 – CEMB sfinansował wyjazd 14 doktorantów z IBB do Kijowa (Ukraina) na konferencję pt. *Molecular Biology and Genetic*;

23–26 października 2001 – 20 młodych naukowców z IBB odwiedziło Biological Research Center w Szeged (Węgry) uczestnicząc w konferencji *First Polish Hungarian Ph.D Meeting*. Następne spotkania z tej serii są planowane w Krakowie i Warszawie;

25–27 listopada 2001 – II kurs z serii *Paramecium Genomics* zorganizowany dla 30 słuchaczy przez Zakład Sekwencjonowania Oligonukleotydów;

07–08 grudnia 2001 – sfinansowanie *Second European Workshop on Interactions of New NTP Analogs and Related Compounds with HCV Helicase* zorganizowany przez Pracownię Antymetabolitów (WP). W tym spotkaniu wzięło udział 16 naukowców.

Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego – działalność usługowa

W roku 2001 w Środowiskowym Laboratorium NMR odbyła dwa dwumiesięczne staże naukowe mgr Emilia Trzepałka, doktorantka na Wydziale Chemii Uniwersytetu Gdańskiego.

Zestawienie wykorzystania spektrometru NMR:

Zgodnie ze swymi zadaniami statutowymi Laboratorium wykonywało pomiary widm MRJ dla szeregu laboratoriów. Wykorzystanie przyrządu przedstawia się następująco:

Kierownik projektu	Instytucja	Czas przyrządu
prof. B. Lammek	Uniwersytet Gdański, Wydział Chemii	500 h
prof. J. Otlewski	Uniwersytet Wrocławski, Instytut Biochemii i Biologii Molekularnej	520 h
dr hab. W. Bal	Uniwersytet Wrocławski, Wydział Chemii	310 h
dr hab. A. Olma	Politechnika Łódzka, Inst. Chemii Org.	90 h
dr hab. R. Stolarski	UW, Instytut Fizyki Doświadczalnej	240 h
prof. K. Kamińska-Trela	ICHO PAN, Warszawa	500 h
	ICHF PAN, Warszawa	350 h
prof. Z. Czernicki	AM Warszawa, Klinika Neurochirurgii	400 h
dr hab. K. Grzelak	IBB PAN, Z-d Biosyntezy Białka	200 h
dr J. Poznański	IBB PAN, Zakład Biofizyki	360 h
	Usługi-zlecenia razem	3470 h
Kurs: „Determination of HR Structures for the Post-Genomic Age”		150 h
Prace własne		4330 h
Nowe techniki, szkolenia		180 h

Konserwacja, uzupełnianie ciekłego helu i azotu	150 h
Awarie: sprężarki i osuszacze, cewki rozdzielczości	230 h
Wykorzystanie czasu spektrometru: 97%	Razem 8510 h

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów – działalność usługowa

W ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 930 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 377 - 5200 matryc DNA , co przy średniej długości odczytu 650bp daje 3 380 000 zasad.

Oprócz zamówień z Instytutu Biochemii i Biofizyki zrealizowane zostały zamówienia na zsekwencjonowanie 3250 matryc DNA i zsyntetyzowanie 1250 oligonukleotydów dla zleceniodawców spoza Instytutu:

1. Uniwersytet w Białymstoku
2. Akademia Medyczna w Gdańsku
3. EURx Sp.z o.o., Gdańsk
4. Uniwersytet, Gdański
5. Centrum Biologii Morza PAN, Gdynia
6. Katedra Zoologii Bezkręgowców – Uniwersytet Gdański
7. Morski Instytut Rybacki, Gdynia
8. Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN, Gołysz
9. Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN, Jastrzębiec
10. Akademia Świętokrzyska, Kielce
11. Collegium Medicum UJ, Kraków
12. Instytut Biologii Molekularnej Uniwersytet Jagielloński, Kraków
13. Katedra Genetyki, Hodowli i Nasiennictwa Akademia Rolnicza, Kraków
14. Akademia Medyczna w Lublinie
15. Centrum Mikrobiologii i Wirusologii PAN, Łódź
16. Instytut Medycyny Pracy, Łódź
17. Zakład Genetyki Drobnoustrojów Uniwersytet Łódzki
18. Instytut Genetyki Roślin, Poznań
19. Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt Akademia Rolnicza, Poznań
20. Wydział Biologii Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań
21. Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa, Puławy
22. Państwowy Instytut Weterynaryjny, Puławy
23. Instytut Sadownictwa i Kwiaciarstwa, Skierniewice
24. Instytut Warzywnictwa, Skierniewice
25. Akademia Rolnicza, Szczecin
26. Instytut Biologii Ogólnej i Molekularnej Uniwersytet im.M.Kopernika, Toruń
27. Akademia Medyczna, Warszawie
28. Centralne Laboratorium Surowic i Szczepionek, Warszawa
29. Centrum Onkologii Instytut im.Marii Skłodowskiej-Curie, Warszawa
30. Instytut Biologii Doświadczalnej im.M.Nenckiego, Warszawa
31. Instytut Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN, Warszawa
32. Instytut Hematologii i Transfuzjologii, Warszawa
33. Instytut Kardiologii, Warszawa

34. Instytut Leków, Warszawie
35. Instytut Matki i Dziecka, Warszawie
36. Instytut Parazytologii PAN, Warszawa
37. Instytut Reumatologiczny, Warszawie
38. K.Kucharczyk-Techniki Elektroforetyczne, Warszawa
39. Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Warszawie
40. Medigen, Warszawa
41. Muzeum i Instytut Zoologii PAN, Warszawa
42. Uniwersytet Warszawski
43. Państwowy Zakład Higieny Instytut Naukowo-Badawczy, Warszawie
44. SGGW Aademia Rolnicza, Warszawie
45. Uniwersytet Wrocławski

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Masowej

W pierwszym roku swojej działalności Laboratorium wykonywało rutynowe oznaczenia mas peptydów, białek i innych związków oraz identyfikację białek z prążków żelowych, zarówno barwionych Coomassie jak i srebrem. Wykonywano oznaczenia dla zakładów IBB i laboratoriów spoza IBB, w tym zagranicznych. Ogółem wykonano kilkaset oznaczeń mas i ok. 100 identyfikacji białek z żeli.

Lista
seminariów instytutowych
za 2001 rok

02.01.2001

Mgr M. Koter (Zakład Biochemii Roślin, IBB PAN)

„Amplikony i odporność pochodząca od patogena (ang. PDR): nowe sposoby uzyskiwania roślin o zmniejszonej podatności na infekcje wirusowe”

03.01.2001

Christophe Pakleza (Universite Pierre et Marie Curie Paris VI (Jussieu), France)

„Conformations of nucleic acids at two different scales: I. Static curvature and flexibility measurements of 200 base pairs DNA with electron microscopy. II. Biopolymer Chain Elasticity: a concept to fold 3-4 nucleotides into hairpins with decreased susceptibility to viral infections”

16.01.2001

Mgr M. Wanke (Zakład Biochemii Lipidów, IBB PAN)

„Jak transportowane są lipidy w komórce?”

23.01.2001

Mgr A. Maciejewska (Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN)

„Właściwości kodujące 2-chloro- i 2-hydroksyadeniny”

30.01.2001

Mgr T. Aleksandrak (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)

„Indukcja katabolizmu laktozy u laktozoujemnych szczepów *Lactococcus lactis*”

30.01.2001

Dr T. Pacuszka (Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego, Warszawa)

„Neoglikokonjugaty i fotoaktywne pochodne glikosfingolipidów w badaniach właściwości gangliozydów”

06.02.2001

Dr A. Chachulska (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)

„Nowotwory człowieka i drożdże – badanie mechanizmów onkogenezy na modelu drożdżowym”

12.02.2001

Prof. F. Gros (Institut Pasteur – Department de Biologie Moleculaire, Paris, France)

„Genomics applied to medicine”

13.02.2001

Prof. E. Bartnik (Zakład Genetyki UW)

„Choroby mitochondrialne”

16.02.2001

Prof. Elizabeth Kutter (Evergreen State College, Olympia, Washington, USA)

„Bacteriophages as antibiotics: historical, evolutionary and clinical considerations”

20.02.2001

Mgr I. Zhukov (Środowiskowe Laboratorium NMR, IBB PAN)

„Wyznaczenie struktury białka A100A1 w roztworze przy pomocy spektroskopii NMR”

27.02.2001

Dr J. Brzywczy (Zakład Genetyki, IBB PAN)

„Organizacja i regulacja metabolizmu aminokwasów siarkowych u grzybów”

13.03.2001

Mgr M. Adamczyk (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)

„Do czego jest potrzebne plazmidom λ -helikalne, miozynopodobne białko?”

20.03.2001

Dr J. Kruszewska (Pracownia Glikobiologii Grzybów, IBB PAN)

„Konstrukcja szczepów *T.reesei* o podwyższonym poziomie sekrecji białek”

23.03.2001

Dr Piotr Widłak (Instytut Onkologii, Gliwice)

„Właściwości i mechanizm działania białka DFF40/CAD, endonukleazy aktywowanej w procesie apoptozy”

27.03.2001

Mgr A. Dobruk (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)

„Regulacja ekspresji genów operonu par bakteriofaga P1”

10.04.2001

Dr J. Smagowicz (Zakład Genetyki, IBB PAN)

„Badanie represji polimerazy III RNA u drożdży w systemie *in vitro*”

08.05.2001

Dr B. Kłudkiewicz (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)

„Ekspresja genu kodującego białko ultraspiracle (USP) w komórkach drożdży *Pichia pastoris*”

15.05.2001

Mgr J. Krwawicz (Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN)

„Badania nad mechanizmem mutagenyzy niezależnej od replikacji DNA”

22.05.2001

Prof. M. Filutowicz (Department of Bacteriology, University of Wisconsin, USA)

„Origin DNA melting by replication initiator protein”

12.06.2001

Dr A. Pałucha (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)

„Infekcyjne kopie cDNA wirusa Y ziemniaka”

19.06.2001

Mgr E. Borys-Brzywczy (Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN)

„Usuwanie z DNA cyklicznych adduktów zasad przez glikozylazy DNA”

21.06.2001

Prof. B. Clark (University of Aarhus, Denmark)

„Macromolecular Mimicry”

26.06.2001

Prof. A. Bierzyński i doc. M. Dadlez (Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Masowej)
„Proteomika i narzędzia badawcze używane w proteomice”

12.09.2001

Dr Muriel Coccagn-Bousquet (Centre de Bioingenierie Gilbert Durand, INSA, France)
„Regulation of central metabolism of *L. lactis*: from gene to enzyme”

14.09.2001

Prof. Michel Rohmer (Universite Louis Pasteur, Strasbourg Cedex, France)
„Isoprenoid biosynthesis via the methylerythritol phosphate pathway in plants and in bacteria: on the origin of the hydrogen atoms in isoprene units and towards the identification of additional intermediates”

17.09.2001

Dr hab. Jan Kłysik (Baylor College of Medicine, Houston, USA)
„Projekt sekwencjonowania ludzkiego genomu – bieżące skutki i nadchodząca era genomiki funkcjonalnej”

19.09.2001

Prof. Jan A. Miernyk (University of Missouri, Columbia, USA)
„Toposomic Analysis of the J. Domain Chaperone Proteins of *Arabidopsis thaliana*”

24.09.2001

Prof. A. Hopper (Pennsylvania State University, Hershey, USA)
„tRNA biogenesis and nuclear export: roles of subnuclear organization and aminoacylation”

26.09.2001

Prof. Gustav Dallner (University of Stockholm, Sweden)
„Metabolism and function of ubiquinone”

02.10.2001

Prof. L. Lehle (University of Regensburg, Niemcy)
„Protein ER Glycosylation: from Yeast to Man”

16.10.2001

Prof. Celina Janion (Zakład Biologii Molekularnej, IBB PAN)
„System SOS: ostatnie osiągnięcia”

30.10. 2001

Prof. F. Klis (University of Amsterdam, Holandia)
„The molecular organization of the yeast cell wall. Its predicted role for other fungi”

06.11.2001

Mgr D. Gawęł (Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA, IBB PAN)
„Mechanizmy kontrolujące wierność replikacji DNA w komórkach *E. coli*”

13.11.2001

Mgr A. Dziembowski (Zakład Genetyki UW)

„Rola degradosomu mitochondrialnego w obróbce i degradacji mitochondrialnego RNA u drożdży”

20.11.2001

dr M. Juszczuk (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)

„Temperaturo-zależna selekcja miejsca styku egson-intron”

4.12.2001.

Mgr A. Błaszczuk (Zakład Biochemii Roślin, IBB PAN)

„Wąskie gardła metabolizmu siarki w roślinach”

11.12. 2001

Mgr K. Solecka (Zakład Biosyntezy Białka, IBB PAN)

„Charakterystyka nukleaz degradujących rozgałęzione struktury typu „flap DNA”, powstające podczas replikacji, rekombinacji i naprawy DNA”

14.12.2001

Prof. C. Florentz (Institut de Biologie Moleculaire et Cellulaire, Strasbourg)

„Mitochondrial tRNAs and human disorders”

18.12.2001

Mgr O. Bugajska (Zakład Biochemii Drobnoustrojów, IBB PAN)

„Aktywna segregacja niskokopijnego plazmidu P1 – badania z udziałem mikroskopii przyżyciowej”

Lista publikacji

za 2001 rok

ARTYKUŁY

* - publikacje znajdujące się na tzw. liście czasopism fialdelfijskich

- *3544. GAJEWSKA, B., KAMIŃSKA, J., JESIONOWSKA, A., MARTIN, N.C., HOPPER, A.K., ŻOŁĄDEK, T.
WW domains of Rsp5p define different functions: determination of roles in fluid phase and uracil permease endocytosis in *Saccharomyces cerevisiae*.
Genetics (2001) **157** 91-101
- *3545. VO SI, H., LOW, P., ŚWIEŻEWSKA, E.
Assay for rab geranylgeranyltransferase using size exclusion chromatography.
Anal. Biochem. (2001) **289** 36-42
- *3546. ŁOCHOWSKA, A., IWANICKA-NOWICKA, R., PŁOCHOCKA, D., HRYNIEWICZ, M. M.
Functional dissection of the LysR-type CysB transcriptional regulator.
J.Biol.Chem. (2001) **276** 2098-2107
- *3547. KACZANOWSKI, Sz., JERZMANOWSKI, A.
Evolutionary correlation between linker histones and microtubular structures.
J.Mol.Evol. (2001) **53** 19-30
- *3548. SZKOPIŃSKA, A., ŚWIEŻEWSKA, E., SKONECZNY, M.
A novel lamily of longer chain length dolichols present in oleate-inducet yeast *Saccharomyces cerevisiae*.
Biochimie (2001) **83** 1-7
- *3549. KIERZEK, A.M., ZAIM, J., ZIELENKIEWICZ, P.
The effect of transcription and translation initiation frequencies on the stochastic fluctuations in prokaryotic gene expression.
J.Biol.Chem. (2001) **276** 8165-8172
- *3550. PAWLAK, D., OLESZCZUK, M., WÓJCIK, J., PACHULSKA, M., CHUNG, N.N., SCHILLER, P.W., IZDEBSKI, J.
Highly potent side-chain to side-chain cyclized enkephalin analogues containing a carbonyl bridge: synthesis, biology and conformation.
J.Peptide Sci. (2001) **7** 128-140
- *3551. STOYCHEV, G., KIERDASZUK, B., SHUGAR, D.
Interaction of *Escherichia coli* purine nucleoside phosphorylase (PNP) with the cationic and zwitterionic forms of the fluorescent substrate *N*(7)-methylguanosine.
Biochim.Biophys.Acta (2001) **1544** 74-88
- *3552. GEORGE, V., MUTHUKRISHNAN, M., CHOJNACKI, T.
The occurrence of polyprenols in euphorbiaceae.
Acta Soc. Botan. Polon. (2001) **70** 39-41

- *3553. DOBRZAŃSKA, M., KRASZEWSKA, E., BUCHOLC, M., JENKIS, G.
Molecular cytogenetic analysis of DNA sequences with flanking telomeric repeats
in *Triticum aestivum* cv. Begra.
Genome (2001) **44** 133-136
- *3554. BOROWSKI, P., NIEBUHR, A., MUELLER, O., BRETNER, M.,
FELCZAK, K., KULIKOWSKI, T., SCHMITZ, H.
Purification and characterization of west nile virus nucleoside triphosphatase
(NTPase)/helicase: evidence for dissociation of the NTPase and helicase activities
of the enzymes.
J.Virol. (2001) **75** 3220-3229
- *3555. SARNO, S., REDDY, H., MEGGIO, F., RUZZENE, M., DAVIES, S.P.,
DONELLA-DEANA, A., SHUGAR, D., PINNA, L.A.
Selectivity of 4,5,6,7-tetrabromobenzotriazole, an ATP site-directed inhibitor of
protein kinase CK2 (‘ casein kinase-2’).
FEBS Letters (2001) **496** 44-48
- *3556. POZNAŃSKI, J. FELCZAK, K., BRETNER, M., KULIKOWSKI, T. REMIN,
M.
¹H NMR conformational study of a variety of α -anomers of C5-substituted 2’-
deoxyuridines: comparison to their antiherpetic β counterparts.
Biochem. Biophys. Res. Commun. (2001) **283** 1142-1149
- *3557. BZOWSKA, A., KULIKOWSKA, E., SHUGAR, D.
Purine nucleoside phosphorylases: properties, functions, and clinical aspects.
Pharmacol. Ther. (2000) **88** 349-425
- *3558. POLKOWSKA-KOWALCZYK, L., MACIEJEWSKA, U.
The oxidative processes induced in cell suspensions of *Solanum* species by culture
filtrate of *Phytophthora infestans*.
Z.Naturforsch. (2001) **56c** 235-244
- *3559. KIERZEK, A.M., ZIELENKIEWICZ, P.
Models of protein crystal growth.
Biophys. Chem. (2001) **91** 1-20
- *3560. THOMSEN, J., De BIASE, A., KACZANOWSKI, Sz., MACARIO, A.J.L.,
THOMM, M., ZIELENKIEWICZ, P., MACCOLL, R., de MACARIO, E.C.
The basal transcription factors TBP and TFB from the mesophilic archaeon
Methanosarcina mazei: structure and conformational changes upon interaction
with stress-gene promoters.
J. Mol. Biol. (2001) **309** 599-613
- 3561. KAMIEŃSKA-TRELA, K., WÓJCIK, J.
Applications of spin-spin couplings.
Specialist Periodical Reports NMR, Royal Society of Chemistry (2001) **30** 132-
180

- *3562. SADOWY, E., JUSZCZUK, M., DAVID, Ch., GRONENBORN, B., HULANICKA, M.D.
Mutational analysis of the proteinase function of *Potato leafroll virus*.
J. Gen. Virol. (2001) **82** 1517-1527
- *3563. SADOWY, E., MAASSEN, A., JUSZCZUK, M., DAVID, Ch., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W., GRONENBORN, B., HULANICKA, M.D.
The ORFO product of *Potato leafroll virus* is indispensable for virus accumulation.
Ibid.: 1529-1532
- *3564. GODLEWSKI, J., KŁUDKIEWICZ, B., GRZELAK, K., CYMBOROWSKI, B.
Expression of larval hemolymph proteins (*Lhp*) genes and protein synthesis in the fat body of greater wax moth (*Galleria mellonella*) larvae during diapause.
J. Insect Physiol. (2001) **47** 759-766
- *3565. SPEINA, E., CIEŚLA, J.M., WÓJCIK, J., BAJEK, M., KUŚMIEREK, J.T., TUDEK, B.
The pyrimidine ring-opened derivative of 1, N^6 – ethenoadenine is excised from DNA by the *Escherichia coli* Fpg and Nth proteins.
J. Biol. Chem. (2001) **276** 21821-21827
- *3566. SZCZERBAKOWA, A., MACIEJEWSKA, U., PAWŁOWSKI, P., SKIERSKI, J.S., WIELGAT, B.
Electrofusion of protoplasts from *Solanum tuberosum*, *S.nigrum* and *S.bulbocastanum*.
Acta Physiol.Plant. (2001) **23** 169-179
- *3567. RANJAN, R., MARCZEWSKI, A., CHOJNACKI, T., HERTEL, J., ŚWIEŻEWSKA, E.
Search for polyprenols in leaves of evergreen and deciduous *Ericaceae* plants.
Acta Biochim. Polon. (2001) **48** 579-584
- *3568. WANKE, M., ŚWIEŻEWSKA, E., DALLNER, G.
Cell-free sorting of plastoquinone and ubiquinone in spinach cells.
Plant Physiol. Biochem. (2001) **39** 467-472
- *3569. POZNAŃSKI, J., ZHUKOV, I., BOLEWSKA, K., WIERZCHOWSKI, K.L.
Letter to the editor: sequence-specific ^1H , ^{15}N , and ^{13}C resonance assignments for the whole region 4 of *Escherichia coli* RNA polymerase σ^{70} subunit.
J. Biomol. NMR (2001) **39** 181-182
- *3570. ŁOZIŃSKI, T., WIERZCHOWSKI, K.L.
 Mg^{2+} ions do not induce expansion of the melted DNA region in the open complex formed by *Escherichia coli* RNA polymerase at a cognate synthetic Pa promoter. A quantitative KmnO_4 footprinting study.
Acta Biochim. Polon. (2001) **48** 495-510

- *3571. ŁOZIŃSKI, T., WIERZCHOWSKI, K.L.
Effect of Mg^{2+} on kinetics of oxidation of pyrimidines in duplex DNA by potassium permanganate.
Ibid.: 511-523
- *3572. CHACIŃSKA, A., SZCZEŚNIAK, B., KOCHNEVA-PERVUKHOVA, N.V., KUSHNIROV, V. V., TER-AVANESYAN, M.D., BOGUTA, M.
Ssb1 chaperone is a $[PSI^+]$ prion-curing factor.
Curr. Genet. (2001) **39** 62-67
- *3573. STROKOVSKAYA, L., BARTOSZEWICZ, Z., SZOŁAJSKA, E., KIKHNO, I., SOLOMKO, A., MICHALIK, J.
Expression and one-step purification of intracellular human prolactin in insect cells.
Prot. Express. Purif. (2001) **22** 242-248
- *3574. GRYNBERG, M., PIOTROWSKA, M., PIZZININI, E., TURNER, G., PASZEWSKI, A.
The *Aspergillus nidulans metE* gene is regulated by a second system independent from sulphur metabolite repression.
Biochim. Biophys. Acta (2001) **1519** 78-84
- *3575. OTLEWSKI, J., JASKÓLSKI, M., BUCZEK, O., CIERPICKI, T., CZAPIŃSKA, H., KROWARSCH, D., SMALAS, A.O., STACHOWIAK, D., SZPINETA, A., DADLEZ, M.
Structure-function relationship of serineprotease – protein inhibitor interaction.
Acta Biochim. Polon. (2001) **48** 419-428
- *3576. CIEŚLAK, J., SOBKOWSKI, M., JANKOWSKA, J., WENSKA, M., SZYMCZAK, M., IMIOŁCZYK, B., ZAGÓROWSKA, I., SHUGAR, D., STAWIŃSKI, J., KRASZEWSKI, A.
Nucleoside phosphate analogues of biological interest, and their synthesis *via* aryl nucleoside *H*-phosphonates as intermediates.
Ibid.: 429-442
- *3577. GÓRA-SOCHACKA, A., CANDRESSE, T., ZAGÓRSKI, W.
Genetic variability of potato spindle tuber viroid RNA replicon.
Ibid.: 467-476
- *3578. PLUTA, K., LEFEBVRE, O., MARTIN, N.C., SMAGOWICZ, W.J., STANFORD, D.R., ELLIS, S.R., HOPPER, A.K., SENTENAC, A., BOGUTA, M.
Maf1p, a negative effector of RNA polymerase III in *Saccharomyces cerevisiae*.
Mol. Cell. Biol. (2001) **21** 5031-5040
3579. PASZEWSKI, A.
Sulphur metabolism in fungi: Pathways and regulation.
Recent Res. Devel. Microbiol. (2001) **5** 223-234

- *3580. DZIEMBOWSKI, A., STĘPIEŃ, P.P.
Analysis of 3' and 5' ends of RNA by Solid-phase S1 nuclease mapping.
Anal. Biochem. (2001) **294** 87-89
- *3581. DZIEMBOWSKI, A., STĘPIEŃ, P.P.
Genetic and biochemical approaches for analysis of mitochondrial degradosome from *Saccharomyces cerevisiae*.
Methods Enzymol. (2001) **342** 367-377
- *3582. GRZESIUK, E., GOZDEK, A., TUDEK, B.
Contribution of *E.coli* AlkA, TagA glycosylases and UvrABC-excinuclease in MMS mutagenesis.
Mut.Res. (2001) **480-481** 77-84
- *3583. WÓJCIK-SIKORA, A., LAUBITZ, D., PIERZYNOWSKI, S.G., GRZESIUK, E.
Exposure from *Escherichia coli* to intestinal myoelectrical activity-related electric field induces resistance against subsequent UV_{254n} (UVC) irradiation.
Mut. Res. (2001) **496** 97-104
- *3584. JANION, C.
Some aspects of the SOS response system – A critical survey.
Acta Biochim. Polon. (2001) **48** 599-610
- *3585. GRZESIUK, E., LAUBITZ, D., WÓJCIK-SIKORA, A., ZABIELSKI, R., PIERZYNOWSKI, S.G.
Influence of intestinal myoelectrical activity on the growth of *Escherichia coli*.
Bioelectromagnetics (2001) **22** 449-455
- *3586. KUCHARCZYK, R., KIERZEK, A.M., SŁONIMSKI, P.P., RYTKA, J.
The Ccz1 protein interacts with Ypt7 GTPase during fusion of multiple transport intermediates with the vacuole in *S.cerevisiae*.
J. Cell Sci. (2001) **114** 3137-3145
- *3587. VDOVENKO, S.I., GERUS, I.I., WÓJCIK, J.
Kinetics of the reaction of β -alkoxyvinyl methyl ketones with amines.
J. Phys. Org. Chem. (2001) **14** 533-542
- *3588. GRIGORIEV, P.S., ŁOBOCKA, M.B.
Determinants of segregational stability of the linear plasmid-prophage N15 of *Escherichia coli*.
Mol. Microbiol. (2001) **42** 355-368
- *3589. BOROWSKI, P., LANG, M., NIEBUHR, A., HAAG, A., SCHMITZ, H., SCHULZE zur WIESCH, J., CHOE, J., SIWECKA, M. A., KULIKOWSKI, T.
Inhibition of the helicase activity of HCV NTPase/helicase by 1- β -D-ribofuranosyl-1,2,4-triazole-3-carboxamide-5'-triphosphate [ribavirin-TP]
Acta Biochim. Polon. (2001) **48** 739-744

- *3590. LISZEWSKA, F., BŁASZCZYK, A., SIRKO, A.
Modification of non-protein thiols contents in transgenic tobacco plants producing bacterial enzymes of cysteine biosynthesis pathway.
Ibid.: 647-656
- *3591. WANKE, M., SKORUPIŃSKA-TUDEK, K., ŚWIEŻEWSKA, E.
Isoprenoid biosynthesis *via* 1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate/2-C-methyl-D-erythriol 4-phosphate [DOXP/MEP] pathway.
Ibid.: 663-672
- *3592. GABIG, M., WĘGRZYN, G.
An introduction to DNA chips: principles, technology, applications and analysis.
Ibid.: 615-622
- *3593. GOŁOS, B., DZIK, J.M., KAZIMIERCZUK, Z., CIEŚLA, J., ZIELIŃSKI, Z., JANKOWSKA, J., KRASZEWSKI, A., STAWIŃSKI, J., RODE, W., SHUGAR, D.
Interaction of thymidylate synthase with the 5'-thiophosphates, 5'-dithiophosphates, 5'-H-phosphonates and 5'-S-thiosulfates of 2'-deoxyuridine, thymidine and 5-fluoro-2'-deoxyuridine.
Biol. Chem. (2001) **382** 1439-1445
- *3594. SIWECKA, M.A.
Double-stranded RNA nuclease associated with rye germ ribosomes.
Methods Enzym. (2001) **342** 212-225
- *3595. MARCZEWSKI, W., TALARCZYK, A., HENNIG, J.
Development of SCAR markers linked to the *N_S* locus in potato.
Plant Breeding (2001) **120** 88-90
- *3596. GINGRAS, A.C., RAUGHT, B., GYGI, S.P., NIEDZWIECKA, A., MIRON, M., BURLEY, S.K., POLAKIEWICZ, R.D., WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA, A., AEBERSOLD, R., SONENBERG, N.
Hierarchical phosphorylation of the translation inhibitor 4E-BP1.
Genes Dev. (2001) **15** 2852-2864
3597. KAMIENSKA-TRELA, K., DVORNIKOVA, E., BEHCICKA, M., WÓJCIK, J.
Carbon-carbon and carbon-proton, $^1J_{CC}$ and $^1J_{CH}$, couplings in silyl substituted pyridines and their *N*-oxides.
Mol. Physics Reports (2000) **33**, 54-57
3598. EJCHART, A.
Determination of chemical exchange rates by complementary nuclear relaxation techniques.
Ibid. : 188-191

3599. KANIA, L., KAMIENSKA-TRELA, K., KACZMAREK, Ł., WÓJCIK, J.
Concentration effects on the ^1H NMR spectra of 5*H*- and 6*H*-indolo [2, 3-*b*] quinolines.
Ibid. : 18-21
- *3600. DESSEN, P., ZAGULSKI, M., GROMADKA, R., PLATTNER, H., KISSMEHL, R., MEYER, E., BETERMIER, M., SCHULTZ, J.E., LINDER, J.U., PEARLMAN, R.E., KUNG, Ch., FORNEY, J., SATIR, B.H., Van HOUTEN, J.L., KELLER, A.M., FROISSARD, M., SPERLING, L., COHEN, J.
Paramecium genome survey: a pilot project.
Trends Genet. (2001) **17** 306-308
- *3601. CANDRESSE, T., GÓRA-SOCHACKA, A., ZAGÓRSKI, W.
Restoration of secondary hairpin II is associated with restoration of infectivity of a non-viable recombinant viroid
Virus Res. (2001) **75** 29-34
3602. CZYŻ, A., WĘGRZYN, G.
On the function and evolution of bacterial luminescence. In: Bioluminescence and Chemiluminescence (Ed. Case, J.F., Herring, P.J., Robison, B.H., Haddock, S.H.D., Krick, L.J., Stanley, P.E.) World Scientific Publishing Company, Singapore, p.31-34
- *3603. CZYŻ, A., ZIELKE, R., KONOPA, G., WĘGRZYN, G.
A *Vibrio harveyi* insertional mutant in the *cgtA* (*obg*, *yhbZ*) gene, whose homologues are present in diverse organisms ranging from bacteria to humans and are essential genes in many bacterial species.
Microbiology (2001) **147** 183-191
- *3604. BARAŃSKA, S., GABIG, M., WĘGRZYN, A., KONOPA, G., HERMAN-ANTOSIEWICZ, A., HERNANDEZ, P., SCHVARTZMAN, J.B., HELINSKI, D.R., WĘGRZYN, G.
Regulation of the switch from early to late bacteriophage λ DNA replication mode.
Ibid.: 535-547
- *3605. WĘGRZYN, A., WĘGRZYN, G.
Inheritance of the replication complex: a unique or common phenomenon in the control of DNA replication?
Arch. Microbiol. (2001) **175** 86-93
3606. WĘGRZYN, G., WĘGRZYN, A., BARAŃSKA, S., CZYŻ, A.
Regulation of bacteriophage lambda development.
Recent Res.Devel.Virol. (2001) **3** 375-386

3607. JASIECKI, J., CZYŻ, A., GABIG, M., WĘGRZYN, G.
Construction and use of a broad-host-range plasmid expressing the *lamB* gene for utilization of bacteriophage λ vectors in the marine bacterium *Vibrio harveyi*.
Mar. Biotechnol. (2001) **3** 336-345
- *3608. CZYŻ, A., ZIELKE, R., WĘGRZYN, G.
Rapid degradation of bacteriophage λ O protein by ClpP/ClpX protease influences the lysis-versus-lysogenization decision of the phage under certain growth conditions of the host cells.
Arch. Virol. (2001) **146** 1487-1498
- *3609. GLINKOWSKA, M., KONOPA, G., WĘGRZYN, A.,
HERMAN-ANTOSIEWICZ, A., WEIGEL, Ch., SEITZ, H., MESSER, W.,
WĘGRZYN, G.
The double mechanism of incompatibility between λ plasmids and *Escherichia coli* *dnaA(ts)* host cells.
Microbiology (2001) **147** 1923-1928
- *3610. SŁOMIŃSKA, M., WĘGRZYN, A., KONOPA, G., SKARSTAD, K.,
WĘGRZYN, G.
SeqA, the *Escherichia coli* origin sequestration protein, is also a specific transcription factor.
Mol. Microbiol. (2001) **40** 1371-1380
3611. CZYŻ, A., ŁOŚ, M., WRÓBEL, B., WĘGRZYN, G.
Inhibition of spontaneous induction of lambdoid prophages in *Escherichia coli* cultures: simple procedures with possible biotechnological applications.
BMC Biotechnology (2001) **1** 1
- *3612. LECHWARD, K., AWOTUNDE, O.S., ŚWIĄTEK, W., MUSZYŃSKA, G.
Protein phosphatase 2A: Variety of forms and diversity of functions.
Acta Biochim. Polon. (2001) **48** 921-933
- *3613. KOLASA, I.K., ŁOZIŃSKI, T., WIERZCHOWSKI, K.L.
 Mg^{2+} does not induce isomerization of the open transcription complex of *Escherichia coli* RNA polymerase at the model Pa promoter bearing consensus-10 and-35 hexamers.
Ibid.: 985-994
- *3614. ZIELENKIEWICZ, U., CEGŁOWSKI, P.
Mechanisms of plasmid stable maintenance with special focus on plasmid addiction systems.
Ibid.: 1003-1024
- *3615. REMPOŁA, B., KANIAK, A., di RAGO, J.P., RYTKA, J.
Anaerobic growth of *Saccharomyces cerevisiae* alleviates the lethal effect of phosphotyrosyl phosphatase activators depletion.
Ibid.: 1043-1049

- *3616. KUCHARCZYK, R., RYTKA, J.
Saccharomyces cerevisiae – a model organism for the studies on vacuolar transport.
 Ibid.: 1025-1042
- *3617. BIERZYŃSKI, A.
 Methods of peptide conformation studies.
 Ibid. 1091-1099
- *3618. KICZAK, L., KASZTURA, M., KOSCIELSKA-KASPRZAK, K., DADLEZ, M., OTLEWSKI, J.
 Selection of potent chymotrypsin and elastase inhibitors from M13 phage library of basic pancreatic trypsin inhibitor (BPTI).
Biochim.Biophys.Acta. (2001) **1550** 153-163
- *3619. KING, F.W., WAWRZYNOW, A., HÖHFELD, J., ŻYLICZ, M.
 Co-chaperones Bag-1, Hop and HSP40 regulate HSC70 and HSP90 interactions with wild-type or mutant p53.
EMBO J. (2001) **20** 6297-6305
- *3620. BÉCAM, A.M., NASR, F., RACKI, W.J., ZAGULSKI, M., HERBERT, C.J.
 Rialp (Ynl163c), a protein similar to elongation factors 2, is involved in the biogenesis of the 60S subunit of the ribosome in *Saccharomyces cerevisiae*.
Mol.Genet.Genomics (2001) **266** 454-462
- *3621. ŻYLICZ, M., KING, F.W., WAWRZYNOW, A.
 Hsp70 interactions with the p53 tumour suppressor protein.
EMBO J. (2001) **20** 4634-4638
- *3622. EMPEL, J., SITKIEWICZ, I., ANDRUKIEWICZ, A., LASOCKI, K., BORSUK, P., WĘGLEŃSKI, P.
 ArcA, the regulatory gene for the the arginine catabolic pathway in *Aspergillus nidulans*.
Mol.Genet.Genomics (2001) **266** 591-597
- 3623. TALARCZYK, A., HENNIG, J.
 Early defence responses in plants infected with pathogenic organisms.
Cell. Mol. Biol. Lett. (2001) **6** 955-970

ABSTRAKTY

- 1511/A TUDEK, B., SPEINA, E., KOWALCZYK, P., CIEŚLA, J.M.,
GRAŻIEWICZ, M.A., SŁODKOWSKA, J.
Exocyclic DNA adducts, formation and repair in bacteria and human tissues.
Workshop. DNA repair: interplay with other cellular processes. Noordwijkerhout,
The Netherlands, February 25 – March 2, 2001.
Abstracts of lectures and poster presentations **p.227**
- 1512/A SKORUPIŃSKA-TUDEK, K., VO SI, H., OLSZOWSKA, O., FURMANOWA,
M., CHOJNACKI, T., ROHMER, M., ŚWIEŻEWSKA, E.
Mechanisms of polyisoprenoid biosynthesis in plants.
5th European Symposium on Plant Isoprenoids March 14-16, 2001, Bonn,
Germany.
Terpnet Meeting.
- 1513/A WANKE, M., ŚWIEŻEWSKA, E., DALLNER, G.
Turnover of plastoquinone and ubiquinone in spinach cells.
Ibid.
- 1514/A TOCZYŁOWSKA, B., JOZWIK, A., KIERUL, K.
Statistical analysis of human cerebrospinal fluid ¹H NMR spectra.
International Society for ISMRM Magnetic Resonance in Medicine
Joint Annual Meeting Glasgow, Scotland, UK April 21-27, 2001.
Proc. Intl. Soc. Mag. Reson. Med. (2001) 9 p.1679
- 1515/A OLESZCZUK, M., ŁASZKIEWICZ, K., ŁANKIEWICZ, L.,
SZYMAŃSKA, A., EJCHART, A., BIERZYŃSKI, A.
Proton exchange studies in short helices nucleated by a calcium-binding loop.
9th Chianti Workshop on Magnetic Resonance. Nuclear and Electron Relaxation
Tirrenia (Pisa), Italy, May 26- June 1, 2001, **p.97**
- 1516/A ZHUKOV, I., BIERZYŃSKI, A., EJCHART, A.
Backbone dynamics of oxidized *apo-S100A1* ($\alpha\alpha$) protein as determined by ¹⁵N
NMR relaxation.
Ibid.: **p.117**
- 1517/A ZHUKOV, I., EJCHART, A.
Global and local model-free approach parameters in proteins from ¹⁵N relaxation
data.
Ibid.: **p.118**
- 1518/A KOWALCZYK, M.E., HENNIG, J., WAŁEK, W., PRZYBECKI, Z.
Identyfikacja w bibliotekach różnicowych cDNA kwiatowego ogórka (*Cucumis*
Sativus L) klonów homologicznych do receptorów etylenu *A.Thaliana*.
XIV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego. Genetyka w Służbie
Człowieka. Poznań, 11-13 czerwca 2001.
Streszczenia. **II-28-P s.60**

- 1519/A KACPRZAK, M., LEWANDOWSKA, I., PASZEWSKI, A.
Methyltetrahydrofolate: homocysteine methyltransferase in *Aspergillus nidulans*.
Ibid.: **III-2-U s.83**
- 1520/A NATORFF, R., SIENKO, M., BRZYWCZY, J., PASZEWSKI, A.
Characterization of mutants in the *Aspergillus nidulans* sulphur positive
regulatory gene *metR*.
Ibid.: **III-11-P s.89**
- 1521/A PIOTROWSKA, M., PASZEWSKI, A.
A search for proteins interacting with SCONC in *Aspergillus nidulans*.
Ibid.: **III-14-P s.90**
- 1522/A SIENKO, M., NATORFF, R., HEJDUK, A., PASZEWSKI, A.
Revised status of the *Aspergillus nidulans* *metA* gene.
Ibid.: **III-16-P s.91**
- 1523/A BARANOWSKA, H., POLICIŃSKA, Z., HAŁAS, A., JACHYMCZYK, W.J.
The influence of DNA polymerase activity on the frequency of frameshift
adaptive mutations in monotonic runs and non-iterated sequences in yeast
Saccharomyces cerevisiae.
Ibid.: **IV-2-P s.99**
- 1524/A BARANOWSKA, H., POLICIŃSKA, Z., HAŁAS, A., JACHYMCZYK, W.J.
The influence of the mechanism responsible for the fidelity of DNA replication on
adaptive mutations in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.
Ibid. : **IV-3-P s.100**
- 1525/A JAKUBIEC, M., CHACIŃSKA, A., BOGUTA, M.
Wpływ HSP26 na leczenie prionu [PSI] przez nadekspresję HSP104 u drożdży
Saccharomyces cerevisiae.
Ibid.: **IV-9-P s.104**
- 1526/A SŁOMIŃSKA, M., WĘGRZYN, A., KONOPA, G., WĘGRZYN, G.
Białko SeqA jako specyficzny czynnik transkrypcyjny.
Ibid. **IV-30-U s.117**
- 1527/A KABIR, M.A., KAMIŃSKA, J., SEGEL, G.B., BETHLENDY, G., CARDILLO,
T.S., LIN, P., DELLA SETA, F., BLEGEN, C., ŻOŁĄDEK, T.
ARNDT, K.T., SHERMAN, F.
Physiological effects of unassembled chaperonin Cct subunits in the yeast
Saccharomyces cerevisiae.
Ibid.: **IV-38-P s.122**
- 1528/A YIN, Z., HENNIG, J. SZWACKA, M., MALEPSZY, S.
Variability of PR-2D/*UIDA* (GUS) chimeric gene expression in transgenic
cucumber plants.
Ibid.: **VI-25-P s.171**

- 1529/A LORENC, A., PRONICKI, M., KUPRYJAŃCZYK, J., BARTNIK, E.
Preliminary results o screening tumours for somatic mutations in mitochondrial DNA.
Ibid.: **VII-13-P s.183**
- 1530/A CZYŻ, A., KOWALSKA, W., DUTKIEWICZ, R., WĘGRZYN, G.
Wykrywanie substancji mutagennych w wodzie morskiej przy pomocy serii genetycznie zmodyfikowanych szczepów *Vibrio harveyi*.
Ibid.: **X-5-U s.273**
- 1531/A MROCZEK, K., NIEBUDEK, D., BARTNIK, E.
Mutations in human mitochondrial DNA in the polish population.
Ibid.: **VII-16-P s.185**
- 1532/A BŁASZCZYK, A., LISZEWSKA, F., SIRKO, A.
Modification of sulfur. Metabolism in plants: biochemical analysis of transgenic tobacco plants with higher clutathione contents.
The Conference organized under the auspices of European Association of Pharma Biotechnology and Polish Ministry of Economy.
Bio-Forum II. Polish Biobusiness as a Partner of International Enterprises. Ed by T.Pietrucha. 10-11 May 2001, Łódź.
- 1533/A MICHALIK, J., STROKOVSKAYA, L.
Expression *in vitro* and purification of human prolactin by different biotechnological approaches.
27th Meeting of the Federation of European Biochemical Societies
Lisbon, Portugal 30 June – 5 July 2001.
Eur. J. Biochem. (2001) **268** Suppl. 1 **PW6-005 p.214**
- 1534/A PLUTA, K., LEFEBVRE, O., MARTIN, N.C., SMAGOWICZ, W.J.,
ELLIS, S.R., HOPPER, A.K., SENTENAC, A., BOGUTA, M.
Maf1p, a negative regulator of RNA polymerase III in *Saccharomyces cerevisiae*.
XXth International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology
Prague, Czech Republic, August 26-31, 2001.
Yeast (2001) **18** **02-03, S53**
- 1535/A TOWPIK, J., CHACIŃSKA, A., BOGUTA, M.
Translation termination in the yeast mitochondrial system: Ambiguity mutations in the *MRF1* gene encoding relase factor.
Ibid.: **03-06, S68**
- 1536/A WYSOCKA, M., GRZYBOWSKA, E.
Functional analysis of the *S.cerevisiae* ORF *YCR086w*.
Ibid.: **05-10, S102**
- 1537/A CHEŁSTOWSKA, A., GRABOWSKA, D., RYTKA, J.
ORF *YML1125c* encodes a putative NADH-cytochrome b5 reductase which is essential in yeast *S.cerevisiae*.
Ibid.: **05-14, S104**

- 1538/A GROMADKA, R., RYTKA, J.
Search for proteins interacting with Krr1p, a protein required for pre-ribosome assembly.
Ibid.: **06-05, S118**
- 1539/A BIAŁKOWSKA, A., KURLANDZKA, A.
Proteins interacting with the *Irr1* protein involved in colony formation and sister chromatid cohesion in *Saccharomyces cerevisiae*.
Ibid.: **11-01, S204**
- 1540/A KACPRZAK, M., PASZEWSKI, A.
Complementation of *Saccharomyces cerevisiae* *MET6* gene by cDNA copy of *metD/H* gene from *Aspergillus nidullans* coding for cobalamine-independent methionine synthase.
Ibid.: **12-03, S213**
- 1541/A GRABOWSKA, D., CHEŁSTOWSKA, A., RYTKA, J.
The *ALD6* gene product is indispensable for providing NADPH in yeast cells lacking glucose 6-phosphate dehydrogenase activity.
Ibid.: **12-04, S213**
- 1542/A KAMIŃSKA, J., HOPPER, A., ŻOŁĄDEK, T.
Rsp5p, a new link between endocytosis and the actin cytoskeleton.
Ibid.: **13-09, S240**
- 1543/A KUCHARCZYK, R., KIERZEK, A..M., SŁONIMSKI, P.P., RYTKA, J.
The Ccz1p interacts with Ypt7 GTPase in the process of fusion of multiple transport intermediates with the vacuole in *S.cerevisiae*.
Ibid.: **13-13, S242**
- 1544/A REDLAK, J., PODLASKA, A., SKONECZNA, A., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA, E.
Mutations affecting 20S proteasome activity put influence on the *Saccharomyces cerevisiae* sensitivity to DNA damage.
Ibid.: **13-42, S256**
- 1545/A JANION, C.
Ostatnie osiągnięcia w funkcjonowaniu systemu SOS u *E.coli*.
XXXVII Zjazd Polskiego Towarzystwa Biochemicznego, Toruń 10-14 IX 2001, Streszczenia. **W-03-03 s.52**
- 1546/A SIKORA, A., ZBIEĆ, R., GRZESIUK, E., JANION, C.
Analiza mutacji indukowanych promieniowaniem UVA i światłem widzialnym w szczepach *Escherichia coli* z uszkodzonym genem *hemH*.
Ibid.: **K-03-02 s.57**

- 1547/A KOWALCZYK, P., CIEŚLA, J.M., GRAŻIEWICZ, M.A.,
KUŚMIEREK, J.T., TUDEK, B.,
Mutacje indukowane przez *trans*-4 hydroxy-2-nonenal w jednoniciowym DNA
faga M13..
Ibid.: **K-03-13 s.62**
- 1548/A KOWALCZYK, P., CIEŚLA, J.M., GRAŻIEWICZ, M.A.,
KUŚMIEREK, J.T., TUDEK, B.
Mutations in M13 phage DNA induced by *trans*-4-hydroxy-2-nonenal
Conference for Students, PhD Students and Young Scientists on Molecular
Biology and Genetics. September 20-22, 2001, Kyiv, Ukraine
Abstracts Book **M-26, p.49**
- 1549/A SOLECKA, K., PRZYKORSKA, A., OLSZAK, K., KEITH, G.,
KULIGOWSKA, E.
Structure-specific DNA cleavage by plants flap nucleases.
Ibid.: **M-50, p.73**
- 1550/A ZHUKOV, I., BIERZYŃSKI, A., EJCHART, A.
Three-dimensional structure of the bovine apo-S100A1($\alpha\alpha$) protein in oxidized
form. Preliminary NMR analysis.
Proceedings of the 4th International Conference on Molecular Structural Biology.
Vienna, September 5-9, 2001. **115/P61**
- 1551/A OLESZCZUK, M., ŁASZKIEWICZ, K., ŁANKIEWICZ, L.,
SZYMAŃSKA, A., EJCHART, A., BIERZYŃSKI, A.
Proton exchange studies in short helices nucleated by a calcium-binding loop.
XVI Polish Peptide Symposium. September, 1st – 4th, 2001 Kraków – Przegorzały
Programme and Abstracts **P 88 s.136**
- 1552/A MACIEJCZYK, M., GOCH, G., RUSZCZYŃSKA, K. EJCHART, A.,
OLMA, A., LIPKOWSKI, A.W.
Solution conformations of deltorphin I analogues containing α -
hydroxymethylamino acids: a comparison with ddeltorphin I.
Ibid.: **P 68 s.116**
- 1553/A BIERZYŃSKI, A.J., OLESZCZUK, M., ŁASZKIEWICZ, K.,
ŁANKIEWICZ, L., SZYMAŃSKA, A., EJCHART, A.
Proton exchange studies in short helices nucleated by a calcium-binding loop.
Fifteenth Symposium of the Protein Society. Philadelphia, PA July 28-August 1,
2001. Program & Abstracts
Protein Sci. (2001) **10** Suppl. 2 **Abstr. 123 p.81**
- 1554/A CHOJNACKA, A., CHOJNACKI, T.,
Polyprenols in *Cathaya argyrophylla* Chun. et Kuang.
Międzynarodowa konferencja naukowo-szkoleniowa „Od badań do wdrożeń w
zakresie fizjologii i genetyki nasion drzew leśnych” Puszczykowo,
26-28.09.2001

- 1555/A GRZESIUŁ, E., NOWOSIELSKA, A.
The role of ϵ subunit of *E.coli* polymerase III and UmuD' C proteins in adaptive mutagenesis.
8th International Conference on Environmental Mutagens October 21-26, 2001
Shizuoka, Japan
Mut. Res. (2001) **483** Suppl. 1 Abstr. **P6-4 S99**
- 1556/A TUDEK, B., BAJEK, M., BOITEUX, S., CIEŚLA, J.M.
Opposite base specificity for excision of pyrimidine ring-ruptured 1, N⁶ – ethenoadenine by thymine glycol-DNA glycosylase.
Ibid.: **08-9 S123**
- 1557/A LAUBITZ, D., ZABIELSKI, R., WÓJCIK, J., WOLIŃSKI, J.,
PIERZYŃOWSKI, S.G., GRZESIUŁ, E.
A peptide of antibacterial activity in pancreatic juice – preliminary results.
Ibid.: **P26-1 S178**
- 1558/A SIKORA, A., GRZESIUŁ, E., JANION, C.
Effect of visible light on survival and mutagenesis in hemH1 mutants of *Escherichia coli*.
Ibid.: **P3-1 S88**
- 1559/A KOWALCZYK, P., CIEŚLA, J.M., GRAŻIEWICZ, A., KUŚMIEREK, J.T.,
TUDEK, B.
DNA damage in p53 gene by chloroacetaldehyde and trans-4-hydroxy-2-nonenal.
Ibid.: **P6-27 S104**
- 1560/A BARTOSZAK-ADAMSKA, E., VDOVIENKO, S.I., WÓJCIK, J.
An example of a strong C-H...O hydrogen bond.
XIth Symposium on Organic Crystal Chemistry. Collected Abstracts
Poznań – Rydzyna, Poland 20-24 August 2001. **P2 s.56**
- 1561/A POLKOWSKA-KOWALCZYK, L., MACIEJEWSKA, U., WIELGAT, B.
Reakcje biochemiczne w odpowiedzi na elicytor z *Phytophthora infestans* w roślinach rodzaju *Solanum*.
52 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego. Poznań 2001. Botanika w Dobie Biologii Molekularnej
Materiały sesji i sympozjów, **s.73**
- 1562/A SZKOPIŃSKA, A., ŚWIEŻEWSKA, E., KARST, F.
Regulation of ubiquinone synthesis in yeast *S.Cerevisiae*.
27th Meeting of the Federation of European Biochemical Societies
Lisbon, Portugal 30 June – 5 July 2001
Eur. J.Biochem. (2001) **268** suppl. 1 **PW11-006**
- 1563/A PRZYKORSKA, A., SOLECKA, K., OLSZAK, K., KEITH, G.,
KULIGOWSKA, E.
Plant nuclease ChS shows '5'-flap' activity.
Ibid.: **PW11-016**

- 1564/A PRZYKORSKA, A., BORSUK, P., SOLECKA, K., WĘGLEŃSKI, P.
Controlling expression of arginase coding gene through arginine-RNA interactions.
Ibid.: **PS7-071**
- 1565/A GRABIŃSKA, K., BERGES, T., KARST, F., PALAMARCZYK, G.
The Yta7p, member of the AAA protein family, is involved in the dolichol biosynthesis in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.
GLYCO XVI XVI International Symposium on Glycoconjugates
August 19-24, 2001 Hague, Netherlands
Abstracts **C12.4**
- 1566/A JANIK, A., SOSNOWSKA, M., KRUSZEWSKA, J., KROTKIEWSKI, H., LEHLE, L., PALAMARCZYK, G.
Overexpression of GDP-mannose pyrophosphorylase in *Saccharomyces cerevisiae* corrects defects in dolichol-linked saccharide formation and protein glycosylation.
Ibid.: **C12.6**
- 1567/A KRUSZEWSKA, J., MIGDALSKI, A., ZAKRZEWSKA, A., SALOHEIMO, M., PENTTILA, M., PALAMARCZYK, G.
Protein O-mannosyltransferase from the filamentous fungus *Trichoderma reesei*; isolation of c-DNA and characterization.
Ibid.: **C.12.8**
- 1568/A ZAKRZEWSKA, A., SALOHEIMO, M., PENTTILA, M., PALAMARCZYK, G., KRUSZEWSKA, J.S.
Overexpression of the genes involved in early steps of protein O-mannosylation in *Trichoderma reesei*; Effect on protein glycosylation and secretion.
Ibid.: **C12.10**
- 1569/A GRABIŃSKA, K., BERGES, T., KARST, F., PALAMARCZYK, G.
Dolichol biosynthesis in the yeast *S.cerevisiae*; an insight into the regulatory role of farnesyl diphosphate synthase.
Molecular Mechanisms of Fungal Cell Wall Biogenesis August 26-31, 2001
Monte Verita, Ascona, Switzerland, **p.10**
- 1570/A BOŁTOWICZ, D., SZCZERBAKOWA, A., WIELGAT, B.
Kultury *in vitro* mieszańców somatycznych *Solanum tuberosum* x *S.Bulbocastanum* – analiza morfologiczna i cytologiczna.
52 Zjazd Polskiego Towarzystwa Botanicznego Poznań 2001 Botanika w Dobie Biologii Molekularnej.
Materiały sesji i sympozjów. **s.160**
- 1571/A ANTOSIEWICZ, D., M., HENNIG, J.
Tolerancja na kadm *Nicotiana Tabacum* z nadekspresją LCT1.
Ibid.: **s.50** Plakat

- 1572/A KONOPKA, D., HENNIG, J.
Pseudomonas Syringae PV maculicola-evoked necrotization in tobacco plants is sufficient to induce local but not systemic acquired resistance.
 6th International Workshop on PR-Proteins Spa, May 20-24, 2001 Belgium
 Book of Abstracts **P24**
- 1573/A HENNIG, J.
 Sygnały uczestniczące w odpowiedzi roślin na infekcje.
 XXXVII Zjazd Polskiego Towarzystwa Biochemicznego. Toruń 10-14.IX.2001.
 Streszczenia, **W-05-01, s.89**
- 1574/A SZCZEPAŃSKA, A., BIDNEMKO, E., CHOPIN, M.Ch., BARDOWSKI, J.
 Preliminary characterisation of virulent lactococcal phages isolated from dairy samples in Poland.
 11^o Réunion du Club des Bactéries Lactiques, 14,15 et 16 novembre 2001
 Bordeaux,
 Résumés des Communications **PPB7**
- 1575/A KOWALCZYK, M., COCAIGN-BOUSQUET, M., LOUBIERE, P.,
 BARDOWSKI, J.
Lactococcus lactis IL1403 lacking tagatose pathway grows on lactose.
 Ibid.: **ME1**
- 1576/A ALEKSANDRZAK, T., RENAULT, P., BARDOWSKI, J.
 Regulation of β -glucoside/lactose coupled cellobiose inducible lactose catabolism in *Lactococcus lactis*.
 EuroLAB Conference 3-6 July, 2001 University College, Cork, Ireland.
 Programme & Book of Abstracts **p.27**
- 1577/A SZCZEPAŃSKA, A., BIDNENKO, E., CHOPIN, M.Ch., BARDOWSKI, J.
 Isolation and characterisation of lactococcal phages detected in lactoserum dairy samples.
 Ibid.: **p.177**
- 1578/A DOMAŃ, M., ANBA, J., RENAULT, P., TARGOŃSKI, Z., BARDOWSKI, J.
 Organization and expression of pullulanase coding gene in *Lactococcus lactis*.
 Ibid.: **p.26**
- 1579/A KAMIŃSKA, J., GAJEWSKA, B., HOPPER, A.K., ŻOŁĄDEK, T.
 Rsp5p acts in a complex with Sla2p to influence the actin cytoskeleton.
 EURESCO Conference on Functional protein modules in cytoskeleton and signaling molecules, SEEFELD, October 6th – 11th 2001
 The Late Abstract Book **p.15**
- 1580/A POLKOWSKA-KOWALCZYK, L., MACIEJEWSKA, U., WIELGAT, B.
 Production of reactive oxygen species and lipoxygenase activity induced by elicitor from *Phytophthora Infestans* in leaves of *Solanum* species.
 Oxygen free radicals and oxidative stress in plants. November 19-21 2001 Nice, France. **P-129**

- 1581/A BIERZYŃSKI, A.
Methods of peptide conformation studies.
XVI Polish Peptide Symposium. September, 1st – 4th, 2001 Kraków – Przegorzały
Programme and Abstracts **L 13 s.25**
- 1582/A OLSZAK, Kr. KEITH, G., PRZYKORSKA, A.
The influence of magnesium ions on the activity of Rn and ChS nucleases.
Conference for Students, PhD Students and Young Scientists on Molecular
Biology and Genetics. September 20-22, 2001, Kyiv, Ukraine
Abstracts Book **M-39, p.62**
- 1583/A MACIEJCZYK, M., EJCHART, A.
A comparison of molecular dynamics simulation with ¹⁵N NMR relaxation
experiment of CMTI (M8L) protein.
XXXIV Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications.
Kraków, 3-4 December 2001. Report No 1885/AP
Abstracts **p.42**
- 1584/A OLESZCZUK, M., ŁANKIEWICZ, L., SZYMAŃSKA, A., EJCHART, A.,
BIERZYŃSKI, A.
Proton exchange studies in short helices nucleated by a calcium-binding loop.
Ibid.: **p.55**
- 1585/A ZHUKOV, I., EJCHART, A.
Backbone dynamic of CMTI-I(M8L) protein studied by ¹⁵N relaxation at multiple
magnetic fields.
Ibid.: **p.74**
- 1586/A WÓJCIK, J.
The detection of hydrogen bonds in biomolecules with the help of NMR.
Ibid.: **p.73**
- 1587/A GOZDEK, A., POZNAŃSKI, J., BOROWSKI, P., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.,
BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M.
Oligopeptide inhibitor of hepatitis C virus (HCV) helicase – expression in *E.coli*
and preliminary structural analysis.
Second European Workshop on Interactions of New NTP Analogs and Related
Compounds with HCV Helicase. Organised by Institute of Biochemistry and
Biophysics PAS. CEMB Warsaw, December 7-8, 2001
- 1588/A BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M., STROKOVSKAYA, L., GOZDEK,
A., HAENNI, A.L., ZAGÓRSKI, W.
Hepatitis C virus (HCV) helicase – expression and testing in yeast and
baculovirus systems.
Ibid.:

- 1589/A BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M., STROKOVSKAYA, L.,
ZAGÓRSKI, W.
Use of a yeast system to test inhibitors of hepatitis C virus (HCV) helicase.
Sixth International Symposium on Positive Strand RNA Viruses.
May 28 – June 2, 2001 Institut Pasteur Paris, France
Scientific Program. Abstracts **P2-51**
- 1590/A ADAMCZYK, M., JONCZYK, M., THOMAS, Ch.M.,
JAGURA-BURDZY, G.
The *kfrAa* and associated genes of IncP-1 plasmids – archetypes of a general class
of auxiliary plasmid stability function?
Third symposium of the EU-concerted action on “Mobile genetic elements’
contribution to bacterial adaptability and diversity” (MECBAD)
Berlin, Germany 21 – 25 September 2001 p.56-57
- 1591/A MINCZUK, M., DZIEMBOWSKI, A., PAPWORTH, M.A., DMOCHOWSKA,
A., BARTNIK, E., STĘPIEŃ, P.P.
Studies of the SUPV3L1P: human orthologue of the yeast mitochondrial dead-box
RNA helicase SUV3P involved in mitochondrial RNA processing.
Euromit 5 (European Meeting on Mitochondrial Pathology) Venice, Italy, 19 – 23
September 2001
Mitochondrion (2001) **1** Suppl. 1 S66 **P-125**
- 1592/A MROCZEK, K., KABZIŃSKA, D., NOWAK, M., PIECHOTA, J.,
BARTNIK, E.
Mitochondrial DNA polymorphisms in the Polish population.
Ibid.: **P-129**
- 1593/A GOŁĘBIEWSKI, M., KERN-ZDANOWICZ, I., ZIENKIEWICZ, M.,
ADAMCZYK, M., GNIADKOWSKI, M., CEGŁOWSKI, P.
Characterization of a highly disseminating plasmid bearing the *bla*_{CTX-M-3} gene by
the whole sequencing approach.
Third symposium of the EU-concerted action on “Mobile genetic elements’
contribution to bacterial adaptability and diversity” (MECBAD)
Berlin, Germany 21 – 25 September 2001
Abstracts Book, p.96
- 1594/A BAJEK, M., CIEŚLA, J.M., TUDEK, B.
Excision of pyrimidine ring-ruptured 1, *N*⁶-ethenoadenine by thymine glycol-
DNA glycosylase.
31st Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society “Genetic
Susceptibility at low Dose Exposure” September 1 – 5, 2001 Ghent, Belgium
Abstracts **P1/19** p.101

- 1595/A JANKOWSKI, W., MASNY, A., GAJEWSKI, J., PŁUCIENNICZAK, A.
Identyfikacja i różnicowanie metodą genomowego fingerprintingu patogennych bakterii wywołujących ostry nieżyt układu pokarmowego u prosiąt z hodowli przemysłowej.
XXXVII Zjazd Polskiego Towarzystwa Biochemicznego. Toruń 10-14.IX.2001.
Streszczenia, **P-09-08** s.182
- 1596/A PIOSIK, J., ULANOWSKA, K., CZYŻ, A., KAPUŚCIŃSKI, J.,
WĘGRZYN, G.
Kofeina (CAF) i pentoksyfilina (PTX) hamują działanie niektórych mutagenów.
Ibid.: **K-03-05** s.59
- 1597/A KOWALSKA, W., DUTKIEWICZ, R., CZYŻ, A.
Optymalizacja biologicznego testu na wykrywanie substancji mutagennych w wodzie morskiej.
Ibid.: **K-08-20** s.159
- 1598/A DUTKIEWICZ, R., CZYŻ, A.
Rola genu *yhbZ* bakterii *Escherichia coli*.
Ibid.: **K-03-09** s.60
- 1599/A PLATA, K., ZIELKE, R., CZYŻ, A.
Biologiczna rola luminescencji bakterii.
Ibid.: **K-03-04** s.58
- 1600/A JANKOWSKI, W., MASNY, A., GAJEWSKA, J., PŁUCIENNICZAK, A.
Różnicowanie metodą genomowego fingerprintingu bakterii grupy *E.coli*, postulowanych jako czynnik etiologiczny ostrego nieżytu układu pokarmowego u prosiąt z hodowli przemysłowej.
IV Konferencja Biologia molekularna w diagnostyce chorób zakaźnych i biotechnologii. Dyskusja okrągłego stołu. Etyka w badaniach naukowych i medycynie. Wydział Medycyny Weterynaryjnej SGGW. Warszawa, 8 grudnia 2001
- 1601/A CZYŻ, A., DUTKIEWICZ, R., ZIELKE, R., WĘGRZYN, G.
The role of the *cgtA* gene from marine bacterium *Vibrio harveyi*.
27th Meeting of the Federation of European Biochemical Societies, Lisbon, Portugal 30 June-5 July 2001
- 1602/A SŁOMIŃSKA, M., WĘGRZYN, A., KONOPA, G., WĘGRZYN, G.
The role of SeqA protein in transcriptional activation of the pR promoter of bacteriophage lambda.
Ibid.:
- 1603/A SŁOMIŃSKA, M., WĘGRZYN, A., KONOPA, G., SKARSTAD, K.,
WĘGRZYN, G.
SeqA, the origin sequestration protein, is also a specific transcription factor.
The 2001 Molecular Genetics of Bacteria and Phages Meeting, University of Wisconsin-Madison July 31-August 5, 2001

- 1604/A CZYŻ, A., ZIELKE, R., DUTKIEWICZ, R., PLATA, K., WĘGRZYN, G.
A role for the *cgtA* (*yhbZ*) gene in DNA repair.
Ibid.:
- 1605/A CZYŻ, A., WĘGRZYN, G.
A novel test for bioindication of mutagenic pollution of marine environments.
1st Polish Molecular Biotechnology Conference and 3rd Seminar of Polish
Biotechnology Students' Scientific Circles 18-20th October 2001, Gdańsk
- 1606/A ULANOWSKA, K., PIOSIK, J., CZYŻ, A. KAPUŚCIŃSKI, J.,
WĘGRZYN, G.
Caffeine and pentoxifylline inhibited action of some chemical mutagens.
Gliwice Science Encounters 2001 23-24 November, Gliwice, Poland
- 1607/A TROJANEK, J., KLIMECKA, M., MUSZYŃSKA, G.
Dual specificity protein kinase(s) from maize seedlings.
Plant Protein Phosphorylation 12 – 15 September 2001 Vienna, Austria
Programme and Abstracts **P-22** p.41
- 1608/A SZCZEGIELNIAK, J., LIWOSZ, A., MUSZYŃSKA, G.
Calcium dependent protein kinase from maize seedlings activated by
phospholipids.
Ibid.: **P-24**
- 1609/A SZCZEGIELNIAK, J., DOBROWOLSKA, G.
Novel gene for the α subunit of protein kinase CK2 from *Zea mays*.
Ibid.: **P-25**
- 1610/A KELNER, A., HARDIE, G., DOBROWOLSKA, G.
Biochemical characterisation of the 42-kD protein kinase activated by osmotic
stress in tobacco cells.
Ibid.: **P-46**
- 1611/A KOPROWSKI, P., MIECZKOWSKI, P., FIKUS, M.U., CIEŚLA, Z.
The effect of the MSH 1 overexpression on the stability of microsatellite tracts in
the mitochondrial DNA of *Saccharomyces Cerevisiae*.
The 3rd International Conference Unstable Microsatellites and Human Disease,
April 21th – April 25th 2001, Noordwijkerhout, the Netherlands.
- 1612/A JONCZYK, P., GAWEŁ, D., SCHAAPER, R.M., FIJAŁKOWSKA, I.J.
The asymmetry of frameshift mutagenesis during replication of leading and
lagging strands in *E.coli*
8th International Conference on Environmental Mutagens, October 21-26, 2001
Shizuoka, Japan
Mut.Res. (2001) **483** Suppl.1 **P6-10, S100**

- 1613/A FIJAŁKOWSKA, I.J., GAWEL, D., JONCZYK, P., SCHAAPER, R.M.
The assymetry of mutagenesis during replication of leading and lagging strands in *E.coli* dnaX mutants.
Ibid.: **P6-1, S98**
- 1614/A SCHAAPER, R.M., PHAM, P.T., JONCZYK, P., FIJAŁKOWSKA, I.J.
DNA replication fidelity on damaged and undamaged DNA.
Ibid.: **5D-1, S57**
- 1615/A KOSAKOWSKI, J., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W., PAŁUCHA, A.
Genetic polymorphism of potato virus y field isolates.
Conference for Students, PhD Students and Young Scientists on Molecular Biology and Genetics. September 20-22, 2001, Kyiv, Ukraine
Abstracts Book **G-23, p.23**
- 1616/A GAJEWSKA, B., OFICJALSKA, D., ŻOŁADEK, T.
Functional analogies between human Nedd4 and yeast Rsp5p ubiquitin-protein ligases.
Ibid.: **M-14, p.37**
- 1617/A TOWPIK, J., CHACIŃSKA, A., BOGUTA, M.
Ambiguity mutations in the *MRF1* gene encoding release factor.
Ibid.: **B-44, p.125**
- 1618/A WITKOWSKA, M., HRYNIEWICZ, M.M.
Mutational analysis of the LysR-type Cbl transcriptional regulator of *Escherichia coli*
Ibid.: **B-46, p.177**
- 1619/A ŁONIEWSKA, A., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W., PAŁUCHA, A.
Cloning and expression of potato virus Y in yeast.
Ibid.: **B-51, p.132**
- 1620/A NOWACKI, M., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W., PAŁUCHA, A.
Construction and *in vitro* and *in vivo* expression of potato virus Y cDNA clones.
Ibid.: **B-52, p.133**
- 1621/A LIPNICKI, A., KACZANOWSKI, R., PIASEK, A., TYCZYNO, M.,
CHACHULSKA, A.M., KUCHARCZYK, K.
Genotypowanie HCV szybką metodą PCR-MSSCP
XXXVII Zjazd Polskiego Towarzystwa Biochemicznego. Toruń 10-14.IX.2001.
Streszczenia, **P-12-22, p.252**
- 1622/A ŻUBEREK, J., NIEDŹWIECKA, A., DADLEZ, M., DARŻYNKIEWICZ, E.,
WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA, A.
Otrzymywanie selektywnie fosforylowanego eIF4E za pomocą metody intein-mediated protein ligation.
Ibid.: **K-14A-01, p.261**

- 1623/A ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA, E., PODLASKA, A., REDLAK, J., SKONECZNA, A.
New links between 20S proteasome and the response of *S.cerevisiae* to DNA damage.
Mut. Res. (2001) **483** Suppl. 1 **S1-S192 P8-12**
- 1624/A PODLASKA, A., MIECZKOWSKI, P., SKONECZNA, A., ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA, E.
UMP1 is induced by DNA damage and required for the resistance of *Saccharomyces cerevisiae* to UV light.
Polish-Hungarian Ph.D. Meeting, Szeged, Hungary, 23-26.10.2001
- 1625/A GAWEŁ, D., JONCZYK, P., SCHAAPER, R.M., FIJAŁKOWSKA, I.J.
Asymmetry of mutagenesis during replication of leading and lagging strands in *E.coli dnaX* mutant.
Ibid.:
- 1626/A TOWPIK, J., CHACIŃSKA, A., BOGUTA, M.
The MRF1 gene encoding mitochondrial release factor in yeast – ambiguity mutations.
Ibid.:
- 1627/A SOLECKA, K., PRZYKORSKA, A., OLSZAK, K., KEITH, G., KULIGOWSKA, E.
ChS nuclease I is the plant counterpart of large 5' flap nucleases family.
Ibid.:
- 1628/A KOWALCZYK, P., CIEŚLA, J.M., GRAŻIEWICZ, A.M., KUŚMIEREK, J.T., TUDEK, B.
Mutations in M13 phage DNA induced by *trans*-4-hydroxy-2-nonenal.
Ibid.:
- 1629/A NOWACKI, M., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W., PAŁUCHA, A.
Construction and *in vitro* and *in vivo* expression of potato virus Y cDNA clones.
Ibid.:
- 1630/A MIAZGA, A., SIWECKA, M.A., WYSZYŃSKA, K., KULIKOWSKI, T.
Inhibition of HIV-1 reverse transcriptase activity by 2', 3' -dideoxy-3'-fluoro-2-thiothymidine 5'-triphosphate.
Ibid.:
- 1631/A ŁONIEWSKA, A., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W., PAŁUCHA, A.
Cloning and expression of potato virus Y in yeast.
Ibid.:
- 1632/A KWAPISZ, M., ROUSSET, J.P., BOGUTA, M., ŻOŁĄDEK, T.
rsp5 and *maf1* mutations alter translational fidelity in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.
Ibid.:

- 1633/A KOSAKOWSKI, J., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W., PAŁUCHA, A.
Genetics polymorphism of potato virus Y field isolates.
Ibid.:
- 1634/A KACZANOWSKI, Sz., ZIELENKIEWICZ, P.
LOG-odds scoring matrices calculated from designed protein sequences.
Ibid.:
- 1635/A GRABOWSKA, D., CHEŁSTOWSKA, A., RYTKA, J.
The *ALD6* gene product is indispensable for providing NADPH in yeast cells lacking glucose 6-phosphate dehydrogenase activity.
Ibid.:
- 1636/A GRABIŃSKA, K., SOSIŃSKA, G., ŚWIERZEWSKA, E., BERGES, T., KARST, F., PALAMARCZYK, G.
Genetic and biochemical characterization of dolichol biosynthesis in yeast *S.cerevisiae*.
Ibid.:
- 1637/A WITKOWSKA, M., HRYNIEWICZ, M.M.
The LysR-type Cbl transcriptional regulator of *Escherichia coli* – mutational analysis.
Ibid.:
- 1638/A GOŁĘBIEWSKI, M., KERN-ZDANOWICZ, I., ZIENKIEWICZ, M., ADAMCZYK, M., GNIADKOWSKI, M., CEGŁOWSKI, P.
Characterization of a highly disseminating plasmid bearing the *bla*_{CTX-M-3} gene by the whole sequencing approach.
Ibid.:
- 1639/A ZIENKIEWICZ, M., KERN-ZDANOWICZ, I., GOŁĘBIEWSKI, M., MIECZKOWSKI, P., GNIADKOWSKI, M., CEGŁOWSKI, P.
Characterization of a plasmid bearing the amplifiable *BLA*_{SHV} gene by a whole nucleotide sequencing approach.
Ibid.:
- 1640/A SPEINA, E., BAJEK, M., CIEŚLA, J.M., WÓJCIK, J., KUŚMIEREK, J.T., TUDEK, B.
Repair of 1, *N*⁶ –ethenoadenine rearrangement products.
Ibid.:
- 1641/A MACIEJEWSKA, A.M., LICHOTA, K.D., KUŚMIEREK, J.T.
Base pairing of 2-hydroxyadenine.
Ibid.:
- 1642/A LICHOTA, K.D., TUDEK, B., KUŚMIEREK, J.
Degradation of potentially mutagenic modified deoxynucleoside-5'-triphosphates by human tissue homogenates.
Ibid.:

- 1643/A PLATA, K., ZIELKE, R., CZYŻ, A.
Influence of physical and chemical mutagens on luminescence level in bacteria.
Gliwice Science Encounters 2001, 23-24 November, Gliwice, Poland
- 1644/A TOWPIK, J., CHACIŃSKA, A., BOGUTA, M.
Control of mitochondrial translation fidelity by *NAM9* and *NAM3/MRF1* genes.
The satellite symposium of XXth International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology (*ICYGMB*)
Yeast as a model for mitochondria-related human disorders, August 25-26, 2001
Prague
- 1645/A CHACIŃSKA, A., BOGUTA, M., ROSPERT, S.
Prion dependent switching between respiratory competence and deficiency in the yeast mutant *nam9-1*.
Nova Acta Leopoldina (2001) Suppl. **16** 123-124
- 1646/A POZNAŃSKI, J., KULIKOWSKI, T.
Electrostatically driven conformational equilibrium of 3',5-substituted 2',3'-dideoxyuridines with anti-HIV activity: comparison to their 2'-deoxy counterparts.
8th International Symposium on Molecular Aspects of Chemotherapy Gdańsk, Poland 5-9 September 2001
Abstract Book **No 84 p.150**
- 1647/A BOROWSKI, P., SCHMITZ, H., BRETNER, M., KULIKOWSKI, T.
Inhibition of flaviviridae NTPase/helicase, assays to assess the inhibition and therapeutical implications.
Ibid.: **p.39**
- 1648/A BOROWSKI, P., LANG, M., HAAG, A., SCHMITZ, H., CHOE, J., CHEN, H.M., HOSMANE, R.S., BRETNER, M., KULIKOWSKI, T.
Characterization of imidazol [4,5-d] pyridazine and imidazol [4,5-e] [1,3] diazepine nucleosides as modulators of unwinding reaction mediated by west nile virus NTPase/helicase: evidence for activity on the level of substrate and/or enzyme.
Ibid.: **No 81 p.147**
- 1649/A BRETNER, M., BOROWSKI, P., LANG, M., HAGG, A., KULIKOWSKI, T.
Synthesis and interaction of 5'-O-(p-fluorosulfonylbenzoyl) adenosine (FSBA) analogs with RNA ATPase/helicase of *flaviviridae* family viruses.
Ibid.: **No 82 p.148**
- 1650/A SIWECKA, M.A., MIAZGA, A., WYSZYŃSKA, K., KULIKOWSKI, T.
Inhibition of HIV-1 reverse transcriptase activity by 2',3'-dideoxy-3'-fluoro-2-thiothymidine 5'-triphosphate.
Ibid.: **No 83 p.149**

- 1651/A BRETNER, M., SIWECKA, M.A., BOROWSKI, P., KULIKOWSKI, T.
Nucleoside and benzotriazole derivatives as inhibitors of HCV NTPase/helicase.
Second European Workshop on Interactions of New NTP Analogs and Related
Compounds with HCV Helicase. Organised by Institute of Biochemistry and
Biophysics PAS. CEMB Warsaw, December 7-8, 2001
- 1652/A SIWECKA, M.A., BOROWSKI, P., KULIKOWSKI, T.
ATP-binding domain of NTPase/helicase as a target for hepatitis C antiviral
therapy.
Ibid.: **P1**
- 1653/A BRETNER, M., BOROWSKI, P., LANG, M., HAAG, A., KULIKOWSKI, T.
Synthesis and interaction of 5'-O-(p-fluorosulfonyl-benzoyl) adenosine (FSBA)
analogs with RNA NTPase/helicases of *flaviviridae* family viruses.
Ibid.: **P2**
- 1654/A ACKER, J., MARSOLIER, M-C., LOPEZ, S., LEFEBVRE, O., THOMA, F.,
HOPPER, A., MARTIN, N., PLUTA, K., SMAGOWICZ, W., BOGUTA, M.,
SENTENAC, A.
The yeast RNA polymerase III transcription system: main actors and effectors.
Mechanisms of Eukaryotic Transcription, August 29 – September 2 2001.
Cold Spring Harbor Laboratory Meetings & Courses Programs.
- 1655/A SARNOWSKI, T., ŚWIEŻEWSKI, S., POPKO, K., BRZESKI, J.,
JERZMANOWSKI, A.
Cloning of *Arabidopsis Thaliana* ASW13 gene, a putative homolog of yeast SW13
and the isolation from *Arabidopsis* of a multiprotein complex containing ASW13.
Conference for Students, PhD Students and Young Scientists on Molecular
Biology and Genetics. September 20-22, 2001, Kyiv, Ukraine
Abstracts Book **B-41, p.122**
- 1656/A BOROWSKI, P., LANG, M., NIEBUHR, A., HAAG, A., SCHMITZ, H.,
SCHULZE zur WIESCH, J., CHOE, J., SIWECKA, A., KULIKOWSKI, T.
Inhibition of the helicase activity of hepatitis C virus helicase/ntpase by 1-β-D-
ribofuranosyl-1, 2, 4-triazole-3-carboxamide-5'-triphosphate (ribavirin-TP).
Sixth International Symposium on Positive Strand RNA Viruses, May 28-June 2,
2001, Institut Pasteur, Paris, France.
Scientific Program Abstracts **P 2-141**
- 1657/A KING, F., HELWAK, A., ŻYLICZ, M.
Interactions between the p53 tumor suppressor protein and cytosolic molecular
chaperones.
EuroConference and EMBO workshop "Mechanisms and Cellular functions of
molecular chaperones. 26-31 Maj, 2001, Sant Feliu de Guixols, Hiszpania
Abstracts Book **p.91**

MISCELLANEUS

- 22/M PIERZYNOWSKA, J., GRZESIUŁ, E.
Czy należy obawiać się grzybów pleśniowych?
Przegl. Hodowlany (2001) 2 45-49
- 23/M CHOJNACKI, T.
Lipidy mózgu w starzeniu – szczególny przypadek dolicholu.
W: Strosznajder J.B., Mossakowski M.J.: Mózg a starzenie
Upowszechnianie Nauki – Oświata „UN-O” Warszawa 2001, 96-105
- 24/M ŻOŁĄDEK, T., KAMIŃSKA, J.
Rola ligazy ubikwitynowo-białkowej Rsp5p w endocytozie białek błony komórkowej u drożdży.
Post. Bioch. (2001) 47 63-71
- 25/M BARTNIK, E.
Genom ludzki 2001.
Ibid.: 114-115
- 26/M WIELGAT, B., WASILEWSKA, L.D.
Hybrydyzacja somatyczna pomiędzy dzikimi i uprawnymi gatunkami ziemniaka.
Biotechnologia (2001) 2 9-15
- 27/M SŁONIMSKI, P.
Po co nam ta biologia?
Kosmos (2001) 50 1-7
- 28/M BOGUTA, M., WIWATOWSKA, J., HREBENDA, J.
Terminacja translacji.
Post. Mikrobiol. (2001) 40 63-78
- 29/M CALIKOWSKI, T.T.
Przebudowa struktur chromatynowych przez kompleksy wielobiałkowe.
Post. Bioch. (2001) 47 129-137
- 30/M MASSEN, A., HENNIG, J.
Udział tlenu azotu w odpowiedzi roślin na infekcje.
Ibid.: 192-198
- 31/M JANION, C.
Some provocative thoughts on damage and repair of DNA.
J. Biomed. Biotechnol. (2001) 1:2 50-51
- 32/M FIKUS, M.
Festiwałe nauki – tak oczywisty pomysł.
Nauka (2001) 1 3-9

- 33/M HENNIG, J., KRZYMOWSKA, M.
Reakcje obronne roślin w odpowiedzi na infekcje mikroorganizmów.
W: Biologia w szkole. Z zagadnień współczesnej biologii Styczeń-Marzec nr 1
WSiP 2001 s.4-10
- 34/M BARTNIK, E.
Genom człowieka na początku XXI wieku – osiągnięcia i perspektywy.
W: Granice ingerencji w naturę (red. B.Chyrowicz) Etyka i Technika Lublin 2001
Tow.Nauk. KUL s.13-17
- 35/M FIKUS, M.
Granice modyfikacji genetycznych – spojrzenie biologa.
Ibid.: s. 19-29
- 36/M DOMAŃ, M., TARGOŃSKI, Z., BARDOWSKI, J.
Nowy enzym amylolityczny z *Lactococcus Lactis*.
W: Technologia żywności a oczekiwania konsumentów. (pr.zbior. pod red.
T.Habera i H.Porzućek) Wydż. Technologii Żywności SGGW, Komitet
Technologii i Chemii Żywności PAN Warszawa 2001 s.1-3
- 37/M GÓRSKA, E., TUDEK, B., RUSSEL, S.
Degradation of cellulose by nitrogen-fixing strain of *Bacillus polymyxa*.
Acta Microbiol. Polon. (2001) **50** 129-137
- 38/M BARTNIK, E., LORENC, A., MROCZEK, K.
Human mitochondria in health, disease, ageing and cancer.
J. Appl. Genet. (2001) **42** 65-71
- 39/M PIECHOTA, J., MROCZEK, K., BARTNIK, E.
MELAS as an example of a mitochondrial disease.
Ibid.: **42** 351-358
- 40/M BARTNIK, E., MROCZEK, K.
Mitochondria w procesie starzenia.
W: Strosznajder, J.B., Mossakowski, J.M.: Mózg a starzenie
Upowszechnianie Nauki – Oświata „UN-O” Warszawa 2001, 22-25
- 41/M BARTNIK, E.
Choroby dziedziczne II. Defekt genomu mitochondrialnego.
W: Biologia molekularna w medycynie. Elementy genetyki klinicznej.
pod red. J. Bala Wydawn. Nauk. PWN Warszawa 2001, 149-156
- 42/M WANKE, M., PORĘBSKA, A., WAŁAJTYS-RODE, E.
Uzyskanie przeciwciał monoklonalnych przeciwko związkom izoprenoidowym.
Biotechnologia (2001) **3** 169-177
- 43/M KOWALCZYK, M., BARDOWSKI, J.
Możliwości ograniczania nietolerancji laktozy.
Przemysł Spożywczy (2001) **12** 38-40

- 44/M CZYŻ, A., WĘGRZYN, G.
Mechanizm, regulacja i rola bioluminescencji bakterii.
Post. Bioch. (2001) **47** 263-270
- 45/M RANJAN, R., CHOJNACKI, T., ŚWIEŻEWSKA, E.
On the occurrence of polyprenols in plants.
Collection of Polyprenols, 2001.
Institute of Biochemistry and Biophysics of the Polish Academy of Sciences,
Centre of Excellence in Molecular Biotechnology.
Warszawa 2001 IBB PAS, 50s.

TYTUŁY ROZPRAW HABILITACYJNYCH

- 204/N PACUSZKA, T.
Neoglikokonjugaty i fotoaktywne pochodne glikosfingolipidów w badaniach właściwości gangliozydów. (Neoglycoconjugates and photoreactive derivatives of glycosphingolipids in studies on the properties of gangliosides).
Presented March 6, 2001
Publ.: **J.Biol.Chem.** (1990) **265** 7673-7678; **Biochemistry** (1992) **31** 4773-4778; **Biochemistry** (1992) **30** 2563-2570; **Biochim.Biophys.Acta** (1991) **1083** 153-160; **Glycobiology** (1992) **2** 251-255; **Biochim.Biophys.Acta** (1995) **1257** 265-273; **Acta Biochim. Polon.** (1998) **45** 509-521; **Acta Biochim. Polon.** (1998) **45** 403-415; **J.Labelled Comp.Radiopharm.** (2000) **43** 1255-1263
- 205/N TUDEK, B.
Utlenianie i alkilacja zasad DNA – rola pierwotnych i wtórnych uszkodzeń w replikacji i mutagenzie. (Oxidation and alkylation of DNA bases – the role of primary and secondary lesions in replication and mutagenesis).
Presented June 5, 2001
Publ.: **J.Bacteriol.** (1991) **173** 3419-3424; **Mol.Gen.Genet.** (1993) **236** 3419-3424; **Free Rad.Biol.Med.**, (2000) **28** 75-83; **Mut.Res.** (1999) **434** 41-52; **Nucl.Acids Res.** (1992) **20** 3079-3084; **Acta Biochim.Polon.** (1999) **46** 785-799; **Mut.Res.** (1998) **407** 169-176; **DNA cyclic Adducts** (eds) Singer, B., Bartsch, H. Scientific Publication No 150, International Agency for Research on Cancer, Lyon, p.279-293
- 206/N WĘGRZYN, A.
Oddziaływania pomiędzy komórką gospodarza a wirusem – wykorzystanie funkcji białek bakteryjnych w regulacji ekspresji genów i replikacji DNA bakteriofaga λ. (Interactions between host cell and a virus: involvement of bacterial proteins in the regulation of gene expression and DNA replication of bacteriophage lambda)
Presented June 22, 2001
Publ.: **Post.Biol.Komórki** (1997) **24** Supl. 8 , 53-68; **J.Bacteriol.** (1996) **178** 5847-5849; **Proc.Natl.Acad.Sci.** (1998) **95** 4241-4246; **J.Bacteriol.** (1998) **180** 2475-2483; **Virology** (1998) **249** 98-107; **Mol.Gen.Genet.** (1999) **261** 762-769; **Genetics** (1999) **151** 1633-1635; **FEBS Lett.** (2000) **472** 217-220; **Curr.Microbiol.** (2000) **41** 157-160; **Arch.Microbiol.** (2000) **174** 89-96

TYTUŁY PRAC DOKTORSKICH

- 207/N HAŁAS, A.
Rola mechnizmów zabezpieczających wierność replikacji w powstawaniu mutacji adaptacyjnych w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.
(The role of the mechanisms responsible for replication fidelity in adaptive mutagenesis in cells of *Saccharomyces cerevisiae*).
Presented March 3, 2001
Research done in the Department of Genetics IBB PAS.
- 208/N KUCHARCZYK, R.
The newly discovered gene *CCZ1* encodes protein involved in endosome mediated intracellular trafficking in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.
(Nowo odkryty gen *CCZ1* koduje białko zaangażowane w wewnątrzkomórkowy transport białek z udziałem endosomu u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*).
Presented March 13, 2001
DNA Sequencing and Oligonucleotide Synthesis Laboratory IBB PAS.
- 209/N ŁOCHOWSKA, A.
Functional dissection of the CysB protein representing the LysR family of procaryotic transcriptional regulators.(Charakterystyka funkcjonalna białka Cys B przedstawiciela rodziny Lys R bakteryjnych regulatorów transkrypcyjnych)
Presented April 24, 2001
Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.
- 210/N TALARCZYK, A.
Identification of new elements involved in plant response to viral infection.
(Identyfikacja nowych elementów odpowiedzi roślin na infekcje wirusowe.)
Presented April 24, 2001
Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.
- 211/N TROJANEK, J.B.
Kinazy białkowe z siewek kukurydzy fosforylujące tyrozynę. (Maize seedlings protein kinases phosphorylating tyrosine).
Presented June 5, 2001
Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.
- 212/N MIKOŁAJCZYK, M.
Kinazy białkowe uczestniczące w przesyłaniu sygnału stresu osmotycznego w komórkach tytoniu. (Protein kinases involved in osmotic stress signal transduction in tobacco cells).
Presented June 12, 2001
Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

- 213/N KING, F.
Interactions between Molecular Chaperones and Wild type and Mutant p53 Tumor suppressor proteins. (Oddziaływanie pomiędzy chaperonami a białkami supresorowymi p53 Tumor suppressor proteins)
Presented July 2, 2001
Research done in the IBB PAS.
- 214/N WANKE, M.
Biosynthesis and intracellular transport of isoprenoid lipids in plant cells. (Biosynteza i transport wewnątrzkomórkowy lipidów izoprenoidowych w komórkach roślinnych).
Presented September 25, 2001
Research done in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS.
- 215/N KAMIŃSKA, J.
Role of Rsp5p and its interactions with other proteins in yeast *Saccharomyces cerevisiae*. (Rola Rsp5p, ligazy ubikwitynowo – białkowej oraz białek z nią współdziałających w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*).
Presented September 25, 2001
Research done in the Department of Genetics IBB PAS.
- 216/N KOLASA, I.
Wpływ sekwencji A_n T_n zaginających DNA na moc promotora *Escherichia coli* *in vitro*. (Influence of A_n T_n bending sequences on E.coli promoter strength *in vitro*)
Presented October 2, 2001
Research done in the Department of Biophysics IBB PAS.
- 217/N ZIELENKIEWICZ, U.
Role of genes *epsilon* and *zeta* of plasmid pSM19035 in its stable maintenance in bacterial cells. (Rola genów *epsilon* i *zeta* plasmidu pSM19035 w jego stabilnym utrzymywaniu w komórkach bakterii)
Presented .October 9, 2001
Research done in the Departemnt of Microbial Biochemistry IBB PAS.
- 218/N KOTER, M.
Wykorzystanie genu replikazy wirusa liściozwoju ziemniaka PLRV w celu uzyskania transgeniczných linii ziemniaka (*Solanum tuberosum* L.) charakteryzujących się zmienioną podatnością na infekcje wirusowe. (Application of PLRV replicase gene in obtaing transgenic potato (*Solanum tuberosum* L.) lines showing changed susceptibility to viral infections)
Presented October 12, 2001
Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.
- 219/N PLUTA, K.
Maf1 protein, repressor of RNA polymerase III in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*. (Białko Maf1, represor polimerazy III RNA u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*).
Presented October 12, 2001
Research done in the Department of Genetics IBB PAS.

- 220/N ZHUKOV, I.
Solution structure and backbone dynamics of CMTI-I (Met8→Leu) and bovine apo-S100A1($\alpha\alpha$) proteins as studied by NMR spectroscopy. (Badanie struktury i dynamiki białek CMTI-I (Met8→Leu) i wołowego apo-S100A1($\alpha\alpha$) przy pomocy spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego).
Presented November 27, 2001
Research done in the Laboratory of Biological NMR IBB PAS.
- 240/N LAUBITZ, D.
Modelowe badania nad wpływem aktywności elektrycznej rejestrowanej w mięśniówce gładkiej jelita cienkiego i aktywności antybakteryjnej soku trzustkowego ssaków na bakteryjne szczepy laboratoryjne *Escherichia coli*. (The research on the influence of the intestinal myoelectrical activity and the antibacterial activity of pancreatic juice on bacteria *Escherichia coli*).
Presented December 20, 2001
Research done in Faculty of Veterinary Medicine, Agricultural University of Warsaw and Department of Molecular Biology IBB PAS.

PRACE MAGISTERSKIE

- 221/N HOFFMAN, M.
Poszukiwanie etapów ograniczających wydajność szlaku biosyntezy hemu u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. (Identification of steps limiting the productivity of the heme biosynthesis pathway of the yeast *Saccharomyces cerevisiae*)
Presented May 23, 2001
Research done in the Department of Genetics IBB PAS.
- 222/N SKUPIS, J.
Badanie migracji komórek nowotworowych eksponowanych na C-terminalny fragment fibronektyny. (Tumor cells migration exposed on the C-terminal fibronectin in fragment).
Presented August 1, 2001
Research done in the Department of Genetics UW and the Cancer Centre Institute, Warsaw.
- 223/N SENETA, M.
Badanie indukcji genu kodującego naczyniowo-śródbłonkowy czynnik wzrostu (VEGF) w komórkach nowotworowych. (Induction of the coding gene of vascular endothelial growth factor in tumor cells.)
Presented August 1, 2001
Research done in the Department of Genetics UW and the Cancer Centre Institute, Warsaw.
- 224/N LEŚNIAK, M.
Próba uzyskania transgenicznych roślin wyrażających gen LCT. (Construction of transgenic plant expressing LCT gene).
Presented August 9, 2001
Research done in the Institute of Experimental Plant Biology UW and the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.
- 225/N GÓRECKI, R.K.
Charakterystyka biochemiczna i genetyczna tetracyklinoopornego szczepu *Lactobacillus* IBB2500 wyizolowanego z mleka. (Biochemical and genetic characterisation of *Lactobacillus* IBB2500 – a tetracycline-resistant strain isolated from cow milk).
Presented July 10, 2001
Research done in the Faculty of Biology UW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.
- 226/N STASIŃSKA, Z.
Modyfikacje plazmidowego genu ζ w celu wykorzystania go jako markera w wektorach do pozytywnej selekcji klonowanych genów. (Modifications of plasmid gene ζ for use as a positive selection marker for gene cloning vectors).
Presented September 10, 2001
Research done in the Department of Genetics UW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

- 227/N GUTKOWSKA, M.
 Białka prenylowane w *Arabidopsis thaliana*. (Prenylated proteins in *Arabidopsis thaliana*).
 Presented May 23, 2001
 Research done in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS and the
 Institute of Experimental Plant Biology UW.
- 228/N PUŁAWSKA, J.
 C-końcowy fragment białka AtJ2 jest prenylowany *in vitro*. (C-terminal fragment
 of AtJ2 is prenylated *in vitro*).
 Presented July 6, 2001
 Research done in the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS and the
 Institute of Experimental Plant Biology UW.
- 229/N BAJEK, M.
 Badanie aktywności glikozylaz naprawczych wobec produktów rearanżacji
 etenaadeniny. (Studies on the activity of repair glycosylases towards
 ethenoadenine rearrangement products).
 Presented July 6, 2001
 Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and the Maria
 Curie-Skłodowska Memorial University, Lublin.
- 230/N KOWALEWSKA, M.
 Wzajemne oddziaływania produktów genów ϵ i ζ plazmidu pSM19035: analiza
 mutantów delecyjnych. (Interactions of products of ϵ and ζ genes encoded by
 plasmid pSM19035: deletion mutants analysis).
 Presented October 9, 2001
 Research done in the Department of Genetics UW and the Department of
 Microbial Biochemistry IBB PAS.
- 231/N MALANOWSKA, K.
 Udział polimerazy IV DNA w powstawaniu mutacji spontanicznych i replikacji
 chromosomalnego DNA *Escherichia coli*. (Involvement of DNA polymerase IV
 in spontaneous mutagenesis and DNA replication in *Escherichia coli*).
 Presented September 28, 2001
 Research done in the Faculty of Biology UW and the Laboratory of Mutagenesis
 and DNA Repair IBB PAS.
- 232/N PIECHOTA, J.
 Analiza polimorfizmu miejsc restrykcyjnych w ludzkim mitochondrialnym DNA
 w populacji polskiej dla enzymów restrykcyjnych *AvaII* i *PstI*. (Analysis of
 restriction fragment length polymorphisms in human mitochondrial DNA in the
 Polish population for restriction enzymes *AvaII* and *PstI*).
 Presented May 22, 2001
 Research done in the Department of Genetics UW.

- 233/N MAC, A.
Konstrukcja transgeniczných roślin wyrażających fuzję genową PR-2d/GFP.
(Construction of transgenic plants expressing gene fusion PR-2dGEP).
Presented September 13, 2001
Research done in the Department of Biology and Earth Sciences, the Maria Curie-Skłodowska Memorial University, Lublin and the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.
- 234/N NIEBUDEK, D.
Diagnostyka wybranych mutacji u pacjentów z LHON (dziedziczną wrokową neuropatią Lebera). (Diagnosis of selected mutations in patients with LHON (Leber hereditary optic neuropathy)).
Presented September 27, 2001
Research done in the Department of Genetics UW.
- 235/N NOWAKOWSKA, B.
Analiza klonów *Bacillus subtilis* opornych na indukcję ekspresji genu ξ pochodzącego z plazmidu pSM19035. (Analysis of *Bacillus subtilis* clones resistant to the induction of expression of ξ gene from the plasmid pSM19035)
Presented September 28, 2001
Research done in the Faculty of Biology UW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.
- 236/N KUNDZEWICZ, A.
Analiza genu δ z regionu stabilności SegB plazmidu pSM19035. (Analysis of the δ gene from the stability region SegB of the plasmid pSM19035)
Presented July 17, 2001
Research done in the Faculty of Biology UW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.
- 237/N GRZELA, R.
Oczyszczanie ludzkiej prolaktyny z medium wydzielonej przez komórki owadzie zainfekowane rekombinantem bakulowirusa MelPRL i MelPRLHis.
(Purification of human prolactin secreted into the medium by cells infected MelPRL i MelPRLHis recombinant baculovirus)
Presented June 18, 2001
Research done in the Świętokrzyska Academy in Kielce and the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.
- 238/N JONCZYK, M.
Udział regionu *kfrA-upf54.8-upf54.4* w stabilnym dziedziczeniu plazmidu R751 z grupy IncP-1 β . (The role of *kfrA-upf54.8-upf54.4* region in the stable maintenance of R751 plasmid from IncP-1 β group)
Presented September 28, 2001
Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS and the Department of Microbiology UW.

- 239/N JUJKA, A.
Oczyszczanie produktów dzikiej i zmutowanych form genu *parB* oraz porównanie ich zdolności do oligomeryzacji *in vitro*. (Purification of products of wild-type and mutant forms of *parB* gene and comparison of their ability to oligomerize *in vitro*)
Presented November 11, 2001
Research done in the Faculty of Biology UW and the Department of Microbial of Biochemistry IBB PAS.
- 241/N KURANDA, K.
Ekspresja genu inwertazy (*suc1*) *Aspergillus niger* w zmodyfikowanym genetycznie szczepie *Trichoderma reesei*. (Expression of the *Aspergillus niger* invertase (*suc1*) gene in the genetically modified *Trichoderma reesei*)
Presented September 25, 2001
Research done in the Fungal Glycobiology Laboratory IBB PAS and the Agricultural University of Warsaw.
- 242/N RADOMSKI, P.
Hybrydyzacja somatyczna linii hodowlanych *Solanum tuberosum* z dzikimi gatunkami *Solanum bulbocastanum* i *Solanum pinnatisectum*. I (Somatic hybridization of cultivated *Solanum tuberosum* with wild species *S. bulbocastanum* and *S. pinnatisectum*).
Presented December 20, 2001
Research done in the Agricultural University of Warsaw and the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.
- 243/N NOWAK, J.
Wpływ delecji wybranych genów związanych z oddychaniem na potencjał replikacyjny drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. (The effect of the deletion of RIP1 and AAC2 genes on replication capacity of yeast *S. cerevisiae*).
Presented October 11, 2001
Research done in the Department of Genetics UW and the Laboratory of DNA Sequencing and Oligonucleotide Synthesis, IBB PAS.
- 244/N GRZYB, A.
Mechanizm działania aktywatora ARCA z *Aspergillus nidulans* – wpływ zmian odległości pomiędzy potencjalnymi miejscami wiązania aktywatora w promotorze genu *otaA*, kodującego transaminazę ornitynową, na ekspresję tego genu. (Mechanism of action of the ARCA activator from *Aspergillus nidulans* effect of changes in distance between potential activator binding sites in the *otaA*, gene promoter encoding ornithine transaminase on the expression of that gene).
Presented July 10, 2001
Research done in the Department of Genetics UW.
- 245/N GAJOWNICZEK, P.
Mechanizm działania aktywatora ARCA kontrolującego katabolizm arginy u *Aspergillus nidulans*. (Mechanism of action of the ARCA activator controlling arginine catabolism in *Aspergillus nidulans*).
Presented September 27, 2001
Research done in the Department of Genetics UW.

246/N SZELIGA, M.
Regulacja ekspresji genu *agaA* w *Aspergillus nidulans*. (Regulation of the *agaA* gene in *Aspergillus nidulans*).
Presented June 26, 2001
Research done in the Department of Genetics UW.

Realizowane projekty badawcze:

Projekty badawcze									
1.	realizowane w ramach działalności statutowej placówki	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
			Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Projekty wyprzedzające:									
		Zastosowanie drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> do wyjaśnienia molekularnych podstaw wybranych dziedzicznych chorób ludzkich.	dr	Anna		Chelstowska	1999	2001	
		Genomika plazmidowa.	doc. dr hab.	Piotr		Cegłowski	1999	2001	
		Nowoczesne techniki nadekspresji i inżynierii białek.	doc. dr hab.	Michał		Dadlez	1999	2001	
		Klonowanie roślinnych genów naprawy DNA metodą komplementacji mutacji bakteryjnych.	dr	Elżbieta		Kraszevska	1999	2001	
		Symulacje szlaków matabolicznych <i>in silico</i> - wartość dodana w projektach eksperymentalnych IBB PAN.	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	1999	2001	
		Zależności funkcjonalne pomiędzy szlakiem biosyntezy izoprenoidów i biosyntezy t-RNA a regulowaną degradacją białek.	prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	1999	2001	
Projekty realizowane w ramach Centrum Polsko-Francuskiego Biotechnologii Roślin:									
		Badania właściwości kinetyny.	prof.	Jan		Barciszewski (IChB PAN, Poznań)	2001	2002	
		8-oxo-guanozyna jako znacznik uszkodzeń kwasów nukleinowych u roślin.	prof.	Mirosława		Barciszewska (IChB PAN, Poznań)	2001	2002	
		Terminacja translacji mitochondrialnej u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	dr	Magdalena		Boguta	2001	2002	
		Analiza białek wirusów RNowych w drożdżach.	dr	Anna	Maria	Boguszevska-Chachulska	2001	2002	
		Regulacja szlaku biosyntezy hemu w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : poszukiwanie białek biorących udział w wewnątrzkomórkowym transporcie hemu.	dr	Anna		Chelstowska	2001	2002	

Wpływ mutacji na żywotność i stabilność genetyczną wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka. Analiza molekularna roślin transgeniczných noszących niepełne kopie cDNA PSTVd.	dr	Anna		Góra-Sochacka	2001	2002	
Funkcja wariantów histonu H1 w rozwoju roślin.	prof.	Andrzej		Jerzmanowski	2001	2002	
Charakterystyka roślinnych syntetaz metionyl-tRNA.	dr	Monika		Kamińska (IChB PAN, Poznań)	2001	2002	
Aktywność metaboliczna w kulturach kalusa wyprowadzonych z nasion o różnej głębokości spoczynku.	dr	Bożenna		Maciejewska (IBER UW)	2001	2002	
Roślinne enzymy nukleolityczne do badania struktury przestrzennej RNA i DNA.	dr	Anna		Przykorska	2001	2002	
Charakterystyka roślinnych syntetaz metionyl-tRNA.	dr	Bożenna		Rempola	2001	2002	
Mechanizmy adaptacji roślin do stresu tlenowego wywołanego hypoksją i ozonem.	prof.	Anna		Rychter (IBER UW)	2001	2002	
Analiza funkcjonalna nowoodkrytych ramek odczytu w genomie drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	prof.	Joanna		Rytka	2001	2002	
Geny łubinu żółtego kodujące białka wiążące cytokininę.	dr	Michał		Sikorski (IChB, Poznań)	2001	2002	
Badania represji transkrypcji genów zależnych od RNA polimerazy III przez białko Maf1p w różnych fazach wzrostu komórek drożdży <i>in vivo</i> i <i>in vitro</i> .	dr	Wiesław		Smagowicz	2001	2002	
Poszukiwania genu kodującego trzecią podjednostkę degradosomu mitochondrialnego drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	prof.	Piotr		Stępień	2001	2002	
Gospodarka żelazem w oddziaływaniach symbiotycznych i patogennych.	dr	Paweł		Stróżycki (IChB PAN, Poznań)	2001	2002	
Biosynteza i struktura wybranych składników isoprenolowych u roślin.	dr	Ewa		Świeżewska	2001	2002	
Genetyczna regulacja katabolizmu argininy i proliny u <i>Aspergillus nidulans</i> .	prof.	Piotr		Węgleński	2001	2002	

Badania oddziaływań roślinnego białka rybosomalnego L30 z kwasami nukleinowymi.	dr	Eliza		Wyszko (IChB PAN, Poznań)	2001	2002	
Projekty realizowane przez słuchaczy Szkoły Biologii Molekularnej:							
Regulację dolicholo-zależnej glikozylacji białek w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> poprzez nadekspresję genu RER2 kodującego <i>cis</i> -prenyltransferazę.	mgr	Anna		Janik	2001	2001	
Reakcje biochemiczne, w odpowiedzi na elicytor z <i>Phytophthora infestans</i> , w roślinach charakteryzujących się różnym poziomem odporności na tego patogena.	mgr	Lidia		Polkowska-Kowalczyk	2001	2001	
Badanie udziału polimerazy II DNA <i>Escherichia coli</i> w syntezie nici prowadzącej i opóźnionej podczas replikacji DNA.	mgr	Magdalena		Banach-Orłowska	2001	2001	
Badanie roli białka Ump1 w procesach reperacji DNA u <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Agnieszka		Podlaska	2001	2001	
Badanie funkcjonalności ludzkiej ligazy ubikwitynowo-białkowej Nedd4 w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Beata		Gajewska	2001	2001	
Analiza funkcjonalna genu <i>ZWF1</i> z <i>Saccharomyces cerevisiae</i> poprzez poszukiwanie interakcji w układzie homologicznym i heterologicznym.	mgr	Dorota		Grabowska	2001	2001	
Regulacja ekspresji genów operonu par P1.	mgr	Aneta		Dobruk-Serkowska	2001	2001	
Identyfikacja i charakterystyka mutantów <i>Escherichia coli</i> o zaburzonej partycji niskopionowego plazmidu P1.	mgr	Aleksandra		Janowicz	2001	2001	
Odtworzenie aktywności proteolitycznej białka proteazy cysteinowej motylicy wątrobowej (<i>Fasciola hepatica</i>) i ocena jej właściwości.	mgr	Małgorzata		Kęsik	2001	2001	
Terminacja translacji mitochondrialnej u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Joanna		Wiwatowska	2001	2001	

Ogółem:	Degradacja zmodyfikowanych deoksynukleozydo-5'-trifosforanów (dNTP) przez homogenaty tkanek ludzkich.	mgr	Katarzyna		Lichota	2001	2001	
	Wpływ mutacji na żywotność i stabilność genetyczną wariantu ostrego S23 wirusa wrzecionowatości bulw ziemniaka.	mgr	Wojciech		Podstolski	2001	2001	
	Analiza transgenicznnych roślin tytoniu produkujących bakteryjne enzymy szlaku biosyntezy cysteiny - SAT i OAS-TL.	mgr	Frantz		Liszewska	2001	2001	
41	Poszukiwanie czynników oddziałujących ze ssaczym białkiem Clc-2 w heterologicznym układzie <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Krzysztof		Flis	2001	2001	
	Badania <i>in vivo</i> nad destabilizacją plazmidów niosących P1 przez białko ParB.	mgr	Olga		Bugajska	2001	2001	
własne (granty KBN)		Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
	Tytuł projektu	Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	Analiza molekularna genów struktury i genów regulacyjnych matabolizmu siarkowego u grzybów.	prof. dr hab.	Andrzej		Paszewski	1998	2001	294 000 zł
31	Analiza populacji żubra przrzy wykorzystaniu metod genetyki molekularnej ze szczególnym uwzględnieniem choroby występującej u samców.	dr	Beata		Burzyńska	1998	2002	97 000 zł
	Poszukiwanie funkcji nowoodkrytych genów <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	dr	Anna		Chelstowska	1998	2001	290 000 zł
	Białka o właściwościach prionu u drożdży.	doc. dr hab.	Magdalena		Rakowska-Boguta	1998	2001	198 600 zł
	Charakterystyka plazmidów występujących w kolekcji szczepów <i>Pseudomonas aeruginosa</i> izolowanych z zakażeń u ludzi.	doc. dr hab.	Grażyna		Jagura-Burdzy	1999	2002	190 000 zł
	Wyznaczenie struktury białka S100A1 i badania konformacji peptydów wiążących jony wapnia metodą NMR.	doc. dr hab.	Andrzej		Ejchart	1999	2002	259 700 zł
	Molekularny mechanizm kontroli ekspresji genów metabolizmu siarkowego <i>Escherichia coli</i> .	doc. dr hab.	Monika		Hryniewicz	1999	2002	150 000 zł
	Badania wierności replikacji nici prowadzącej i opóźnionej DNA w komórkach <i>Escherichia coli</i> .	doc. dr hab.	Iwona		Fijałkowska	1999	2001	287 000 zł

Wpływ ubikwintynacji na transport białek o komórcie drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	doc. dr hab.	Teresa		Żołądek	1999	2002	283 000 zł
Nowozyizolowane geny DIN7 i DIN8/UMPI zaangażowane w odpowiedź komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na uszkodzenia DNA.	prof. dr hab.	Zygmunt		Cieśla	1999	2001	351 500 zł
Otrzymanie infekcyjnego cDNA wirusa Y ziemniaka (PVY) oraz konstrukcja chimerycznych kopii cDNA wirusowego zawierających geny reporterowe.	dr	Andrzej		Pałucha	1999	2001	194 000 zł
Badanie mechanizmów obronnych uruchamianych w roślinach podczas procesu infekcji.	doc. dr hab.	Jacek		Hennig	1999	2002	320 000 zł
Badania przedkliniczne S2FLT oraz jej pochodnych, wysokoaktywnych i selektywnych inhibitorów HIV. I. Opracowanie nowych metod syntezy S2FLT, jej pochodnych o charakterze proleków oraz badanie ich właściwości fizykochemicznych i biologicznych.	prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2000	2002	300 000 zł
Egzocykliczne addukty jako nowe markery ryzyka uszkodzenia DNA człowieka.	dr	Barbara		Tudek	2000	2003	240 000 zł
Badania nad mechanizmami biosyntezy poliprenoli.	mgr	Karolina		Skorupińska-Tudek	2000	2001	20 000 zł
Wykorzystanie drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> w badaniu mechanizmów regulacji biogenezy rybosomów.	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2000	2003	280 000 zł
Analiza transgeniczných roślin tytoniu z nadprodukcją bakteryjnych enzymów szlaku biosyntezy cysteiny.	mgr	Anna		Błaszczyk	2000	2001	20 000 zł
Rola kinazy białkowej p42OSAK w przenoszeniu sygnału stresu osmotycznego u roślin.	dr hab.	Grażyna		Dobrowolska	2000	2003	300 000 zł
Kompleksy przebudowujące chromatynę i histony typu H1 u roślin - charakterystyka molekularna i analiza funkcji fizjologicznych.	prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	2001	2004	973 600 zł
Choroby mitochondrialne powodujące zaburzenia wzroku i słuchu - korelacje genotyp-fenotyp.	prof. dr hab.	Ewa		Bartnik	2001	2004	270 000 zł

Analiza mutacji i modyfikacji DNA indukowanych promieniowaniem UVA i światłem widzialnym w szczepach <i>Escherichia coli</i> z uszkodzonym genem hemH.	dr	Anna		Sikora	2001	2002	20 000 zł
Oddziaływania stabilizujące strukturę oligomerów peptydów Abeta związanych z chorobą Alzheimera.	doc. dr hab.	Michał		Dadlez	2001	2004	400 000 zł
System trucizna-odtrutka plazmidu pSM19035: analiza molekularna i potencjalne zastosowania.	doc. dr hab.	Piotr		Cegłowski	2001	2004	360 000 zł
Identyfikacja i analiza funkcjonalna genów regulujących katabolizm laktozy i skrobi u <i>Lactococcus lactis</i> .	dr hab.	Jacek		Bardowski	2001	2004	260 000 zł
Badanie roli tlenu azotu w procesach związanych z patogenezą u roślin.	mgr	Anna		Maassen	2001	2002	20 000 zł
Dolicholo-zależna glikozylacja białek w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . Regulacja oraz związek ze szlakiem integralności komórki.	prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	2001	2004	325 300 zł
Optymalizacja wydajności aparatu sekrecyjnego <i>Trichoderma reesei</i> .	dr	Joanna		Kruszewska	2001	2004	333 740 zł
Analiza molekularna genów metabolizmu siarkowego u grzyba <i>Aspergillus nidulans</i> i mechanizmów regulacji ich ekspresji.	prof. dr hab.	Andrzej		Paszewski	2001	2004	360 000 zł
Analiza polimorfizmu mitochondrialnego DNA polskich stulatków.	mgr	Anna		Lorenc	2001	2002	20 000 zł
Metabolizm siarki w roślinach - regulacja oraz próby modyfikacji.	dr hab.	Agnieszka		Sirko	2001	2004	311 800 zł
Roślinne prenylotransferazy białkowe.	doc. dr hab.	Ewa		Kula-Świeżewska	2001	2004	250 000 zł

[illegible]

5.	celowe	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
			Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
	Ogółem	nie było							
	0								
6.	celowe zamawiane	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
			Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
	Ogółem	nie było							
	0								
7.	SPUB-y międzynarodowe	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
			Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
		Działalność koordynacji Polskiego Narodowego Węzła Europejskiego Sieci Biologii Molekularnej EMBnet.	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	1999	2002	570 000 zł
		Regulacja metabolizmu roślin; specyficzność przesłania sygnałów przez kinazę białkową z siewek kukurydzy zależną od fosfolipidów; poszukiwanie potencjalnych substratów tego enzymu.	prof. dr hab.	Grażyna		Muszyńska	1999	2001	66 200 zł
		Manipulacje składem lipidów i fizycznym stanem błon roślinnych w celu zwiększenia tolerancji na stres temperatury.	prof. dr hab.	Grażyna		Muszyńska	1999	2001	57 600 zł
		Method for selective detection and characterization of protein kinases.	prof. dr hab.	Grażyna		Muszyńska	2001	2001	15 000 zł
	Ogółem	Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej - EMBEU.	prof. dr hab.	Andrzej		Rabczenko	2001	2003	2 829 600 zł
	7	Stres oksydacyjny a choroby chroniczne: egzocykliczne addukty DNA jako marker zaburzonej integralności genomu oraz ryzyka.	dr hab.	Barbara		Tudek	2001	2003	442 800 zł
8.	finansowane przez inne poza KBN podmioty/instytucje krajowe np. zlecane placówce bezpośrednie przez resorty	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
			Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
	Ogółem								
	0								

9.	finansowane przez podmioty/instytucje zagraniczne (np. ramowe Programy UE; programy NATO)	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
			Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
		Projekt w ramach 5.PR UE: "Excellence in Molecular Biotechnology - Getting European Dimension (EMBEU)", składający się z następujących "work packages":	prof. dr hab.	Andrzej		Rabczenko	2000	2003	
		1) Provision of European perspective and expertise in molecular biotechnology.	prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	2000	2003	
		2) Molecular modelling of protein structures and protein-protein interaction.	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2000	2003	
		3) New variants of recombinant proteins of biotechnological interest.	doc. dr hab.	Michał		Dadlez	2000	2003	
		4) Plant developmental and biosynthetic pathways of potential use in biotechnology.	prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	2000	2003	
		5) Plant-Pathogen Interactions.	doc. dr hab.	Jacek		Hennig	2000	2003	
		6) Plasmid Genomics.	doc. dr hab.	Piotr		Ceglowski	2000	2003	
		7) Applied fungal genetics.	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2000	2003	
		8) Mitochondrial diseases.	prof. dr hab.	Ewa		Bartnik	2000	2003	
		9) Hepatitis C virus (HCV) RNA helicase as a new target for antiviral therapy.	prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2000	2003	
		10) DNA adducts, repair and carcinogenesis.	dr hab.	Barbara		Tudek	2000	2003	
		Projekt w ramach 5.PR UE: "Oxidative stress and chronic diseases: exocyclic DNA adducts as markers for disrupted genomic integrity and risk".	dr hab.	Barbara		Tudek	2000	2003	
		Projekt w ramach 5.PR UE: "Development of ultrasensitive methods for proteome: Application to cystic fibrosis (EUROPROCF)".	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2001	2004	
		Projekt w ramach 4. PR UE: "Mobile elements' contribution to bacterial adaptability and diversity (MECBAD)".	doc. dr hab.	Piotr		Ceglowski	1998	2001	

	Projekt finansowany przez Wellcome Trust Collaborative Research Initiative Grants: "Partitioning in <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ".	doc. dr hab.	Grażyna		Jagura-Burdzy	1999	2001	
	Projekt finansowany przez United States Department of Agriculture: "Development of techniques for agriculturally valuable crops to create edible vaccines"	dr hab.	Agnieszka		Sirko	1999	2001	
Ogółem								
15								
Razem wszystkie								
101								

Wybrane (3-4) ważniejsze wyniki badań realizowanych projektów

1)	Rola alfa-helikálnego białka KfrA z rodziny SMC w stabilnym dziedziczeniu plazmidów IncP Małgorzata Adamczyk, Michał Jonczyk, Christopher M. Thomas¹, Grażyna Jagura-Burdzy. Badania nad rolą białek ParA i ParB w rozdziale plazmidów do komórek potomnych nabrały nowego znaczenia w świetle osiągnięć genomiki. Znalezione geny chromosomalne kodujące homologii ParA i ParB w większości zsekwencjonowanych genomów bakteryjnych i potwierdzono ich udział w procesie segregacji chromosomów bakteryjnych. Do pytań bez odpowiedzi należą: co warunkuje właściwą lokalizację plazmidów i chromosomów w czasie cyklu komórki i czy istnieje analog wrzeciona mitotycznego, dzięki któremu następuje rozdzielenie par cząsteczek plazmidu (a może i chromosomów) do komórek potomnych. Nasze badania nad plazmidem R751 z IncP-1beta wykazały, że stabilne dziedziczenie zależy nie tylko od białek ParA i ParB ale od obecności nieuszkodzonego alfa-helikálnego, miozyny-podobnego białka KfrA. Brak lub nadprodukcja KfrA prowadzi do aberacji w lokalizacji plazmidów lub kondensacji i niewłaściwej segregacji chromosomów gospodarza. Analiza właściwości KfrA sugeruje, że należy do białek modelujących DNA typu SMC (Structural Maintenance of Chromosomes), znanych u Eukaryota a niedawno odkrytych u Prokaryota i Archea. Badania nad KfrA mogą pomóc zrozumieć jaką rolę białka SMC pełnią w kondensacji i segregacji genomów bakteryjnych. ¹The University of Birmingham, Edgbaston, Birmingham, United Kingdom
2)	Sekwencjonowanie genomu i analiza funkcjonalna genów pierwotniaka <i>Paramecium tetraurelia</i> Joanna Rytka, Marek Zagulski, Robert Gromadka, Róża Kucharczyk, Andrzej Migdański, Marek Juszczyk, Beata Babińska, Ewa Kalińska, Małgorzata Ostrowska <i>Paramecium tetraurelia</i> (pl. Pantofelek) jest niepatogennym, orzęsionym pierwotniakiem z gromady <i>Orzęski</i>. Charakterystyczną cechą tego organizmu jest dualizm jądrowy polegający na posiadaniu dwóch rodzajów jąder. Genom <i>Paramecium</i> posiada około 20.000 genów i jest szacowany na około 100 milionów par zasad. <i>Paramecium</i> charakteryzuje wiele unikalnych mechanizmów takich jak: a) rearanżacja DNA, ten proces obejmuje: DNA splicing oraz eliminację wewnętrznych sekwencji (IES), fragmentację chromosomów i masową amplifikację DNA; b) komórkowa morfogeneza; c) przekazywanie sygnałów; d) kontrolowana sekrecja; e) wrażliwość na bodźce błon komórkowych; f) epigenetyczna ekspresja genów; g) selektywne rozpoznawanie bodźców komórkowych; itp., co czyni ten organizm niezwykle interesującym obiektem badań, a ze względu na swą niepatogenną modelowym system badań nad pierwotniakami chorobotwórczymi. Pierwszy pilotowy zorganizowany przez międzynarodowe konsorcjum program sekwencjonowania genomu tego organizmu, w którym braliśmy udział zakończył się sukcesem. Zidentyfikowano 1 gen tRNA, 3 geny rRNA i 722 geny kodujące białka z czego tylko 9 było scharakteryzowanych a dla 267 genów nie można było przypisać żadnej funkcji. Wyniki zdeponowano w bazie danych: http://paramecium.cgm.cnrs-gif.fr Ponadto okazało się, że sekwencje aminokwasowe zidentyfikowanych otwartych ramek odczytu są znacznie bliżej filogenetycznie spokrewnione z ludzkimi ramkami odczytu niż z <i>C. elegans</i> lub <i>D. melanogaster</i>. Dobre wyniki projektu pilotowego skłaniają nas do podjęcia kolejnego kroku - zsekwencjonowania jednego z chromosomów <i>Paramecium</i> o wielkości 1-1.5 Mb. Według naszego stanu wiedzy jest pierwszy w Polsce projekt, gdzie za pomocą techniki „shot-gun” będzie sekwencjonowany chromosom o wielkości ponad 1Mb.

3)	Rola ligazy ubikwitynowo-białkowej w funkcjonowaniu cytoszkieletu aktynowego i endocytozy u drożdży <i>S. cerevisiae</i> Teresa Żołądek, Joanna Kamińska, Beata Gajewska, Anita Hopp¹ Modyfikacja białek ubikwityną pełni rolę regulatorową w procesach komórkowych. Rsp5 jest ligazą ubikwitynowo-białkową zaangażowaną w endocytozę u drożdży. Analiza genetyczna wykazała, że mutacje <i>rsp5</i> w połączeniu z mutacjami w genach kodujących białka szkieletu aktynowego wykazują efekt addytywny. Nadekspresja Rsp5 poprawia wzrost, odwraca defekt organizacji cytoszkieletu i defekt endocytozy mutantów <i>arp2-1</i>, z mutacją w genie kodującym białko Arp2, składnik kompleksu niezbędnego do polimeryzacji filamentów aktynowych. Aktywność katalityczna ligazy Rsp5 jest do tego niezbędna. Metodą immunofluorescencji pokazaliśmy, że normalnie Rsp5 znajduje się w licznych kompleksach w cytoplazmie, lecz w mutantach <i>arp2</i> jest dodatkowo zlokalizowane w agregatach zawierających aktynę i inne białka cytoszkieletu. Ponadto mutanty <i>rsp5</i> mają stabilniejszy szkielet aktynowy i są odporne na latrunkulinę A, związek chemiczny wiążący aktynę. Dane te wskazują po raz pierwszy, że ubikwitynacja z udziałem ligazy Rsp5 jest zaangażowana w regulację polimeryzacji szkieletu aktynowego, co jest niezbędne do prawidłowej endocytozy. ¹Pennsylvania State University, College of Medicine, Hershey, USA
4)	Reakcja obronna komórek tytoniu na infekcję bakterii <i>Pseudomonas syringae</i> Jacek Hennig⁴, Daniel Klessig¹, Dorota Konopka⁴, Magdalena Krzymowska², Anna Maassen⁴, Violetta Macioszek³ Pomimo dokonanego postępu w badaniach wzajemnych oddziaływań pomiędzy rośliną i atakującym ją patogenem, w chwili obecnej nadal trudno jest przedstawić kompletny model opisujący, na poziomie molekularnym, zachodzące reakcje. Reakcje te obejmują m.in. wzmocnienie ściany komórkowej, syntezę różnych związków o właściwościach mikrobobójczych a także syntezę specyficznych roślinnych białek obronnych. Dzięki nawiązaniu współpracy z ośrodkami badawczymi w Niemczech, Stanach Zjednoczonych oraz w Polsce wykorzystaliśmy techniki badawcze z obszaru biochemii, fizjologii, cytologii i biologii molekularnej wykazując, że odpowiedź komórek tytoniu (<i>Nicotiana tabacum</i>) na infekcję bakterii <i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>maculicola</i> ma znamiona programowanej śmierci komórkowej (apoptozy). Bezpośredniego dowodu dla takiej tezy dostarczyły nam doświadczenia typu TUNEL wskazujące na pojawianie się specyficznych pęknięć w DNA jądrowym infekowanych komórek. Stwierdziliśmy ponadto, że w charakteryzowanej odpowiedzi komórek roślinnych uczestniczą kolejno, następujące cząsteczki sygnałowe: NO₂ i etylen oraz kwas salicylowy. W rezultacie ich sekwencyjnego działania dochodzi do aktywacji rodziny genów związanych z patogenezą (Pathogenesis Related genes). Produkty właśnie tych genów mają za zadanie minimalizację skutków infekcji. Całość obserwowanych zmian wykazuje daleko idące podobieństwo do nieswoistej odpowiedzi obronnej (Innate Immunity) obserwowanej w układzie immunologicznym ssaków. ¹ Boyce Thompson Institute for Plant Research, Ithaca, USA ² Leibnitz Institute of Plant Biochemistry, Halle/Saale Germany ³ Uniwersytet Łódzki, Łódź ⁴ Instytut Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa

Działalność placówki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym:

1. **Ochrona własności intelektualnej**(dotyczy uprawnień placówki z patentu/prawa ochronnego w my: art. 20 ust. 2 i art. 82 ustawy z 19.10.1972 r. z późniejszymi zmianami Dz. U. Nr 26 z 1993 r. poz. 117), w tym:

Uzyskane patenty

- w kraju

tytuł	data decyzji	nr patentu	Kraj
nie było			

- za granicą

tytuł	data decyzji	nr patentu	Kraj
nie było			

Uzyskane prawa ochronne

- w kraju

tytuł	data decyzji	nr świadectwa	Kraj
nie było			

- za granicą

tytuł	data decyzji	nr świadectwa	Kraj
nie było			

2. **Przykłady zastosowania uzyskanych wyników badań w gospodarce narodowej.**

1)

krajowy system detekcji wiroidów - 10 000 znaczeń

Kształcenie (rozwój) kadr naukowych

1. Uzyskane tytuły i stopnie naukowe pracowników placówki w roku sprawozdawczym

stopnie naukowe pracowników placówki w roku sprawozdawczym			
profesora (nadany przez Prezydenta RP)			
Imię 1		Imię 2	Nazwisko
Piotr			Zielenkiewicz
doktora habilitowanego			
Imię 1	Imię 2	Nazwisko	tytuły prac doktorskich i habilitacyjnych
Grażyna		Dobrowolska	Struktura i funkcja kinaz białkowych CK2. (Structure and function of protein kinases CK2)
Alicja		Węgrzyn	Oddziaływania pomiędzy komórką gospodarza a wirusem – wykorzystanie funkcji białek bakteryjnych w regulacji ekspresji genów i replikacji DNA bakteriofaga lambda. (Interactions between host cell and a virus: involvement of bacterial proteins in the regulation of gene expression and DNA replication of bacteriophage lambda)
doktora			
Imię 1	Imię 2	Nazwisko	tytuły prac doktorskich i habilitacyjnych
Krzysztof		Krawiec	Oddziaływania ludzkich kinaz nukleozydowych z substratami i inhibitorami. (Interaction of human nucleoside kinases with substrates and inhibitors)
Olubunmi	Sunday	Awotunde	Protein phosphatase 2A holoenzymes from maize seedlings. (Holoenzymy fosfatazy białkowej 2A z siewek kukurydzy)
Agnieszka		Hałas	Rola mechanizmów zabezpieczających wierność replikacji w powstawaniu mutacji adaptacyjnych w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . (The role of the mechanisms responsible for replication fidelity in adaptive mutagenesis in cells of <i>Saccharomyces cerevisiae</i>)
Róża		Kucharczyk	The newly discovered gene <i>CCZ1</i> encodes protein involved in endosome mediated intracellular trafficking in yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . (Nowo odkryty gen <i>CCZ1</i> koduje białko zaangażowane w wewnątrzkomórkowy transport białek z udziałem endosomu u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>)
Anna		Łochowska	Functional dissection of the CysB protein representing the LysR family of procaryotic transcriptional regulators. (Charakterystyka funkcjonalna białka Cys B przedstawiciela rodziny Lys R bakteryjnych regulatorów transkrypcyjnych)
Andrzej		Talarczyk	Identification of new elements involved in plant response to viral infection. (Identyfikacja nowych elementów odpowiedzi roślin na infekcje wirusowe)
Joanna		Trojanek	Kinazy białkowe z siewek kukurydzy fosforylujące tyrozynę. (Maize seedlings protein kinases phosphorylating tyrosine)
Monika		Mikołajczyk	Kinazy białkowe uczestniczące w przesyłaniu sygnału stresu osmotycznego w komórkach tytoniu. (Protein kinases involved in osmotic stress signal transduction in tobacco cells)
Frank		King	Interactions between Molecular Chaperones and Wild type and Mutant p53 Tumor suppressor proteins. (Oddziaływanie pomiędzy chaperonami a białkami supresorowymi p53 Tumor suppressor proteins)
Małgorzata		Wanke	Biosynthesis and intracellular transport of isoprenoid lipids in plant cells. (Biosynteza i transport wewnątrzkomórkowy lipidów izoprenoidowych w komórkach roślinnych)

Joanna		Kamińska	Role of Rsp5p and its interactions with other proteins in yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . (Rola Rsp5p, ligazy ubikwitynowo – białkowej oraz białek z nią współdziałających w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>)
Iwona		Kolasa	Wpływ sekwencji A _n T _n zagiętych DNA na moc promotora <i>Escherichia coli in vitro</i> . (Influence of A _n T _n bending sequences on <i>E.coli</i> promoter strength <i>in vitro</i>)
Urszula		Zielenkiewicz	Role of genes <i>epsilon</i> and <i>zeta</i> of plasmid pSM19035 in its stable maintenance in bacterial cells. (Rola genów <i>epsilon</i> i <i>zeta</i> plasmidu pSM19035 w jego stabilnym utrzymywaniu w komórkach bakterii)
Krzysztof		Pluta	Maf1 protein, repressor of RNA polymerase III in the yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . (Białko Maf1, represor polimerazy III RNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>)
Marek		Koter	Wykorzystanie genu replikazy wirusa liściozwoju ziemniaka PLRV w celu uzyskania transgeniczných linii ziemniaka (<i>Solanum tuberosum L.</i>) charakteryzujących się zmienioną podatnością na infekcje wirusowe. (Application of PLRV replicase gene in obtaining transgenic potato (<i>Solanum tuberosum L.</i>) lines showing changed susceptibility to viral infections)
Igor		Zhukov	Solution structure and backbone dynamics of CMTI-I (Met8->Leu) and bovine apo-S100A1(alfa alfa) proteins as studied by NMR spectroscopy. (Badanie struktury i dynamiki białek CMTI-I (Met8->Leu) i wołowego apo-S100A1(alfa alfa) przy pomocy spektroskopii magnetycznego rezonansu jądrowego)

2. Tytuły i stopnie naukowe nadane przez placówkę w roku sprawozdawczym innym pracownikom niż własnym

doktora habilitowanego	doktora
2	0

3. Wnioski o nadanie tytułów naukowych i stopni naukowych pracownikom naukowym nie zatrudnionym w placówce - przygotowane przez radę naukową placówki

liczba wniosków	2
-----------------	---

4. Studia doktoranckie

liczba uczestników ogółem	w tym: przyjęci w roku sprawozdawczym	liczba uczestników studium pobierających stypendia ogółem	w tym: przyznanych przez placówkę PAN prowadzącą Studium
107 ^{*/}	15	76	74

^{*/} w tym: 74 doktorantów oraz 33 pracowników inżynieryjno-technicznych dążących do przygotowania doktoratu

5. Promotorstwo prac doktorskich zrealizowane przez pracowników placówki

liczbowo	16
----------	----

6. Uczestnicy studiów podyplomowych

liczba uczestników ogółem	w tym, przyjęci w roku sprawozdawczym
0	0

7. Uczestnicy innych form kształcenia (magistranci, praktykanci, stażyści)

- z wyszczególnieniem poszczególnych form kształcenia

w tym, przyjęci w roku sprawozdawczym:

forma kształcenia	liczba
magistranci	55
praktykanci	21
stażyści	2

Ogółem
78

8. Opieka nad studentami

liczba studentów odbywających praktyki ogółem	ogółem	prace magisterskie	
		w uczelniach macierzystych	w placówkach PAN
21	21	21	0

Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych

Udział pracowników naukowych placówki w formach działalności upowszechnieniowej i promującej naukę,

takich jak: festiwale nauki, audycje i programy w radiu i telewizji poświęcone nauce, wywiady prasowe, specjalistyczne cykle naukowe, popularyzacja wiedzy z danej dziedziny nauki - krótki opis ważniejszych przedsięwzięć, inne informacje.

	krótki opis ważniejszych przedsięwzięć	inne informacje.
1)	Warszawski V Festiwal Nauki – 2001 Prof. Magdalena Fikus - Wicedyrektor Festiwalu, przewodnicząca Rady Programowej; Prof. Kazimierz L. Wierchowski - Członek Rady Programowej. Pracownicy IBB przygotowali: 3 wykłady teoretyczne (Prof. A. Bierzyński, prof. T. Kłopotowski, Prof. Ewa Bartnik), dwa typy warsztatów doświadczalnych. Festiwal obejrzało kilkadziesiąt tysięcy ludzi, w powyższych imprezach IBB uczestniczyło ok. 250 osób.	Inne formy działalności promującej naukę Współpraca z Ośrodkiem Doskonalenia Nauczycieli (prof. E. Bartnik) Współpraca z Funduszem na Rzecz Dzieci (prof. E. Bartnik, prof. M. Fikus, prof. A. Jerzmanowski) Współpraca z Olimpiadą Biologiczną (mgr A. Białkowska) „Wycieczki naukowe” w IBB studentów Wydz. Biologii UMCS, studentów UW, uczniów warszawskich szkół ponadpodstawowych, przy każdej zaangażowanych kilku pracowników naukowych placówki.
2)	Kontakty medialne Pracownicy IBB udzielali wywiadów prasie, TV i radio w trakcie pojawiania się istotnych odkryć w zakresie biochemii, biofizyki i genetyki. Media prosiły o wywiady m.in. profesorów A. Paszewskiego, M. Fikus, W. Zagórskiego, E. Bartnik, P. Stępnia, A. Jerzmanowskiego. Pracownicy IBB udzielali także wywiadów medialnych dotyczących prac naukowych Instytutu i Centrum Doskonałości (doc. P. Ceglowski, mgr A. Błaszczyk, dr hab. A. Sirko, dr hab. B. Tudek, mgr K. Grabńska).	
3)	Działalność upowszechniania wiedzy w zakresie wydawnictw Prof. K.L. Wierchowski – Redaktor Naczelny <i>Kosmosu</i> Prof. A. Jerzmanowski – autor książki „Geny i życie” Wyd. Prószyński i S-ka Pojedyncze artykuły pracowników naukowych IBB w prasie upowszechniającej osiągnięcia nauki i techniki (np. Bioskop, Przemysł Spożywczy, Gazeta Zielonogórska, Rzeczpospolita, Przegląd Eureka).	

Współpraca naukowa z zagranicą:

1. Kontakty zagraniczne placówki w roku sprawozdawczym - wg krajów:

Kraje		Wymiana osobowa wg celu pobytu (w osobach)							
		Ogółem		z tego :					
				badawcze		konferencje		szkoleniowe i organizacyjne	
		Przyj.	Wyj.	Przyj.	Wyj.	Przyj.	Wyj.	Przyj.	Wyj.
Okres pobytu:									
a) do 1 m-c									
b) ponad 1 m-c									
Ogółem	a)	59	209	11	51	19	112	29	46
	b)	11	18	11	18				
Czeska Republika	a)	1	11		3		8	1	
	b)								
Federacja Rosyjska	a)	4	4	2	1		2	2	1
	b)								
Japonia	a)		7		1		6		
	b)								
Konfederacja Szwajcarska	a)		2				2		
	b)								
Królestwo Belgii	a)		11				7		4
	b)								
Królestwo Danii	a)	1	5				1	1	4
	b)								
Królestwo Hiszpanii	a)	1						1	
	b)								
Królestwo Niderlandów	a)	1	8		1		4	1	3
	b)								
Królestwo Norwegii	a)	1	1		1			1	
	b)								
Królestwo Szwecji	a)		13		7		5		1
	b)								
Państwo Izrael	a)	2				2			
	b)								
Republika Federalna Niemiec	a)	10	18	1	8	2	5	7	5
	b)		2		2				
Republika Słowacka	a)		3				2		1
	b)								
Republika Austrii	a)		8				7		1
	b)								
Republika Francuska	a)	16	41	6	19	5	14	5	8
	b)		5		5				
Republika Francuska - Centrum Polsko-Francuskie Biotechnologii Roślin	a)	11	4		2	10		1	2
	b)		7		7				
Republika Grecji	a)	1	4				2	1	2
	b)								
Republika Gruzji	a)								
	b)	1		1					
Republika Portugalii	a)		3				1		2
	b)								
Republika Turcji	a)		4						4
	b)								
Republika Węgierska	a)	3	23		1		22	3	
	b)								
Republika Włoska	a)	1	7		1		5	1	1
	b)								
Stany Zjednoczone	a)	1	11		4		2	1	5
	b)		4		4				
Ukraina	a)	2	15	2			15	1	
	b)	10		10					
Wielka Brytania	a)	2	6		2		2	2	2
	b)								

2. Porozumienia zawarte przez placówkę:

kraj	partner	nazwa dokumentu	okres obowiązywania
Republika Węgierska	Biological Research Center, Szeged	porozumienie	od 25.10.2001 bezterminowo

3. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi placówka współpracuje bez zawartego porozumienia. Wymienić nazwy (max 5) tych spośród nich, kontakty z którymi placówka uważa za najbardziej celowe.

liczba ogółem **51**

Nazwa	Kraj	Kod poczt.	Miasto	Ulica
Centre of Molecular Genetics, CNRS	Republika Francuska		Gif-sur-Yvette	Avenue de la Terrasse - Bat
National Institute for Agriculture Research, INRA	Republika Francuska	78352	Jouy-en-Josas	Domaine de Vilvert
Thomas Jefferson University	Stany Zjednoczone Ameryki	PA 19107-5587	Philadelphia	Walnut Street
National Institute of Environmental Health Sciences	Stany Zjednoczone Ameryki	NC USA 27709	Research Triangle Park	Alexander Drive
The University of Birmingham	Wielka Brytania	B15 2TT	Birmingham	Edgbaston

4. Stypendia zagraniczne

kraj	instytucja przyjmująca	liczba osób / łączny okres pobytu
Japonia	Institute of Chemical Reaction Sciences Tokoku University, Sendai	1 os. / 1 m-c
Konfederacja Szwajcarska	Friedrich Miescher Institute, Basel	1 os. / 3 m-ce
Królestwo Niderlandów	Leiden University Medical Centre	1 os. / 1 m-c
Republika Czeska	Institute of Entomology CAV, Ceskie Budejovice	1 os. / 1 m-c
Republika Federalna Niemiec	Ludvig-Maximilians-Universitat, Adolf-Butenandt-Institut Molekularbiologie	1 os. / 12 m-cy
Republika Federalna Niemiec	University of Friburg	1 os. / 12 m-cy
Republika Federalna Niemiec	Leibnitz Institute of Plant Biochemistry, Halle/Saale	1 os. / 12 m-cy
Republika Francuska	Institute of Structural Biology, Grenoble	1 os. / 1 m-c
Republika Francuska	Centre of Molecular Genetic CNRS, Gif-sur-Yvette	1 os. / 1 m-c
Republika Francuska	International Agency for Research on Cancer, Lyon	1 os. / 3 m-ce
Republika Francuska	Institute Biology Molecular and Cellular, Strasbourg	2 os. / 3 m-ce
Republika Francuska	Centre of Molecular Genetic CNRS, CEA/SOCLAY	2 os. / 6 m-cy
Republika Włoska	University la Sapienza, Roma	1 os. / 2 m-ce
Republika Szwecji	Stokholm Royal Institute of Technology, Department of Biotechnology	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	University of North Carolina	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	Rockefeller University	1 os. / 10 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	National Institute of Environmental Health Science, Research Triangle Park	2 os. / 19 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	Mochigan State University, Department of Biochemistry	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	Pensylvania University	1 os. / 7 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	Ohio State University	1 os. / 5 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	University of Utah, Salt Lake City	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	University of Texas, Southwestern Medical Center, Department of Molecular Biology	1 os. / 1 m-c
Stany Zjednoczone Ameryki	University of New Orleans, Medical Center Louisiana State, Department of Biochemistry and Molecular Biology	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	The Burnham Institute, La Jolla	2 os. / 7 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	Thomas Jefferson University, Philadelphia	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	University of Illinois, Chicago	1 os. / 12 m-cy
Wielka Brytania	King's College School of Medicine, London	1 os. / 4 m-ce

5. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą:

liczba tematów	45
----------------	----

6. Uzyskane rezultaty współpracy:

np.: wspólne publikacje, patenty, nowe metody badawcze i technologie
W roku sprawozdawczym we współpracy z zagranicznymi partnerami opublikowano 36 prac.
W ramach działalności Centrum Polsko-Francuskiego Biotechnologii Roślin corocznie wyjeżdża do laboratoriów francuskich ok. 20 stypendystów. W trakcie działalności Centrum powstało 20 wspólnych polsko-francuskich doktoratów. Opublikowano 225 prac, w tym 110 komunikatów.

7. Prezentacja wyników prac naukowych, w tym: na konferencjach i zjazdach naukowych,

a. Wykłady i referaty wygłoszone na konferencjach - na zaproszenie instytucji naukowych za granicą (m.in.

typu: visiting fellow, visiting scholar, invited speaker):

autor			temat	nazwa zjazdu lub konferencji
tytuł	Imię 1	Nazwisko		
doc. dr hab.	Michał	Dadlez	Protein folding initiation structures as detected by the disulphate formation kinetics	International Workshop on Protein Folding, Structure & Design, Tries, t 10-18.06.01
doc. dr hab.	Michał	Dadlez	Initiation of Structure Formation in Proteins as Detected by Disulphide Formation Kinetics Studies	Self-assembly of Peptides & Proteins in Biology, Medicine &..., Kreta, 12-20.07.01
doc. dr hab.	Magdalena	Boguta	Control of mitochondrial translation fidelity by NAM9 and NAM3/MRF1 genes	Yeast as a model for mitochondria-related human disorders, Praga, Czechy, 26.08.01
dr	Krzysztof	Pluta	Maf1p, a negativeregulator of RNA polymerase III transcription in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	XXth International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Praga, Czechy, 26-31.08.01
prof. dr hab.	Grażyna	Palamarczyk	Dolichol biosynthesis in the yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ; an insight into the regulatory role of farnesyl diphosphate synthase.	Molecular Mechanisms of Fungal Cell Wall Biogenesis, Ascona, Szwajcaria, 26-31.08.01
prof. dr hab.	Włodzimierz	Zagórski-Ostoj	Potyvirus genome expression in heterologous cell systems.	International Conference in Honour of Alexander Spirin, Puszczyzna, Rosja, 27.08-01.09.01
prof. dr hab.	Tadeusz	Chojnacki	Plant polyprenols for chemotaxonomy and as a source of lipid coenzymes.	Dni Nauki Polskiej w Rosji, Moskwa, Rosja, 13-18.10.01
dr	Wiesław	Jankowski	Analogues of dolichylphosphate as coenzymes of glycosylation.	Dni Nauki Polskiej w Rosji, Moskwa, Rosja, 13-18.10.01
dr hab.	Barbara	Tudek	Opposite base specificity for excision of pyridine ring-ruptured 1, N6-etheno-adenine by thymine glycol-DNA glycosylase.	8th International Conference on Environmental Mutagens, Shizuoka, Japonia, 21-26.10.01
prof. dr hab.	Andrzej	Paszewski	Regulation of sulphur amino acid synthesis in <i>Aspergillus nidulans</i> : Physiological and genetical aspects.	EUROFUNG meeting, Roldue, Królestwo Niderlandów, 14-15.12.01

b. Wykłady i referaty wygłoszone za granicą - na zaproszenie instytucji naukowych - nie będące referatami czy wykładami w trakcie konferencji ani działalnością dydaktyczną:

autor				temat	kraj
tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko		
doc. dr hab.	Magdalena		Boguta	Prion [PSI] affects mitochondrial function in the yeast <i>nam9-1</i> mutant	Orsay; CEA/Saclay, Republika Francuska
doc. dr hab.	Magdalena		Boguta	Prion [PSI] affects mitochondrial function in the yeast <i>nam9-1</i> mutant	St. Petersburg, Federacja Rosyjska
doc. dr hab.	Magdalena		Boguta	Maf1p, a negativeregulator of RNA polymerase III transcription in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Aarhus, Dania
doc. dr hab.	Ewa		Świeżewska	Occurrence and biological role of polyprenols in plant cells.	Sendai; Tokio, Japonia

8. Inne lub uzupełniające informacje dot. wydarzeń i osiągnięć wynikających z realizowanej przez placówkę współpracy naukowej z zagranicą.

W wyniku wieloletniej współpracy IBB PAN z placówkami zagranicznymi zostały złożone i zakwalifikowane do finansowania w ramach 5.PR UE następujące projekty: "Excellence in Molecular Biotechnology - Getting European Dimension (EMBEU)", "Oxidative stress and chronic diseases: exocyclic DNA adducts as markers for disrupted genomic integrity and risk", "Development of ultrasensitive methods for proteome: Application to cystic fibrosis (EUROPROCF)".
Projekt "Partitioning in <i>Pseudomonas aeruginosa</i> " finansowany przez Wellcome Trust Collaborative Research Initiative Grants jest realizowany we współpracy z Uniwersytetem w Birmingham.
We współpracy z Thomas Jefferson University jest realizowany projekt "Development of techniques for agriculturally valuable crops to create edible vaccines" finansowany przez United States Department of Agriculture.

Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze placówki):

1. Ważniejsze dane o działalności:

nazwa centrum	rok założenia	dyrektor	skład Rady Naukowej	Kod poczt.	Miasto	Ulica	nr
1) Polsko-Francuskie Centrum Biotechnologii Roślin	1993	prof. Anne-Lise Haenni	J. Łazowska, P. Slonimski, A. Kondorosi, P. Boistard, A.-H. Wiel, J.-C. Kader (Francja), S. Lewak, P. Węgleński, A. Legocki, W. Zagórski-Ostoja (Polska)	02-106	Warszawa	Pawińskiego	5a
2) Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej - EMBEU	2000	prof. Andrzej Rabczenko	H.Bartsch, W.Saenger, T.A.Trautner (Niemcy), P.Boistard, S.D.Ehrlich, J.-C.Kader, A.Kondorosi, J.-H. Wiel] (Francja), B.A.Bridges, J.M.Goodfellow (Wlk.Brytania), E.De Clercq (Belgia), L.Grivell (Holandia), E.Katchalski-Katzir, M.Sela (Izrael), A.Koj, A.Legocki, A.Plucienniczak, P.Węgleński, M.Żylicz (Polska),	02-106	Warszawa	Pawińskiego	5a

2. Pozostałe informacje – wynikające ze specyfiki działania centrum

1) W ramach działalności Centrum Polsko-Francuskiego Biotechnologii Roślin corocznie wyjeżdża do laboratoriów francuskich ok. 20 stypendystów. W trakcie działalności Centrum powstało 20 wspólnych polsko-francuskich doktoratów. Opublikowano 225 prac, w tym w roku sprawozdawczym 17.
2) CEMB jako jednostka wspomagająca działalność naukową IBB PAN ma na celu zwiększenie wymiany z Unii Europejskiej i krajami stowarzyszonymi, finansując obustronne wizyty, konferencje i warsztaty w obszarze działań tematycznych Centrum. W ramach tej aktywności sfinansowane zostało 36 przyjazdów, 22 wyjazdy naukowe i 1 międzynarodowa konferencję.

Działalność dydaktyczna

Działalność dydaktyczna placówki (wg zamieszczonej tabeli):

Wyszczególnienie	Zajęcia ze studentami (wykłady, ćwiczenia, seminaria, itp.)		Wykłady (inne, poza zajęciami ze studentami)		Kursy, szkolenia, szkoły, itp. organizowane przez placówkę	
	liczba osób prowadzących	liczba godzin	liczba osób prowadzących	liczba godzin	liczba osób prowadzących	liczba godzin
1. W kraju						
a) uczelnie wyższe						
- indywidualna	48	1430				
- na podstawie umowy						
- pozostałe						
b) inne					14	181
2. Za granicą	3	Institute of Plant Biochemistry, Haale/Saale, Republika Federalna Niemiec				
		University of Louis Pasteur, Strasbourg, Republika Francuska				
		University of Aveiro, Portugalia				

Udział placówki w organizacji krajowego życia naukowego:

1. Konferencje zorganizowane lub współorganizowane przez placówkę w kraju:

nazwa/tytuł konferencji	miejsce (miasto)	termin
Inhibitors of Protein Kinases	Warszawa	03-10.06.2001
Determination of High-Resolution Structures for the Post-Genomic Age	Warszawa	05-09.09.2001
Molecular Aspects of Chemotherapy	Gdańsk	09-15.09.2001
Interactions of new NTP analogs and related compounds with HCV helicase	Warszawa	07-08.12.2001

2. Wykłady i referaty prowadzone na zaproszenie instytucji naukowych w kraju,

nazwa/tytuł wykładu/referatu	miejsce (miasto)	termin
Priony u drożdży. (doc. M. Buguta)	Instytut Biologii Doświadczalnej im. Nenckiego PAN, Warszawa	05.03.2001
Prion – model alternatywnego mechanizmu dziedziczenia. (doc. M. Buguta)	Instytut Fizyki PAN, Warszawa	23.04.2001
Represor biosyntezy tRNA u drożdży. (doc. M. Buguta)	Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań	06.11.2001
Plazmidy u bakterii <i>Lactobacillus</i> . (dr hab. J. Bardowski)	UJ – Instytut Mikrobiologii Kraków	04.06.2001
Badanie struktury peptydów i białek metodą magnetycznego rezonansu jądrowego. (doc. A. Ejchart)	Akademia Medyczna, Warszawa	09.05.2001
System SOS <i>E. coli</i> – przegląd zaktualizowany. (prof. C. Janion)	Instytut Fizyki Jądrowej, Kraków	21.09.2001
Wirusy roślinne jako wektory do ekspresji obcych genów. (dr A. Pałucha)	Instytut Ochrony Roślin, Poznań	23.06.2001
Wyciszanie genów a odporność na choroby wirusowe (prof. D. Hulanicka)	Polskie Towarzystwo Fitopatologiczne i Komitet Ochrony Roślin, Warszawa	11-12.09.2001
Zielona rewolucja - rośliny jako systemy produkcyjne. (dr hab. A. Sirko)	Polskie Towarzystwo Genetyczne, Warszawa	26.10.2001
Zastosowanie genetycznie zmodyfikowanych mikroorganizmów – procedury, kontrola i monitorowanie. (dr hab. B. Tudek)	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików	11.09.2001

3. Inne formy aktywności w życiu naukowym kraju udział pracowników naukowych w pracach komitetów programowych konferencji/zjazdów, przewodniczenie sesjom; przygotowywanie opinii, recenzji, udział w konsultacjach - krótki opis (3) wydarzeń.

Dr hab. B. Tudek - przewodnicząca, dr hab. J. Bardowski i dr D. Barszcz - członkowie Komisji Biotechnologii Polskiego Komitetu Normalizacyjnego biorą udział w pracach przygotowujących wdrożenie w Polsce norm europejskich w zakresie biotechnologii.
Prof. A. Rabczenko, mgr A. Stasiak - organizatorzy kursu "Determination of High-Resolution Structures for The Post-Genomic Age" dla młodych naukowców z Europy środkowej i wschodniej (współorganizacja: Howard Hughes Medicine Institute i National Academy of Sciences, USA).
Prof. T. Kulikowski - przewodniczący jednej z sesji międzynarodowej konferencji „Molecular Aspects of Chemotherapy”.
Prof. D. Shugar - przewodniczący, prof. A. Rabczenko - sekretarz, prof. G. Muszyńska i dr hab. G. Dobrowolska - członkowie komitetu organizacyjnego konferencji "Inhibitors of Protein Kinases".

Działalność ekspercka:**1. Ekspertyzy dyscyplinowe:**

zagadnienie/temat	wykonawca				odbiorca				sposób wykorzystania/przeznaczenie	termin wykonania
	tytuł	imię 1	imię 2	nazwisko	tytuł	imię 1	imię 2	nazwisko		
Analiza mikrobiologiczna i genetyczna jogurtowej mieszanki starterowej	dr hab.	Jacek		Bardowski	Bacoma S.A., Warszawa				sposób wykorzystania znany odbiorcy	06.10.2000 - 10.01.2001
Analiza mikrobiologiczna i genetyczna kwasu mlekowego używanych do wytwarzania preparatów	dr hab.	Jacek		Bardowski	Wytwórnia Surowic i Szczepionek "BIOMED" S.A. W Krakowie				sposób wykorzystania znany odbiorcy	22.01.2001 - 10.03.2001
Normy europejskie w zakresie biotechnologii	dr hab.	Barbara		Tudek	Polski Komitet Normalizacyjny				wdrożenie norm europejskich w Polsce	od 1999 r. - prace w toku
	dr hab.	Jacek		Bardowski						
	dr	Daniela		Barszcz						
5. PR Unii Europejskiej, Komitet Programowy <i>Quality of Life</i>	prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	Komitet Badań Naukowych				informacja dla KBN	od 1999 r.
5. PR Unii Europejskiej, Ad Hoc Grupa Genomowa	prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	Komitet Badań Naukowych				informacja dla KBN	od 2000 r.

nia
01
01
ku

Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólnoodrędkowym w tym:

1. Biblioteki:

komputerowe katalogi biblioteczne	komputerowe bazy danych	
katalog Webpac - HORIZON	Bazy danych dla biologii molekularnej i biotechnologii w ramach polskiego narodowego węzła EMBnet.	
bibliograficzne bazy danych	z podziałem na abstraktowe	pełne teksty
	Life sciences collections; Current contents	

- zasoby

liczba nabytków	rodzaj
113	księżki
124	czasopisma zagraniczne
18	czasopisma krajowe

- udostępnianie zbiorów

liczba korzystających	ok. 1700
IBB PAN jest jednostką odpowiedzialną za techniczną organizacyjną stroną w ramach Porozumienia Bibliotek jednostek PAN.	

2. Muzea, wystawy, kolekcje specjalistyczne i eksponaty, banki zasobów genetycznych:

- eksponaty, kolekcje:

rodzaj nabytków
Centralna kolekcja szczepów IBB gromadzi: plazmidy, szczepy bakteryjne, drożdże, organizmy transgeniczne (kilka tysięcy)

- udostępnianie zbiorów kolekcji i zasobów:

rodzaj zadań i usług specjalistycznych
Wg. obowiązującego prawa na zasadzie porozumienia (umowy) jednostkom badawczym, wyższym uczelniom, jednostkom rozwojowo-badawczym i podmiotom gospodarczym.

3. Laboratoria, stacje diagnostyczne, obserwatoria, prace terapeutyczne, itp.:

- usługi i świadczenia (pomiar, działalność diagnostyczna, prace obserwacyjne, itp.):

rodzaj zadań i świadczeń
Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego:
Zgodnie ze swymi zadaniami statutowymi Laboratorium wykonywało pomiary widm MRJ dla zakładów IBB oraz szeregu laboratoriów spoza instytutu. W sumie czas wykorzystania spektrometru - 8 510 godzin (97%).
Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów:
W Pracowni zsyntetyzowano dla laboratoriów IBB 930 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 377 - 5200 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 650 zasad daje 3 338 000 zasad. Dla 45 zleceńodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 3 250 matryc DNA i zsyntetyzowano 1 250 oligonukleotydów.
Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Masowej:
W pierwszym roku swojej działalności Laboratorium wykonywało rutynowe oznaczenia mas peptydów, białek i innych związków oraz identyfikację białek z prążków żelowych, zarówno barwionych Coomassie jak i srebrem. Wykonywano oznaczenia dla zakładów IBB i laboratoriów spoza IBB, w tym zagranicznych. Ogółem wykonano kilkaset oznaczeń mas i ok. 100 identyfikacji białek z żeli.

- uzyskany certyfikat za wdrożenie systemu jakości (międzynarodowego, przyjętego w UE)

nie było

- uzyskane akredytacje laboratorium za spełnienie wymagań normy międzynarodowej lub europejskiej

nie było

Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozd:

nazwa / rodzaj nagrody	za co przyznane	przez kogo	komu
Nagroda	Za prace nad związaniem polskich struktur naukowych z Wspólnotą Europejską	Przewidniczący KBN A. Wiszniewski i wicepremier J.Steinhoff	Zagórski W.
Nagroda indywidualna za osiągnięcia naukowe	Prace nad funkcją histonu H1	Wydział II PAN	Jerzmanowski A.
Pierwsza nagroda za pracę doświadczalną	„Osmotic Stress Induces Rapid Activation of a Salicylic Acid-Induced Protein Kinase and a Homolog of Protein Kinase ASK1 in Tobacco Cells” Plant.Cell.(2000) 12, 165-178	Rada Naukowa IBB PAN	Mikołajczyk M., Awotunde O.S., Muszyńska G., Dobrowolska G.
Druga nagroda za pracę doświadczalną	“SOS mutator activity: Unequal mutagenesis on leading and lagging strands”Proc.Natl.Aca.d.Sci.USA (2000) 97, 12678-12683	Rada Naukowa IBB PAN	Maliszewska-Tkaczyk M., Jonczyk P., Białoskórska M., Fijałkowska I.J.
Druga nagroda za pracę doświadczalną	„Prion-dependent switching between respiratory competence and deficiency in the yeast nam9-1 mutant”Mo.Cell.Biol.(2000) 20,7220-7229	Rada Naukowa IBB PAN	Chacińska A., Boguta M., Krzewska J., Rospert S.
Pierwsza nagroda za pracę przeglądową	„Regulation of sulfur amino acid biosynthesis in <i>Aspergillus nidulans</i> : physiological and genetical aspects” Sulfur Nutrition and Sulfur Assimilation in Higer Plants, Molecular biochemical and physiological aspects. C.Eds Brunold et al. Paul Haupt Publishers Bern(2000), 93-105	Rada Naukowa IBB PAN	Paszewski A., Natroff M., Piotrowska M., Sieńko M., Grynberg E., Pizzinini E., Turner G.
Nagroda za pracę doktorską	„Respiratory deficiency of yeast strain expressing mutant mitochondrial ribosomal protein Nam9p, depends on the presence of the prion [PSI]”	Rada Naukowa IBB PAN	Chacińska A.
Nagroda	Za popularyzację biochemii	Polskie Towarzystwo Biochemiczne im. B.Filipowicza	Fikus M.

Druga nagroda na Gliwickich Spotkaniach Naukowych	"DNA damage in p53 gene by chloroacetaldehyde and trans-4-hydroxy-2 nonenal"	Dyrektor Centrum Onkologii w Gliwicach	Kowalczyk P., Cieřła J.
Wyróżnienie	Za wyróżniającą się prezentację pracy naukowej :„Cloning and expression of potato virus Y in yeast"	Ukraińskie Towarzystwo Biologii Molekularnej	Łoniewska A.
Wyróżnienie	Za wyróżniającą się prezentację pracy naukowej: „Construction and in vitro and in vivo expression of potato virus Y cDNA clones"	Ukraińskie Towarzystwo Biologii Molekularnej	Nowacki M.
Wyróżnienie	Za prezentację plakatu: „Genetic polymorphism of potatos virus Y field isolates"	Ukraińskie Towarzystwo Biologii Molekularnej	Kosakowski J.
Członek zarządu		Polskie Towarzystwo Biologii Eksperymentalnej Roślin	Hennig J.
Ekspert		5.Program Ramowy Unii Europejskiej	Palamarczyk G.
Ekspert		5.Program Ramowy Unii Europejskiej	Przykorska A.
Ekspert - przedstawiciel Polski		Eropejska Sieć Laboratoriów GMO Komisji Europejskiej, Joint Research Centre	Tudek B.

Zatrudnienie

Zatrudnienie na 31.12. roku sprawozdawczego
(w głównym miejscu pracy)

Ogółem	244
--------	------------

, w tym:

Pracownicy naukowci razem, z tego z tytułem:

Razem	w tym:				
	Profesora w tym:		docenta	adiunkta	asystenta
		członkowie PAN			
126	23	4	15	69	19

Pracownicy biblioteczni

3

Pracownicy inż., techniczni organ.-ekonom. admin.i obsługi

98

**Pracownicy zatrud. na st. robot. i prac. zatrudn.
przy pilnowaniu**

17

Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty - ogółem
w tym naukowych

210

105
