

INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI

Polskiej Akademii Nauk

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

***SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2003 rok***

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
- genetyka molekularna
- genomika
- biotechnologia

NAKŁADY NA DZIAŁALNOŚĆ IBB PAN w 2003 r.:

Przyznane dotacje 24 105 768

w tym:

Działalność statutowa 15 633 500

Projekty badawcze MNiI 2 688 995

Projekty UE 1 925 051

SPB-M 2 405 222

Projekty zamawiane 1 453 000

Inne 5 888 308

w tym:

Działalność gospodarcza 2 585 353

Działalność finansowa 1 200 000

Pozostałe 2 102 955

ŁĄCZNIE: 29 994 075

PUBLIKACJE IBB PAN w 2003 r.:

• podręczniki lub ich rozdziały	13
• publikacje ukazujące się w czasopismach recenzowanych o zasięgu międzynarodowym	105
• publikacje ukazujące się w naukowych czasopismach krajowych	4
• prace popularno-naukowe	0
• doniesienie zjazdowe i konferencyjne	102
• inne publikacje	8
<i>OGÓŁEM:</i>	232

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2003 rok

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

Zespół: prof. dr hab. Tadeusz Kulikowski, dr Maria Bretner, dr Krzysztof Felczak (od września 2003), dr Maria A. Siwecka, mgr Agnieszka Miazga, mgr And(łelika Najda, mgr Romualda Podwiłska (od listopada 2003), mgr Katarzyna Zast(łpi(ło-Kopańska, mgr inż. Przemysław Ziemkowski, prof. dr David Shugar

Kontynuowano cykl badań poświęconych poszukiwaniom nowych inhibitorów ATPazy/helikazy wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV) – potencjalnych środków przeciwwirusowych. Wykonano syntezę i zbadano właściwości fizykochemiczne i biologiczne szeregu nowych pochodnych benzotriazolu i benzimidazolu potencjalnych inhibitorów wirusów Flaviviridae, w tym wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV), oraz ich NTPazy/helikazy. Wykazano, że 4,5,6,7-tetrabromobenzotriazol (TBBT), oraz jego N-alkilopochodne są selektywnymi inhibitorami NTPazy/helikazy wirusów Flaviviridae. Ponadto TBBT i 4,5,6,7-tetrabromobenzimidazol (TBBz) okazały się silnymi, kompetetywnymi inhibitorami kinazy białkowej CK2 z różnych źródeł, o mikromolarnych wartościach IC_{50} . (współpraca z doc. P. Borowskim z Bernhardt-Nocht-Institut fuer Tropen Medizin, Hamburg, RFN, oraz z prof. R. Szyszką z Katolickiego Uniwersytetu Lubelskiego.) Syntetyzowano serię nowych analogów nukleozydowych i nukleotydowych o powiększonej reszcie heterocyklicznej (RENs) z układem imidazo[4,5-e][1,3]diazepiny lub imidazo[4,5-e][1,2,4]triazepiny – zawierających modyfikowane rybofuranozyłowe, 2'-deoksyrybofuranozyłowe oraz acykliczne reszty cukrowe. Szereg tych związków hamował aktywność wirusowej helikazy z IC_{50} rzędu 2-5 μ M, oraz wykazywało zróżnicowaną selektywność w stosunku do wirusów Flaviviridae. Zaproponowano model mechanizmu działania związków typu REN obejmujący wiązanie się do dodatkowego allosterycznego miejsca wiążącego nukleotydy.

Kontynuowano badania nad selektywnymi inhibitorami retro wirusa HIV-1. Syntetyzowano i zbadano właściwości fizykochemiczne i biologiczne dalszych nowych analogów 3'-fluoro-tymidyny (FLT) oraz 3'-fluoro-2- i 4-tiotymidyny (S^2 FLT, S^4 FLT i $S^{2,4}$ FLT). Wykazano, że modyfikowane na końcu łańcucha 5'-O-mirystoilowego pochodne S^2 FLT wykazują bardzo silne i selektywne właściwości przeciwwirusowe o nanomolowych wartościach IC_{50} , kwalifikujących te związki jako potencjalne leki przeciwko HIV/AIDS. (współpraca z dr A. Piaskiem z Instytutu Medycyny Doświadczalnej PAN w Warszawie).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykrycie szeregu nowych pochodnych benzotriazolu – selektywnych inhibitorów NTPazy/helikazy wirusa zapalenia wątroby typu C.

PUBLIKACJE: 3719, 3724, 3728, 3732, 3748, 3757, 3758, 3759, 3760, 3804, 1795/A, 1796/A, 1812/A, 1821/A, 1834/A, 1835/A, 1842/A

Temat nr 2: Mechanizmy działania fotochemoterapii PUVA (psoralen+UV-A)

Zespół: doc. dr hab. Zofia Zarębska, dr Daniela Barszcz

Terapia PUVA eliminuje z krwi i ze skóry pacjenta neoplastyczny klon limfocytów T. Eliminacja zachodzi poprzez indukcję apoptozy w limfocytach, co w efekcie tłumi stan zapalny oraz wywołuje przejściową immunosupresję.

W modelu *in vitro*, który imituje działanie terapii poza ustrojem, tzw. (PUVA-fotofereza), testowano efekt dodania egzogenego kwasu arachidonowego(AA) i jego adduktu z psoralenem(AA $\rhd$ PSO) na przebieg apoptozy w limfocytach ludzkich w hodowli. Fizjologiczną reakcję limfocytów (10^6 komórek/ml) mierzono we fluorocytometrze w oparciu o znaczniki fluorescencyjne z aneksyną V i z jodkiem propidyny. Stwierdzono, że małe stężenia AA, do 60 μ mol/ml, wywołują wczesną apoptozę w komórkach (An^+ , pojedynczo znakowane); przy wzroście stężenia AA do 120 μ mol/ml komórki stopniowo przechodzą w późną apoptozę (An^+PI^+ , podwójnie znakowane). Addukt psoralenowy, AA $\rhd$ PSO, w terapii PUVA powstający w fosfolipidach błonowych, działa podobnie do AA, jednak w stężeniu 2-3 razy większym. Stwierdzono synergizm działania w zakresie dawek farmakologicznych UVA (315-400 nm) 2.0 – 6.0 J/cm² oraz kwasu arachidonowego podobnie do łącznego działania UVA i psoralenu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Synergiczne współdziałanie UVA i kwasu arachidonowego wskazuje na możliwość wywołania apoptozy w limfocytach na drodze lipoapoptozy indukowanej w błonach.

PUBLIKACJE: 1819/A, 1837/A, 82/M

Temat nr 4: Mechanizm inicjacji transkrypcji genów prokariotycznych

Zespół: prof. dr Kazimierz L. Wierzbowski, dr Krystyna Bolewska, dr Tomasz Łoziński, dr Jarosław Poznański, Teresa Rak

Poprzednio wykazaliśmy, że N-His₆-etykietowane białko (σ^{70}_4) jest rozpuszczalne w wodzie tylko w formie uprotonowanej przy pH $\approx$ 3 i dokonaliśmy pełnego przypisania przesunień chemicznych w jego widmie NMR. W celu charakterystyki konformacyjnych i

dynamicznych własności σ^{70}_4 w tej formie zmierzone zostały stałe sprzężenia $^3J_{\text{HNH}\alpha}$, stałe szybkości relaksacji jąder (R_1 , R_2) oraz $\{^1\text{H}-^{15}\text{N}\}$ NOE dla wszystkich aminokwasów. Analiza rozkładu wartości drugorzędowych przesunięć chemicznych $\Delta\delta$ ($^1\text{H}\alpha$, $^{13}\text{C}\alpha$ i ^{13}CO), $^3J_{\text{HNH}\alpha}$ i parametrów relaksacyjnych NMR oraz widm CD, wykazała, że σ^{70}_4 przyjmuje wysoce dynamiczną, α -helikalną konformację w trzech regionach, w których stwierdzono obecność α -helis w 3-D strukturze homologicznych domen *Thermus aquaticus* i *T. thermophilus*.

Opracowano wyniki pomiarów kinetyki powstawania otwartego kompleksu transkrypcyjnego (RPo) na promotorach zawierających w łączniku sekwencję $A_n.T_n$ ($n = 5$ lub 6), o innej niż B-DNA strukturze. Wykazaliśmy, że stała szybkości k_a powstawania RPo na takim promotorze, w porównaniu z promotorem macierzystym, jest silnie obniżona (o 1-2 rzędów wielkości) tylko wówczas, gdy sekwencja ta jest ułożona w orientacji $3'-A_n-5'$ w nici matrycowej promotora, w pobliżu któregoś z kanonicznych heksamerów -10 lub -35 . Efekt obecności dwóch takich sekwencji nie jest addytywny. Szczególnie silny okazał się wpływ obecności tej sekwencji w „rozszerzonym regionie -10 ” (pozycje: $-18... -13$). W zestawieniu z danymi literaturowymi, wyniki te wskazują na występowanie specyficznych oddziaływań między DNA łącznika promotora z domenami 2, 3 i 4 σ^{70} oraz z domeną wiążącą Zn^{2+} podjednostki β' polimerazy RNA.

Enzymatyczne, elektroforetyczne i kinetyczne badania skutków utleniania RPo w funkcji zaaplikowanej dawki KMnO_4 wykazały, że RPo ulega całkowitej inaktywacji i częściowemu rozpadowi w wyniku uszkodzenia polimerazy RNA przy dawkach kilkakrotnie niższych od powszechnie stosowanych przy footprintingu jednoniciowego DNA w kompleksie. Uwzględniając te ustalenia opracowano udoskonaloną, bardziej wiarygodną metodę footprintingu, opartą o wyznaczenie stałych szybkości utleniania poszczególnych reszt tyminy w zakresie bardzo niskich dawek utleniacza.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opisanie dynamicznej struktury domeny 4 podjednostki σ^{70} polimerazy RNA *Escherichia coli*, specyficznie rozpoznającej promotor w procesie transkrypcji.

PUBLIKACJE: 3761, 3770, 3808

Temat nr 5: Regulacja ekspresji niektórych genów prokariotycznych

Temat nr 5.1: Bakulowirusy i ich rekombinanty

Zespół: prof. dr hab. W. Zagórski, dr hab. L.Strokovskaya, dr E.Szołajska, mgr R.Grzela

W bieżącym roku kontynuowano badania nad 5'-terminalnym białkiem VPg wirusa Y ziemniaka, wyprodukowanym w systemie bakulowirusa. Badania prowadzone były we współpracy z Instytutem Biologii Strukturalnej w Grenoble, Francja. Otrzymano natywne białko VPg, które oczyszczono do homogenności. Stwierdzono predyspozycje VPg do dimeryzacji. Pokazano fragmenty VPg eksponowane na zewnątrz cząsteczki białka.

Sklonowano czynnik inicjacji translacji 4E z *A. thaliana* oraz udoskonalamo metody produkcji i oczyszczania wcześniej otrzymanych eIF4E oraz eIF(iso)4E. Czynniki inicjacji translacji otrzymano również jako białka nietagowane. Pszeniczne czynniki eIF4E i eIF(iso)4E sklonowano do systemu bakulowirusa i oczyszczono na m7GTP-Sepharose 4B. Wykonano co-infekcje komórek owadzych wirusami produkującymi białko VPg i eIF4E. Wykazano istnienie *in vivo* kompleksu VPg/4E. Prowadzono również badania nad oddziaływaniami pomiędzy VPg a czynnikami inicjacji translacji.

Kontynuowano prace nad oczyszczaniem na dużą skalę (miligramy białka do krystalizacji i badań NMR) pełnej helikazy oraz domeny 2 helikazy wirusa żółtaczk C (HCV) wyrażonych w systemie bakulowirusa.

Najważniejszy wynik badawczy:

Uzyskanie *in vivo* kompleksu VPg/eIF4E.

PUBLIKACJE: 3715, 1795/A, 1834/A, 1835/A, 1842/A

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

Zespół: dr hab. Krystyna Grzelak, dr Barbara Kłudkiewicz, tech. Krystyna Gocman, Emma Negrebecka (Instytut Biologii Molekularnej i Genetyki, Kijów V.2003-XII.2003)

Kontynuowano współpracę z Instytutem Entomologii Czeskiej Akademii Nauk nad nadprodukcją w *Pichia pastoris*, oczyszczaniem i charakterystyką molekularną owadziego inhibitora proteaz (białko SPI-2). Otrzymane rSPI-2 zostało oczyszczone za pomocą HPLC. Białko wykazuje aktywność biologiczną. Silnie hamuje proteinazę K i subtilizynę, słabo trypsynę i elastazę. rSPI-2, mimo obecności w cząsteczce potencjalnego miejsca O-glikozytacji, podobnie jak natywny inhibitor, nie jest glikozylowane. Wykazano również, że bardzo skutecznym inhibitorem proteaz jest białko SPI-2, które na C-końcu zawiera epitop

myc i His-tag (białko rf SPI-2). rfSPI-2 silniej niż rSPI-2 i natywny inhibitor hamuje proteinazę K i subtilisynę. Wykazuje również aktywność wobec elastazy i pronazy. W przeciwieństwie jednak do SPI-2 i natywnego inhibitora nie hamuje trypsyny. Okazało się również, że rfSPI-2 może ulegać glikozylacji. Obok głównej, nieglikozylowanej formy inhibitora, wykazano obecność dwóch frakcji zawierających białko z O-glikozylowo związanymi 3 i 6 resztami mannozy. Dwie glikozylowane formy rfSPI-2 wykazują nieco słabszą aktywność wobec badanych substratów niż nieglikozylowane rfSPI-2.

We współpracy z Zakładem Biochemii Politechniki Wrocławskiej (projekt badawczy Nr 3 PO4A.003.23) oraz grupą badawczą kierowaną przez doc dr hab.M.Dadleza kontynuowano badania nad strukturą r JHBP otrzymanego w systemie ekspresyjnym *Pichia pastoris*. Podjęto próbę rozdzielenia (kolumny HiTrap SP HP) N-glikozylowanych form rJHBP.

Najważniejszy wynik badawczy:

Otrzymanie w układzie ekspresyjnym *Pichia pastoris* silnego inhibitora szeregu badanych proteaz.

PUBLIKACJE: 3794, 3795, 1873/A

Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej

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

Głównym przedmiotem badań była plastyczność genomu wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd). Otrzymano dwa rodzaje genomowych banków PSTVd. Pierwszy z nich, bank P zawiera zmutowany (random) 6-cio nukleotydowy fragment w domenie patogenności P. Drugi, bank TL niesie zmutowany 6-cio nukleotydowy fragment w domenie terminalnej TL. Możliwa liczba mutantów dla każdego z banków wynosi ponad cztery tysiące. Otrzymane metodą PCR zmutowane cDNA PSTVd obu banków sklonowano w wektorze pGEM-T-easy uzyskując bank P i TL w *Escherichia coli*. Następnie cDNA z obu banków przeklonowano do wektora binarnego pGreen pod kontrolą promotora 35S CaMV. Po transformacji *Agrobacterium tumefaciens* uzyskano ponad 60 tysięcy kolonii dla każdego banku, czyli ponad dziesięciokrotnie więcej niż możliwa liczba mutacji 6-cio nukleotydowej sekwencji. Uzyskane *Agrobacterium* użyto do infiltracji roślin pomidora odmiany Rutgers. Z zakażonych roślin wyizolowano RNA PSTVd. Metodą RT-PCR uzyskano cDNA PSTVd które zostanie sklonowane i zsekwencjonowane.

Kontynuowano eksperymenty z nieinfekcyjnymi wariantami PSTVd. Wykazano, że nieinfekcyjne warianty i4-37 oraz i2-50 nie utrzymują się w populacji. Na podstawie obserwacji symptomów chorobowych inokulowanych roślin można stwierdzić że wszystkie warianty są infekcyjne.

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Uzyskano genomowe banki PSTVd niosące zmutowaną 6-cio nukleotydową sekwencję w domenie P oraz TL.
2. Transkrypty nieinfekcyjnych (na poziomie cDNA) wariantów są zakaźne lecz ich oryginalne sekwencje nie utrzymują się w populacji.

PUBLIKACJE: 1831/A, 1871/A

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

Zespół: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr Anna Boguszewska-Chachulska, mgr Agnieszka Gozdek, mgr Mariusz Krawczyk, mgr Jerzy Pawłowicz, mgr Anna Stankiewicz,

W bieżącym roku kontynuowano prace nad oczyszczaniem na dużą skalę (miligramy białka do krystalizacji i badań NMR) pełnej helikazy oraz domeny 2 helikazy wirusa żółtaczk C (HCV) wyrażonych w systemie bakulowirusa. Sklonowano i uzyskano ekspresję w komórkach bakteryjnych pełnego genu NS3 HCV oraz domeny 1 helikazy. Oczyszczono i wyznakowano izotopem N15 domenę 1 helikazy. Prowadzono badania struktury pełnej helikazy i jej domen metodą dichroizmu kołowego (CD). We współpracy z dr Jarosławem Poznańskim i Igorem Zhoukovem z IBB uzyskano widma pełnej helikazy i jej domen wraz z inhibitorami niskocząsteczkowymi, wykazując min. metodą relaksacji, że inhibitor peptydowy pep14 wiąże się z domeną 1.

Nową metodę badania aktywności helikazy – test fluorescencyjny, wykorzystano do scharakteryzowania właściwości enzymatycznych helikazy HCV, wykazania aktywności helikazowej białka NS3 oraz braku aktywności enzymatycznej domeny 1. Udoskonalono tę metodę w celu wykorzystania jej do badania inhibitorów niskocząsteczkowych helikazy. W teście helikazowym potwierdzono też aktywność sklonowanych w komórkach bakteryjnych helikaz: drożdżowej JA2 i potywirusowej PVY.

Rozpoczęto prace nad systemem replikacji sub-genomowego replikonu HCV w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae* i *Schizosaccharomyces pombe* poprzez transformację plazmidem niosącym cDNA HCV oraz transfekcję RNA otrzymanym droga transkrypcji *in*

vitro. Wprowadzono metodę badania ekspresji przy użyciu białka reporterowego – lucyferazy.

Prowadzono prace nad analizą metodą real-time PCR transgenicznym linii tytoniu opornego na wirusa PVY. Opracowano metodę oznaczania ilości kopii transgeny i poziomu jego ekspresji w odniesieniu do wewnętrznego wzorca.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ekspresja i oczyszczenie domeny 1 helikazy i pełnego białka NS3, wykazanie wiązania inhibitora peptydowego pep14 z domeną 1 helikazy.

PUBLIKACJE: 1795/A, 1834/A, 1835/A, 1842/A, 1843/A, 1870/A

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

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

Zakończono prace mające na celu wyrażanie genu białka płaszcza (BP) wirusa PVY w bakteryjnym systemie ekspresyjnym pET f-my Novagen. Ponadto skonstruowano w tym samym systemie fuzje genowe BP PVY oraz genu reporterowego GUS z inhibitorem proteiny K SPI2 z jedwabnika oraz z inhibitorem trypsyny CMTI. Białka fuzyjne zostały oczyszczone a następnie wykazano w eksperymentach *in vitro* ochronny wpływ inhibitora SPI2 wobec proteiny K. Funkcja ochronna inhibitora CMTI wobec trypsyny została zachowana jedynie w fuzji z BP. Jednocześnie przeprowadzono wstępną analizę strukturalną cząstek wirusopodobnych tworzonych przez BP oraz białko fuzyjne z inhibitorem SPI.

Prowadzono prace nad analizą polimorfizmu sekwencji cDNA polskich izolatów wirusa PVY metodą RFLP. Przebadano dwie grupy izolatów. Do pierwszej z nich zaliczamy PVY^N typu Wilga posiadający zdolność przełamania odporności tytoniu niosących gen odporności VAM. Wyniki przeprowadzonych badań potwierdziły wysokie pokrewieństwo 12 analizowanych izolatów PVY z izolatem PVY^N Wilga. Jednocześnie wykazano, że charakteryzowane wirusy mimo pokrewieństwa fenotypowego różnią się obrazem RFLP. Drugą grupę stanowiło 30 izolatów wirusów należących do różnych grup fenotypowych: PVY^O (*ordinary*), PVY^C (*common*), PVY^N (*necrotic*) oraz PVY^{NTN} (*necrotic, tuber necrosis*). Analiza metodą RFLP polimorfizmu wybranych izolatów wykazała duże zróżnicowanie w obrębie grupy NTN, co potwierdza mozaikowy charakter genów wirusa PVY.

Kontynuowano prace nad klonowaniem pełnej długości cDNA PVY w celu uzyskania infekcyjnej kopii DNA wirusa. Obecność w obrębie sekwencji cDNA kryptycznych promotorów bakteryjnych i drożdżowych prowadzi wybranych systemach klonowania do selekcji nieinfekcyjnych klonów cDNA. Dlatego podjęto prace nad klonowaniem cDNA PVY w *Schizosaccharomyces pombe*.

Ponadto prowadzone są doświadczenia nad analizą promotora subgenomowego (sg) RNA wirusa liściozwoju ziemniaka PLRV w systemie protoplastów otrzymywanych z zawiesin komórkowych tytoniu BY2. Zoptymalizowano metodę elektroporacji protoplastów przy pomocy otrzymywanych *in vitro* transkryptów RNA oraz skonstruowano infekcyjny klon cDNA PLRV zawierający powtórzony region promotorowy sgRNA.

Temat nr 8: Sekwencjonowanie i analiza sekwencyjna genomu drożdży

Prof. Joanna Rytka, dr Robert Gromadka, dr Marek Juszczyk, dr Marek Zagulski, mgr Iwona Karkusiewicz, mgr Andrzej Migdalski, mgr Jacek Nowak, Beata Babińska, Ewa Kalińska, Małgorzata Ostrowska

Kontynuowano badania zmierzające do identyfikacji funkcji genu *YIL019w* kodującego białko niezbędne dla życia komórki. Dotychczasowe wyniki wskazują, że produkt tego genu, podobnie jak białko Krr1p, bierze udział w procesie biogenezy rybosomów. Badania są prowadzone wspólnie z dr B. Rempołą (Temat nr 38).

We współpracy z zespołem J. Cohena (CGM, CNRS, Gif-sur-Yvette, Francja) zespół bierze udział w projekcie sekwencjonowania i charakterystyki genomu *Paramecium tetraurelia*. W naszej pracowni zsekwencjonowano 1MB chromosom *Paramecium*. Wykonano anotację tego chromosomu i wykazano, że zawiera on ponad 400 genów, z których niemal wszystkie zawierają introny. Wydaje się, że ponad 70% sekwencji koduje białka. Wybrano geny, które wykorzystano jako zbiór uczący dla automatycznego programu wyszukiującego geny (GlimmerM), który posłuży do anotacji całego genomu *Paramecium*.

Skonstruowano ekspresyjny wektor pMJDT7 zawierający dwa przeciwnie skierowane promotory faga T7 do badań ekspresji genów *Paramecium* metodą wyciszenia na poziomie RNA oraz dwa wektory do klonowania biblioteki cDNA *Paramecium*. Po izolacji totalnego RNA *Paramecium* (3-4 podziały po autogami), zsyntetyzowano cDNA dla dwóch potencjalnych ORFów. Potwierdzono obecność przewidywanych intronów i określono miejsca poliadenylacji.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zsekwencjonowanie chromosomu 1MB *Paramecium* i wykonanie jego anotacji.

PUBLIKACJE: 3725, 3790, 1806/A

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

Zespół: prof. Ewa Świeżewska, prof. Tadeusz Chojnacki, mgr Agnieszka Bajda, tech. Józefina Hertel, dr Wiesław Jankowski, mgr Karolina Skorupińska-Tudek, mgr Magdalena Wojtas, Monika Zelman

Opracowano nową, o wysokiej czułości, metodę analizy alkoholi poliizoprenoidowych (HPLC/ESI-MS, współp. IChO PAN) i wykazano, że w korzeniach rośliny *Coluria geoides* zarówno hodowanych *in vitro* jak i rosnących w warunkach naturalnych akumulowana jest rodzina dolicholi (dominujący Dol-16) oraz śladowe ilości poliprenoli o tym samym zakresie długości łańcucha. W liściach i nasionach tej rośliny dominują poliprenole o dłuższych łańcuchach (Pren-19), a śladowe ilości dolicholi w tych tkankach wykazują skład podobny do obserwowanego w korzeniach (Dol-17). Rozpoczęto prace nad wpływem stresu (biotycznego i abiotycznego) na akumulację alkoholi poliizoprenoidowych w tkankach roślinnych.

Kontynuowano badania nad wpływem światła na akumulację poliprenoli.

Kontynuowano prace nad klonowaniem podjednostki REP Rab prenylotransferazy, enzymu odpowiedzialnego za posttranslacyjną geranylogeranylację białek Rab. Obecnie prowadzone są próby nadekspresji uzyskanego cDNA.

Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli wykonując i udostępniając innym ośrodkom szereg preparatów.

Prowadzono badania nad biosyntezą i metabolizmem ubichinonu u ssaków i wykazano, że metabolity ubichinonu ulegają fosforylacji, posiadają także skrócony łańcuch boczny (współp. Uniw. w Sztokholmie).

Wykazano, że bakteryjny Lipid II jest receptorem antybiotyków, a także składnikiem por utworzonych przez antybiotyki w ścianie bakteryjnej (współp. Uniw. w Utrechcie). Metodą ^1H -, ^{13}C - i ^{31}P -NMR ciała stałego zanalizowano odpowiednio przygotowane próbki (najbliższe sytuacji *in vivo*) ludzkich nowotworów mózgowia należących do różnych typów i będących w różnym stadium progresji. Wykazano istotną zależność widm od typu guza, obserwowano także spektakularne różnice w sygnale „mobilnych lipidów” (współp. CMDiK PAN i Wydz. Farmacji AM, Warszawa).

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowanie nowej metody HPLC/ESI-MS oznaczania alkoholi poliizoprenoidowych i wykazanie tkankowych różnic w składzie mieszanin tych związków u roślin.

PUBLIKACJE: 3740, 3764, 3776, 3793, 3802, 3803, 1790/A, 1840/A, 1874/A, 1875/A, 1877/A, 1886/A, 1887/A, 65/M, 315/N

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

Zespół: prof. Grażyna Muszyńska, dr Jadwiga Szczegielniak, dr Joanna Trojanek (w 2003 r. urlop bezpłatny), mgr Maria Klimecka, mgr Maja Łebska

Badania prowadzone w okresie sprawozdawczym dotyczyły klonowania i wyjaśnienia roli biologicznej roślinnej kinazy białkowej zależnej od wapnia i fosfolipidów.

Sekwencje peptydów otrzymane z mikrosekwencjonowania uprzednio oczyszczonej kinazy z siewek kukurydzy, oraz zawarte w banku danych sekwencje EST umożliwiły wyizolowanie cDNA kodującego kinazę białkową, należącą do rodziny kinaz CDPK (z ang. Calcium Dependent Protein Kinase). Kinaza ta, składająca się z 510 aminokwasów, zgodnie z najnowszą klasyfikacją została nazwana ZmCPK11 i otrzymała numer akcesyjny AY301062. ZmCPK11 zawiera wszystkie domeny (kinazową, łącznikową i regulatorową) typowe dla kinaz CDPK, natomiast różni się od znanych dotychczas kinaz tej rodziny, domenami N- i C-końcowymi.

W celu wyjaśnienia funkcji ZmCPK11 badano wpływ stresów abiotycznych (wysokiej i niskiej temperatury, zasolenia, suszy, H₂O₂ i zranienia) oraz kwasu abscyzynowego (ABA) na ekspresję tej kinazy. Z przebadanych stresów jedynie zranienie wpływało na ZmCPK11. Już po kilku minutach po zranieniu liści kukurydzy następuje przejściowy wzrost aktywności ZmCPK11, a po 3-6 godz. wzrost poziomu transkryptu tej kinazy. Uzyskane wyniki sugerują, że ZmCPK11 uczestniczy we wczesnych etapach przekazywania sygnału zranienia spowodowanego przez uszkodzenie mechaniczne i/lub przez atak szkodnika/patogenna.

Najważniejszy wynik badawczy:

Otrzymano klon cDNA kodujący kinazę białkową zależną od wapnia i fosfolipidów (ZmCPK11) należącą do rodziny roślinnych kinaz CDPK. Zranienie powoduje przejściowy wzrost aktywności i wzrost poziomu specyficznego transkryptu tej kinazy.

PUBLIKACJE: 3720, 1823/A, 1826/A, 1827/A

Temat nr 16: Enzymy nukleolityczne roślin wyższych

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

Kontynuowano badania nad wiązaniem argininy z mRNA arginazy *A. Nidulans*, który posiada bardzo długą sekwencję 5'UTR zawierającą intron. Wykazano, że wolna L-arginina bez udziału białek może wiązać się stereoselektywnie z mRNA arginazy zmieniając jego strukturę drugo- i trzecio-rzędową. Zmiany w strukturze mRNA arginazy spowodowane wiązaniem L-argininy, występują w miejscach ważnych dla wycinania intronu. Badania *in vivo* wykazały, że L-arginina wpływa zarówno na poziom jak i wybór jednego z alternatywnych miejsc splicingu intronu zawartego w 5'UTR arginazy. Jest to pierwszy opisany przykład tzw „riboswitch”, który odpowiedzialny jest za posttranskrypcyjną regulację ekspresji genów u eukariontów.

Kontynuowano badania nad aktywnością nukleazy ChSI wobec rozgałęzionych struktur DNA. Otrzymane rezultaty sugerują, że nukleaza ChSI może być chloroplastydwym odpowiednikiem, 5' flap nukleaz. Nukleaza ChSI ze względu na brak aktywności 5'→3' egzonukleazy oraz silną aktywność endonukleazy wobec jednoniciowego DNA, należy prawdopodobnie do podrodziny 5' nukleaz, które jak dotąd nie zostały nigdzie opisane.

Aby wyjaśnić mechanizmy rozpoznawania ludzkich tRNA mitochondrialnych przez odpowiednie aminoacylosyntetazy badano strukturę przestrzenną transkryptów tRNA^{Leu(UUN)} i tRNA^{Lys} otrzymanych dla typu dzikiego oraz mutantów powiązanych ze stanami chorobowymi u ludzi. Wykazano, że cząsteczki tRNA^{Leu(UUN)} tylko częściowo przyjmują strukturę liścia koniczyny, typową dla klasycznych tRNA i wykazują rozluźnienie struktury w ramionach: antykodonu i D. Istotny wpływ na wydajność aminoacylacji ma miejsce położenia mutacji w obrębie tRNA. W przypadku tRNA^{Lys} do badań wykorzystano cząsteczkę typu dzikiego i trzy mutanty posiadające mutacje w obrębie ramion D i antykodonu. We wszystkich badanych transkryptach występuje rozluźnienie struktury w obrębie ramienia antykodonu, a także dochodzi do niepoprawnego parowania się zasad w tym ramieniu. Mimo tego, że w przypadku tak tRNA^{Leu(UUN)} jak i tRNA^{Lys} struktura wykazuje zmiany nietypowe dla tRNA, to jest możliwe rozpoznanie i wydajna aminoacylacja tRNA przez odpowiednią syntetazę. Pozwala to wnioskować, że aminoacylosyntetazy odgrywają aktywny wpływ na poprawne układanie struktury przestrzennej mitochondrialnych tRNA.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opisano pierwszy eukariotyczny „riboswitch” argininowy odpowiedzialny za posttranskrypcyjną regulację genów.

PUBLIKACJE: 3723, 1872/A

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

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

Charakterystyka mieszańców somatycznych ziemniaka uzyskanych z fuzji *Solanum tuberosum* z gatunkami dzikimi (*S. pinnatisectum*, *S. bulbocastanum*, *S. nigrum*), jako dawcy cech odporności na *Phytophthora infestans* wykazała: (a) poziom odporności na *P. infestans* był zbliżony do odporności *S. tubr.* u mieszańców *S. pinnat.* (+) *S. tubr.* H-8105; (b) brak wszystkich znanych markerów RAPD chromosomu 2 *S. bulb.* oraz niektórych markerów innych chromosomów w DNA mieszańców *S. bulb.* (+) *S. tubr.* H-8105, co świadczy o reorganizacji strukturalnej chromosomów i utracie chromosomu 2 w badanych mieszańcach; (c) nasiona z roślin uzyskanych z wstecznego krzyżowania generatywnego mieszańców całkowicie odpornych na *P. infestans* (*S. nigr.* (+) *S. tuber.* ZEL-1136) z tetraploidalną odm. Accent nie były w pełni zdolne do kiełkowania. Technika kultur *in vitro* izolowanych załączni i zarodków prowadziła do kalusowania lecz nie uzyskano dalszej regeneracji.

Badania wczesnych reakcji oksydacyjnych indukowanych *elicitem* *P. infestans* w liściach *S. nigr.*, *S. tuber.* odm. Bzura i H-8105 wykazały: (a) różnice w poziomie i kinetyce aktywności peroksydazy askorbinianowej (APX), reduktazy glutationowej (GR) i transferazy glutationowej (GST) badanych genotypów roślin w zależności od poziomu ich odporności na ten patogen; (b) proces peroksydacji lipidów jest związany z wyższym poziomem aktywności lipoksygenazy 13 (13-LOX) niż 9 (9-LOX) w *S. tuber.*. W *S. nigr.*, o odporności typu „non-host”, dominowała aktywność 9-LOX po podaniu *elicitora*; (c) warunki hodowli w glebie są mniej stresogenne dla roślin w porównaniu do kultur *in vitro*, co objawiało się wysoką aktywnością 13-LOX.

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Wykazanie reorganizacji strukturalnej chromosomów mieszańców somatycznych.
2. Poznanie znaczenia peroksydacji lipidów i aktywności LOX w strategii obronnej roślin na *P. infestans*.

PUBLIKACJE: 3735, 3738, 3775, 1791/A, 1797/A, 1798/A, 1802/A

Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae* i w grzybie nitkowatym *Trichoderma reesei*

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk, dr Joanna Kruszewska, mgr Urszula Lenart, doktoranci: mgr, mgr Wioletta Górka, Anna Janik, Klaudia Kuranda, Grażyna Sosińska, Jacek Orłowski (od 1-go grudnia 2003)

a) Wyjaśnienie zależności pomiędzy biosyntezą dolicholi i dolicholo-zależną glikozylacją białek a integralnością ściany komórkowej w drożdżach *S.cerevisiae*.

W poprzednim okresie sprawozdawczym zidentyfikowano białko Yta7 biorące udział w regulacji dystrybucji substratu, wspólnego w biosyntezie steroli i dolicholi, tj. dwufosforanu farnezyli (FPP) oraz wykazano jego kolokalizację z FPP syntazą w otoczce jądrowej i ER. Jest ona zgodna z lokalizacją cis-prenyl transferazy odpowiedzialnej za syntezę dwufosforanu α -dehydrodolicholu, przekształcanego w kolejnych reakcjach w dolichol. Analiza transkrypcyjna szczepów z delecją genu *YTA7*, przy pomocy mikrouszeregowania DNA, potwierdziła jego rolę w szlaku biosyntezy dolicholi jak również wykazała związek białka Yta7 z integralnością ściany komórkowej drożdży oraz organizacją cytoszkieletu.

b) Glikozylacja i sekrecja białek w *Trichoderma reesei*.

Kontynuowano badania nad wzajemnymi zależnościami pomiędzy O-mannozylacją a poziomem sekrecji białek.. W tym celu sklonowano gen *pmt* *T. reesei*, kodujący O-mannozylo transferazę odpowiedzialną za przeniesienie reszty mannozylowej z dolichylo fosfomannozy na grupę hydroksylową seryny/treoniny glikozylowanego białka. Wykazano funkcjonalną homologię białka PMT *T.reesei* z drożdżowym białkiem należącym do grupy białek Pmt2. Kontynuowane są prace nad efektem nadekspresji i dysrupcji genu *pmt* na stabilność i sekrecję białek w *T.reesei*. Równolegle przeprowadzane są doświadczenia nad ekspresją białek sekrecyjnych *T.reesei* w mutantach drożdży z delecją genu *PMT2*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Znalezienie transkrypcyjnych zależności pomiędzy szlakiem kwasu mawalonowego a integralnością ściany komórkowej i organizacją cytoszkieletu w drożdżach *S. cerevisiae*.

PUBLIKACJE: 3722, 3725, 3753, 1836/A, 1838/A, 1839/A, 310/N, 320/N

Temat nr 20.1: Kontrola funkcji mitochondriów przez jądro komórkowe u drożdży *S.cerevisiae*

Zespół: prof. Magdalena Boguta, dr Jerzy Smagowicz, mgr Małgorzata Cieśla, mgr Danuta Oficjalska, mgr Monika Kozińska, mgr Jan Kutner, mgr Joanna Towpik

Przedmiotem naszych badań jest czynnik terminacji translacji mitochondrialnej, mRF1 u drożdży. Na podstawie homologii do skryzalizowanego ostatnio bakteryjnego czynnika RF2, wykonano model cząsteczki mRF1 (we współpracy z dr. K. Ginalskim, University of Texas). Okazało się, że większość analizowanych przez nas mutacji *mrfl* prowadzi do substytucji aminokwasów zlokalizowanych w domenie odpowiedzialnej za rozpoznanie kodonu stop zaś ²³¹Arg i ¹⁶⁴Pro leżą w bezpośrednim sąsiedztwie pętli PST, która prawdopodobnie bezpośrednio wiąże się do UAA w mRNA mitochondrialnym. Lokalizacja taka wykazuje korelację z obserwowanym fenotypem wzrostu, gdyż mutanty *mrfl-13* – ²³¹Arg→Gly i *mrfl-780* – ¹⁶⁴Pro→Cys nie są zdolne do oddychania, w odróżnieniu od pozostałych mutantów *mrfl*. Badanie kinetyki włączania znakowanej metioniny *in vivo* w obecności cykloheksimidu wykazało inhibicję translacji mitochondrialnej w mutantach *mrfl-13* i *mrfl-780*. Stwierdzono również, że mutacja *mrfl-780* prowadzi do zahamowania translacji genu reporterowego *ARG8*, który został wstawiony do mitochondrialnego DNA zamiast genu *COX3* (odpowiedni szczep uzyskano od T. Foxa). Wyniki te wskazują na fakt, że translacja mitochondrialna może być regulowana na etapie terminacji.

Kontynuowano pracę nad białkiem Maf1, represorem RNA polimerazy III. W celu znalezienia białek, które współdziałają z Maf1 lub wpływają na jego funkcję wykorzystano równolegle: izolowanie supresorów, system dwuhybrydowy oraz immunoprecypitację połączoną z analizą spektrometrii masowej. Niestety każde z zastosowanych podejść badawczych prowadzi do identyfikacji innych białek. Najciekawsze wyniki otrzymano poprzez klonowanie *cs* supresora delekcji genu *MAF1*. Mutację supresorową zlokalizowano we wstawce zawierającej gen *RBP10*, kodujący podjednostkę wspólną na wszystkich trzech polimeraz RNA. Fenotyp *cs* jest kompensowany przez nadekspresję *RBS1*, genu o bliżej nieokreślonej funkcji związanej z regulacją wzrostu przez źródło węgla. Należy nadmienić, że represja polimerazy III przez Maf1 jest również zależna od źródła węgla, a mechanizm tej regulacji będzie przedmiotem przyszłych badań.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano inhibicję translacji mitochondrialnej u drożdży związaną z defektem na etapie terminacji.

PUBLIKACJE: 3695, 1814/A, 1868/A, 317/N

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

Zespół: prof. dr hab. Joanna Rytka, dr Anna Chelstowska, dr Róża Kucharczyk, dr Anna Kurlandzka, dr Marek Skoneczny, mgr Krzysztof Flis, mgr Dorota Grabowska, mgr Marta Hoffman, mgr Arkadiusz Miciałkiewicz, mgr Monika Wysocka

Rozpoczęto badania nad udziałem dwóch białek Csm1 oraz Irr1/Scs3 w procesie inicjacji mejozy w komórkach *S. cerevisiae*. Rola białka Csm1 została częściowo poznana i postuluje się, że Csm1p jest elementem kompleksu odpowiedzialnego za orientację kinetochorów. Eksperymenty, które dotychczas przeprowadziliśmy wskazują, że Csm1p odgrywa również rolę w przedmeiotycznej replikacji DNA. Białko Irr1/Scs3 jest niezbędne dla życia komórki i jest składnikiem kompleksu kohezyjnego chromatyd siostrzanych. Nasze dotychczasowe doświadczenia wskazują, na udziału kohezyny Irr1p w procesie mejozy.

Kontynuowano badania nad funkcją białka Ccz1. Poprzednio wykazano, że białko Ccz1p współdziała z GTPazą Ypt7 w procesie fuzji endosomów z błoną wakuoli. Nasze obecne badania wskazują, że Ccz1p bierze również udział w procesie autofagocytozy i mikropeksyfagii.

Nasze wcześniejsze obserwacje sugerowały, że niektóre funkcje peroksysomów są zachowane w czasie wzrostu drożdży *S. cerevisiae* w warunkach beztlenowych. Analiza porównawcza transkryptomu komórek hodowanych w warunkach beztlenowych i tlenowych potwierdziła, że część genów peroksysomalnych jest zaindukowana w warunkach beztlenowych. Wyodrębniono również zbiór genów o nieznannej funkcji, których profile ekspresyjne zbliżone są do profili ekspresyjnych genów peroksysomalnych. Wśród nich zwróciliśmy uwagę na ramkę odczytu *YDR533c*. Gen ten koduje białko homologiczne do ludzkiego białka DJ-1, którego mutacja odpowiada za wczesną postać choroby Parkinsona. Ramka ta zostanie poddana dalszej analizie funkcjonalnej.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie wielorakiej funkcji białek Csm1 oraz Irr1.

PUBLIKACJE: 3718, 3744, 3763, 3772, 1804/A, 1807/A, 1808/A, 1809/A, 1810/A, 1813/A
295/N, 303/N

Temat nr 20.3: Genetyczna regulacja szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Paszewski, dr Jerzy Brzywczy, dr Beata Burzyńska, dr Marcin Grynberg, dr Renata Natorff, dr Irmina Lewandowska, dr Małgorzata Piotrkowska, dr Marzena Sieńko

Zakończono charakterystykę genu *metR* kodującego czynnik transkrypcyjny niezbędny dla ekspresji szeregu genów metabolizmu siarkowego oraz genu *metH*, kodującego syntazę metioninową u *Aspergillus nidulans*. Wyniki zostały opublikowane. Wyizolowano supresora dominującego mutacji w głównym szlaku biosyntezy metioniny. Wstępne dane wskazują, że mutacja supresorowa dotyczy genu *metR*. Jest to pierwsza dominująca mutacja supresorowa w metabolizmie siarkowym u grzybów.

Sklonowano gen *mecA* tego samego grzyba kodującego beta-syntazę cystationinową i stwierdzono pozytywną regulację jego transkrypcji przez homocysteinę, podobnie jak genu *mecB*, kodującego gama-cystationazę – kolejny enzym szlaku konwersji homocysteiny do cysteiny. Wykazano przez to skoordynowaną regulację całego szlaku. Wyizolowano też z banku genów na drodze komplementacji gen suprymujący mutację w promotorze genu permeazy siarczanowej, który koduje małe, bogate w pralinę białko o nieznanej dotąd funkcji. Usiłujemy zbadać, czy białko to związane jest z transmisją sygnałów, czy też wpływa na strukturę błony umożliwiając transport siarczanu przy niesprawnej permeazie.

W badaniach regulacji genów enzymów folianowych stwierdziliśmy, że gen kodujący syntetazę folilopoliglutaminianu jest stymulowany przez homocysteinę, podobnie jak gen *metH*. Natomiast gen hydroksymetylotransferazy serynowej jest indukowany seryną.

Podjęto kolejną próbę zidentyfikowania białka kodowanego przez gen *scon A*, jeden z supresorów mutacji w głównej drodze biosyntezy metioniny. Transformowanie mutantu *sconA* doprowadziło do uzyskania dzikich koloni. Wstępne testy wskazują, że plazmidy w tych transformatorach niosą gen kodujący kulinę. Jeśli się to potwierdzi będziemy w posiadaniu wszystkich genów kodujących kompleks białkowy kierujący białko METR do ubikwitynacji.

W zespole wyodrębnia się nowa problematyka badawcza: genetyczne przyczyny niektórych chorób hemolitycznych u ludzi. W tym roku wykryto u pacjenta nie opisaną dotąd mutację w genie kodującym dehydrogenazę glukozy-6-fosforanu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Otrzymanie dominującego supresora mutacji w genach *metB* i *metA* *Aspergillus nidulans*.

PUBLIKACJE: 3716, 3744, 3750, 3767, 3774

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

Zespół: doc. dr hab. Teresa Żołądek, mgr. Marta Kwapisz, mgr Paweł Kaliszewski, dr Joanna Kamińska (od 04.2003 na stażu podoktorskim), mgr Małgorzata Lewandowska (do 10.2003), Agnieszka Szynczewska (od 12.2003)

Rsp5p, ligaza ubikwitynowo-białkowa drożdży, ubikwitynuje wiele różnych substratów białkowych, bierze więc udział w wielu procesach komórkowych, między innymi w endocytozie i regulacji biosyntezy desaturazy kwasów tłuszczowych. W celu poznania dalszych funkcji Rsp5p zastosowano metodę izolacji wielokopijnych supresorów fenotypu temperaturo-wrażliwości mutacji *rsp5-9*. Jako supresory zidentyfikowano gen *CTT6* kodujący jedną z ośmiu podjednostek chaperoniny Cct oraz gen *PIS1* kodujący syntazę fosfatydyloinozytolu. Supresory te są niespecyficzne allelicznie, gen *PIS1* przywraca też zdolność do wzrostu mutantów *rsp5Δ*. Wskazuje to, że supresja raczej nie zachodzi poprzez bezpośrednią interakcję między Rsp5p i Pis1p czy Cct6p lecz ma charakter fizjologiczny. Zbadanie 73 form zmutowanych Cct6p wykazało, że mutacja *cct6-24* powodująca podstawienie GDGTT>AAAAA w motywie wiążącym ATP powoduje brak zdolności do supresji *rsp5*, chociaż mutant *cct6-24* jest całkowicie zdolny do wzrostu. Ponadto nadprodukcja innych podjednostek Cct nie przywracała zdolności do wzrostu *rsp5-9* w podwyższonej temperaturze. Nadekspresja *CCT6* suprymuje też szereg fenotypów związanych z mutacjami *tor2-21*, *lst8-2* i równoczesną nadekspresją *SIT4* i *SAP155*, wszystkie związane z funkcjonowaniem szlaku sygnałowego TOR. Nasze wyniki dowodzą funkcjonalnych różnic pomiędzy podjednostkami Cct i fizjologicznej roli podjednostek niezwiązanych w kompleksie chaperoniny Cct. Badania idące w kierunku zrozumienia mechanizmu supresji *rsp5* przez *PIS1* wykazały natomiast, że transkrypcja *PIS1* jest zwiększona dwukrotnie w mutancie *rsp5* w porównaniu ze szczepem typu dzikiego. Zaobserwowano to zarówno używając fuzji transkrypcyjnej na plazmidzie YEp-*P_{PIS1}-lacZ* jak też *gal4::P_{PIS1}-cat* integrowanej do genomu. Jednakże, poziom białka HA-Pis1p syntetyzowanego z plazmidu jednokopijnego był podobny w mutancie *rsp5* i w szczepie typu dzikiego, co wskazuje na dodatkową regulację ekspresji *PIS1* na poziomie translacji. Obecnie sprawdzana jest hipoteza, że *PIS1* suprymuje *rsp5* poprzez zwiększenie poziomu fosfatydyloinozytolu, który prawdopodobnie jest obniżony na skutek ograniczenia syntezy kwasów nienasyconych w *rsp5*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykryto związek ubikwitynacji zależnej od Rsp5p ze szlakiem sygnałowym TOR.

PUBLIKACJE: 3714, 3741, 313/N, 1813/A, 1832/A

Temat nr 21: Regulacja metabolizmu siarkowego u prokariotów

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

Kontynuowano badania nad molekularnym mechanizmem kontroli transkrypcyjnej z udziałem białek regulacyjnych CysB i Cbl. Scharakteryzowano w badaniach *in vivo* i *in vitro* „region aktywacyjny” (AR) obu białek, wchodzący w kontakt z polimerazą RNA. Zastosowanie bakteryjnego systemu dwu-hybrydowego (opartego na regulatorze LexA *E. coli*) pozwoliło na ustalenie, że region aktywacyjny CysB jest istotny dla kontaktu z „determinantem 273” (obejmującym reszty K271 i E273) w C-terminalnej domenie podjednostki alfa polimerazy RNA (α -CTD RNAP). Wykazano, że kontakt CysB z α -CTD jest kluczowy dla aktywacji promotorów klasy I (gdzie miejsce wiązania aktywatora leży powyżej elementu -35), reprezentowanych przez *pcysP* oraz *pcbl*. Wykazano także, że w promotorach klasy II (gdzie miejsce wiązania aktywatora pokrywa się z elementem -35 , np. *pcysK*, *pcysJ*, *pssuE*) kontakt z „determinantem 273” α -CTD nie jest wymagany. Stosując wyżej wymieniony układ dwu-hybrydowy wykazano także, że białka CysB i Cbl są zdolne do silnej interakcji *in vivo* co stwarza możliwość ich funkcjonowania w formie miesznych heterooligomerów.

Sklonowano dwa geny (*cbl_{Bc}-1* i *cbl_{Bc}-2*) *Burkholderia cenocepacia* kodujące białka o wysokim podobieństwie do regulatorów CysB i Cbl *E. coli*. Na podstawie analizy komplementacyjnej ustalono, że gen *cbl_{Bc}-1* jest funkcjonalnym odpowiednikiem genu *cbl* *E. coli*, umożliwiającym aktywację transkrypcyjną operonu *ssuEADCB* (genów niezbędnych dla wykorzystywania sulfonianów jako źródeł siarki). Skonstruowano mutacje (punktową oraz insercyjną) w genie *cbl_{Bc}-1* oraz otrzymano odpowiednie (częściowo oczyszczone) produkty białkowe. Wykazano wiązanie białka Cbl_{Bc}-1 typu dzikiego w regionie promotorowym *ssuE* *E. coli* oraz w regionie promotorowym operonu *sbp cysTWA* *B. cenocepacia*. Trwają prace nad wstępną analizą funkcji drugiego genu, *cbl_{Bc}-2*, *B. cenocepacia*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wyjaśniono rolę kontaktu CysB- α CTD w aktywacji transkrypcyjnej promotorów klasy I.

PUBLIKACJE: 321/N

Temat nr 25.1: Regulacja wierności replikacji DNA w komórkach bakteryjnych

Zespół: Doc. dr hab. Iwona Fijałkowska, dr hab. Piotr Jończyk, dr Magdalena Maliszewska Tkaczyk, mgr Magdalena Banach Orłowska, mgr Małgorzata Białoskórska, mgr Małgorzata Jaszczur, mgr Justyna Rudzka, mgr Wojciech Kubań

Kinaza nukleozydo dwufosforanu (*ndk*) i deaminaza dCMP (*dcd*) są enzymami odpowiedzialnymi za kontrolę puli trójnukleotydów w komórce. Komórki *E. coli* nieposiadające aktywności tych enzymów wykazują fenotyp mutatorowy, a niektóre kinazy ludzkie NDP, homologii *ndk*, należą do grupy supresorów nowotworowych. Wykazano, że obserwowany fenotyp mutatorowy jest związany z podwyższoną ilością powstających nieprawidłowych par zasad oraz ze stabilizacją nieprawidłowych parowań. Stabilizacja nieprawidłowych parowań wynika z nadmiaru następnego „prawidłowego” nukleotydu, w przypadku mutacji w genach *dcd* i *ndk* – nadmiaru dCTP. W efekcie w szczepach nieposiadających aktywnej kinazy nukleozydo dwufosforanu a także w szczepach z nieaktywną deaminazą dCMP obserwujemy wzrost mutacji typu zmiany podstawienia zasad oraz mutacji typu zmiany ramki odczytu. Wiadomo również, że powstające mutacje są korygowane przez poreplikacyjny system naprawy błędnie sparowanych zasad.

Szczepy z nieaktywną kinazą nukleozydo- dwufosforanu (*ndk*) i deaminazą dCMP (*dcd*) umożliwiły dalsze badania mechanizmu powstawania mutacji replikacyjnych. Wykazano, że istnieje ścisła zależność pomiędzy poziomem indukcji systemu SOS w komórkach *E. coli* a pulą trójnukleotydów. W mutantach *ndk* oraz w mutantach *dcd* obserwuje się obniżenie poziomu indukcji SOS wywołanej czynnikami egzogennymi (UV, MMS, mitomycyna C), ale również obniżenie konstytutywnej ekspresji w szczepach *recA730*. Indukcja systemu SOS była badana przez oznaczenie poziomu mutagenyzy oraz indukcję fuzji *lacZ* z promotorami genów należącymi do regulonu LexA.

Ponadto, szczepy *ndk* i *dcd* zostały użyte jako narzędzie do badań poziomu mutacji powstających na nici opóźnionej i prowadzącej. Specyficzność powstających mutacji umożliwiła nam wyznaczenie bardziej mutagennej nici. Otrzymane wyniki potwierdziły wcześniej opublikowane dane wskazujące, że nicią bardziej mutagenną dla mutacji typu zmiany podstawienia zasad jest nić prowadząca.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że szczepy nieposiadające aktywnej kinazy nukleozydo dwufosforanu (*ndk*) i deaminazy dCMP (*dcd*) wykazują obniżenie poziomu indukcji systemu SOS w komórkach *E. coli*.

PUBLIKACJE: 297/N, 299/N

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

Zespół: prof. Zygmunt Cieśla, dr Marta Fikus, dr Aneta Kaniak (od 1. 10. 2003),
dr Piotr Koprowski, mgr Piotr Dzierzbicki, mgr Ewa Malc

Badania nad mechanizmami odpowiedzialnymi za reperację mitochondrialnego DNA (mtDNA) w komórkach *S. cerevisiae* koncentrowały się na kilku zagadnieniach. Jednym z nich jest udział glikozylazy Ogg1, enzymu kluczowego w systemie naprawy przez wycinanie zasad (BER), w naprawie uszkodzeń oksydacyjnych w mtDNA. Stwierdziliśmy, że szczep pozbawiony aktywności tego enzymu ma ok. 10-krotnie podniesiony poziom mitochondrialnych mutacji Oli^r, a w obrębie mitochondrialnego genu *oli1* obserwuje się preferencyjny (ok. 50-krotny) wzrost transwersji G:C → T:A. Ponadto stwierdziliśmy, że mitochondrialny mutatorowy fenotyp mutantu *ogg1* jest kilkakrotnie silniejszy w komórkach rosnących w pożywce zawierającej glicerol, a więc w warunkach pełnej aktywności łańcucha oddechowego. Ciekawe, że chromosomalny fenotyp mutatorowy szczepu *ogg1* nie zależy od aktywności łańcucha oddechowego. Tak więc generowane w łańcuchu oddechowym reaktywne formy tlenu preferencyjnie uszkadzają mtDNA. Innym tematem badań był udział mitochondrialnego systemu naprawy błędnie sparowanych zasad (mtMMR) w naprawie uszkodzeń oksydacyjnych w mtDNA. Poprzednio wykazaliśmy, że system mtMMR istotnie wspomaga mitochondrialny system wycinania zasad (mtBER) w naprawie uszkodzeń oksydacyjnych takich jak 8-oxoguanina. Ta alternatywna droga naprawy uszkodzeń oksydacyjnych w mtDNA odgrywa szczególnie ważną rolę w komórkach z pełną aktywnością łańcucha oddechowego. Inne badania mają na celu oznaczenie w warunkach *in vitro* specyficzności białka Msh1, mitochondrialnego homologa bakteryjnego białka MutS, aktywnego w mtMMR, w rozpoznawaniu oligonukleotydów zawierających 8-oxoguaninę. Wstępne dane wskazują, że Msh1p rozpoznaje zarówno parę 8-oxoG:C jak i parę 8-oxoG:A. Dalekosiężnym celem prowadzonych badań jest identyfikacja innych niż Msh1p komponent mitochondrialnego MMR. W tym celu opracowano genetyczny system, który umożliwia pozytywną selekcję genów, których produkty specyficznie oddziałują z Msh1p.

Najważniejszy wynik badawczy:

Charakterystyka udziału glikozylazy Ogg1 i białka Msh1 w naprawie uszkodzeń oksydacyjnych w mtDNA

PUBLIKACJE: 3756, 296/N

Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariontycznych

Zespół: doc. dr hab. Ewa Śledziwska-Gójska, prof. dr hab. Witold Jachymczyk, dr Adrianna Skoneczna, dr Agnieszka Hałas, dr Hanna Baranowska, mgr Agnieszka Podlaska, mgr Justyna McIntyre, mgr Sylwia Chelstowska, Zofia Policińska, mgr Ewa Brzozowska

Funkcjonowanie systemów reperacji DNA, angażuje oprócz enzymów bezpośrednio usuwających uszkodzenia z DNA także inne aktywności komórkowe, które modulują reperacyjny potencjał komórki. Nasze uprzednie badania wykazały znaczenie aktywności proteasomu w kontroli wrażliwości komórek drożdży na promieniowanie UV oraz poziomu mutagenyzy spontanicznej w komórkach drożdży *S. cerevisiae*. Analiza epistatyczna relacji pomiędzy genami zaangażowanymi w funkcjonowanie proteasomu a genami odpowiedzialnymi za działanie różnych systemów reparacyjnych, pod kątem wrażliwości na promieniowanie UV, wskazała na udział aktywności proteasomalnych w Rad6/Rad18 zależnym systemie tolerancji na uszkodzenia DNA. Przeprowadzona w tym roku podobna genetyczna analiza zależności funkcjonalnych, pod kątem mutagenyzy spontanicznej, potwierdza rolę proteasomu w modulowaniu funkcjonowania tej drogi także w komórkach niepoddanych działaniu zewnętrznych czynników mutagennych. System tolerancji na uszkodzenia DNA pozwala komórkom eukariontycznym na powielenie materiału genetycznego pomimo istnienia błędów matrycy blokujących polimerazy replikacyjne. System ten koordynuje funkcjonowanie polimeraz alternatywnych katalizujących syntezę poprzez uszkodzenia (TLS) i mechanizmy pozwalające na czasową zmianę matrycy i ominięcie uszkodzenia. Wykazana przez nas zależność mutatorowego charakteru mutantów proteasomalnych od funkcjonowania kompleksu Rad6/Rad18 z jednej strony, a drugiej od aktywności polimeraz alternatywnych Pol zeta i Pol eta sugeruje, że aktywność proteasomu kontroluje poziom TLS w komórkach drożdży. Ponieważ niektóre defekty funkcjonowania systemu tolerancji uszkodzeń DNA prowadzą do zwiększenia częstości rekombinacji rozpoczęliśmy analizę fenotypu rekombinacyjnego mutantów *umpl*, zaburzonych w dojrzewaniu proteasomu. Wykorzystując skonstruowany w pracowni R Malone (MaoDraayer et al., 1996) system, pozwalający na wyznaczenie częstości rekombinacji dla pięciu genów markerowych, stwierdziliśmy, że aktywność proteasomu nie wpływa na częstość rekombinacji interchromosomalnej.

Najważniejszy wynik badawczy:

Aktywność proteasomu kontroluje poziom mutacji spontanicznych poprzez zależną od polimeraz alternatywnych syntezę poprzez uszkodzenia DNA (TLS).

PUBLIKACJE: 3746, 1805/A, 1880/A

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

Zespół: doc.dr hab. Piotr Ceglowski, dr Izabella Kern-Zdanowicz, dr Urszula Zielenkiewicz, mgr Michał Dmowski, mgr Marcin Gołębiewski, mgr Maksymilian Zienkiewicz

Plazmid pSM19035 jest stabilnie utrzymywany w populacji komórek *Bacillus subtilis* dzięki systemom aktywnej partycji oraz postsegregacyjnego zabijania bezplazmidowych komórek potomnych (PSK). W trakcie badań dotyczących budowy systemu partycyjnego zidentyfikowano geny *delta* i *omega* biorące udział w aktywnym rozdziale plazmidów do komórek potomnych, lecz nie określono położenia miejsca centromerowego. W plazmidzie pSM19035 istnieją 3 obszary, które mogłyby taką funkcję pełnić, ponieważ (i) występują w nich powtórzenia heptanukleotydu na obu niciach; (ii) są one miejscem wiązania białka Omega. Został skonstruowany system pozwalający na wymianę pomiędzy sobą tych obszarów, który posłuży do identyfikacji miejsca centromerowego.

Działanie występującego w plazmidzie pSM19035 białkowego systemu PSK oparte jest na różnicy stabilności białek trucizny (Zeta) i antidotum (Epsilon). Poszukiwano proteazy *B.subtilis* degradującej antidotum. Zbadano stabilność segregacyjną plazmidów niosących geny *epsilon* i *zeta* w komórkach *B. subtilis* będących mutantami genów proteaz komórkowych. Stwierdzono, że proteaza ClpXP jest odpowiedzialna za degradację białka Epsilon.

W projekcie poświęconym genomice plazmidowej kontynuowano analizę funkcjonalną wybranych genów plazmidów o pochodzeniu klinicznym pCTX-M-3 i p1658/97. W plazmidzie pCTX-M-3 przeprowadzono systematyczną analizę delecyjną genów operonów *tra* i *trb* odpowiedzialnych za jego transfer koniugacyjny. Wykazano, że w plazmidzie p1658/97, niosącym amplikon (złożony z obszaru zawierającego gen kodujący β -laktamazę (*bla*_{SHV}) otoczony dwiema sekwencjami IS26), przy zastosowaniu wysokiej presji antybiotykowej dla gospodarza, liczba kopii amplikonu wzrasta 10-12 razy.

Najważniejszy wynik badawczy:

Identyfikacja proteazy ClpXP degradującej w komórkach *Bacillus subtilis* białko Epsilon, będące antidotum białkowego system postsegregacyjnego zabijania bezplazmidowych komórek potomnych obecnego w plazmidzie pSM19035.

PUBLIKACJE: 1819/A, 1881/A

Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenyzy i reperacja adduktów cyklicznych

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Kuśmierek, prof. dr hab. Irena Pietrzykowska (1/3 etatu), dr Agnieszka Maciejewska, mgr Ewa Borys-Brzywczy, mgr Katarzyna Lichota-Arczewska, mgr Joanna Krwawicz, Tânia Ribeiro (I -V 2003), mgr Marek Komisarski (od X 2003)

Degradacja modyfikowanych dNTP przez enzymy komórkowe. Badano aktywność hMTH1, fosfohydrolazy rozkładającej 8-okso-dGTP do 8-okso-dGMP, w homogenatach komórek niedrobnokomórkowego raka płuca i zdrowego obrzeża w grupie 30 pacjentów. Obserwowano znacząco wyższy poziom aktywności tego enzymu w tkance nowotworowej w porównaniu ze zdrową. Wyniki te wyjaśniają dlaczego poziom 8-okso-G w DNA komórek nowotworowych jest niższy niż komórek zdrowych, pomimo niższego niż w komórkach zdrowych poziomu glikozylazy usuwającej 8-okso-G z DNA.

Reperacja adduktów cyklicznych. Badano reperację cyklicznych adduktów kancerogenów: chlorku winylu (etenocytozyna (ϵ C) i hydroksyetanocytozyna (HEC)) oraz akroleiny (hydroksypropanocytozyna (HPC)) przez eukariotyczne analogi bakteryjnej glikozylazy MUG. Wykazano, że drożdżowa glikozylaza Sp2TDG, podobnie jak MUG, wycina każdy z badanych adduktów, podczas gdy ludzka hTDG wycina tylko ϵ C.

*Mutagenizacja *E. coli* aldehydem chlorooctowym (CAA).* Skonstruowano warianty szczepów Millera CC101-CC106 niosące mutacje *mug*. W szczepach *mug*⁻ w porównaniu z *mug*⁺ obserwowano istotny wzrost CAA-indukowanych substytucji GC→CG (51x), AT→TA (31x), AT→CG (19x) i GC→AT (5x). Wyniki te świadczą o roli glikozylazy MUG w usuwaniu ϵ -adduktów zasad z DNA. Badano również mutagenizację kompetentnych komórek *E. coli* przy pomocy ϵ dCTP, ϵ dATP i 1,N² ϵ dGTP, dNTP modyfikowanych przez CAA. W żadnym z badanych szczepów nie obserwowano wzrostu mutacji w warunkach kiedy 8-okso-dGTP dawało istotny wzrost rewertantów lacZ w szczepie CC101.

Mechanizm mutagenyzy indukowanej UV i MMS w warunkach permissywnych (P) i niepermissywnych (NP) dla replikacji DNA faga λ O(am)8. Skonstruowano szczepy bakteryjne z delecjami genów polimeraz: Δ umuDC, Δ plB, Δ dinB oraz podwójne mutanty Δ umuDC Δ polB i Δ umuDC Δ dinB. Oba podwójne mutanty w warunkach P i NP nie wykazują znaczącego poziomu mutagenyzy faga indukowanej UV lub MMS. Wyniki wskazują, że w warunkach NP w mutagenizie SOS-zależnej uczestniczy tylko polimeraza V, natomiast w warunkach P mogą brać udział polimerazy V lub IV, przy czym wydają się konkurować między sobą.

Reakcja trans-hydroksynonenalu (HNE) z deoksycytidyną. Prowadzono badania nad optymalizacją reakcji. Wykazano, że zamiana rozpuszczalnika z wody na DMSO oraz

zastosowanie wysokiego ciśnienia (12 000 atm) zwiększa selektywność oraz wydajność reakcji.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że aktywność hMTH1, enzymu usuwającego mutagenny 8-okso-dGTP z komórkowej puli dNTP, jest wyższa w komórkach raka płuca niż w komórkach zdrowych.

PUBLIKACJE: 3700, 3805, 1817/A, 1849/A, 308/N

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

Zespół: prof.dr hab. Piotr Węgleński, dr Piotr Borsuk, dr Agnieszka Dzikowska

We współpracy z dr Anną Przykorską ustalono, że L-arginina (a nie inne aminokwasy z D-argininą włącznie) łączy się bezpośrednio z 5'URT mRNA genu kodującego arginazę i zmienia strukturę drugorzędową mRNA. Efektem zmian struktury jest odmienny sposób wycinania intronu zawartego w 5'UTR. Proces wycinania przebiega szybciej w obecności L-argininy niż przy jej braku, wykorzystywany jest też tylko jedno z dwóch 3' miejsc splicingu.

Maszynopis pracy pt. The arginine-riboswitch regulates alternative splicing of the *Aspergillus nidulans* mRNA (Borsuk P., Przykorska A., Solecka K., Koper M., Weglenski P.) został przesłany do Nucleic Acids Research.

Wykonano analizę funkcjonalną promotora genu kodującego transaminazę ornitynową ustalając miejsca wiązania białek regulacyjnych AREA, CREA i ARCA.

Najważniejszy wynik badawczy:

Udowodnienie istnienia mechanizmu regulacji ekspresji genu eukariotycznego poprzez bezpośrednie oddziaływanie niskocząsteczkowego związku (L-argininy) z mRNA i wymuszenie określonego typu splicingu.

PUBLIKACJE: 3701, 3791

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

Zespół: prof.dr hab. Piotr Stępień, dr Aleksandra Dmochowska, dr. Andrzej Dziembowski, dr. Michał Mińczuk, dr. Paweł Golik, mgr Jan Piwowarski, mgr Rafał Tomecki, mgr Kamil Gewartowski.

Badania zespołu skoncentrowały się na strukturze i funkcji degradosomu mitochondrialnego drożdży *S. cerevisiae* oraz ludzkich jądrowych genach kodujących białka mitochondrialne uczestniczące w metabolizmie RNA. Ustalono, że ludzka fosforylaza polinukleotydowa (PNPaza) jest zlokalizowana w mitochondriach.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalenie, że drożdżowy degradosom mitochondrialny jest złożony z dwóch podjednostek: helikazy SUV3 i RNazy DSS1, oraz że pełni rolę w *RNA surveillance*.

PUBLIKACJE: 3709, 3733, 3799, 3800

Temat nr 31: Sprawozdanie z działalności Szkoły Biologii Molekularnej/Studium Doktoranckiego przy IBB PAN w roku 2003

Kierownik Studium: prof.dr hab. Grażyna Palamarczyk

Kierownictwo z ramienia Dyrekcji IBB PAN: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz (do września 2003), doc. dr hab. Piotr Jończyk (od września 2003)

Opiekunowie Doktorantów: prof. prof. dr hab. Magdalena Boguta, Danuta Hulanicka, Kazimierz L. Wierchowki, doc. doc. dr hab. Grażyna Dobrowolska, Grażyna Burdzy, Iwona Fijałkowska, Agnieszka Sirko, Teresa Żołądek,

Na studiach doktoranckich w IBB PAN zarejestrowano 74 osoby. Rok 1-szy (od 1-szego października) 14 osób, 2-gi 15, 3-ci 14, 4-ty 14 osób. 17-tu doktorantów przedłużyło studia na rok 5-ty. Ponadto zatrudniono na etatach asystentów i biologów 35 osób z wyższym wykształceniem. Osoby te wraz z doktorantami wchodzi w skład słuchaczy Szkoły Biologii Molekularnej (SBM).

Stopień doktora otrzymało: 9-ciu doktorantów.

Działalność dydaktyczna:

W okresie październik 2002/ czerwiec 2003 odbyły się dwa cykle wykładów na temat: Plant Molecular Biotechnology (zorganizowane przez doc. dr hab. A.Sirko). Wykładowcami byli naukowcy europejscy, (przyjazdy finansowano z funduszy Centrum Doskonałości) oraz krajowi (finansowani z funduszy SBM IBB PAN).

2-gi cykl wykładów, zorganizowany przy pomocy dr Anny Chachulskiej na temat: Viruses, unique organisms and tools to study host cells był prowadzony przez prof. dr A.L. Haeni.

1-szy cykl wykładów zakończono testem zaliczeniowym, 2-gi miał formę seminariów przedstawianych przez doktorantów pod kierunkiem osoby prowadzącej.

W roku sprawozdawczym, podobnie jak w poprzednim, istniał obowiązek rocznego pisemnego sprawozdawania się doktorantów z przebiegu ich pracy badawczej. Sprawozdania te są oceniane poza promotorem przez dwóch samodzielnych pracowników naukowych IBB PAN (opiekunów doktorantów).

Osiągnięcia naukowe doktorantów:

Piętnastu doktorantów jest współautorami pełnych prac naukowych opublikowanych w roku 2003 oraz czterdziestu komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych.

21 doktorantów przedstawiło projekty badawcze pisane wg wzorów projektów badawczych finansowanych przez KBN i uzyskało ich finansowanie w kwocie 4 500 zł.. Fundusze te mogą 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 2003 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.

Temat nr 32: Pracownie IBB PAN afiliowane w innych placówkach

Temat nr 32.1 Działalność Pracowni Biologii Molekularnej (afiliowanej przy UG)

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

„Regulacja ekspresji genów i innych procesów związanych z funkcjami DNA w komórkach bakteryjnych”

Nasze poprzednie badania wykazały, że białko SeqA bakterii *Escherichia coli*, uznawane za główny negatywny czynnik regulacji replikacji chromosomu bakteryjnego, jest również specyficznym czynnikiem transkrypcyjnym. Obecnie stwierdziliśmy, że aktywacja transkrypcji przez SeqA z promotorów bakteriofaga lambda pI oraz paQ polega na ułatwianiu przez to białko funkcjonowania drugiego specyficznego aktywatora, białka CII. Odmienny charakter ma stymulacja przez SeqA transkrypcji z promotora pR. W tym przypadku białko SeqA może bez udziału innych aktywatorów zwiększać wydajność inicjacji transkrypcji przy czym nie obserwuje się współdziałania z innym pozytywnym regulatorem promotora pR, białkiem DnaA.

Wykazaliśmy, że małe białko wiążące GTP, produkt genu *cgtA*, może być zaangażowane w komórkach *Escherichia coli* w kontrolę replikacji DNA pozachromosomalnych elementów genetycznych (plazmidów i bakteriofagów) oraz w stymulację naprawy DNA, prawdopodobnie poprzez modulację ekspresji genu *recA*.

Opracowana została czuła, szybka i ilościowa metoda wykrywania cząsteczek RNA i DNA (w tym genomów bakteriofagów) przy zastosowaniu elektrycznych „chipów” DNA. Metoda ta ma szansę znalezienia zastosowania w procesach biotechnologicznym.

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Określenie mechanizmów stymulacji inicjacji transkrypcji przez białko SeqA bakterii *Escherichia coli*.
2. Wykrycie roli białka CgtA *Escherichia coli* w regulacji replikacji pozachromosomalnych elementów genetycznych oraz stymulacji naprawy DNA.
3. Opracowanie czulej, szybszej i ilościowej metody detekcji specyficznych cząsteczek RNA i DNA przy pomocy elektrycznych „chipów” DNA.

PUBLIKACJE: 3779, 3781, 3782, 3783, 3784, 3785, 3786, 3787, 3780, 3809, 1852/A, 1853/A, 1854/A, 1855/A, 1856/A, 1857/A, 1858/A, 1859/A, 1860/A, 1862/A

Temat nr 32.2: Działalność Zespołu Biomedycyny Molekularnej (IBD PAN, IBB PAN, MIBMiK)

Zespół: prof.dr hab. Maciej Żylicz (konsultacje naukowe), mgr Aleksandra Helwak (doktorantka IBB), mgr Leszek Lipiński (doktorant IBB)

„Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej“

Wykazano, że w warunkach *in vitro* obecność Hsp90 stymuluje w temperaturze (25°C) specyficzne wiązanie się wt p53 do DNA zawierającego sekwencję promotora p21. W podwyższonej temperaturze (37°C), obecność Hsp90 stabilizuje wiązanie się p53 do sekwencji promotora p21. Reakcja ta zależna jest od obecności ATP. In vivo, galdanamycyna, specyficzny inhibitor Hsp90, przyspiesza degradację p53 oraz hamuje ekspresję genu p21. W przeciwieństwie do Hsp90, białko opiekuńcze Hsc70 powoduje, w reakcji zależnej od ATP i Hsp40, dysocjację p53 z kompleksu z sekwencją promotora zależnego od p53. Reakcja ta jest specyficzna dla Hsc70, forma Hsp70 indukowana w warunkach stresowych nie powoduje dysocjacji p53 z sekwencji promotora. Znaczenie zrekonstruowanej *in vitro* reakcji dysocjacji p53 z sekwencji promotora jest obecnie testowana w doświadczeniach *in vivo* z zastosowaniem techniki siRNA. Porównanie sekwencji Hsc70 i Hsp70 nie wyjaśniło przyczyn różnicy w działaniu tych białek. Wykryto natomiast różnicę w składzie nukleotydowym genów Hsp70 i Hsc70 i stwierdzono że podwyższona zawartość

nukleotydów G i C w genie Hsp70 wynika z częstych konwersji jakim ulegał ten gen w trakcie ewolucji.

W roku 2003 rozpoczęto także poszukiwania fizjologicznej roli kinazy białkowej Tssk3. Badania te oparto o wcześniej ustalony mechanizm aktywacji kinazy poprzez fosforylację w tzw. pętli aktywacyjnej. Wykorzystując system FlpIn/T-Rex zmodyfikowano genetycznie linię mysich komórek Leydiga poprzez wbudowanie miejsca rekombinacji FRT, a następnie w miejsce FRT wprowadzono gen Tssk3 z mutacją powodującą trwałą aktywację (linia potomna T168D) oraz Tssk3 z mutacją inaktywującą (linia K39R). Potwierdzono uzyskanie ekspresji wprowadzonych genów i przystąpiono do porównania aktywności szlaków przekazywania sygnałowego w uzyskanych liniach komórkowych. Próby globalnej oceny profilu ekspresji kinaz białkowych i znanych onkogenów/genów supresorowych przy użyciu testowych mikromacierzy DNA jak dotąd nie powiodły się. W dalszych badaniach przeprowadzona zatem będzie ocena aktywacji wybranych kinaz białkowych (Western blotting oraz fosforylacja testowych substratów po immunoprecypitacji) i ekspresji niektórych genów (real-time PCR) w odpowiedzi na sygnały o znanym wpływie na czynność komórek Leydiga.

PUBLIKACJE: 1829/A, 1884/A, 1885/A

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

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

1. Skonstruowano aktywną partycyjnie fuzję białka ParA z fluoryzującym białkiem Egfp. Zaobserwowano, że ParA-Egfp lokalizuje się w rejonie komórki zajmowanym przez nukleoid i ma zdolność do oscylacji pomiędzy centrami połówek nukleoidu. Oscylacja zachodzi w ułamkach sekundy i nie wymaga ani ParB, ani centromeru P1, *parS*. ParB powoduje pojawienie się w puli oscylującego ParA drobnych agregatów, prawdopodobnie oligomerów ParA. Skonstruowano mutantą ParA niezdolnego do wiązania i hydrolizy ATP. Białko mutantą ma zdolność do ruchu oscylacyjnego. Zmiana powoduje natomiast wylanie się puli ParA poza rejon nukleoidu i niezdolność do tworzenia agregatów w obecności ParB.
2. Zbadano lokalizację fuzji ParB-Gfp w komórkach w nieobecności plazmidów niosących *parS*. Wykazano, że dystrybucja ParB-Gfp w komórce pokrywa się z dystrybucją chromosomalnego DNA, a wewnątrzkomórkowa pula ParB dzieli się na podpule

równocześnie z segregacją nukleoidu. Najprawdopodobniej ParB w komórce wiąże się niespecyficycznie z DNA. W obecności ParA w większości komórek segregacja puli ParB-Gfp na podpule poprzedzała segregację nukleoidu. Co więcej rejony o największym stężeniu ParB wewnątrz każdej podpuli białka pokrywały się z rejonami lokalizacji plazmidów podczas partycji w podobnych klasach komórek. Wskazuje to, że ParA powoduje koncentrację ParB w rejonach lokalizacji plazmidów niosących *parS* podczas partycji.

3. Sklonowano gen dla dwufunkcyjnej metylazy Dmt faga P1 i wykazano zdolność Dmt do metylacji adeniny w GATC. Skonstruowano mutanty *dmt*. Białko jednego z mutantów jest niezdolne do metylacji adeniny.

4. Przygotowano manuskrypt pracy „The genome of bacteriophage P1”.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykrycie zdolności białka ParA do oscylacyjnego ruchu wewnątrz rejonu nukleoidu i wykazanie wpływu ParA na lokalizację ParB w komórce w nieobecności *parS*.

PUBLIKACJE: 1820/A, 1878/A, 1879/A

Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr Jan Brzeski, dr Tomasz Tarnowski, mgr Katarzyna Kolczak, mgr Szymon Świeżewski, mgr Katarzyna Pawlikowska, Monika Banaszak (technik)

1. Wykazano, że rekombinowany produkt genu *DDM1* (Decrease in DNA Methylation 1) w *Arabidopsis thaliana*, niezbędny do utrzymywania metylacji DNA i systemu pamięci komórkowej, ma aktywność ATPazy zależnej od DNA i nukleosomów. Białko DDM1 wiąże się do nukleosomów i w teście *in vitro* indukuje zależną od ATP przebudowę chromatyny polegającą na przesuwaniu nukleosomu wzdłuż cząsteczki DNA. Na enzymatyczną aktywność DDM1 nie wpływa stan metylacji DNA.

2. Wykazano, że eliminacja w wyniku zastosowania interferującego RNA (RNAi) transkrypcji wszystkich genów kodujących histony typu H1 w *Arabidopsis*, powoduje pleiotropowy fenotyp nasilający się w drugim pokoleniu transformantów. Dziedziczenie fenotypu jest niemendlowskie w odróżnieniu od dziedziczenia konstruktu RNAi, co wskazuje na epigenetyczne podłoże zmian fenotypowych. Analiza uwalniania milczących transpozonów oraz poziomu i miejsc metylacji sekwencji centromerowych, rDNA i unikatowych (np. promotor genu FWA) za pomocą PCR i sekwencjonowania DNA po konwersji siarczynem sodu wykazała, że brak histonów typu H1 nie powoduje globalnej

demetylacji DNA natomiast zmienia charakterystyczny dla typu dzikiego wzór metylacji sekwencji powtarzalnych i unikatowych.

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Kluczowe dla dziedziczenia epigenetycznego wzoru metylacji w *Arabidopsis* białko DDM1 jest czynnikiem przebudowującym chromatynę.
2. Histony typu H1 uczestniczą w utrzymywaniu dziedzicznego wzoru metylacji DNA w *Arabidopsis*.

PUBLIKACJE: 3705, 3798, 301/N

Temat nr 35: Ekspresja genów bakteryjnych w roślinach

Zespół: dr hab. Agnieszka Sirko, dr Robert Brodzik (urlop bezpłatny w związku z pobytem w USA), mgr Anna Błaszczyk, mgr Frantz Liszewska, mgr Kacper Kazimierczuk, mgr Adam Wawrzyński, magistrantka: Jolanta Kamińska

Prace prowadzone w zespole koncentrowały się wokół dwóch głównych problemów badawczych:

1. Produkcja wybranych antygenów drobnoustrojów chorobotwórczych w roślinach w celu uzyskania potencjalnej szczepionki: Potwierdzono obecność w kilku liniach tytoniu białek hybrydowych, m.in. białek zawierających UreB *Helicobacter pylori* oraz cytokiny ssacze, myszy GM-CSF (czynnik stymulujący powstawanie kolonii granulocytów i makrofagów) lub ludzką IL-2. Biologiczna aktywność GM-CSF, wyprodukowanego w formie białka fuzyjnego w transgenicznym roślina, została potwierdzona w komórkach ssaczych. Aktywności IL-2 nie udało się wykazać; prawdopodobnie z powodu obecności mutacji w obrębie cDNA uzyskana IL-2 nie jest aktywna. Badania te wykonywano we współpracy z Prof. Koprowskim, Filadelfia, USA.
2. Modyfikacja metabolizmu siarki w roślinach: Ustalono, że roślinne enzymy tworzące kompleks syntazy cysteinowej (SAT i CS) tworzą silne oddziaływania z ich bakteryjnymi odpowiednikami. Wynik ten ma znaczenie w analizie efektów uzyskanych w wyniku transformacji tytoniu bakteryjnymi genami kodującymi białka SAT i CS. Ponadto, klony zawierające cDNA kodujące cytozolową izoformę CS oraz organellową izoformę SAT zostały wyizolowane z biblioteki cDNA *N. plumbaginifolia* z użyciem systemu dwu-hybrydowego. Wykazano, że powstające hybrydowe białko GAL4AD-CS ma aktywność enzymatyczną. A zatem, zastosowanie systemu dwu-hybrydowego umożliwia nie tylko uzyskanie informacji o oddziaływaniach CS z SAT, ale również o wpływie oddziaływania SAT-CS na aktywność CS. Ponadto, kontynuowana jest analiza linii tytoniu o zwiększonym

potencjale do syntezy fitochelatyn; sprawdzana jest stabilność ekspresji transgenów oraz prowadzona jest biochemiczna charakterystyka transformantów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano biologiczną aktywność GM-CSF wyprodukowanego w tytoniu jako białko hybrydowe z białkiem UreB *H. pylori*. Wykazano użyteczność drożdżowego systemu dwu-hybrydowego do klonowania roślinnych cDNA kodujących SAT i CS oraz możliwość równoczesnego badania za pomocą tego systemu efektów ukierunkowanych zmian wprowadzonych do białka CS na jego aktywność enzymatyczną oraz oddziaływanie z SAT.

PUBLIKACJE: 3730, 3796, 3797, 1784/A, 318/N

Temar nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej

Zespół: prof. dr hab. P.Zielenkiewicz, dr P.Pawłowski, dr S.Kaczanowski, mgr J.Dyczkowski,

Przeprowadzono masowe porównania genów różnych organizmów w celu znalezienia genów odpowiedzialnych za centriolarną mitozę. Jednym z wyników tych badań jest odkrycie genu u *Plasmodium falciparum* hipotetycznie hamującego reakcje obronny limfocytów T w rozwoju malarii.

Przeanalizowano około 20 tysięcy wpisów z bazy EMP pod kątem korelacji liczby obrotów enzymów z innymi opisującymi je wielkościami. Stwierdzono korelację liczby obrotów z masą cząsteczkową enzymów. Wyniki świadczące o efekcie przyspieszania katalizy enzymatycznej wraz z masą enzymu mogą być wytłumaczone w oparciu o rolę oddziaływań Londona w procesie uwalniania produktu.

Przeprowadzono nowe obliczenia metodami profili filogenetycznych (z uwzględnieniem nowo zsekwencjonowanych genomów eukariotycznych) w celu poszukiwania białek mogących uczestniczyć w kompleksach remodelujących chromatynę u *Arabidopsis thaliana*.

PUBLIKACJE: 3798, 1807/A, 77/M

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych

Zespół: prof. dr hab. J. Hennig, dr D. Konopka, dr M. Krzymowska, doktoranci IBB PAN: mgr A. Maassen (od 01.05. 2003), mgr A. Mac, mgr. K. Witek (od 01.10. 2003)

Kontynuowaliśmy badania nad określeniem funkcji 1,3- β -glukanazy produktu genu *gluB*. Gen ten wyizolowaliśmy, w naszych wcześniejszych badaniach, z roślin ziemniaka *Solanum tuberosum* odm. Désirée. Jest on silnie indukowany w odpowiedzi roślin

na infekcje oraz po ich traktowaniu chemicznymi środkami ochrony roślin. Wiążemy to z potencjalną funkcją obronną produktu genu *gluB*. Wykonaliśmy analizę funkcjonalną produktu genu *gluB* poprzez wykreowanie dwu grup transgeniczných roślin ziemniaka wyrażających charakteryzowany gen, w orientacji sens i anty-sens. Rośliny z ekspresją genu *gluB* w orientacji sens charakteryzują się podwyższoną odpornością na infekcje grzybowe. Charakteryzują się one ponadto znaczną redukcją wzrostu części nadziemnej rośliny przy niezmienionej ilości i wielkości tworzonych bulw. Przeprowadziliśmy analizę anatomiczną tkanek tworzących łodygę tych roślin. Stwierdziliśmy, że poziom ekspresji *gluB* wykazuje korelację negatywną ze stopniem rozwoju naczyń tworzących wiązki przewodzące w łodydze oraz z rozrostem komórek tkanki parenchymatycznej. Wykorzystując mikroskopię elektronową wykazaliśmy także zmiany strukturze powierzchni komórek epidermy liści roślin wyrażających dodatkową kopię genu *gluB*. Dalsza szczegółowa analiza fenotypu roślin ziemniaka o zmienionej ekspresji *gluB* jest w toku.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie związku ekspresji dodatkowej kopii genu *gluB* ze wzrostem i organizacją komórek w łodydze i liściach roślin ziemniaka.

PUBLIKACJE: 3762, 1815/A, 1844/A, 1845/A, 1846/A, 1847/A, 1867/A, 312/N

Temat nr 38: Funkcjonalna analiza otwartych ramek odczytu z *Saccharomyces cerevisiae*

Zespół: dr Bożenna Rempola

Prowadzone badania były kontynuacją analizy funkcjonalnej genu *YIL019w* kodującego białko niezbędne do życia komórki, oddziałujące z białkiem Krr1p w systemie dwuhybrydowym. Krr1p jest białkiem jądrowym, biorącym udział w biogenezie małej podjednostki rybosomu, 40S. Wcześniejsze badania z zastosowaniem mikroskopii fluorescencyjnej wykazały, że białko Yil019 w fuzji z białkiem GFP lokalizuje się w tej samej części jądra komórkowego co Krr1p-HA, to jest w jąderku. Zarówno interakcja pomiędzy Yil019p i Krr1p jak i jądrowa lokalizacja Yil019p sugeruje udział tego białka w procesach związanych z dojrzewaniem i składaniem rybosomów.

Kontynuowanie badań nad rolą *YIL019w* w komórce wymagało skonstruowania mutantów w badanym genie. W celu otrzymania mutantu warunkowego, wprowadzono sekwencję kodującą *YIL019w* pod kontrolę regulowanego promotora galaktozowego genu *GAL10* (wektor pGUR). Pomimo zgodnych z przewidywaniami różnic w poziomie białka i

RNA *YIL019w* (badanych odpowiednio metodami Western i Northern) syntetyzowanych w warunkach indukcji i represji, nie zaobserwowano różnic fenotypowych we wzroście badanych szczepów. Kolejną próbą uzyskania mutantu warunkowego o wyraźnym fenotypie było zastąpienie natywnego promotora genu *YIL019w* przez regulowany tetracykliną promotor *tetO* (z wykorzystaniem plazmidów pCM224, pCM225 oraz pCM243 i pCM246). Zmutowany szczep charakteryzował się silnie spowolnionym wzrostem w warunkach, w których nie hamowano ekspresji genu *YIL019w*. Skonstruowano również mutant w sygnale lokalizacji jądrowej, NLS, przez usunięcie trzech pierwszych kodonów tego sygnału metodą mutagenazy ukierunkowanej. Mutant ten posłużył do badań nad rolą Yil019p w procesie dojrzewania rybosomów.

Stosując system dwuhybrydowy poszukiwano genów, których produkty oddziałują z białkiem Yil019 (wykorzystując bank genomowego DNA *S. cerevisiae*). W ten sposób wykazano istnienie silnej interakcji pomiędzy Yil019p i białkiem kodowanym przez gen *PXR1*, zaangażowanym w biogenezę małej podjednostki rybosomu. Powyższa interakcja sugeruje udział Yil019p w biogenezie rybosomów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Identyfikacja białek oddziałujących z Yil019p. Badania prowadzone są wspólnie z prof. Joanną Rytką (Temat nr 8).

PUBLIKACJE: 1806/A, 307/N

Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej
Zespół: prof. dr hab. Ewa Bartnik

Porównano haplogrupy mitochondrialnego DNA u 145 kontroli i 97 100-latków. Nie stwierdzono znaczących różnic w częstości występowania haplogrup. Dodatkowo badano sekwencje pętli D u 31 kontroli i u 100-latków. Znalezione statystycznie znaczące różnice w pozycjach 73 i 152.

PUBLIKACJE: 3778, 3749, 81/M

Temat nr 40: Centrum Polsko-Francuskie Biotechnologii Roślin

Dyrektor: prof. Anne-Lise Haenni

Zadaniem Centrum Polsko-Francuskiego 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 subwencjonowało w 2003 roku realizację następujących programów badawczych w Polsce przy współpracy z placówkami francuskimi:

Kontynuacja programów z roku 2002:

Dr. Magdalena Boguta, Małgorzata Jakubiec (IBB), Prof. André Sentenac, Dr. Olivier Lefebvre. Regulation of tRNA transcription in yeast: Search for proteins that overcome the inactivation of Maf1, a repressor of RNA polymerase III. – współpraca z Centre d'Études Nucléaires CEA, Saclay oraz Centre de Génétique Moléculaire CGM, Gif-sur-Yvette.

Dr Agnieszka Dzikowska, Anna Olszewska, Marcin Uhlik, Bogusław Walczuk (ZG UW), Prof. C. Scazzocchio. Genetic regulation of arginine and proline catabolism in *Aspergillus nidulans*. – współpraca z Institut de Génétique et Microbiologie IGM, Université Paris-sud, Orsay.

Dr Anna Góra-Sochacka, Aneta Więsyk (IBB), Prof. Thierry Candresse. Analysis of PSTVd genome plasticity. – współpraca z Institut de Biologie Végétale et Moléculaire IBVM INRA, Bordeaux.

Mgr. Renata Grzela (IBB), Dr Jadwiga Choroboczek. Structure / function studies of VPg, a terminal protein of potato virus Y . – współpraca z Institut de Biologie Structurale IBS, Grenoble.

Dr Anna Przykorska (IBB), Prof. Catherine Florentz. Plant nucleases as structural probes to search for the structure of RNA and DNA. – współpraca z Institut de Biologie Moléculaire et Cellulaire IBMC CNRS, Strasbourg.

Dr Bożenna Rempola, Iwona Karkusiewicz, Hanna Kozłowska (IBB), Prof. Christopher Herbert. Characterisation of proteins interacting with Krr1p in ribosome biogenesis. – współpraca z Centre de Génétique Moléculaire CGM CNRS, Gif-sur-Yvette.

Dr Jerzy Smagowicz, Karol Balicki (IBB), Prof. André Sentenac. Two-hybrid and immunoprecipitation search for yeast proteins interacting with NTF C160, a fragment of the large subunit of RNA polymerase III that corrects the defects in Maf1p, repressor of this enzyme. – współpraca z Centre d'Études Nucléaires CEA, Saclay.

Dr Paweł Stróżycki, Alina Kasperska, Iwona Femiak (IBCh), Prof. Jean-François Briat, Prof. Adam Kondorosi, Dr Yves Dessaux. Ferritin in development of symbiotic interactions. – współpraca z Institut des Sciences Végétales ISV CNRS, Gif-sur-Yvette oraz Institut National de la Recherche Agronomique et École Nationale Supérieure d'Agronomie ENSA INRA, Montpellier.

Wyjazdy finansowane przez CPFBR w roku 2003:

Dr. Anna Gambin, 2 tygodniowy staż (12.07-31.07.2003) w Centre de Génétique Moléculaire CGM CNRS, Gif-sur-Yvette. Praca badawcza pt. “Microbial phylogeny based on whole genome sequences”.

Mgr. Agnieszka Gozdek, 2 tygodniowy staż (29.04-12.05.2003) w Institut de Biologie Structurale IBS CNRS, Grenoble. Praca badawcza pt. “Study of interactions between helicase of Hepatitis C virus and a peptidic inhibitor”.

Dr. Róża Kucharczyk, miesięczny staż (17.05 do 22.06.2003) w Institut Jacques Monod IJM, Université Paris VII, Paris. Praca badawcza pt. “Analysis of potential interactants of yeast Ccz1 protein found in a two-hybrid screen”.

Mgr. Marta Kwapisz, 3 miesięczny staż (02.01 do 01.04.2003) w Institut de Génétique et Microbiologie, Université Paris-sud, Orsay. Praca badawcza pt. “Investigation of the mechanism of cooperation involving ubiquitination and translation in *S. cerevisiae*”.

Mgr. Mariusz Mucha, 3 miesięczny staż (01.02 do 30.04.2003) w Institut Jacques Monod IJM, Université Paris VII, Paris. Praca badawcza pt. “The GC rich sequences as stimulators of transcription and recombination in the eucaryotic cells”.

Mgr. Mariusz Nowacki, 3 miesięczny staż (01.10-24.12.2003) w École Normale Supérieure ENS CNRS, Paris. Praca badawcza pt. “Study of the hnRNP-like protein NOWA and its role during early development of the ciliate *P. tetraurelia*”.

Mgr. Jacek Nowak, 3 miesięczny staż (01.03 do 31.05.2003) w Centre de Génétique Moléculaire CGM CNRS, Gif-sur-Yvette. Praca badawcza pt. “Annotation of a 1 megabase sequenced *Paramecium* somatic chromosome and functional analysis of the genes located on the chromosome”.

Mgr. Krzysztof Olszak, 2 miesięczny staż (01.09-31.10.2003) w Institut de Biologie Moléculaire et Cellulaire IBMC, Strasbourg. Praca badawcza pt. “Study of the secondary structure of the human mitochondrial tRNA”.

Mgr. Lidia Polkowska-Kowalczyk, 3 miesięczny staż (13.01 do 11.04.2003) w Centre d'Études Nucléaires CEA, Cadarache. Praca badawcza pt. “Lipid peroxydation processes in *Solanum* species in response to *P. infestans*”.

Mgr. Marta Przedlacka, 2.5 miesięczny staż (01.10-15.12.2003) w Laboratoire d'Écologie et Écophysiologie Forestières, Université Henri Poincaré, Nancy. Praca badawcza pt. "Characterization of respiratory activities in mitochondria of barley roots and leaves".

Mgr. Małgorzata Rak, 3 miesięczny staż (01.09-30.11.2003) w Institut de Biochimie et Génétique Cellulaires IBGC CNRS, Bordeaux. Praca badawcza pt. "Investigations of a mutation on atp6 gene that is responsible for the NARP syndrome in human".

Dr. Wiesław Smagowicz, miesięczny staż (01.09-30.09.2003) w Centre d'Études Nucléaires CEA, Saclay. Praca badawcza pt. "Immunoprecipitation search for cellular partners of N-terminal fragment of C160, large subunit of RNA polymerase III that suppresses the defects in Maf1p, repressor of pol III transcription".

Dr. Ewa Szolajska, miesięczny staż (01.03 do 31.03.2003) w Institut de Biologie Structurale IBS CNRS, Grenoble. Praca badawcza pt. "Involvement of two novel proteins in adenovirus endocytosis".

Mgr. Monika Wysocka, 2 miesięczny staż (01.10-29.11.2003) w Institut Curie, Paris. Praca badawcza pt. "The functional analysis of CSM1 protein".

Mgr. Marek Żywicki, 3 miesięczny staż (15.09-15.12.2003) w Institut de Biologie Moléculaire des Plantes IBMP CNRS, Strasbourg. Praca badawcza pt. "Search for noncoding RNA genes in plant mitochondria".

W wyniku badań w ramach tematyki Centrum w okresie od 1994r. do 2003r. opublikowana ogółem 244 prace, w tym 119 komunikatów. W roku sprawozdawczym ukazały się liczne publikacje (w ramach CPF), również prace naukowe poza IBB PAN:

1. Strozycki P., Skapska A., Szczesniak K., Sobieszczuk E., Briat J-F., Legocki A. (2003). Differential expression and evolutionary analysis of the three ferritin genes in the legume plant *Lupinus luteus*. *Physiol. Plantarum*, 118: 380-389.
2. Szal B., Jolivet Y., Hasenfratz-Sauder M-P., Dizengremel P., Rychter A. (2003). Oxygen concentration regulates alternative oxidase expression in barley roots during hypoxia and post-hypoxia. *Physiol. Plantarum*, 119: 494-502.
3. Wyszko E., Barciszewska M., Markiewicz M., Szymanski M., Markiewicz W., Clark B., Barciszewski J. (2003). "Action-at-a distance" of a new DNA oxidative damage product 6-furfuryl-adenine (kinetin) on template properties of modified DNA. *Biochim. Biophys. Acta*, 1625: 239-245.

PUBLIKACJE: 3701

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA

Zespół: doc. dr hab. Barbara Tudek, dr Jarosław Cieśla, dr Anna Bębenek, dr Elżbieta Speina, mgr Paweł Kowalczyk, mgr Tomasz Obtulowicz, mgr Gertruda Pokrywińska, mgr Maja Zielińska, mgr Leena Maddukuri, mgr Edyta Łysik (od 1.11. 2003)

Stres oksydacyjny i peroksydacja lipidów (LPO) są przyczyną chorób degeneracyjnych człowieka, w tym powstawania nowotworów. LPO prowadzi do powstawania adduktów do zasad DNA, m.in. 1, N^6 -etenoadeniny (ϵ A) i 3, N^4 -etenocytozyny. Wyniki wcześniejszych badań wskazywały, że jedno z uszkodzeń – ϵ A – jest chemicznie niestabilna i ulega rearanzacji do wtórnych uszkodzeń określonych jako związki **B**, **C** i **D**, z których związek **C**, z otwartym pierścieniem pirymidynowym, jest ok. 20-krotnie bardziej mutageny niż ϵ A. W celu wyjaśnienia mechanizmu powstawania mutacji na skutek rearanzacji 1, N^6 -etenoadeniny, badano wydajność i wierność replikacji przez różne polimerazy DNA na matrycach zawierających związek **B** oraz **C**. Zaobserwowano, że obecność **B** silnie blokuje syntezę DNA *in vitro*. Synteza przez uszkodzenie **C** była łatwiejsza niż przez ϵ A. Przejściu przez pochodną **C** towarzyszyło błędne włączanie naprzeciw niej adenozyiny lub guanozyiny, choć obserwowano również włączanie tymidyny, prowadzące do przywrócenia prawidłowej pary A:T. Obecność w matrycy ϵ A i jej pochodnych powodowała również pojawianie się oligonukleotydów krótszych o 1–2 nukleotydy od produktu pełnej długości, co może prowadzić do powstawania delecji.

Badano wpływ fagowych białek towarzyszących replikacji (gp32-ssb, gp45-czynnik procesywności, oraz gp44/62 czynnik ładujący białko na DNA) na procesywność polimerazy RB69D222/A (Exo^-) i polimerazy RB69 Y567A/D327A (Y567A Exo^-) a także korelację pomiędzy procesywną syntezą a częstością i specyficznością powstawania mutacji. Ponadto prowadzone są badania nad wpływem mutacji w polimerazie RB69 na wierność replikacji *in vivo*. Przedmiotem badań są mutacje L561A (okolica centrum aktywnego), oraz N711A, Y720A (nirkonserwowane reszty aminokwasowe domeny kciuka).

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalenie zachowania się pochodnych ϵ A podczas syntezy DNA *in vitro*.

PUBLIKACJE: 3717, 3751, 3752, 3801, 64/M, 76/M, 84/M, 304/N, 306/N, 1817/A, 1849/A, 1816/A, 1869/A

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne

Zespół: dr hab. Elżbieta Grzesiuk, dr Anna Sikora (od 01.09. na urlopie macierzyńskim),
dr Anetta Nowosielska (staż podoktorski USA), mgr Jadwiga Nieminuszczy,
prof. Celina Janion (1/3 etatu)

Poszukiwano aktywności antybakteryjnej (ABA) w soku trzustkowym prosiąt. Zagęszczono czynnik antybakteryjny poprzez ogrzewanie (65°C przez 30 min), frakcjonowanie przy zastosowaniu chromatografii kolumnowej, precypitację etanolem i liofilizację. W rezultacie uzyskano frakcję o silnej aktywności antybakteryjnej wobec laboratoryjnego szczepu *E.coli* AB1157, wykazującą aktywność w pH powyżej 8. Frakcja ta hamowała wzrost bakterii ok. 10 000 razy i dawała przejaśnienie murawy bakteryjnej w teście kropelkowym (spot test). Wyniki analizy SDS-PAGE, spektrometrii mas i MRJ pozwalają na stwierdzenie, że czynnik ABA jest białkiem o wielkości poniżej 14 000 Da, które jest analogiczne do izolowanego z trzustki świni polipeptydu spazmolitycznego PSP, charakteryzującego się wysoką zawartością aminokwasów lizyny i argininy. Trwają prace nad pełną identyfikacją białka ABA.

Badano mutagenezę spontaniczną w komórkach fazy logarytmicznej i stacjonarnej w szczepach *E.coli* AB1157 *mutD5* i *dnaQ49* zmutowanych w podjednostce ϵ polimerazy III (głównej polimerazy replikacyjnej *E.coli*). Do badań wykorzystano system rewersji do prototrofii *argE3*→ Arg^+ . Zaobserwowano, że w badanych mutantach, a szczególnie w mutancie *dnaQ49*, system SOS jest zaindukowany. Ponieważ pod kontrolą tego systemu znajdują się polimerazy reperacyjne pol II, pol IV i pol V to można było przypuszczać iż w mutantach *mutD5* i *dnaQ49* biorą one udział w naprawie błędów wprowadzanych podczas syntezy DNA na skutek braku aktywności korektorskiej podjednostki ϵ polimerazy III. Konstruując szereg mutantów delecyjnych w genach *polB*, *dinB* i *umuDC* kodujących odpowiednio polimerazy II, IV i V, wykazano, że w komórkach *E.coli mutD5* w fazie logarytmicznej, spośród trzech polimeraz najważniejszą rolę odgrywa działająca w sposób bezbłędny pol II, podczas gdy w fazie stacjonarnej działają raczej polimerazy o niskiej wierności pol V i pol IV.

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Charakterystyka białka o właściwościach antybakteryjnych z soku trzustkowego świni.
2. Określenie roli polimeraz reperacyjnych w mutagenезie spontanicznej w szczepach *E.coli*.

PUBLIKACJE: 3706, 3726, 3734, 1799/A, 1800/A, 18001/A, 1866/A, 1882/A, 76/M, 79/M, 316/N, 319/N

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

Zespół: doc. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy, mgr Aneta Bartosik, mgr Patrycja Dołowy, mgr Anna Gapczyńska, mgr Anna Kulińska, mgr Krzysztof Lasocki, mgr Małgorzata Macioszek, mgr Jolanta Mierzejewska

Stabilność niskokopijnych plazmidów, wśród nich IncP, w komórkach bakteryjnych zależy m.in. od systemów aktywnego rozdziału składających się z dwóch komponentów białkowych: ParA (ATPazy) i ParB (białka wiążącego DNA) oraz z sekwencji centromeropodobnej *parS*. Plazmid pRA3 (45kb) z grupy IncU koduje homologi białek podziałowych plazmidów IncP: IncC (ParA) i KorB (ParB). Rozpoczęto ustalanie sekwencji plazmidu RA3, co doprowadziło do identyfikacji następnych genów kodujących homologi białek z plazmidów IncP: KfrA i KfrC. Poprzednie nasze badania pokazały, że do pełnej stabilizacji plazmidu R751 (IncP-1 β) niezbędna jest aktywność α -helikalnego białka KfrA_{R751} i oddziaływujących z nim KfrB i KfrC, produktów tego samego operonu. Porównawcza analiza regionów stabilizacyjnych z dwóch grup plazmidów pozwoli zdefiniować minimalną kasety stabilizacyjną. Analiza transkrypcyjna zsekwencjonowanych fragmentów pRA3 wskazuje na istnienie systemu globalnej regulacji ekspresji genów. Plazmidy IncP były pierwszym i przez długi czas jedynym przykładem takiej skoordynowanej ekspresji genów.

Rodziny białek ParA i ParB obejmują białka plazmidowe i chromosomalne. Kontynuacja badań nad chromosomalnymi przedstawicielami rodzin ParA i ParB u *Pseudomonas aeruginosa* wykazała, że chromosomalne homologi mają wiele wspólnych cech z białkami plazmidowymi m.in. zdolność ParB_{P.a} do polimeryzacji i wyciszania genów sąsiadujących z tzw sekwencjami centromeropodobnymi. ParB_{P.a} wykazuje największe powinowactwo do 4 sekwencji *parS* położonych w regionie *oriC* (spośród 10 w genomie *P.aeruginosa*), co sugeruje możliwość regulacji inicjacji replikacji. Analiza mutantów *parA* i *parB* potwierdziła rolę tych białek w procesie segregacji chromosomów i regulacji cyklu komórkowego.

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Analiza porównawcza systemów aktywnego rozdziału plazmidów i białek pomocniczych IncP i IncU pozwala na zdefiniowanie minimalnej kasety stabilizacyjnej.
2. Chromosomalny homolog ParB wykazuje zdolność wyciszania transkrypcyjnego genów i wiąże się preferencyjnie do regionu *oriC* i być może uczestniczy w regulacji inicjacji replikacji.

PUBLIKACJE: 3737, 298/N, 1876/A

Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Ejchart, dr Jacek Wójcik, dr Waldemar Anczewski,
dr Beata Toczyłowska (1/4 etatu), dr Igor Zhukov, mgr Marta Oleszczuk,
mgr Hanna Kozłowska.

Badanie struktury wołowego białka S100A1.

Po wyznaczeniu struktury białka S100A1 w utlenionej formie *apo*, w której białko ma postać mieszanego dwusiarczku z merkaptoetanołem prowadzone są badania formy utlenionej glutationem oraz badania form wysyconych jonami wapnia i form zredukowanych.

Badanie wczesnych etapów powstawania helisy.

Kontynuując badania modelowe wczesnych etapów powstawania helisy otrzymano serię nieselektywnie znakowanych izotopem ^{15}N peptydów będących analogami trzeciej pętli wiążącej jony wapnia w kalmodulinie: AcDKDGDGYISAAE(A)_nhS, gdzie n=1-4 a hS – homoseryna w formie laktonowej. Wyznaczenie struktur peptydów, szybkości wymiany protonów H_N z rozpuszczalnikiem oraz parametrów relaksacyjnych jąder ^{15}N ma na celu określenie dynamiki konformacyjnej helisy α i oddziaływań stabilizujących tę konformację.

Analiza NMR płynu mózgowo-rdzeniowego pacjentów leczonych CDP-choliną.

Wykonano pomiary widm NMR płynu mózgowo-rdzeniowego pobranego od pacjentów po urazach mózgowo-czaszkowych i przeprowadzono analizę statystyczną 24 wybranych substancji znajdujących się w płynie podczas czternastodniowej terapii CDP-choliną w celu określenia możliwości monitorowania leczenia i przydatności CDP-choliny w takiej terapii.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowanie szybkiej i łatwej do implementacji metody zmniejszenia liczby wymiarów widm wielowymiarowych stosowanych przy badaniach strukturalnych białek; publikacja 3727.

PUBLIKACJE: 3707, 3711, 3721, 3727, 3729, 3742, 3743, 3755, 3769, 3770, 3789; 1786/A, 1787/A, 1788/A, 1789/A, 1818/A, 1837/A, 1851/A, 1864/A, 1865/A

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

Zespół: dr hab. Anna Szkopińska

Na podstawie wcześniej skonstruowanego trójwymiarowego modelu drożdżowej syntazy difosforanu farnezyli (FPPS) wybrane zostały aminokwasy, podstawienie których (mutacje punktowe w genie kodującym FPPS) pozwoliło na uzyskanie enzymu

charakteryzującego się różnymi aktywnościami. Zastosowanie otrzymanych mutantów wykazało korelację pomiędzy aktywnością FPPS, ilością syntetyzowanego ergosterolu i proliferacją komórek drożdżowych. Około 40% aktywności syntazy wystarczało do podtrzymania normalnego wzrostu mutantu. Przy dalszym obniżeniu aktywności (z 20 do 3 %) ilość ergosterolu pozostawała niezmieniona natomiast wydłużał się czas rozpoczęcia wzrostu oraz zmniejszała się ilość powstających komórek. Otrzymane wyniki sugerują, że niektóre stwierdzone, aczkolwiek nie całkowicie zrozumiałe funkcje ergosterolu takie jak inicjowanie i podtrzymywanie wzrostu komórek drożdżowych mogą być pełnione przez dostępną pulę difosforanu farnezyli (FPP). FPP jest substratem dla *trans*-prenyltransferazy syntetyzującej łańcuch boczny ubichinonów. Ponadto prenylowane GTP-wiążące białka regulują biosyntezę białek, transport błonowy oraz przekazywanie sygnałów z otaczającego środowiska do wnętrza komórki.

Najważniejszy wynik badawczy:

Funkcje pełnione w komórce drożdżowej przypisywane wcześniej ergosterolowi mogą być pełnione przez difosforan farnezyli.

PUBLIKACJE: 1863/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 Marianna Niczypor, mgr Maciej Maciejczyk

Zostały zakończone eksperymentalne i teoretyczne badania peptydów modelowych o sekwencji Ac-Asp-Lys-Asp-Gly-Asp-Gly-Tyr-Ile-Ser-Ala-Ala-Glu-(Ala)_n-NH₂ gdzie n = 1÷4, koordynujących jony lantanowców, mające na celu określenie parametrów termodynamicznych początkowych stadiów propagacji helisy α . Doświadczalnie wyznaczono entropię i entalpię początkowych kroków elongacji helisy w polialaninie (publikacja 3742). Wynikiem prac teoretycznych jest krytyczna ocena przydatności metody PGS (peptide growth simulation) i różnych systemów parametryzacji w symulacjach procesu tworzenia helisy α (publikacja w przygotowaniu).

Zakończono pomiary stałych wiązania wapnia do białka S100A1, jego mutantów Glu 32→Gln i Glu 73→Gln i chemicznie zmodyfikowanych cząsteczek tych białek otrzymanych przez zablokowanie grupy SH ich reszty Cys 85 przez β -merkaptetanol, glutation i cysteinę bądź przez utworzenie kowalencyjnego wiązania S-S pomiędzy dwoma podjednostkami białka. Wyniki badań, które są przedmiotem przygotowywanej obecnie publikacji, stanowią

pierwsze jak dotychczas, rzetelne studium mechanizmu wiązania wapnia przez białko będące typowym reprezentantem licznej i ważnej biologicznie rodziny białek S100 i wykazują, że glutationylacja dramatycznie zwiększa powinowadztwo białka S100A1 do wapnia, co sugeruje nieznany dotąd mechanizm regulacji aktywności biologicznej tego białka i jego homologów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wyznaczenie entalpii i entropii początkowych kroków powstającej helisy α . Wskazanie, że aktywność białek S100 może być regulowana przez glutationylację, a zatem białka te mogą pełnić rolę przekaźników pomiędzy dwoma głównymi szlakami sygnałowymi: wapniowym i oksydacyjno-redukcyjnym.

PUBLIKACJE: 3742, 1787/A

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek

Zespół: prof. dr hab. P.Zielenkiewicz, dr D. Płochocka, mgr P.Siedlecki, mgr G.Wieczorek

Syntaza dwufosforanu farnezyli (FPPS) jest jednym z enzymów szlaku mewalonowego, którego końcowymi produktami są dolichole, ubiquinony i sterole. Zasadniczym składnikiem błon komórkowych w drożdżach jest ergosterol, a substratami jego syntezy są produkty FPPS. Ze względu na istotną rolę ergosterolu, poziom jego syntezy musi być ściśle kontrolowany, Skonstruowano przestrzenny model drożdżowej FPP syntazy i na tej podstawie zaprojektowano punktowe mutacje enzymu prowadzące do zmiany jego aktywności: F96W, K197E, K197R oraz K197V. Pozwoliło to na eksperymentalne wykazanie zależności między aktywnością FPPS oraz poziomem syntezy ergosterolu a także wzrostem komórek.

Program do Dynamiki Brownowskiej został rozbudowany w kierunku pozwalającym na wydajną pracę z dużymi zespołami cząsteczek opisanych w skali atomowej. Zostało to osiągnięte dzięki:

- 1) implementacji wydajnego wielopoziomowego algorytmu klasteryzacji,
- 2) zmianie używanych struktur danych w celu wydajniejszego gospodarowania zasobami komputera,
- 3) optymalizacji wielu fragmentów kodu.

Sumarycznie powyższe punkty wymusiły prawie całkowite przepisanie kodu programu. Ponadto rozwinięta została technika prowadzenia obliczeń w środowisku rozproszonym. Pozwoliło to na otrzymanie statystycznie istotnych wyników, to jest stałych szybkości reakcji

lizozymu jaja kurzego oraz specyficznego do niego przeciwciała w warunkach zatłoczenia środowiska reakcji.

Zaprojektowano zmodyfikowany, mniej toksyczny i bardziej wydajny inhibitora metylotransferazy DNMT1. Stworzono narzędzia potrzebnych do posługiwania się bazą cząsteczek National Cancer Institute (ponad 250000 struktur). Przeszukano bazy i znaleziono cząsteczki będących dobrymi inhibitorami enzymu DNMT1. Wyróżniono wzór chemiczny preferowany przez centrum aktywne DNMT1. Dwa znalezione związki poddano testom laboratoryjnym w DKFZ na dwóch różnych linach komórek nowotworowych - wyraźnie potwierdziły one przewidywania teoretyczne. Oba związki są silnymi inhibitorami ludzkiego enzymu DNMT1, a jednocześnie są bardzo nisko toksyczne. Wyniki są w trakcie patentowania.

Wykorzystując dynamikę molekularną podjąłem próbę wyjaśnienia nietypowej fosforylacji kinazy OSAK (współpraca dr hab. Grażyną Dobrowolską).

PUBLIKACJE: 3731,3744, 1810/A, 1863/A

Temat nr 48: Badania wczesnych etapów zwijania i agregacji białek

Zespół: dr hab. Michał Dadlez, mgr Agnieszka Jabłonowska, mgr Małgorzata Kowalska, mgr Izabela Waśko, Anna Kupniewska-Kozak

Kontynuowano badania oligomerów peptydu A β związanego z chorobą Alzheimera. Wykonano serię wariantów peptydu z mutacjami punktowymi (F20A, F19A, V18A, L17A) w obrębie rdzenia hydrofobowego odpowiedzialnego za agregację. Wykonano mutanty bądź w formie z etykietkami cysteinowymi bądź bez. Prowadzono badania kinetyki tworzenia mostków dwusiarczkowych, które pozwoliły stwierdzić znaczącą preferencję dla równoległego parowania monomerów w oligomerach. W mutancie punktowym F19A ta preferencja znika, zaś w mutantach F20A i V18A pozostaje niezmienną. Z drugiej strony badania spektrometrii mas oddziaływań niekowalencyjnych pokazują, że w mutancie F19A oligomery są nadal tworzone. Wnioskujemy stąd, że obecność łańcucha bocznego fenyloalaniny 19 jest niezbędna dla utrzymania równoległej preferencji parowania monomerów w oligomerach, która wydaje się niezbędna do stabilizacji wyższych form zagregowanych i tworzenia włókien. Po mutacji oligomery nadal się tworzą, jednak równie stabilne są formy równoległe jak i antyrównoległe, co prawdopodobnie destabilizuje agregaty wyższego rzędu. Zbadano również zależność stężeniową stabilności oligomerów i wyznaczono zakres, w którym oligomery mogą być obserwowane. Obecnie prowadzimy

badania wymiany proton-deuter w formie dimerycznej ustabilizowanej mostkiem dwusiarczkowym w celu określenia pozycji sekwencji zaangażowanych w stabilizację struktury równoległej w dimerach.

Najważniejszy wynik badawczy:

Określenie reszt aminokwasowych w peptydzie A□□ odpowiedzialnych za stabilizację równoległego ułożenia monomerów w oligomerach.

PUBLIKACJE: 3704, 3712, 3745, 3794.

Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych

Zespół: dr hab. Jacek Bardowski, mgr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, mgr Magdalena Kowalczyk, mgr Agnieszka Szczepańska, mgr Roman Górecki, mgr Anna Koryszewska

Badania dotyczące sprzężonego katabolizmu laktozy i celobiozy kontynuowano dwutorowo. Z jednej strony prowadzono dalszą charakterystykę funkcjonalną genów wchodzących w skład trzech operonów, które jak wykazano, są zaangażowane w katabolizm laktozy, celobiozy oraz innych β -glukozydów. W regionach poprzedzających większość z tych genów stwierdzono występowanie sekwencji *cre*, sugerującej kontrolę ich ekspresji poprzez białko regulatorowe CcpA. Fuzje transkrypcyjne tych genów z genami reporterowymi lucyferazy, *luxAB*, wykazały efekt represji glukozowej, potwierdzając tym samym udział białka CcpA w mechanizmach regulacyjnych. Z drugiej strony, stosując podejście transkryptomyczne (technika makromacierzy DNA – macroarrays), zbadano wpływ mutacji w genach *ccpA* i *bglR* na ekspresję genów chromosomowych, wykazujących homologie do genów kodujących białka, biorące udział w katabolizmie w/w cukrów. W celu zidentyfikowania genów chromosomowych, zaangażowanych w katabolizm wymienionych β -glukozydów, przeanalizowano dostępną kompletną sekwencję genomu *Lactococcus lactis* IL1403. Wybrane geny, reprezentujące wszystkie występujące systemy PEP:PTS, β -glikozydazy, fosforylasy mogące pełnić funkcję β -glikozydaz, zamplifikowano w reakcji PCR i oczyszczono. Produkty te zostały użyte w technice macroarrays do przeprowadzenia analizy ekspresji wybranych genów na poziomie transkrypcji, w szczepach dzikim IL1403 i jego mutantach *ccpA*⁻ i *bglR*⁻ oraz podwójnym mutancie *ccpA*⁻, *bglR*⁻, na podłożu CDM z różnymi cukrami.

Ponadto sklonowano gen *ccpA* w wektorze ekspresyjnym w komórkach *E. coli*, uzyskując nadprodukcję białka CcpA. Białko to oczyszczono do homogenności, wykazując jednocześnie że może ono tworzyć struktury oligomeryczne. Białko CcpA zostanie użyte w

przeprowadzeniu doświadczeń, mających na celu badanie wiązania się CcpA do DNA (wybranych sekwencji cre).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że w transport celobiozy u *Lactococcus lactis* IL1403 zaangażowany jest system PEP:PTS kodowany przez geny *celB*, *ptcB*, *paca*; system ten jest reprimowany przez białko CcpA i nie podlega regulacji przez białko BglR.

PUBLIKACJE: 3736, 1785/A, 1792/A, 1793/A, 1794/A, 66/M, 67/M, 68/M, 69/M, 70/M, 71/M, 72/M, 73/M, 74/M, 75/M

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach

Zespół: doc. Grazyna Dobrowolska, mgr Anna Kelner, mgr Izabela Pękala

Kontynuowano badania dotyczące przewodzenia sygnału stresu osmotycznego w roślinie. Badania nasze koncentrują się na charakterystyce kinazy białkowej OSAK (z ang. Osmotic Stress-Activated Kinase), która ulega silnej aktywacji już w pierwszej minucie stresu. Nasze wcześniejsze wyniki wykazały, że w aktywnej formie badanego enzymu seryny 154 i 158 znajdujące się w pętli aktywacyjnej kinazy są ufosforylowane. Obecnie wykazano, że zmiany aktywności OSAK pod wpływem stresu są ściśle skorelowane z ufosforylowaniem seryn 154 i 158. W komórkach nie stresowanych OSAK jest nieufosforylowany i nie jest aktywny, po 1 minucie traktowania stesorem obie analizowane reszty seryny są ufosforylowane i enzym wykazuje aktywność kinazową, po 2 godzinach stresu natomiast enzym ulega defosforylacji i jego aktywność zanika. OSAK izolowano za pomocą immunoprecipitacji (używając specyficznych przeciwciał). Analizowano aktywność immunokompleksów i ufosforylowanie seryn 154 i 158 w białku OSAK (we współpracy z Laboratorium Spektrometrii Masowej IBB PAN). Analiza roli fosforylacji obu zidentyfikowanych seryn za pomocą ukierunkowanej mutagenezy wykazała, że fosforylacja Ser 154, w przeciwieństwie do fosforylacji Ser 158, nie jest konieczna dla aktywności enzymu oraz, że najprawdopodobniej autofosforylacja jest jednym z etapów aktywacji OSAK.

Badano ekspresję genu kodującego OSAK: na poziomie mRNA (za pomocą reakcji RT-PCR) oraz na poziomie białka (za pomocą techniki Western blot). Uzyskane wyniki wskazują, że OSAK jest ekspresowany konstytutywnie w roślinie. Jego ekspresja jest największa w korzeniach i łodydze, znacznie mniejsza w liściach. Ekspresja tylko częściowo jest zależna od stresu osmotycznego. W komórkach tytoniu BY-2 obserwowano ok. 30-50%

wzrost transkrypcji genu kodującego OSAK po 30 min. traktowania stresorem. Po około 6 godzinach stresu ekspresja była taka jak w komórkach nie poddanych działaniu stresu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano korelację aktywności OSAK z ufosforylowaniem seryny 154 i 158 w pętli aktywacyjnej kinazy. Fosforylacja tych reszt jest najprawdopodobniej odpowiedzialna za aktywację enzymu w odpowiedzi na stres osmotyczny.

PUBLIKACJE: 305/N, 314/N, 1811/A, 1822/A, 1824/A, 1825/A, 1827/A, 1828/A, 1848/A, 1850/A

Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek

Zespół: dr Aleksandra Wyślouch-Cieszyńska, dr Małgorzata Adamczyk,
mgr Małgorzata Bajor, mgr Monika Zaręba, Liliya Zhukova

Celem pracy zespołu w roku 2003 było rozpoczęcie nowego projektu, który wyjaśni wpływ modyfikacji cystein w białkach S100A1 i S100B na oddziaływania tych białek z receptorem RAGE na poziomie strukturalnym, funkcjonalnym i proteomicznym. Wykazano, że cysteiny w białkach S100A1 i S100B ulegają modyfikacji pod wpływem małocząsteczkowych czynników utleniających w sposób zależny od wiązania przez te białka takich metali jak wapń, cynk lub miedź. Poprzez chemiczne modyfikacje rekombinowanych białek uzyskano S100A1 i S100B z modyfikowanymi cysteinami, również w formie znakowanej izotopami ^{15}N i ^{13}C niezbędnej do prowadzenia badań strukturalnych przy pomocy technik NMR. Zostały wykonane wszystkie pomiary NMR niezbędne do określenia wpływu nitrozytacji na zmianę konformacji białka S100A1. Badania strukturalne są również prowadzone z wykorzystaniem technik spektrometrii mas. Wskazują one na istotny wpływ modyfikacji cystein na konformację badanych białek. Opracowano też wydajne metody otrzymywania rekombinowanych domen V i VC1 receptora RAGE, odpowiedzialnych za wiązanie przez ten receptor zewnątrzkomórkowych ligandów takich jak białka S100. Prowadzone są badania oddziaływań między wszystkimi formami białek S100A1 i S100B a domenami receptora RAGE. Badania oddziaływań *in vitro* mają być skorelowane z badaniami na komórkach posiadających receptor RAGE, stąd rozszerzenie współpracy z grupą Prof. H. Rauvala (University of Helsinki) specjalizującą się w badaniach na tego typu komórkach. Współpraca ta ma również na celu określenie zmian modyfikacji redoks białek wewnątrzcząsteczkowych pod wpływem wiązania ligandów przez receptor RAGE przy pomocy metod proteomicznych opracowanych przez zespół. We współpracy z grupą Prof. E.

Darzynkiewicza (U.W.) kontynuowane są prace nad oddziaływaniami modyfikowanych czapeczek mRNA z selektywnie fosforylowanym czynnikiem inicjacji translacji eIF4E uzyskanym poprzez sprzężenie technik syntezy organicznej oraz biologii molekularnej.

Najważniejszy wynik badawczy:

Cysteiny w białkach S100A1 i S100B ulegają modyfikacji pod wpływem endogennych czynników utleniających w sposób zależny od wiązania przez te białka wapnia, cynku lub miedzi. Modyfikacje te wpływają na konformację i aktywność biologiczną S100A1 i S100B.

PUBLIKACJE: 3704, 3806, 1883/A

Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego *Arabidopsis thaliana*

Zespół: dr Elżbieta Kraszewska, Prof. dr hab. Jerzy Buchowicz, dr Marta Dobrzańska, dr Blanka Szurmak, dr Maria Bucholc, mgr Arkadiusz Ciesielski, mgr Kamil Olejnik

Spośród słabo dotychczas poznanych mechanizmów naprawy DNA w komórkach roślinnych wybrano badania nad naprawą uszkodzeń oksydacyjnych, w których m.in. bierze udział antymutatorowe białko MuT oraz reperacją dwuniciowych pęknięć, naprawianych przy udziale białka Ku70. Identyfikacja i wstępna charakterystyka roślinnych homologów tych białek dały nieoczekiwane wyniki wskazujące na udział białek MutT oraz białka Ku70 w innych, niż naprawa DNA, procesach metabolicznych.

Cechą charakterystyczną antymutatorowego białka MutT z *E. coli* jest obecność zakonserwowanej domeny aminokwasowej zwanej uprzednio motywem MutT, a obecnie motywem Nudix. Białka Nudix to hydrolazy różnych pochodnych nukleozydodwufosforanów zaangażowane w regulację wielu procesów metabolicznych (m.in. transdukcji sygnałów, ADP-rybozylacji białek, potencjału redox). W genomie *A.thaliana* zidentyfikowano 27 otwartych ramek odczytu zawierających domenę Nudix. Pierwszym sklonowanym w tutejszej pracowni genem był gen z locusa oznaczonego, w bazie danych TIGR, symbolem At1g 68760 kodujący hydrolazę NADH. Wyniki tej pracy zostały już opublikowane (nr.bibl.3693). Oczyszcziliśmy też dwa następne białka kodowane przez geny z loci At1g30110 oraz At4g12720. Wstępne wyniki wykazały, że pierwszy z peptydów hydrolizuje Ap₄A a następny FAD.

Po sklonowaniu genu Ku70 z *Arabidopsis thaliana* prowadziliśmy badania mające na celu ustalenie funkcji białka Ku70 w komórkach roślinnych, poprzez identyfikację białek tworzących z nim kompleksy.. Poszukiwania były prowadzone przy pomocy drożdżowego systemu dwuhybrydowego. Oczekiwaliśmy, że wyselekcjonowane w ten sposób cDNA będą

kodowały białka kompleksów naprawczych lub telomerowych. Pierwszym zidentyfikowanym w ten sposób klonem cDNA okazał się klon kodujący domenę regulatorową fitochromu B. Odkrycie to było zaskakujące ponieważ fitochrom B jest pierwszym czynnikiem szlaku transdukcji sygnału świetlnego w komórce roślinnej. Obserwacja ta rzuca całkiem nowe światło na mechanizmy leżące u podstaw działania białka Ku w komórkach. Wstępne wyniki sugerują, że do tej interakcji jest niezbędna N-końcowa domena białka Ku70.

Do dorobku publikacyjnego grupy należy zaliczyć również rozdział w książce *Methods of Plant Analysis* (nr.bibl. 3788) autorstwa J. Buchowicza i C. Krysiaka.

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Klonowanie Klonowanie scharakteryzowanie pierwszego genu z rodziny Nudix *A thaliana*
2. Zidentyfikowanie interakcji pomiędzy białkiem Ku70 i fitochromem B.

PUBLIKACJE: 3693

Temat nr 53: Zastosowanie metod bioinformatyki do analizy genomów

Zespół: dr Andrzej M. Kierzek, mgr inż. Jolanta Zaim, mgr Jacek Puchałka

W ramach tematu statutowego 53 opracowano model domeny oddziałującej z DNA dla rodziny bakteryjnych czynników transkrypcyjnych LTTR, stanowiących najliczniejszą rodzinę bakteryjnych białek wiążących DNA. Model został użyty do interpretacji wyników doświadczalnych dotyczących mechanizmów oddziaływania białek LTTR z DNA oraz z C-końcową domeną podjednostki alfa polimerazy RNA. Analizowano także strukturę czwartorzędową białek LTTR. Wyniki tych badań zostały opublikowane w piśmie *Nucleic Acids Research*. Metody analizy sekwencji i struktury zostały także użyte do analizy struktury domen w białku AID (activation induced cytidine deaminase). Białko to jest kluczowym czynnikiem w mechanizmach różnicowania immunoglobulin i jest związane z chorobami układu immunologicznego. Zaproponowaliśmy model struktury domen alternatywny do obowiązującego w dotychczasowej literaturze. Wyniki zostały opublikowane jako list do pisma *Nature Immunology*.

Opracowano nowy algorytm stochastycznych symulacji kinetyki sieci reakcji biochemicznych. Algorytm umożliwia badanie efektów losowych fluktuacji w modelach uwzględniających jednocześnie ekspresję genów, aktywność enzymatyczną, procesy transportu i przekazywanie sygnału poprzez kaskady kinaz. Takie symulacje nie były dotychczas możliwe ze względu na różnicę wielu rzędów wielkości w parametrach kinetycznych reakcji elementarnych. Nowy algorytm został przetestowany na przykładzie

modelu metabolizmu glukozy, laktozy i glicerolu u *Escherichia coli*. Pokazano, że efekty losowych fluktuacji w ekspresji genów wpływają na procesy metaboliczne i powodują dziedziczną epigenetycznie różnorodność w populacji bakterii o identycznym materiale genetycznym. Wyniki zostały zaakceptowane do publikacji w piśmie *Biophysical Journal*.

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Model domeny wiążącej DNA dla rodziny białek LTTR.
2. Model organizacji domen białka AID.
3. Nowy algorytm stochastycznych symulacji kinetyki sieci reakcji biochemicznych.

PUBLIKACJE: 3710, 83/M

Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie

Zespół: doc. dr hab. Wojciech Bał, mgr Edyta Kopera, mgr Artur Krężel (Uniwersytet Wrocławski), mgr Magdalena Sokołowska (Uniwersytet Wrocławski)

W roku 2003 kontynuowano badania mechanizmów karcynogenezy niklowej oraz właściwości chemicznych glutationu, z punktu widzenia potencjalnego zaangażowania tej cząsteczki w procesach homeostazy i toksyczności jonów metali. W obrębie tych tematów opublikowano 6 artykułów. Wykazano, że uszkodzenie histonu H2A przez Ni(II) zachodzi *in vivo*, że Ni(II) może bezpośrednio atakować palec cynkowy białka XPA, że wiązanie GSH do Zn(II) jest tak silne, że może zachodzić *in vivo*, że GSH przybiera w roztworze kształt litery E oraz że GSH wiąże Ni(II) niezbyt efektywnie, ale może ułatwiać atak Ni(II) i innych jonów metali na palce cynkowe. Sfinalizowano również dwa mniejsze tematy badawcze: zbadano zdolności wiązania jonów metali przez TCEP, związek ochronny dla grup tiolowych, stwierdzono, we współpracy z AM Białystok, że jon Cu(II) uczula mięśnie macicy na wazopresynę, a także podano nowy wzór, wiążący kwasowość roztworu w wodzie zwykłej i ciężkiej (praca ukaże się w 2004).

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Uzyskanie nowego modelu właściwości strukturalnych i koordynacyjnych glutationu.
2. Wykazanie na modelu peptydowym istnienia nowego mechanizmu toksyczności niklu.

PUBLIKACJE: 3702, 3707, 3708, 3713, 3739, 3766, 3773, 3807

Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej

Koordinacja: prof. Andrzej Rabczenko

W ramach działalności Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej w okresie od stycznia do grudnia 2003, IBB PAN odwiedziło 51 naukowców z Unii Europejskiej i krajów stowarzyszonych, a także 50 naukowców z IBB wyjechało do europejskich laboratoriów lub wzięło udział w konferencjach i krótkich wizytach roboczych.

Organizacja spotkań, warsztatów i konferencji:

1. Third European Workshop On „*In Vitro HCV Chemotherapy*” w Warszawie (17 – 19 stycznia 2003) CEMB było współorganizatorem i sponsorem workshopu (uczestników 30, finansowanych 2).
2. Spotkanie Rady Naukowej CEMB (24 – 25 maja 2003), która oceniła roczną działalność Centrum (uczestników 20, finansowanych 9).
3. Trzecia Międzynarodowa Konferencja „*Inhibitors of Protein Kinases*” w Warszawie (22 – 26 czerwca 2003): CEMB było współorganizatorem konferencji, która co dwa lata odbywa się na terenie Kampusu Ochota w Warszawie i jest organizowana dzięki szerokiej współpracy jednostek naukowych z tego terenu m.in. ICM UW, Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, IBB PAN (uczestników 160).
4. Workshop “*Phosphoryl-Transfer Mechanisms*” (27 – 28 czerwca 2003) w Warszawie: CEMB było współorganizatorem workshopu, który stanowił kontynuację konferencji IPK (uczestników 60).
5. Workshop “*International Summer School in Computational Biology* “ (31 sierpnia – 9 września 2003) w Warszawie: CEMB było współorganizatorem workshopu, który był skierowany do studentów studiów doktoranckich. Głównym organizatorem był Wydział Matematyki UW (uczestników 100).
6. Workshop “*Plant Molecular Biology Programmes and Perspectives in an Enlarged Europe*” (21 – 23 listopada 2003) zorganizowany w Warszawie przez CEMB wraz z Centrum Polsko-Francuskim Biotechnologii Roślin, skierowany do naukowców z kilkunastu krajów europejskich, krajów stowarzyszonych oraz Rosji i Ukrainy (uczestników 120 osób, finansowanych 15).

CEMB administruje również program stypendialny Marie Curie Training Site, skierowany do studentów studiów doktoranckich z krajów UE (w r. 2003 przyjęto dwoje stypendystów).

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów – działalność usługowa

W ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 2 896 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 377 37 741 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 650bp daje 24 531 650 zasad.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

		Ilość matryc	Ilość oligonukleotydów
1.	Zakład Genetyki	692	202
2.	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	954	460
3.	Zakład Biosyntezy Białka	416	156
4.	Zakład Biochemii Roślin	216	165
5.	Zakład Biofizyki	141	45
6.	Zakład Biologii Molekularnej	12	57
7.	Zakład Genetyki UW	767	386
8.	Pracownia Metagenezy i Reperacji DNA	129	68
9.	Pracownia Glikobiologii Grzybów	114	67
10.	Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	34.300	1.290

Oprócz zamówień z Instytutu Biochemii i Biofizyki zrealizowane zostały zamówienia na sekwencjonowanie DNA i syntezę oligonukleotydów dla zleceniodawców spoza Instytutu:

1.	Uniwersytet w Białymstoku
2.	Akademia Techniczno-Rolnicza Wydział Rolniczy
3.	Akademia Medyczna - Samodzielna Pracownia Endokrynologii i Diagnostyki Laboratoryjnej w Gdańsku
4.	Bio-Diagnostyka sp. z o.o. Gdańsk
5.	DNA Gdańsk s.c.
6.	EURx sp. z o.o. w Gdańsku
7.	Miedzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG-AMG
8.	Politechnika Gdańska
9.	Samodzielny Publiczny Szpital Kliniczny AM Nr2 w Gdańsku
10.	Uniwersytet Gdański Katedra Biochemii
11.	Katedra Zoologii Bezkręgowców Uniwersytet Gdański
12.	Morski Instytut Rybacki w Gdyni
13.	Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN - Gołysz

14.	Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN- Jastrzębiec
15.	Śląska Akademia Medyczna w Katowicach
16.	Akademia Świetokrzyska im Jana Kochanowskiego w Kielcach
17.	Instytut Dendrologii PAN - Kórnik
18.	Collegium Medicum Uniwersytet Jagielloński – Kraków
19.	Instytut Biologii Molekularnej Uniwersytet Jagielloński – Kraków
20.	Instytut Farmakologii w Krakowie
21.	Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN w Krakowie
22.	Instytut Zootechniki w Krakowie
23.	Katedra Genetyki, Hodowli i Nasiennictwa - Akademia Rolnicza w Krakowie
24.	Akademia Medyczna w Lublinie
25.	Akademia Rolnicza w Lublinie, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt
26.	Akademia Rolnicza w Lublinie, Wydział Medycyny Weterynaryjnej
27.	Katolicki Uniwersytet Lubelski
28.	Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie
29.	Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN w Łodzi
30.	Centrum Mikrobiologii i Wirusologii PAN w Łodzi
31.	Instytut Medycyny Pracy w Łodzi
32.	Politechnika Łódzka, Wydział Chemii Spożywczej i Biotechnologii
33.	Szpital Kliniczny Nr3 Samodzielny Akademicki Publiczny ZOZ w Łodzi
34.	Uniwersytet Medyczny w Łodzi
35.	Zakład Genetyki Drobnoustrojów Uniwersytet Łódzki
36.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Młochowie
37.	Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN Olsztynie
38.	Uniwersytet Warmińsko - Mazurski
39.	Uniwersytet Opolski
40.	Akademia Medyczna im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
41.	Akademia Rolnicza w Poznaniu
42.	Akademia Wychowania Fizycznego im. Eugeniusza Piaseckiego w Poznaniu
43.	Centrum Alergologii Dr Med. Teresa Hoffman - Poznań
44.	Instytut Chemii Bioorganicznej w Poznaniu
45.	Instytut Genetyki Człowieka PAN - Poznań
46.	Instytut Genetyki Roślin w Poznaniu
47.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Oddział Poznań
48.	Instytut Ochrony Roślin w Poznaniu
49.	Prywatny Gabinet Lekarski Lek. Ewa Matuszewska - Poznań
50.	Wydział Biologii Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
51.	Biowet Puławy Sp. Z o.o. w Puławach
52.	Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Puławach
53.	Państwowy Instytut Weterynaryjny- Puławy
54.	Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii w Puławach
55.	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie
56.	Akademia Podlaska Instytut Bioinżynierii i Hodowli Zwierząt w Siedlcach
57.	Instytut Sadownictwa i Kwiaciarstwa w Skierniewicach
58.	Instytut Warzywnictwa w Skierniewicach
59.	Pomorska Akademia Pedagogiczna w Słupsku
60.	Instytut Oceanologii PAN - Sopot
61.	Akademia Rolnicza w Szczecinie

62.	Instytut Biologii Ogólnej i Molekularnej Uniwersytet im. M. Kopernika w Toruniu
63.	Adamed Sp. Z o.o. Pieńków
64.	Akademia Medyczna w Warszawie
65.	Centralne Laboratorium Surowic i Szczepionek w Warszawie
66.	Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego w Warszawie
67.	Centrum Onkologii-Instytut im Marii Skłodowskiej-Curie w Warszawie
68.	Fundacja na Rzecz Chorych z Chorobami Krwi - Warszawa
69.	Instytut Badań DNA Sp. Z o.o. w Warszawie
70.	Instytut Badawczy Leśnictwa - Warszawa
71.	Instytut Biologii Doświadczalnej im. M.Nenckiego w Warszawie
72.	Instytut Biotechnologii i Antybiotyków
73.	Instytut Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN w Warszawie
74.	Instytut Hematologii i Transfuzjologii w Warszawie
75.	Instytut Kardiologii - Warszawa
76.	Instytut Leków - Warszawa
77.	Instytut Matki i Dziecka w Warszawie
78.	Instytut Parazytologii PAN - Warszawa
79.	Instytut Reumatologiczny w Warszawie
80.	Instytut Żywności i Żywienia - Warszawa
81.	Krzysztof Kucharczyk - Techniki Elektroforetyczne
82.	Labgen w Warszawie
83.	Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej - Warszawa
84.	Medigen – Warszawa
85.	Muzeum i Instytut Zoologii PAN - Warszawa
86.	Uniwersytet Warszawski
87.	Państwowy Zakład Higieny Instytut Naukowo-Badawczy w Warszawie
88.	SGGW AR
89.	Wojewódzki Szpital Zakaźny ul. Wolska 37, Warszawa
90.	Zakład Biologii Antarktyki PAN w Warszawie
91.	Akademia Medyczna we Wrocławiu
92.	Akademia Rolnicza - Wrocław
93.	Genet Research Sp. Z o.o. Wrocław
94.	Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN Wrocław
95.	Uniwersytet Wrocławski
96.	Instytut Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytet Zielonogórski
97.	Państwowy Instytut Weterynaryjny Zakład Pruszczycy – Zduńska Wola

W Pracowni zsyntetyzowano dla laboratoriów IBB 2 896 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 377 – 37 741 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 650 zasad daje 24 531 650 zasad. Dla 97 zleceniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 6 000 matryc DNA i zsyntetyzowano 6 355 oligonukleotydów.

Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego NMR
– działalność usługowa

Zgodnie ze swymi zadaniami statutowymi Laboratorium wykonywało pomiary widm NMR dla szeregu laboratoriów. Wykorzystanie czasu pracy obu spektrometrów NMR znajdujących się w Laboratorium przedstawia się następująco:

Kierownik projektu	Instytucja	Czas przyrządu (h)	
		400 MHz	500 MHz
Prof. Ryszard Stolarski	Wydział Fizyki UW	50	12
Dr. Sylwia Rodziewicz-Motowidło	Uniwersytet Gdański		240
Prof. Jacek Morzycki	Uniwersytet Podlaski, Białystok		256
Prof. Adam Gryff-Keller	Politechnika Warszawska	62	12
Prof. K. Kamińska-Trela	I.Ch.O PAN		240
Prof. Helena Dodziuk	I.Ch.F. PAN	434	370
Prof. Jan Izdebski	Wydział Chemii, Uniwersytet Warszawski	22	120
Doc. Wiktor Koźmiński	Wydział Chemii, Uniwersytet Warszawski	250	70
Doc. Aleksandra Olma	Politechnika Łódzka		120
Prof. Adam Gryff-Keller	Politechnika Warszawska	158	30
Dr. Krzysztof Bańkowski	Inst. Farmacji, Warszawa	480	
Prof. Peter Bayer	MPI Dortmund, Niemcy	0	30
Prof. Kulikowski	IBB	10	140
Dr. Wysłouch-Cieszyńska	IBB	0	360
Prof. Ewa Świeżewska	IBB	0	96
Doc. Wojciech Bal	IBB	0	568
Dr. Jarosław Poznański	IBB	70	70
	Usługi-zlecenia razem	1486	2226
Prace własne		4496	5312
Nowe techniki, szkolenia		168	0
Konserwacja, uzupełnianie ciekłego helu i azotu		150	150
Awaryjne		264	384
Wykorzystanie czasu w godzinach		6564	8072
Wykorzystanie czasu w procentach		75 %	92 %

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

Zespół: dr hab. Michał Dadlez, mgr Jacek Olędzki, mgr Jacek Sikora, mgr Magdalena Bakun, mgr Agnieszka Fabijańska, Piotr Zarębski

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas prowadzi pomiary mas cząsteczek biologicznych wykorzystując posiadane dwa spektrometry: typu MALDI oraz ESI. Wykonuje zlecenia użytkowników z IBB oraz spoza Instytutu w zakresie pomiarów mas peptydów, oligonukleotydów, białek a także innych związków. Na podstawie mas fragmentów białek, powstałych na drodze trawienia trypsyną, Laboratorium wykonuje identyfikację składu białkowego zleconych próbek. Najczęściej są to białka separowane w żelach poliakrylamidowych. W ciągu ostatniego roku wykonano ok. 1200 identyfikacji składu białkowego próbek i ok. 500 oznaczeń mas cząsteczkowych. Lista użytkowników liczy kilkadziesiąt pozycji, zawiera również ośrodki spoza Polski. Laboratorium prowadzi szkolenia użytkowników w dziedzinie interpretacji wyników proteomicznych. Laboratorium uczestniczy w jednym zamawianym projekcie KBN i w jednym projekcie V-ego programu ramowego Unii Europejskiej.

Oprócz identyfikacji składu białkowego Laboratorium prowadzi również identyfikację modyfikacji potranslacyjnych białek. W bieżącym roku na przykład wyznaczono różnice we wzorze metylacji różnych form czynnika elongacyjnego (współpraca z prof. Elską z Uniwersytetu Kijowskiego, Ukraina).

Prowadzone są prace nad proteomiką ludzkich płynów ustrojowych. Korzystając z dostępnych w sieci procedur analizy i wizualizacji danych stworzono nowe narzędzia do analizy złożonych wielowymiarowych zbiorów danych. Opracowano efektywne procedury izolacji frakcji niskocząsteczkowej osocza krwi ludzkiej i mapowania jej proteomu. Pokazano, że po jednostopniowej filtracji w warunkach denaturujących próbki 100 μ l osocza można uzyskać wysokiej złożoności mapy peptydów, zawierające kilka tysięcy sygnałów peptydowych. Mapy takie mogą stać się podstawą nowych procedur diagnostycznych dla medycyny.

Opracowywane są również metody stosowania spektrometrii mas do badań strukturalnych białek z zastosowaniem wymiany proton-deuter i pomiarów przesunięć mas.

SEMINARIA INSTYTUTOWE

07.01.2003

Dr J. Wójcik /Środowiskowe Laboratorium NMR/
Struktura białka w stanie rozwiniętym.

14.01.2003

Mgr J. Dyczkowski /Zakład Bioinformatyki/
Bioinformatyczna identyfikacja genów kodujących białka kompleksu SWI/SNF u roślin.

28.01.2003

Dr M. Łobocka /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/
Analiza kompletnej sekwencji genomu bakteriofaga P7.

04.02.2003

Dr R. Iwanicka-Nowicka /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/
Asymilacja siarki przez bakterie - regulatory transkrypcyjne i sygnały metaboliczne.

05.02.2003

Prof. H. Jakubowski /UMDNJ-New Jersey Medical School, USA/
From Accuracy in Protein Synthesis to Cardiovascular Disease: The role of Homocysteine.

11.02.2003

Mgr A. Jabłonowska /Zakład Biofizyki/
Badania oligomerów peptydu A związanego z chorobą Alzheimera.

18.02.2003

Dr W. Jankowski /Zakład Biochemii Lipidów/
Poliprenole - próby wdrożeń.

25.02.2003

Mgr A. Wójtowicz /Zakład Biofizyki i Instytut Biotechnologii i Antybiotyków/
Biotechnologiczne zastosowania proteinaz odcinających ubikwitynę.

04.03.2003

Doc. Z. Zarębska /Zakład Biologii Molekularnej/
Apoptoza limfocytów w fotochemoterapii PUVA.

18.03.2003

Dr K. Grzelak /Zakład Biosyntezy Białka/
Rekombinowany JHBP - jego struktura i funkcja.

21.03.2003

Prof. Paul Schulze-Lefert /Max-Planck Institute for Plant Breeding Research, Germany/
Secretion Machinery Snare Proteins Mediate Plant Cell Wall Penetration Resistance to Fungal Pathogens.

25.03.2003

Mgr K. Lasocki /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/
Molekularna analiza genu *parA* z *Pseudomonas aeruginosa*.

01.04.2003

Mgr A. Miazga /Pracownia Antymetabolitów/
Tionowane i fosforylowane pochodne 2',3-dideoxy-3'-fluorourydyny: synteza, oddziaływanie z odwrotną transkryptazą HIV oraz aktywność przeciwwirusowa.

28.03.2003

Prof. Paul Kelly /IRNEM Hopital Necker-Enfants Malades, Paris, France/
Prolactin and growth hormone actions and signalling : lessons from receptor knockout and transgenics mouse models.

08.04.2003

mgr U. Perlińska-Lenart /Pracownia Glikobiologii Grzybów/
Indukcja zmian biochemicznych i morfologicznych *Trichoderma reesei* poprzez nadekspresję drożdżowego genu syntazy dolichylofosfomannozy.

15.04.2003

Dr K. Zakrzewska /Institut de Biologie Physico-Chimique, Paryż, Francja/
Teoretyczne badania oddziaływań DNA - białko: w poszukiwaniu specyficzności.

17.04.2003

Dr Anne Estreicher /Swiss Institute of Bioinformatics, Geneva, Szwajcaria/
Swiss-Prot: the ins and outs of protein sequence database.

25.04.2003

Dr Olivier Lefebvre /CEA/Saclay, Gif sur Yvette, Francja/
Genome-wide localization of RNA polymerase III and its transcription factors: the *Saccharomyces cerevisiae* RNA polymerase III genome.

22.04.2003

Mgr K. Skorupińska - Tudek /Zakład Biochemii Lipidów/
Biosynteza poliizoprenoidów u roślin - cytoplazma kontra plastidy.

06.05.2003

Dr J. Poznański /Zakład Biofizyki/
W drodze do struktury domeny 4 podjednostki sigma 70 polimerazy RNA z *E.coli*.

12.05.2003

Prof. Jean-Pierre Rousset /Institute of Genetics and Microbiology, CNRS, Orsay, Francja/
Translation termination, antibiotics and stop codon diseases: from molecular biology to new potential therapeutic approaches.

08.05.2003

Prof. A. El'skaya /Institut of Molecular Biology and Genetics UAS, Kiev, Ukraine/
Biosensors as analytical devices of new generation.

19.05.2003

Prof. Olivier Jean-Jean /Universite Pierre et Marie Curie, Paris, France/
Translation termination in eukaryotes.

20.05.2003

Mgr M. Kowalczyk /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/
Rola regulatorów CcpA i BgLR w katabolizmie cukrów u *Lactococcus lactis*.

27.05.2003

Mgr A. Lorenc /Zakład Genetyki UW/
Mutacje w ludzkim mitochondrialnym DNA w nowotworach i procesie starzenia.

03.06.2003

Mgr A. Kelner /Zakład Biochemii Roślin/
Przekazywanie sygnału stresu osmotycznego w roślinach. Charakterystyka kinazy białkowej p42OSAK.

10.06.2003

Mgr O. Juszczuk /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/
Partycja plazmidu P1 - interakcje białka ParB z DNA plazmidów niosących centromer P1 podczas partycji.

24.06.2003

Mgr M. Milner /Zakład Biosyntezy Białka/
Cząsteczki pseudo-wirusowe Y ziemniaka - charakterystyka i fuzje białkowe.

19.08.2003

Prof. Andre Goffeau /Universite Catholique de Louvain, Louvain-la-Neuve, Belgium/
The major ABC multidrug transporters in yeast.

14.10.2003

.Prof. Jolanta Zakrzewska – Czerwińska, / ITD PAN, Wrocław/
"Inicjacja replikacji oraz rozdział liniowych chromosomów *Streptomyces* do komórek potomnych"

21.10.2003

Dr. Stanislav Kopriva, /Institute of Forest Botany and Tree Physiology, Freiburg, Germany/
"Plant sulfate assimilation, a pathway that likes to surprise"

04.11.2003

Mgr Katarzyna Szymańska, /Zakład Biologii Molekularnej/
"Specyficzna mutacja kodonu 249 genu p53 a nowotwory wątroby"

18.11.2003

Dr Tomasz Calikowski, /Zakład Biosyntezy Białka/
„Analiza proteomiczna białek macierzy jądrowej *Arabidopsis*”

25. 11.2003

Mgr Małgorzata Kęsik, /Instytut Biotechnologii Antybiotyków/Zakład Biochemii Roślin/
„Użyteczność ciałek inkluzyjnych do immunizacji pokarmowej”

02.12.2003

Mgr Marcin Gołębiewski, /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/
„Analiza sekwencji plazmidu pCTX-M3 i jego genów odpowiedzialnych za transfer
koniugacyjny”

09.12.2003

Mgr Anna Barabasz, /Zakład Biochemii Roślin/
„Dlaczego warto jest badać roślinne β -1,3-glukanazy”

Lista publikacji za 2003 rok

ARTYKUŁY

3700. MACIEJEWSKA, A.M., LICHOTA, K.D., KUŚMIEREK, J.T.
Neighbouring bases in template influence base-pairing of isoguanine.
Biochem. J. (2003) **369** 611-618
21 pkt. */

3701. DZIKOWSKA, A., KACPRZAK, M., TOMECKI, R., KOPER, M.,
SCAZZOCCHIO, C., WEGLENSKI, P.
Specific induction and carbon/nitrogen repression of arginine catabolism gene of
Aspergillus nidulans – functional in vivo analysis of the *otaA* promoter.
Fungal Genet. Biol. (2003) **38** 175-186
21 pkt.

3702. BAL, W., SCHWERDTLE, T., HARTWIG, A.
Mechanism of nickel assault on the zinc finger of DNA repair protein XPA.
Chem. Res. Toxicol. (2003) **16** 242-248
21 pkt.

3703. KRAWIEC, K., KIERDASZUK, B., SHUGAR, D.
Inorganic tripolyphosphate (PPP_i) as a phosphate donor for human
deoxyribonucleoside kinases.
Biochem. Biophys. Res. Commun. (2003) **301** 192-197
21 pkt.

3704. ZUBEREK, J., WYSLOUCH-CIESZYNSKA, A., NIEDZWIECKA, A.,
DADLEZ, M., STEPINSKI, J., AUGUSTYNIAK, W., GINGRAS, A.C., ZHANG, Z.,
BURLEY, S.K., SONENBERG, N., STOLARSKI, R., DARZYNKIEWICZ, E.
Phosphorylation of eIF4E attenuates its interaction with mRNA 5' cap analogs by
electrostatic repulsion: intein-mediated protein ligation strategy to obtain
phosphorylated protein.
RNA (2003) **9** 52-61
21 pkt.

3705. BRZESKI, J., JERZMANOWSKI, A.
Deficient in DNA methylation 1 (DDM1) defines a novel family of chromatin-
remodeling factors.
J. Biol. Chem. (2003) **278** 823-828
21 pkt.

3706. SIKORA, A., (née WÓJCIK), GRZESIUK, E., ZBIEĆ, R., JANION, C.
Lethality of visible light for *Escherichia coli hemH1* mutants influence of defects in
DNA repair.
DNA Repair (2003) **2** 61-71
21 pkt.

*/ punktacja wg Ministerstwa Nauki i Informatyzacji

3707. KRĘŻEL, A., WÓJCIK, J., MACIEJCZYK, M., BAL, W.
May GSH and _L-His contribute to intracellular binding of zinc? Thermodynamic and solution structural study of a ternary complex.
Chem. Commun. (2003) 704-705
brak pkt.
3708. KRĘŻEL, A., LATAJKA, R., BUJACZ, G.D., BAL, W.
Coordination properties of Tris(2-carboxyethyl) phosphine, a newly introduced thiol reductant, and its oxide.
Inorg. Chem. (2003) 42 1994-2003
brak pkt.
3709. DZIEMBOWSKI, A., PIWOWARSKI, J., HOSER, R., MINCZUK, M.,
DMOCHOWSKA, A., SIEP, M., van der SPEK, H., GRIVELL, L., STEPIEN, P.P.
The yeast mitochondrial degradosome. Its composition, interplay between RNA helicase and RNase activities and the role in mitochondrial RNA metabolism.
J. Biol. Chem. (2003) 278 1603-1611
21 pkt.
3710. ZAIM, J., KIERZEK, A.M.
The structure of full-length LysR-type transcriptional regulators. Modeling of the full-length OxyR transcription factor dimer.
Nucleic Acids Res. (2003) 31 1444-1454/ KBN 21
21 pkt.
3711. ZHUKOV, I., EJCHART, A.
NMR spectroscopy in structural proteomics. NMR-based protein structure determination.
Polimery (2003) 48 28-34 / KBN 7
7 pkt.
3712. JABŁONOWSKA, A., DADLEZ, M.
Aβ peptide oligomers – potential neurotoxic agents in Alzheimer's disease.
Polimery (2003) 48 35-43 / KBN 7
7 pkt.
3713. KASPRZAK, K.S., BAL, W., KARACZYN, A.A.
The role of chromatin damage in nickel-induced carcinogenesis. A review of recent developments.
J. Environ. Monit. (2003) 5 183-187 / KBN 16
16 pkt.
3714. GAJEWSKA, B., SHCHERBIK, N., OFICJALSKA, D., HAINES, D.S.,
ŻOŁĄDEK, T.
Functional analysis of the human orthologue of the *RSP5*-encoded ubiquitin protein ligase, hNedd4, in yeast.
Curr. Genet. (2003) 43 1-10
16 pkt.

3715. SZURMAK, B., STROKOVSKAYA, L., MOONEY, B.P. RANDALL, D.D., MIERNYK, J.A.
Expression and assembly of *Arabidopsis thaliana* pyruvate dehydrogenase in insect cell cytoplasm.
Prot. Express. Purif. (2003) **28** 357-361
16 pkt.
3716. ZHAO, Y., HONG, D.H., PAWLYK, B., YUE, G., ADAMIAN, M., GRYNBERG, M., GODZIK, A., LI, T.
The retinitis pigmentosa GTPase regulator (RPGR) – interacting protein: Subservicing RPGR function and participating in disk morphogenesis.
Proc. Natl. Acad. Sci. USA (2003) **100** 3965-3970
21 pkt.
3717. TUDEK, B.
Imidazole ring-opened DNA purines and their biological significance.
J. Biochem. Mol. Biol. (2003) **36** 12-19
6 pkt.
3718. GRABOWSKA, D., CHELSTOWSKA, A.
The *ALD6* gene product is indispensable for providing NADPH in yeast cells lacking glucose-6-phosphate dehydrogenase activity.
J. Biol. Chem. (2003) **278** 13984-13988
21 pkt.
3719. BOROWSKI, P., DEINERT, J., SCHALINSKI, S., BRETNER, M., GINALSKI, K., KULIKOWSKI, T., SHUGAR, D.
Halogenated benzimidazoles and benzotriazoles as inhibitors of the NTPase/helicase activities of hepatitis C and related viruses.
Eur. J. Biochem. (2003) **270** 1645-1653
16 pkt.
3720. AWOTUNDE, O.S., LECHWARD, K., KRAJEWSKA, K., ŻOŁNIEROWICZ, S., MUSZYŃSKA, G.
Interaction of maize (*Zea mays*) protein phosphatase 2A with tubulin.
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** 131-138
6 pkt.
3721. DODZIUK, H., EJCHART, A., ANCZEWSKI, W., UEDA, H., KRINICHNAYA, E. DOLGONOS, G., KUTNER, W.
Water solubilization, determination of the number of different types of single-wall carbon nanotubes and their partial separation with respect to diameters by complexation with η -cyclodextrin.
Chem. Commun. (2003) 986-987
brak pkt.

3722. 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.
Biochim. Biophys. Acta (2003) **1621** 22-30
11 pkt.
3723. SOHM, B., FRUGIER, M., BRULÉ, H., OLSZAK, K., PRZYKORSKA, A., FLORENTZ, C.
Towards understanding human mitochondrial leucine aminoacylation identity.
J. Mol. Biol. (2003) **328** 995-1010
21 pkt.
3724. KRAWIEC, K., KIERDASZUK, B., KALINICHENKO, E.N., RUBINOVA, E.B., MIKHAILOPULO, I.A., ERIKSSON, S., MUNCH-PETERSEN, B., SHUGAR, D.
Striking ability of adenosine-2'(3')-deoxy-3'(2')- triphosphates and related analogues to replace ATP as phosphate donor for all four human, and the *drosophila melanogaster*, deoxyribonucleoside kinases.
Nucleos. Nucleot. Nucleic Acids (2003) **22** 153-173
6 pkt.
3725. ZAKRZEWSKA, A., MIGDALSKI, A., SALOHEIMO, M., PENTTILA, M.E., PALAMARCZYK, G., KRUSZEWSKA, J.S.
cDNA encoding protein O-mannosyltransferase from the filamentous fungus *Trichoderma reesei*: functional equivalence to *Saccharomyces cerevisiae* PMT2.
Curr. Genet. (2003) **43** 11-16
16 pkt.
3726. JANION, C., SIKORA, A., (nee WÓJCIK), NOWOSIELSKA, A., GRZESIUŁ, E.
E.coli BW535, a triple mutant for the DNA repair genes *xth*, *nth*, and *nfo*, chronically induces the SOS response.
Environ. Mol. Mutagen. (2003) **41** 237-242
21 pkt.
3727. KOŹMIŃSKI, W., ZHUKOV, I.
Multiple quadrature detection in reduced dimensionality experiments.
J. Biomol. NMR (2003) **26** 157-166
21 pkt.
3728. ZIEŃ, P., BRETNER, M., ZASTĄPIŁO, K., SZYSZKA, R., SHUGAR, D.
Selectivity of 4,5,6,7 – tetrabromobenzimidazole as an ATP-competitive potent inhibitor of protein kinase CK2 from various sources.
Biochem. Biophys. Res. Comm. (2003) **306** 129-133
21 pkt.

3729. KAMIENSKA-TRELA, K., WÓJCIK, J.
Applications of spin-spin couplings.
A Specialist Periodical Report NMR, Royal Society of Chemistry (2003) **32**
146-200
10 pkt.
3730. SIRKO, A., BŁASZCZYK, A., LISZEWSKA, F., KAZIMIERCZUK, K.,
GAGANIDZE, D.
Genetic engineering of oxidative stress resistance in plants.
In: **Sulphur in Plants**. Eds. Yash P. Abrol and Altaf Ahmad, Kluwer Academic
Publishers, Dordrecht, The Netherlands 2003 245-263
10 pkt.
3731. SIEDLECKI, P., BOY, R.G., COMAGIC, S., SCHIRRMACHER, R., WIESSLER,
M., ZIELENKIEWICZ, P., SUHAI, S., LYKO, F.
Establishment and functional validation of a structural homology model for human
DNA methyltransferase 1.
Biochem. Biophys. Res. Commun. (2003) **306** 558-563
21 pkt.
3732. POZNAŃSKI, J., KIERDASZUK, B., SHUGAR, D.
Structural properties of the neutral and monoanionic forms of xanthosine, highly
relevant to their substrate properties with various enzyme systems.
Nucleos. Nucleot. Nucleic Acids (2003) **22** 249-263
6 pkt.
3733. PIWOWARSKI, J., GRZECHNIK, P., DZIEMBOWSKI, A., DMOCHOWSKA, A.,
MINCZUK, M., STEPIEN, P.P.
Human polynucleotide phosphorylase, hPNPase, is localized in mitochondria.
J. Mol. Biol. (2003) **329** 853-857
21 pkt.
3734. LAUBITZ, D., ZABIELSKI, J., WOLIŃSKI, J., NIEMINUSZCZY, J.,
GRZESIUK, E.
Physiological and chemical characteristics of antibacterial activity of pancreatic juice.
J. Physiol. Pharmacol. (2003) **54** 283-290
11 pkt.
3735. SZCZERBAKOWA, A., MACIEJEWSKA, U., ZIMNOCH-GUZOWSKA, E.,
WIELGAT, B.
Somatic hybrids *Solanum nigrum* (+) *S.tuberosum*: morphological assessment and
verification of hybridity.
Plant Cell Rep. (2003) **21** 577-584
16 pkt.
3736. KOWALCZYK, M., BARDOWSKI, J.
Overproduction and purification of the CcpA protein from *Lactococcus lactis*.
Acta Biochim.Polon. (2003) **50** 455-459
6 pkt.

3737. ADAMCZYK, M., JAGURA-BURDZY, G.
Spread and survival of promiscuous IncP-1 plasmids.
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** 425-453
6 pkt.
3738. ZIMNOCH-GUZOWSKA, E., LEBECKA, R., KRYSZCZUK, A.,
MACIEJEWSKA, U., SZCZERBAKOWA, A., WIELGAT, B.
Resistance to *Phytophthora infestans* in somatic hybrids of *Solanum nigrum* L. and
diploid potato.
Theor. Appl. Genet. (2003) **107** 43-48
21 pkt.
3739. KRĘŻEL, A., SZCZEPANIK, W., SOKOŁOWSKA, M.,
JEŻOWSKA-BOJCZUK, M., BAL, W.
Correlations between complexation modes and redox activities of Ni(II)-GSH
complexes.
Chem. Res. Toxicol. (2003) **16** 855-864
21 pkt.
3740. BREUKINK, E., van HEUSDEN, H.E., VOLLMERHAUS, P.J., SWIEZEWSKA, E.
BRUNNER, L., WALKER, S., HECK, A.J.R., de KRUIJFF, B.
Lipid II is an intrinsic component of the pore induced by nisin in bacterial membranes.
J. Biol. Chem. (2003) **278** 19898-19903
21 pkt.
3741. SHCHERBIK, N., ZOLADEK, T., NICKELS, J.T., HAINES, D.S.
Rsp5p is required for ER bound Mga2p120 polyubiquitination and release of the
processed/tethered transactivator Mga2p90.
Curr. Biol. (2003) **13** 1227-1233
21 pkt.
3742. GOCH, G., MACIEJCZYK, M., OLESZCZUK, M., STACHOWIAK, D.,
MALICKA, J., BIERZYŃSKI, A.
Experimental investigation of initial steps of helix propagation in model peptides.
Biochemistry (2003) **42** 6840-6847
21 pkt.
3743. ANCZEWSKI, W., DODZIUK, H., EJCHART, A.
Manifestation of chiral recognition of camphor enantiomers by α -cyclodextrin in
longitudinal and transverse relaxation rates of the corresponding 1:2 complexes and
determination of the orientation of the guest inside the host capsule.
Chirality (2003) **15** 654-659
16 pkt.

3744. GRABOWSKA, D., PLOCHOCKA, D., JABLONSKA-SKWIECINSKA, E., CHELSTOWSKA, A., LEWANDOWSKA, I., STANISZEWSKA, K., MAJEWSKA, Z., WITOS, I., BURZYNSKA, B.
Compound heterozygosity of two missense mutations in the NADH-cytochrome b5 reductase gene of a Polish patient with type I recessive congenital methaemoglobinaemia.
Eur. J. Haematol. (2003) **70** 404-409
16 pkt.
3745. DOMINSKI, Z., YANG, X., KAYGUN, H., DADLEZ, M., MARZLUFF, W.F.
A 3' exonuclease that specifically interacts with the 3' end of histone mRNA.
Mol. Cell (2003) **12** 1-20
21 pkt.
3746. PODLASKA, A., McINTYRE, J., SKONECZNA, A., SLEDZIEWSKA-GOJSKA, E.
The link between 20S proteasome activity and post-replication DNA repair in *Saccharomyces cerevisiae*.
Mol. Microbiol. (2003) **49** 1321-1332
21 pkt.
3747. ZHANG, N., CHEN, H.M., KOCH, V., SCHMITZ, H., LIAO, Ch.L., BRETNER, M., BHADTI, V.S., FATTOM, A.I., NASO, R.B., HOSMANE, R.S., BOROWSKI, P.
Ring-expanded ("Fat") nucleoside and nucleotide analogues exhibit potent in vitro activity against *Flaviviridae* NTPases/Helicases, including those of the west Nile virus, hepatitis C virus, and Japanese encephalitis virus.
J. Med. Chem. (2003) **46** 4149-4164
21 pkt.
3748. POZNANSKI, J., BRETNER, M., KULIKOWSKI, T., BALZARINI, J., AERSCHOT, A.V., de CLERCQ, E.
Synthesis, solution conformation and anti-HIV activity of novel 3'-substituted-2', 3'-dideoxy-5-hydroxymethyl-uridines and their 4,5-substituted analogues.
Antivir. Chem. Chemother. (2003) **14** 127-138
21 pkt.
3749. TEMPERLEY, R.J., SENECA, S.H., TONSKA, K., BARTNIK, E., BINDOFF, L.A., LIGHTOWLERS, R.N., CHRZANOWSKA-LIGHTOWLERS, Z.M.A.
Investigation of a pathogenic mtDNA microdeletion reveals a translation-dependent deadenylation decay pathway in human mitochondria.
Human Mol. Genet. (2003) **12** 2341-2348
21 pkt.
3750. NATORFF, R., SIENKO, M., BRZYWCZY, J., PASZEWSKI, A.
The *Aspergillus nidulans metR* gene encodes a bZIP protein which activates transcription of sulphur metabolism genes.
Mol. Microbiol. (2003) **49** 1081-1094
21 pkt.

3751. SPEINA, E., ZIELIŃSKA, M., BARBIN, A., GACKOWSKI, D., KOWALEWSKI, J., GRAZIEWICZ, M.A., SIEDLECKI, J.A., OLIŃSKI, R., TUDEK, B.
Decreased repair activities of 1, N^6 -ethenoadenine and 3, N^4 -ethenocytosine in lung adenocarcinoma patients.
Cancer Res. (2003) **63** 4351-4357
21 pkt.
3752. GACKOWSKI, D., SPEINA, E., ZIELINSKA, M., KOWALEWSKI, J., ROZALSKI, R., SIOMEK, A., PACIOREK, T., TUDEK, B., OLINSKI, R.
Products of oxidative DNA damage and repair as possible biomarkers of susceptibility to lung cancer.
Cancer Res. (2003) **63** 4899-4902
21 pkt.
3753. ZAKRZEWSKA, A., PALAMARCZYK, G., KROTKIEWSKI, H., ZDEBSKA, E., SALOHEIMO, M., PENTTILÄ, M., KRUSZEWSKA, J.S.
Overexpression of the gene encoding GTP: mannose-1-phosphate guanyltransferase, *mpg1*, increases cellular GDP-mannose levels and protein mannosylation in *Trichoderma reesei*.
Appl. Environ. Microb. (2003) **69** 4383-4389
21 pkt.
3754. POZNAŃSKI, J., GEORGALIS, Y., WEHR, L., SAENGER, W., ZIELENKIEWICZ, P.
Comparison of two different lysozyme types under native and crystallization conditions using two-dimensional NMR and dynamic light scattering.
Biophys. Chem. (2003) **104** 605-616
11 pkt.
3755. RUSZCZYŃSKA, K., KAMIENSKA-TRELA, K., WOJCIK, J., STEPINSKI, J., DARZYŃKIEWICZ, E., STOLARSKI, R.
Charge distribution in 7-methylguanine regarding cation- π interaction with protein factor eIF4E.
Biophys. J. (2003) **85** 1450-1456
21 pkt.
3756. KOPROWSKI, P., FIKUS, M.U., DZIERZBICKI, P., MIECZKOWSKI, P., LAZOWSKA, J., CIESLA, Z.
Enhanced expression of the DNA damage-inducible gene *DIN7* results in increased mutagenesis of mitochondrial DNA in *Saccharomyces cerevisiae*.
Mol. Genet. Genomics (2003) **269** 632-639
16 pkt.
3757. MIAZGA, A., POOPEIKO, N.E., PIASEK, A., SIWECKA, M.A., KULIKOWSKI, T.
5'-O-ester prodrugs of potent and selective anti-HIV agent-2', 3'-dideoxy-3'-fluoro-2-thiothymidine (S^2 FLT): synthesis and anti-HIV activity.
Nucleos. Nucleot. Nucleic Acids (2003) **22** 805-807
6 pkt.

3758. MIAZGA A., FELCZAK, K., BRETNER, M., SIWECKA, M.A., PIASEK, A., KULIKOWSKI, T.
Thiated analogues of 2', 3'-dideoxy-3'-fluorothymidine and their phosphorylated and phosphonylated derivatives: synthesis, interaction with HIV reverse transcriptase, and in vitro anti-HIV activity.
Nucleos. Nucleot. Nucleic Acids (2003) **22** 973-976
6 pkt.
3759. BRETNER, M., SCHALINSKI, S., BOROWSKI, P., KULIKOWSKI, T.
5'-O-fluorosulfonylbenzyl esters of purine nucleosides as potential inhibitors of NTPase/helicase and polymerase of *flaviviridae* viruses.
Nucleos. Nucleot. Nucleic Acids (2003) **22** 1531-1533
6 pkt.
3760. KRAWIEC, K., KIERDASZUK, B., KALINICHENKO, E.N., RUBINOVA, E.B., MIKHAILOPULO, I., A., ERIKSSON, S., MUNCH-PETERSEN, B., SHUGAR, D.
Ability of adenosine-2'(3')-deoxy-3'(2')-triphosphates and related analogues to replace ATP as phosphate donor for all human and *drosophila melanogaster* deoxyribonucleoside kinases.
Nucleos. Nucleot. Nucleic Acids (2003) **22** 1525-1529
6 pkt.
3761. ŁOZIŃSKI, T., WIERZCHOWSKI, K.L.
Inactivation and destruction by KMnO₄ of *Escherichia coli* RNA polymerase open transcription complex: recommendations for footprinting experiments.
Anal. Biochem. (2003) **320** 239-251
16 pkt.
3762. SEREGÉLYES, C., BARNA, B., HENNIG, J., KONOPKA, D., PASTERNAK, T.P., LUKÁCS, N., FEHÉR, A., HORVÁTH, G.V., DUDITS, D.
Phytoglobins can interfere with nitric oxide functions during plant growth and pathogenic responses: a transgenic approach.
Plant Sci. (2003) **165** 541-550
16 pkt.
3763. WYSOCKA, M., BIAŁKOWSKA, A., MICIAŁKIEWICZ, A., KURLANDZKA, A.
YOR129c, a new element interacting with Cnm67p, a component of the spindle pole body of *Saccharomyces cerevisiae*.
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** 883-890
6 pkt.
3764. DRAŹKIEWICZ, M., SKÓRZYŃSKA-POLIT, E., WANKE, M., ŚWIEŻEWSKA, E.
The activity of antioxidant enzymes in *Arabidopsis thaliana* exposed to colchicine and H₂O₂.
Cell. Mol. Biol. Lett. (2003) **8** 777-781
5 pkt.

3765. BOEHNING, D., MOON, Ch., SHARMA, S., HURT, K.J., HESTER, L.D.,
RONNETT, G.V., SHUGAR, D., SNYDER, S.H.
Carbon monoxide neurotransmission activated by CK2 phosphorylation of heme
oxygenase-2.
Neuron (2003) **40** 129-137
21 pkt.
3766. KLESZCZEWSKI, T., MODZELEWSKA, B., BAL, W., SIPOWICZ, M.,
KOSTRZEWSKA, A.
Cu(II) complexation potentiates arginine vasopression action on nonpregnant human
myometrium in vitro.
Contraception (2003) **67** 477-483
21 pkt.
3767. KACPRZAK, M.M., LEWANDOWSKA, I., MATTHEWS, R.G., PASZEWSKI, A.
Transcriptional regulation of methionine synthase by homocysteine and choline in
Aspergillus nidulans.
Biochem. J. (2003) **376** 1-8
21 pkt.
3768. CALIKOWSKI, T.T., MEULIA, T., MEIER, I.
A proteomic study of the arabidopsis nuclear matrix.
J. Cell. Biochem. (2003) **90** 361-378
16 pkt.
3769. FILIP, K., OLESZCZUK, M., PAWLAK, D., WÓJCIK, J., CHUNG, N.N.,
SCHILLER, P. W., IZDEBSKI, J.
Potent side-chain to side-chain cyclized dermorphin analogues containing a carbonyl
bridge.
J. Peptide Sci. (2003) **9** 649-657
11 pkt.
3770. POZNAŃSKI, J., BOLEWSKA, K., ZHUKOV, I., WIERZCHOWSKI, K.L
Characterization of the low pH solution structure and dynamics of the region 4 of
Escherichia coli RNA polymerase σ^{70} subunit.
Biochemistry (2003) **42** 13438-13448
21 pkt.
3771. SZYMANSKI, J., STEPINSKI, J., POZNANSKI, J., DARZYNKIEWICZ, E.,
ZIELENKIEWICZ, W., STOLARSKI, R.
Partial molar volumes of mRNA 5' cap analogues.
Nucleos. Nucleot. Nucleic Acids (2003) **22** 1553-1556
6 pkt.
3772. HOFFMAN, M., GÓRA, M., RYTKA, J.
Identification of rate-limiting steps in yeast heme biosynthesis.
Biochem. Biophys. Res. Commun. (2003) **310** 1247-1253
21 pkt.

3773. KREŻEL, A., BAL, W.
Structure-function relationships in glutathione and its analogues.
Org. Biomol. Chem. (2003) **1** 3885-3890
brak pkt.
3774. GRYNBERG, M., JAROSZEWSKI, L., GODZIK, A.
Domain analysis of the tubulin cofactor system: a model for tubulin folding and dimerization.
BMC Bioinformatics (2003) **4** 1-10
brak pkt.
3775. SZCZERBAKOWA, A., BOŁTOWICZ, D., WIELGAT, B.
Interspecific somatic hybrids *Solanum bulbocastanum* (+) *S. tuberosum* H-8105.
Acta Physiol. Plant. (2003) **25** 365-373
7 pkt.
3776. SKORUPIŃSKA-TUDEK, K., BIEŃKOWSKI, T., OLSZOWSKA, O.,
FURMANOWA, M., CHOJNACKI, T., DANIKIEWICZ, W., SWIEZEWSKA, E.
Divergent pattern of polyisoprenoid alcohols in the tissues of *Coluria geoides*: A new electrospray ionization MS approach.
Lipids (2003) **38** 981-990
16 pkt.
3777. WYSOCKI, R., CLEMENS, S., AUGUSTYNIAK, D., GOLIK, P., MACIASZCZYK, E., TAMÁS, M. J., DZIADKOWIEC, D.
Metalloid tolerance based on phytochelatins is not functionally equivalent to the arsenite transporter Acr3p.
Biochem. Biophys. Res. Commun. (2003) **304** 293-300
21 pkt.
3778. LORENC, A., BRYK, J., GOLIK, P., KUPRYJAŃCZYK, J., OSTROWSKI, J., PRONICKI, M., SEMCZUK, A., SZOŁKOWSKA, M., BARTNIK, E.
Homoplasmic MELAS A3243G mtDNA mutation in a colon cancer sample.
Mitochondrion (2003) **3** 119-124
brak pkt.
3779. WĘGRZYN, G., CZYŻ, A.
Detection of mutagenic pollution of natural environment using microbiological assays.
J. Appl. Microbiol. (2003) **95** 1175-1181
16 pkt.
3780. SZPILEWSKA, H., CZYŻ, A., WĘGRZYN, G.
Experimental evidence for the physiological role of bacterial luciferase in the protection of cells against oxidative stress.
Curr. Microbiol. (2003) **47** 379-382
11 pkt.

3781. PIOSIK, J., ULANOWSKA, K., GWIZDEK-WIŚNIEWSKA, A., CZYŻ, A., KAPUŚCINSKI, J., WĘGRZYN, G.
Alleviation of mutagenic effects of polycyclic aromatic agents (quinacrine mustard, ICR-191 and ICR-170) by caffeine and pentoxifylline.
Mut. Res. (2003) **530** 47-57
21 pkt.
3782. ZIELKE, R., SIKORA, A., DUTKIEWICZ, R., WĘGRZYN, G., CZYŻ, A.
Involvement of the *cgtA* gene function in stimulation of DNA repair in *Escherichia coli* and *Vibrio harveyi*.
Microbiology (2003) **149** 1763-1770
21 pkt.
3783. ULANOWSKA, K., SIKORA, A., WĘGRZYN, G., CZYŻ, A.
Role of the *cgtA* gene function in DNA replication of extrachromosomal elements in *Escherichia coli*.
Plasmid (2003) **50** 45-52
11 pkt.
3784. CZYŻ, A., PLATA, K., WĘGRZYN, G.
Stimulation of DNA repair as an evolutionary drive for bacterial luminescence.
Luminescence (2003) **18** 140-144
6 pkt.
3785. CZYŻ, A., KOWALSKA, W., WĘGRZYN, G.
Vibrio harveyi mutagenicity assay as a preliminary test for detection of mutagenic pollution of marine water.
Bull. Environ. Contam. Toxicol. (2003) **70** 1065-1070
brak pkt.
3786. SŁOMIŃSKA, M., KONOPA, G., BARAŃSKA, S., WĘGRZYN, G., WĘGRZYN, A.
Interplay between DnaA and SeqA proteins during regulation of bacteriophage λ p_R promoter activity.
J. Mol. Biol. (2003) **329** 59-68
21 pkt.
3787. SŁOMIŃSKA, M., KONOPA, G., OSTROWSKA, J., KĘDZIERSKA, B., WĘGRZYN, G., WĘGRZYN, A.
SeqA-mediated stimulation of a promoter activity by facilitating functions of a transcription activator.
Mol. Microbiol. (2003) **47** 1669-1679
21 pkt.

3788. BUCHOWICZ, J., KRYSIAK, C.
Genotoxic effects of tungsten microparticles under conditions of biolistic transformation. p. 175-193. In: **Molecular Methods of Plant Analysis, Vol. 23 Genetic Transformation of Plants**. Eds. Jackson J.F., Linskens H.F., Inman, R.B., Springer, Berlin 2003
10 pkt.
3789. PACZKOWSKA, A., TOCZYŁOWSKA, B., NYCKOWSKI, P., PATKOWSKI, W., KAŃSKI, A., KRAWCZYK, M., OŁDAKOWSKA-JEDYNAK, U.
High-resolution ¹H nuclear magnetic resonance spectroscopy analysis of bile samples obtained from a patient after orthotopic liver transplantation: new perspectives.
Transplant. Proc. (2003) **35** 2278-2280
6 pkt.
3790. ZAGULSKI, M., KRESSLER, D., BÉCAM, A.M., RYTKA, J., HERBERT, C.J.
Mak5p, which is required for the maintenance of the M1 dsRNA virus, is encoded by the ORF YBR142w and is involved in the biogenesis of the 60S subunit of the ribosome.
Mol. Gen. Genomics (2003) **270** 216-224
16 pkt.
3791. BORSUK, P., MOSKWA, B., PASTUSIAK, K., CABAJ, W.
Molecular identifications of *Trichinella spiralis* and *Trichinella britovi* by diagnostic multiprimer large mitochondrial rRNA amplification.
Parasitol. Res. (2003) **91** 374-377
16 pkt.
3792. MROCZEK-TOŃSKA, K., KISIEL, B., PIECHOTA, J., BARTNIK, E.
Leber hereditary optic neuropathy – a disease with a known molecular basis but a mysterious mechanism of pathology.
J. Appl. Genet. (2003) **44** 529-538
4 pkt.
3793. BENTINGER, M., DALLNER, G., CHOJNACKI, T., SWIEZEWSKA, E.
Distribution and breakdown of labeled coenzyme Q₁₀ in rat.
Free Radical Biol. Med. (2003) **34** 563-575
21 pkt.
3794. GRZELAK, K., KŁUDKIEWICZ, B., KOLOMIETS, L.I., DĘBSKI, J., DADLEZ, M., LALIK, A., OŻYHAR, A., KOCHMAN, M.
Overexpression of juvenile hormone binding protein in bacteria and *Pichia pastoris*.
Protein Express. Purif. (2003) **31** 173-180
16 pkt.

3795. GODLEWSKI, J., KLUDKIEWICZ, B., GRZELAK, K., BERĘSEWICZ, M., CYMBOROWSKI, B.
Hormonal regulation of the expression of two storage proteins in the larval fat body of the greater wax moth (*Galleria mellonella*).
J. Insect Physiol. (2003) **49** 551-559
21 pkt.

3796. BŁASZCZYK, A., SIRKO, A.
Influence of sulfur availability on non-protein thiols contents in transgenic tobacco lines producing bacterial serine acetyltransferase.
In: **Sulfur Transport and Assimilation in Plants**. Ed. J.C. Davidian et al. Backhuys Publishers, Leiden 2003, 163-165
10 pkt.

3797. LISZEWSKA, F., SIRKO, A.
Analysis of transgenic tobacco lines expressing bacterial *CYSK* gene encoding O-acetylserine (thiol) lyase A.
In: **Sulfur Transport and Assimilation in Plants**. Ed. J.C. Davidian et al. Backhuys Publishers, Leiden 2003, 269-271
10 pkt.

3798. BRZESKI, J., DYCZKOWSKI, J. KACZANOWSKI, Sz., ZIELENKIEWICZ, P., JERZMANOWSKI, A.
Plant chromatin – learning from similarities and differences.
Advances Botanical Research (2003) **40** 107-142
21 pkt.

3799. GOLIK, P., ZWOLINSKA, U., STEPIEN, P.P., LAZOWSKA, J.
The *SUV3* gene from *Saccharomuces douglasii* is a functional equivalent of its *Saccharomyces cerevisiae* orthologue and is essential for respiratory growth.
FEMS Yeast Res. (2003) **1592** 1-9
brak pkt.

3800. ZHANG, N., CHEN, H.M., KOCH, V., SCHMITZ, H., MINCZUK, M., STEPIEN, P., FATTOM, A.I., NASO, R.B., KALICHARRAN, K., BOROWSKI, P., HOSMANE, R.S.
Potent inhibition of NTPase/helicase of the west nile virus by ring-expanded (“Fat”) nucleoside analogues.
J. Med. Chem. (2003) **46** 4776-4789
21 pkt.

3801. SPEINA, E., KIERZEK, A.M., TUDEK, B.
Chemical rearrangement and repair pathways of 1, *N*⁶-ethenoadenine.
Mut. Res. (2003) **531** 205-217
21 pkt.

3802. CHOJNACKI, T.
Preparation of tritium-labeled 3-methyl-3-buten-1 [³H]-yl diphosphate (³H-isopentenyl diphosphate).
Meth. Enzymol. (2003) **378** 152-156
21 pkt.
3803. SWIEZEWSKA, E.
Ubiquinone and plastoquinone metabolism in plants.
Meth. Enzymol. (2003) **378** 124-131
21 pkt.
3804. ZIEŃ, P., ABRAMCZYK, O., DOMAŃSKA, K., BRETNER, M., SZYSZKA, R.
TBBz but not TBBt discriminates between two molecular forms of CK2 in vivo and its implications.
Biochem. Biophys. Res. Comm. (2003) **312** 623-628
21 pkt.
3805. KRWAWICZ, J., CZAJKOWSKA, A., FELCZAK, M., PIETRZYKOWSKA, I.
UV- and MMS-induced mutagenesis of λO(am) 8 phage under nonpermissive conditions for phage DNA replication.
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** 921-939
6 pkt.
3806. ZUBEREK, J., JEMIELITY, J., NIEDZWIECKA, A., STEPINSKI, J., WYSLOUCH-CIESZYŃSKA, A., STOLARSKI, R., DARZYŃKIEWICZ, E.
Influence of the length of the phosphate chain in mRNA 5' cap analogues on their interaction with eukaryotic initiation factor 4E.
Nucleos. Nucleot. Nucleic Acids (2003) **22** 1707-1710
6 pkt.
3807. KARACZYN, A.A., BAL, W., NORTH, S.L., BARE, R.M., HOANG, V.M., FISHER, R.J., KASPRZAK, K.S.
The octapeptidic end of the C-terminal tail of histone H2A is cleaved off in cells exposed to carcinogenic nickel(II).
Chem. Res. Toxicol. (2003) **16** 1555-1559
21 pkt.
3808. KOLASA, I.K., ŁOZIŃSKI, T., WIERZCHOWSKI, K.L.
Effects of distortions by A-tracts of promotor B-DNA spacer region on the kinetics of open complex formation by *Escherichia coli* RNA polymerase.
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** 909-920
6 pkt.
3809. STRZELCZYK, B., SŁOMIŃSKA-WOJEWÓDZKA, M., WĘGRZYN, G., WĘGRZYN, A.
Non-random distribution of GATC sequences in regions of promoters stimulated by the SeqA protein of *Escherichia coli*.
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** 941-945
6 pkt.

3810. POKORSKI, M., MATYSIAK, Z., MARCZAK, M., OSTROWSKI, R.P., KAPUŚCIŃSKI, A., MATUSZEWSKA, I., KAŃSKA, M., CZARNOCKI, Z. Brain uptake of radiolabeled *N*-oleoyl-dopamine in the rat. **Drug Develop. Res.** (2003) **60** 217-224

ABSTRAKTY

- 1784/A BŁASZCZYK, A., SIRKO, A.
Short-term sulfur deficiency in tobacco – identification of differentially expressed genes.
Final COST Action 829 Meeting: Progress in Plant Sulfur Research 1997-2003.
Federal Agricultural Research Centre, Braunschweig, May 15-18, 2003.
- 1785/A DOMAŃ, M., RENAULT, P., BARDOWSKI, J.
Cassette for adaptation of *Lactococcus Lactis* to plant environment.
12^{ème} réunion du Club des Bactéries Lactiques, 19,20 et 21 Mai 2003 Aurillac
- 1786/A MARTIN, S.E., ZHUKOV, I., EJCHART, A., RAK, A., BAYER, P.
Backbone dynamics of the ribosome-associated cold shock response protein Yfia of *Escherichia coli* as determined from ¹⁵N relaxation study.
10th Chianti Workshop on Magnetic Resonance – The Neon Jubilee Edition -
Nuclear and Electron Relaxation. San Miniato (Pisa), Italy May 25-30, 2003 **p. 57**
- 1787/A OLESZCZUK, M., EJCHART, A., BIERZYŃSKI, A.
Structural studies of short helices nucleated by a calcium – binding loop.
10th Chianti Workshop on Magnetic Resonance – The Neon Jubilee Edition -
Nuclear and Electron Relaxation. San Miniato (Pisa), Italy May 25-30, 2003 **p. 91**
- 1788/A ZHUKOV, I., EJCHART, A.
Factors influencing accuracy of model-free analysis of ¹⁵N relaxation data in proteins.
10th Chianti Workshop on Magnetic Resonance – The Neon Jubilee Edition -
Nuclear and Electron Relaxation. San Miniato (Pisa), Italy May 25-30, 2003 **p. 109**
- 1789/A PACZKOWSKA, A., TOCZYŁOWSKA, B., NYCKOWSKI, P., PATKOWSKI, W.,
KAŃSKI, A., KRAWCZYK, M.
Protonowa spektroskopia wysokiej rozdzielczości NMR w analizie próbki żółci
pobranej od chorego po ortotopowym przeszczepieniu wątroby.
VI Kongres Polskiego Towarzystwa Transplantacyjnego. Jubileusz 10-lecia
Polskiego Towarzystwa Transplantacyjnego. Jachranka k/Warszawy, 15-17 maja
2003
Streszczenia s.169
- 1790/A SKORUPIŃSKA-TUDEK, K., BIENKOWSKI, T., OLSZOWSKA, O.,
FURMANOWA, M., CHOJNACKI, T., DANIKIEWICZ, W., SWIEZEWSKA, E.
Polyisoprenoid alcohols in different organs of *Coluria geoides* ledeb.
5th International Symposium on the Chemistry of Natural Compounds. Conference
Proceedings May 20-23, 2003 Tashkent, Uzbekistan **p.148**

- 1791/A BOŁTOWICZ, D., RADOMSKI, P., SZCZERBAKOWA, A., WIELGAT, B.
 Analiza międzygatunkowych mieszańców somatycznych *Solanum tuberosum* (+) *Solanum pinnatisectum*.
 II Krajowy Kongres Biotechnologii. Łódź, 23-27.06.2003r.
Materialy Konferencyjne s.169
- 1792/A SZCZEPAŃSKA, A., KRYSA, W., BARDOWSKI, J.
 Identification, BASIC genetic characterisation and regional distribution of virulent Lactococcal bacteriophages detected in polish dairies.
 FEMS Congress of European Microbiologists. Slovenia Ljubljana, Cankarjev Dom June 29 – July 3, 2003. Abstract Book P4-35 **p.192**
- 1793/A KOWALCZYK, M., COCAIGN-BOUSQUET, M., LOUBIERE. P.,
 BARDOWSKI, J.
 Identification and functional characterization of cellobiose and lactose transport systems in *Lactococcus lactis* IL 1403
 Functional Genomics of Gram-positive Microorganisms. 12th International Conference on Bacilli, Sunday, June 22 – Friday, June 27, 2003 Grand Hotel Dino, Baveno, Italy **P117**
- 1794/A ALEKSANDRZAK, T., RENAULT, P., BARDOWSKI, J.
 Functional studies on the *ptbA* gene involved in β -glucoside catabolism in *Lactococcus lactis* IL 1403.
 Functional Genomics of Gram-positive Microorganisms. 12th International Conference on Bacilli, Sunday, June 22 – Friday, June 27, 2003 Grand Hotel Dino, Baveno, Italy **P104**
- 1795/A BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M., STROKOVSKAYA, L.,
 KRAWCZYK, M., GOZDEK, A., STANKIEWICZ, A., BRETNER, M.,
 HAENNI, A-L., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.
 Fluorometric assay to measure the activity of the hepatitis C virus (HCV) helicase. FASEB Summer Research Conferences . Helicases: Structure, function and roles in human disease. June 28 – July 3, 2003 Saxtons River, Vermont, **5**
- 1796/A BRETNER, M., ZASTAPILO, K., BAIER, A., SCHALINSKI, S.,
 KULIKOWSKI, T., BOROWSKI, P.
 Synthesis and activity of potential inhibitors of the NTPase/Helicase of hepatitis C and related viruses.
 FASEB Summer Research Conferences . Helicases: Structure, function and roles in human disease. June 28 – July 3, 2003 Saxtons River, Vermont, **7**
- 1797/A POLKOWSKA-KOWALCZYK, L., MACIEJEWSKA, U., WIELGAT, B.,
 MONTILLET, J.L., AGNEL, J.P., TRIANTAPHYLIDÈS, Ch.
 Activity of lipoxygenase in *Solanum* Species in response to elicitor from *Phytophthora infestans*.
 1st Conference of the Polish Society for Plant Experimental Biology. 3-6 September, Olsztyn 2003
Polish J. Natural Sci. Suppl. No 1/2003 p.140-141

- 1798/A BOŁTOWICZ, D., SZCZERBAKOWA, A., WIELGAT, B.
Molecular analysis of somatic hybrids between *Solanum bulbocastanum* and *Solanum tuberosum*.
1st Conference of the Polish Society for Plant Experimental Biology. 3-6 September, Olsztyn 2003
Polish J. Natural Sci. Suppl. No 1/2003 **p.171**
- 1799/A JANION, C., NIEMINUSZCZY, J., SIKORA, A., GRZESIUK, E.
Adaptive response to alkylating agents in *E.coli*
European Environmental Mutagen Society 33rd Annual Meeting August 24-28, 2003
Aberdeen Exhibition and Conference Centre, Aberdeen, Scotland, UK **P116**
- 1800/A GRZESIUK, E., SIKORA, A., JANION, C.
E.coli BW535, *xth nth nfo* – a triple mutant for the DNA repair genes chronically induces the SOS response.
European Environmental Mutagen Society 33rd Annual Meeting August 24-28, 2003
Aberdeen Exhibition and Conference Centre, Aberdeen, Scotland, UK **P117**
- 1801/A GRZESIUK, E., JANION, C., NOWOSIELSKA, A.
The role of pol II, pol IV and pol V-SOS- induced DNA polymerases in spontaneous mutagenesis of *E.coli* AB1157 *mutD5*, proofreading defective strain.
European Environmental Mutagen Society 33rd Annual Meeting August 24-28, 2003
Aberdeen Exhibition and Conference Centre, Aberdeen, Scotland, UK **P14**
- 1802/A POLKOWSKA-KOWALCZYK, L., MACIEJEWSKA, U., WIELGAT, B., MONTILLET, J.L., AGNEL, J.P., TRIANTAPHYLIDÈS, Ch.
Lipid peroxidation processes in *Solanum* species in response to *Phytophthora infestans*.
Conference on “Plant Stress, Reactive Oxygen and Antioxidants”. Freising-Weihenstephan. September 10-13, 2003
Free Radical Res. (2003) **37** suppl. 2 **p.13**
- 1803/A GRABINSKA, K., SOSINSKA, G., SWIEZEWSKA, E., BERGES, T., KARST, F., PALAMARCZYK, G.
Functional inter-dependence between cis-prenyltransferases.
The XXIst International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology.
Göteborg, Sweden, July 7-12, 2003
Yeast (2003) **20** Suppl. **p. S63**
- 1804/A WYSOCKA, M., KURLANDZKA, A.
The Csm1 protein of *Saccharomyces cerevisiae* is responsible for correct chromosome segregation during meiosis.
The XXIst International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology.
Göteborg, Sweden, July 7-12, 2003
Yeast (2003) **20** Suppl. **p. S92**

- 1805/A SKONECZNA, A., PODLASKA, A., McINTYRE, J.,
SLEDZIEWSKA-GOJSKA, E.
The new link between proteasome 20S and post-replication DNA repair pathway in *Saccharomyces cerevisiae*.
The XXIst International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology.
Göteborg, Sweden, July 7-12, 2003
Yeast (2003) **20** Suppl. **p. S114**
- 1806/A KARKUSIEWICZ, I., GROMADKA, R., RYTKA, J., REMPOLA, B.
Analysis of newly discovered ORFs interacting with *KRR1*.
The XXIst International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology.
Göteborg, Sweden, July 7-12, 2003
Yeast (2003) **20** Suppl. **p. S131**
- 1807/A PAWLOWSKI, P., HOFFMAN, M., GORA, M., RYTKA, J., ZIELENKIEWICZ, P.
Metabolic regulation of heme biosynthesis.
The XXIst International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology.
Göteborg, Sweden, July 7-12, 2003
Yeast (2003) **20** Suppl. **p. S211**
- 1808/A FLIS, K., KURLANDZKA, A.
The functioning of rat CLC-2 chloride channel in *Saccharomyces cerevisiae* cells requires an increased level of the Kha1 protein.
The XXIst International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology.
Göteborg, Sweden, July 7-12, 2003
Yeast (2003) **20** Suppl. **p. S233**
- 1809/A SKONECZNY, M., CHELSTOWSKA, A., BUTOW, R.A.
Transcript profiling of peroxisome-associated genes in anaerobically grown *Saccharomyces cerevisiae* cells.
The XXIst International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology.
Göteborg, Sweden, July 7-12, 2003
Yeast (2003) **20** Suppl. **p. S273**
- 1810/A GRABOWSKA, D., JABLONSKA-SKWIECINSKA, E., CHELSTOWSKA, A.,
LEWANDOWSKA, I., PLOCHOCKA, D., BURZYNSKA, B.
S. cerevisiae : A system to express and analyse human G6PD variants.
The XXIst International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology.
Göteborg, Sweden, July 7-12, 2003
Yeast (2003) **20** Suppl. **p. S294**
- 1811/A KELNER, A., PEKALA, I., DOBROWOLSKA, G.
Effect of various protein kinase inhibitors on osmotic stress-activated protein kinase (OSAK) activity.
3rd International Conference Inhibitors of Protein Kinases, June 22-27, 2003 and Workshop Phosphoryl-Transfer Mechanisms. June 27-28, 2003 Warsaw, Poland.
Cell. Mol. Biol. Lett. (2003) **8** **p. 586**

- 1812/A ZIEŃ, P., BRETNER, M., ZASTĄPIŁO, K., SZYSZKA, R., SHUGAR, D.
Selectivity of 4,5,6,7-tetrabromobenzimidazole (TBBZ) as an ATP-competitive potent inhibitor of protein kinase CK2 from various sources.
3rd International Conference Inhibitors of Protein Kinases, June 22-27, 2003 and Workshop Phosphoryl-Transfer Mechanisms. June 27-28, 2003 Warsaw, Poland.
Cell. Mol. Biol. Lett. (2003) **8** p. 613
- 1813/A ZOLADEK, T., KAMINSKA, J., SMACZYNSKA-de ROOIJ, I., RYTKA, J.
Yeast Pan1 endocytic protein is located in the nucleus of oleic acid-grown cells.
XIX International Congress of Genetics, 6-11 July 2003 Melbourne, Victoria Australia.
Abstracts & Poster p.72
- 1814/A BOGUTA, M., TOWPIK, J., JAKUBIEC, M.
Expression of yeast mitochondrial genome: effect of translation termination.
XIX International Congress of Genetics, 6-11 July 2003 Melbourne, Victoria Australia.
Abstracts & Poster p.220
- 1815/A KRZYMOWSKA, M.,
NADPH oxidase and catalase – elements of plant response to infection.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 p.12 A15
- 1816/A OBTUŁOWICZ, T.
Microsatellite instability and DNA repair in colon cancer.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 p.57-58 A103
- 1817/A TUDEK, B., KOWALCZYK, P., CIEŚLA, J., POKRYWIŃSKA, G., RUSIN, B., ZIELIŃSKA, M., SPEINA, E., KUŚMIEREK, J.
Products of lipid peroxidation as mutagenic and carcinogenic mediators of inflammation.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 p.134 A237
- 1818/A ZARĘBSKA, Z., ZIELIŃSKA, J., ZHUKOV, I., MAŚLIŃSKI, W.
PUVA-induced lipoapoptosis in human lymphocytes: arachidonic acid and its photoproducts.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 p.150 A268
- 1819/A CEGŁOWSKI, P.
Complete nucleotide sequences of two large plasmids isolated from clinical strains of *Enterobacteriaceae*.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 p.154-155 A272

- 1820/A KRAJEWSKA-GRYNKIEWICZ, K., ŁOBOCKA, M.
Abnormal nucleoid distribution and cell division in cells overproducing partition proteins of P1 plasmid.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.170** A301
- 1821/A KULIKOWSKI, T.
Flaviviridae viruses NTPase/helicase: a new target for inhibitors.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.183** A325
- 1822/A DOBROWOLSKA, G.
Osmotic stress signal transduction in plants.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.198** A351
- 1823/A SZCZEGIELNIAK, J., KLIMECKA, M., MUSZYŃSKA, G.
Cloning, sequencing and localization of maize Ca²⁺-dependent protein kinase activated by phospholipids (ZmCPK11).
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.204** A362
- 1824/A CIESIELSKI, A., BUCHOLC, M., DOBROWOLSKA, G.
Screening for signaling pathway components interacting with osmotic stress activated kinase (OSAK).
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.204** A363
- 1825/A KELNER, A., PEKALA, I., SIKORA, J., DADLEZ, M., SIEDLECKI, P.,
ZIELENKIEWICZ, P., DOBROWOLSKA, G.
Studies on mechanism of activation of tobacco Osmotic Stress-Activated Kinase.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.205** A365
- 1826/A KLIMECKA, M., SZCZEGIELNIAK, J., MUSZYŃSKA, G.
Involvement of maize calcium dependent protein kinase activated by phospholipids (ZMCPK11) in stress signal transduction.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.206** A366
- 1827/A ŁEBSKA, M., SZCZEGIELNIAK, J., DOBROWOLSKA, G., MUSZYŃSKA, G.
CK2α-like protein kinase from maize.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.206** A367

- 1828/A PEKALA, I., KELNER, A., SOKÓŁ, A., PRYMAKOWSKA-BOSAK, M., DOBROWOLSKA, G.
Searching for an upstream and downstream elements of Osmotic Stress-Activated Kinase.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.207** A368
- 1829/A HELWAK, A., GUTKOWSKA, M., KING, F., KUDŁA, G., JÓZEFACKI, R., WALERYCH, D., WAWRZYNÓW, A., ŻYLICZ, M.
Modulation of p53 DNA binding activity by molecular chaperones.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.225-226** A396
- 1830/A NARAJCZYK, M., BARAŃSKA, S., GABIG-CIMIŃSKA, M., WĘGRZYN, G.
Factors influencing the regulation of change of bacteriophage lambda DNA replication mode.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl.1 **p.172** A305
- 1831/A PODSTOLSKI, W., GÓRA-SOCHACKA, A., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.
Appearance of novel PSTVd variants upon coinfection with two non-infectious PSTVd clones.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.239** A418
- 1832/A KALISZEWSKI, P., GAJEWSKA, B., KAMIŃSKA, J., ŻOŁĄDEK, T.
The growth of *rsp5* mutants of *S. Cerevisiae* is affected by multicopy *PIS1* gene encoding phosphatidylinositol synthase.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.259-260** A447
- 1833/A JABŁONOWSKA, A., BAKUN, M., DADLEZ, M.
Structural studies of Alzheimer's disease Abeta peptide oligomers.
14th Meeting of the European Society for Neurochemistry 'Advances in Molecular Mechanisms of Neurological Disorders'. Warsaw, Poland 1-4 June, 2003
J. Neurochem. (2003) **85** Suppl. 2 **PS3-01**
- 1834/A KRAWCZYK, M., STANKIEWICZ, A., STROKOVSKAYA, L., GOZDEK, A., GALITONOV, G., BRETNER, M., HAENNI, A.-L., ZAGÓRSKI, W., BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.
Fluorescent hepatitis C virus (HCV) helicase assay.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl.1 **p.303-304** A522

- 1835/A STANKIEWICZ, A., STROKOVSKAYA, L., POZNAŃSKI, J., ZHUKOV, I., GOZDEK, A., BRETNER, M., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W., BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.
Expression and structural studies on hepatitis C virus helicase and its inhibitors.
39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1 **p.328** A569
- 1836/A KRUSZEWSKA, J., ZAKRZEWSKA, A., LENART, U., ORŁOWSKI, J., LAUDY, A., KURZĄTKOWSKI, W., ZDEBSKA, E., PALAMARCZYK, G.
Genetyczne modyfikacje *Trichoderma reesei*, prowadzące do podwyższenia poziomu sekrecji i aktywności enzymów celulolitycznych.
II Krajowy Kongres Biotechnologii. Łódź, 23-27 czerwca 2003
Materiały Konferencyjne s.175
- 1837/A ZARĘBSKA, Z., ZHUKOV, I., MASLINSKI, W.
PUVA-induced lipoapoptosis in human lymphocytes: arachidonic acid and its photoproducts.
10th Congress of the European Society for Photobiology September 6-11, 2003
General Hospital Vienna, Austria.
Programme and Book of Abstracts P169
- 1838/A LENART, U., KRUSZEWSKA, J., ORŁOWSKI, J., ZDEBSKA, E., LAUDY, A., KURZĄTKOWSKI, W., PALAMARCZYK, G.
Alterations of *Trichoderma reesei* cell wall and morphology exerted by overexpression of the yeast dolichyl phosphate mannose gene.
II International Conference on Molecular Mechanisms of Fungal Cell Wall Biogenesis. Salamanca, Spain August 27-September 1, 2003
Program and Abstracts p.13
- 1839/A JANIK, A., KRUSZEWSKA, J., ORŁOWSKI, J., PALAMARCZYK, G.
Dolichyl phosphate mannose synthase from *S. cerevisiae*; presence of the potential phosphorylation site is vital for yeast cells.
II International Conference on Molecular Mechanisms of Fungal Cell Wall Biogenesis. Salamanca, Spain August 27-September 1, 2003
Program and Abstracts p.63
- 1840/A SKORUPINSKA-TUDEK, K.
13 C labeling of polyisoprenoid alcohols in hairy roots of *Coluria geoides*.
1st European Symposium on Plant Lipids September 10-13th, 2003
RWTH Aachen, Germany **p.58**
- 1841/A MILNER, M., CONWAY, J.F., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.
Potato virus Y virus-like particles.
Proceedings of the 5th International Conference on Molecular Structural Biology. Vienna, September 3-7, 2003 **120/P72**

- 1842/A STROKOVSKAYA, L., BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M., STANKIEWICZ, A., GOZDEK A., POZNAŃSKI, J., BRETNER, M., ZHUKOV, I., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.
Studies on hepatitis C virus (HCV) helicase expressed in the baculovirus system.
Proceedings of the 5th International Conference on Molecular Structural Biology.
Vienna, September 3-7, 2003 **125/P77**
- 1843/A GOZDEK, A., POZNAŃSKI, J., BOROWSKI, P., SIMORRE, J.P., ZAGÓRSKI-OSTOJA, W., BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M.
Peptide inhibitor of the hepatitis C virus helicase, expression and structural studies.
Proceedings of the 5th International Conference on Molecular Structural Biology.
Vienna, September 3-7, 2003 **121/P73**
- 1844/A HENNIG, J., KRZYMOWSKA, M., KONOPKA, D., MACIOSZEK, V.
Molecular characterization of hypersensitive response like reaction tobacco plants to *Pseudomonas syringae* pv. *maculicola* infection.
Keystone Symposia
2003 Abstract Book
Plant Biology: Functions and Control of Cell Death, Utah. April 10-15, 2003
Abstract Book p.64
- 1845/A KRZYMOWSKA, M., BARABASZ, A., MAC, A., BIENIAK, B., CHARZYŃSKA, M., HENNIG, J.
Characterization of a *Solanum Tuberosum* 1,3- β - glucanase gene.
7th International Congress of Plant Molecular Biology, Barcelona June 23-28, 2003
Book of Abstracts S21-62
- 1846/A MALINOWSKI, J., KRZYMOWSKA, M., HENNIG, J., PODSTOLSKI, A.
TMV-induced salicylic aldehyde synthase from tobacco converts *ortho*-coumaric acid to salicylic aldehyde.
1st Conference of the Polish Society for Plant Experimental Biology, 3-6 September, Olsztyn 2003
Polish J. Natural Sci. Suppl. 1/2003 p.130
- 1847/A HENNIG, J., KRZYMOWSKA, M., BARABASZ, A., MAC, A., BIENIAK, B., CHARZYŃSKA, M.
Functional analysis of *gluB* gene in *Solanum tuberosum* plants.
1st Conference of the Polish Society for Plant Experimental Biology, 3-6 September, Olsztyn 2003
Polish J. Natural Sci. Suppl. 1/2003 p.160
- 1848/A KELNER, A., PEKALA, I., DOBROWOLSKA, G.
Effect of various protein kinase inhibitors on osmotic stress-activated protein kinase (OSAK) activity.
3rd International Conference Inhibitors of Protein Kinases. June 22-27, 2003 and Workshop Phosphoryl-Transfer Mechanisms June 27-28, 2003 Warsaw, Poland
Cell. Mol. Biol. Lett. (2003) 8 p.586-587 Spec. Issue

- 1849/A LICHOTA-ARCZEWSKA, K., D., GACKOWSKI, D., SIOMEK, A., TUDEK, B.
KUŚMIEREK, J.T., OLIŃSKI, R.
Activity of human MutT homologue (hMTH1) protein in non small lung cancer patients.
European Environmental Mutagen Society 33rd Annual Meeting, August 24-28, 2003
Aberdeen, Scotland, UK **P78**
- 1850/A KELNER, A., PEKALA, I., KOWALSKI, P., DOBROWOLSKA, G.
Molecular characterization of osmotic stress-activated kinase.
EuroPhosphatases 2003, June 29- July 3rd 2003 Barcelona, Spain
EMBO Conference/ FEBS Advanced Course **A29**
- 1851/A ANCZEWSKI, W., DODZIUK, H., EJCHART, A.
Relaxation rates of camphor enantiomers in the α -CD complex. Determination of the guest orientation inside it.
15th International Symposium on Chirality (ISCD-15) October 20-23, 2003
Shizuoka, Japan
Abstracts. Program and List of Participants OB-01
- 1852/A JAKOBKIEWICZ-BANECKA, J., BANECKA-MAJKUTEWICZ, Z., NYKA, W.M.,
WĘGRZYN, G., WĘGRZYN, A., SAWULA, W., BANECKI, B.
Plasma homocysteine level, methylenetetrahydrofolate gene mutations and risk for ischemic stroke.
12th European Stroke Conference, May 21-24, 2003 Valencia, Spain.
Cerebrovasc. Dis. (2003) **16** (suppl. 4) **p.125**.
- 1853/A SŁOMIŃSKA, M., KONOPA, G., BARAŃSKA, S., KĘDZIERSKA, B.,
WĘGRZYN, A., WĘGRZYN, G.
Various mechanisms of SeqA-mediated regulation of transcription initiation.
Molecular Genetics of Bacteria and Phages, August 5-10, 2003 University of Wisconsin-Madison USA,
- 1854/A CZYŻ, A., ULANOWSKA, K., SIKORA, A., WĘGRZYN, G.
Role of the *cgtA* gene function in DNA replication of extrachromosomal elements in *Escherichia coli*.
Molecular Genetics of Bacteria and Phages, August 5-10, 2003 University of Wisconsin-Madison USA, **p.125**
- 1855/A SIKORA, A., SŁOMIŃSKA, M., CZYŻ, A., WĘGRZYN, G.
A role for the CgtA protein from *Vibrio harveyi* and *Escherichia coli* in chromosome replication and cell division.
Molecular Genetics of Bacteria and Phages, August 5-10, 2003 University of Wisconsin-Madison USA, **p.237**
- 1856/A CZYŻ, A., KOWALSKA, W., WĘGRZYN, G.
A new biological assay for detection of mutagenic pollution of marine water.
International Symposium Chemistry & Biology of Marine Organisms, September 21-26, 2003 Kolymari, Crete, Greece
Program & Book of Abstracts p.167

- 1857/A CZYZ, A., ULANOWSKA, K., SIKORA, A., WĘGRZYN, G.
 Role of the CgtA gene function in DNA replication of extrachromosomal elements in *Escherichia coli*.
 HUPO 2nd Annual & IUBMB XIX World Congress, October 8-11, 2003, Montreal, Canada
Mol. Cell. Proteomics (2003) **2** p.895
- 1858/A TYLKI-SZYMANSKA, A., WĘGRZYN, A., WĘGRZYN, G.
 A general model for genetic regulation of metabolism of glycosaminoglycans has implications for prediction of severity and clinical progress of mucopolysaccharidoses on the basis of biochemical analyses.
 14th ESGLD Workshop, September 18-21, 2003, Podebrady, Czech Republic
Final Programme & Book of Abstracts P60
- 1859/A STRZELCZYK, B., SŁOMIŃSKA, M., WĘGRZYN, G., WĘGRZYN, A.
 Regulation of transcription by the SeqA protein and distribution of GATC sequences in a promoter region.
 39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1, p.177 A316
- 1860/A WĘGRZYN, A., SŁOMIŃSKA, M., KONOPA, G., KĘDZIERSKA, B., WĘGRZYN, G.
 SeqA-mediated stimulation of a promoter activity by facilitating functions of a transcription activator.
 39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1, p.179 A319
- 1861/A JABŁONOWSKA, A., BAKUN, M., DADLEZ, M.
 Structural insights into the early events in Alzheimer's A β peptide oligomerization. Proceedings of the 5th International Conference on Molecular Structural Biology. Vienna, September, 3-7, 2003 **123/P75**
- 1862/A WĘGRZYN, G., WĘGRZYN, A., TYLKI-SZYMANSKA, A.
 A possible procedure for prediction of severity and clinical progress of lysosomal storage disorders – mucopolysaccharidoses.
 39th Meeting of the Polish Biochemical Society, Gdańsk 16-20 September 2003
Acta Biochim. Polon. (2003) **50** Suppl. 1, p.249 A430
- 1863/A KARST, F., MEYER, D., PLOCHOCKA, D., SZKOPINSKA, A.
 Farnesyl diphosphate synthase a key enzyme in isoprenoid pathway in yeast?
 6th Yeast Lipid Conference. Lipid metabolism, transport, regulation, cellular functions and biotechnical aspects, May 30-31, 2003 COLMAR, France

- 1864/A TOCZYŁOWSKA, B., KIERUL, K., BARTNICKI, M., MAYZNER-ZAWADZKA, E., ŁAZOWSKI, T., RYBA, M.
 Analiza statystyczna wyników spektroskopowych badań NMR płynu mózgowo-rdzeniowego pacjentów leczonych CDP-choliną.
 XIII Krajowa Konferencja Naukowa, Biocybernetyka i Inżynieria Biomedyczna.
 Gdańsk, 10-13 września 2003
Fizyka Medyczna Tom II s.1216-1219
- 1865/A EJCHART, A.
 Chemical shift titration at the intermediate exchange rates of host – guest system.
 XXXVI Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and its Applications.
 Kraków, 1-2 December 2003
Abstracts p.25
- 1866/A NIEMINUSZCZY, J., GRZESIUK, E., KRUSZEWSKI, M., PŁAZIŃSKA, M., T. GRZESIUK, W.
 Damage to DNA and its repair assessed by the „comet” assay in patients with autonomous thyroid nodules receiving 131-Iodine therapy.
 Gliwice Scientific Meetings 2003, Gliwice, 21-22.XI, 2003 **p.63**
- 1867/A KRZYMOWSKA, M., BARABASZ, A., MAC, A., WITEK, K., BIENIAK, B. CHARZYŃSKA, M., HENNIG, J.
 Functional analysis of *gluB* gene in *Solanum tuberosum* plants.
 Gliwice Scientific Meetings 2003, Gliwice, 21-22.XI, 2003 **p.15**
- 1868/A TOWIPIK, J., CHACIŃSKA, A., JAKUBIEC, M., BOGUTA, M., GINALSKI, K.
 Mitochondrial translation could be inhibited by mutated release factor
 Trends in Mitochondrial Pharmacology and Genetics. European Science Foundation Workshop organized by The Nencki Institute of Experimental Biology,
 Warsaw/Mądralin 9-12 May 2003 (CD-ROM)
- 1869/A SPEINA, E., TUDEK, B.
 Misreading of 1, N^6 -ethenoadenine rearrangement derivatives by selected DNA polymerases.
 European Environmental Mutagen Society 33rd Annual Meeting, August 24-28, 2003
 Aberdeen, Scotland, UK **P78**
- 1870/A BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M., HAENNI, A-L.
 RNA virus genomes hijack host factors for their amplification.
 Non coding RNA, its role translation and gene regulation.
 EMBO Workshop and Jacques Monod Conference, Aussois, 14-19 January 2003

- 1871/A WIĘSYK, A., GÓRA-SOCHACKA, A., PAWŁOWICZ, J., ROSA, I., ZAGÓRSKI, W.
Expression of RNA in transgenic plants carrying a mutated cDNA copy of the PSTVd genome.
Workshop on: Understanding the Plant Genome. Poznań, Poland, 2-3 June 2003,
Poland . Centre of Excellence in Plant Agrobiolgy and Molecular Genetics PAGEN
at the Institute of Plant Genetics of the Polish Academy of Sciences, Poznań, Poland
Abstracts of lectures and poster presentations P21
- 1872/A SOHM, B., FRUGIER, M., BRULÉ, H., OLSZAK, K., PRZYKORSKA, A., PARK, H., KING, M., FLORENTZ, C.
Investigation of human mitochondrial leucine aminocylation rules.
The tRNA World. 20th International tRNA Workshop, October 2-7, 2003 Banz,
Germany, Session V/10 **p.125**
- 1873/A STOBIECKA, A., STOBIECKA, M., RADECKA, H., RADECKI, J., KŁUDKIEWICZ, B., GRZELAK, K.
The attempt of immobilization of recombinant juvenile hormone binding protein (rJHBP) on the gold electrodes.
First International Conference on Advanced analysis – Exploring Biological Systems in Food. Olsztyn, Poland September 3-7, 2003
Programme & Book of Abstracts PP45
- 1874/A BAJDA, A., WÓJCIK, J., KACZKOWSKA, A., MARCZEWSKI, M., KAROLEWSKI, P., OLEKSYN, J., ŚWIEŻEWSKA, E., CHOJNACKI, T.
Struktura i uwarunkowane fizjologią występowanie poliprenoli w roślinach.
II Krajowy Kongres Biotechnologii, Łódź, 23-27 czerwca 2003
Materiały Konferencyjne s.141
- 1875/A WOJTAS, M., ŚWIEŻEWSKA, E.
Klonowanie cDNA podjednostki REP Rab prenylotransferazy z *Arabidopsis thalina*.
Struktura i uwarunkowane fizjologią występowanie poliprenoli w roślinach.
II Krajowy Kongres Biotechnologii, Łódź, 23-27 czerwca 2003
Materiały Konferencyjne s.163
- 1876/A BARTOSIK, A.A., LASOCKI, K., THOMAS, C.M., JAGURA-BURDZY, G.
Genome partitioning In *Pseudomonas aeruginosa* – studies on the ParB-DNA interactions.
Gordon Research Conference – Plasmid and Chromosome Dynamics, 17-22 VIII, 2003, Tilton School, Tilton, NH.
- 1877/A PISKLAK, M., MARSZAŁEK, R., HORSZTYŃSKI, D., CZERNICKI, Z., GRIEB, P., JANKOWSKI, W., WAWER, I.
Multinuclear solid state mas NMR studies of lyophilised brain tumors.
Ampere XI NMR School , Zakopane – Poland June 1-6, 2003
Abstracts p.38

- 1878/A JUSZCZUK, O., ŁOBOCKA, M.B.
 ParA-dependent segregation of ParB pool predetermines P1 plasmid destination sites within a cell during partitioning.
 The International Gordon Research Conference "Plasmid and Chromosome Dynamics 2003" 17-22.08.2003, Tilton School, New Hampshire, USA
 Poster Session II, **A36**
- 1879/A ŁOBOCKA, M.B., ARAKERE, G., JUSZCZUK, O.
 Properties of the P1 partition ATPase ParA modified by a putative helix breaking alteration between the Walker A' and B motifS.
 The International Gordon Research Conference "Plasmid and Chromosome Dynamics 2003" 17-22.08.2003, Tilton School, New Hampshire, USA
 Poster Session II, **A343**
- 1880/A PODLASKA, A., McINTYRE, J., SKONECZNA, A., SLEDZIEWSKA-GOJSKA, E.
 The role of yeast 20S proteasome in DNA repair.
 Fifth International Workshop on Proteasomes. April 27-29, 2003 Clermont-Ferrand, France
- 1881/A GOLEBIEWSKI, M., KERN-ZDANOWICZ, I., CEGLOWSKI, P.
 Complete nucleotide sequence of a broad host range plasmid pCTX-M3 and analysis of its conjugal transfer system.
 Biology of Typ IV Secretion Processes. EuroConference on the Mechanisms and Applications in Biotechnology. Giens, France, 12-17 September 2003
- 1882/A NIEMINUSZCZY, J., LAUBITZ, D., GRZESIUK, E.
 Antybakteryjna aktywność soku trzustkowego.
 II Krajowy Kongres Biotechnologii. Łódź, 23-27.06.2003
Materiały Konferencyjne s.150
- 1883/A WYSLOUCH-CIESZYNSKA, A., SZPINETA, A., ZHUKOVA, L., ZHUKOV, I.
 Thiol nitrosylation may modulate the extracellular activity of S100 proteins through alteration of overall protein conformation and changes in oligomerization status.
 17th Symposium of the Protein Society, July 26-30, 2003, Boston, Massachusetts.
- 1884/A HELWAK, A., GUTKOWSKA, M., KING, F., JOZEFACKI, R., WALERYCH, D., WAWRZYNOW, A., ZYLICZ, M.,
 Role of Hsc 70 and Hsp 70 molecular chaperones in cell transformation.
 Euroesco Conference and FEBS Advanced Course "Biology of Molecular Chaperones", Tomar, Portugal, August 30 – September 4, 2003, **p.34**
- 1885/A KUDLA, G., HELWAK, A., LIPINSKI, L.,
 Gene conversion and GC content evolution in mammalian Hsp 70.
 Euroesco Conference and FEBS Advanced Course "Biology of Molecular Chaperones", Tomar, Portugal, August 30 – September 4, 2003, **p.73**

- 1886/A PYTLEWSKA, A., OLSZOWSKA, O., SKORUPIŃSKA-TUDEK, K.,
ŚWIEŻEWSKA, E., SZYPUŁA, W.
Influence of methyl jasmonate and chitosan on polyprenol biosynthesis in suspension
cell culture of *Taxus baccata*.
2nd International Medical Conference for Students and Young Physicians. Warsaw,
May 16th-18th 2003 dedicated to memory of Tomasz Olejniczak, Students' Scientific
Association, Medical University of Warsaw **p.82-83**
- 1887/A OLSZOWSKA, O., PYTLEWSKA, A., SKORUPIŃSKA-TUDEK, K., SZYPUŁA,
W., ŚWIEŻEWSKA, E.
Poliprenole w kulturze zawieszonowej *Taxus baccata*.
X Ogólnopolska Konferencja Kultur In Vitro i Biotechnologii Roślin 15-17 września
2003r. Bydgoszcz, Biotechnologia Roślinna w Biologii, Farmacji i Rolnictwie **s.101**

MISCELLANEA

- 65/M CHOJNACKI, T.:
Wspomnienia. Pożegnanie Profesora Tadeusza Korzybskiego.
Nauka (2003) 1 269-272
- 66/M LIBUDZISZ, Z., WALCZAK, P., BARDOWSKI, J. (Komitet Redakcyjny)
Bakterie Fermentacji Mlekowej. Metabolizm, Genetyka, Wykorzystanie.
Materiały Naukowe Sympozjum, Spała 2003 Politechnika Łódzka, Instytut
Technologii Fermentacji i Mikrobiologii
5 pkt.
- 67/M BARDOWSKI, J., LIBUDZISZ, Z., WALCZAK, P. (Przedmowa}
W: **Bakterie Fermentacji Mlekowej**. Metabolizm, Genetyka, Wykorzystanie.
Materiały Naukowe Sympozjum, Spała 2003 Politechnika Łódzka, Instytut
Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, **s.7-8**
6 pkt.
- 68/M BARDOWSKI, J., GÓRECKI, R.K.
Nowe osiągnięcia w badaniach genomów bakterii mlekowych.
W: **Bakterie Fermentacji Mlekowej**. Metabolizm, Genetyka, Wykorzystanie.
Materiały Naukowe Sympozjum, Spała 2003 Politechnika Łódzka, Instytut
Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, **s.9-12**
6 pkt.
- 69/M BARDOWSKI, J., KRYSA, W., SZCZEPAŃSKA, A.
Bakteriofagi bakterii fermentacji mlekowej.
W: **Bakterie Fermentacji Mlekowej**. Metabolizm, Genetyka, Wykorzystanie.
Materiały Naukowe Sympozjum, Spała 2003 Politechnika Łódzka, Instytut
Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, **s.27-34**
6 pkt.
- 70/M ŻYLIŃSKA, J., BARDOWSKI, J.
Strategie tworzenia banków genomowych w sekwencjonowaniu *Lactococcus lactis*.
W: **Bakterie Fermentacji Mlekowej**. Metabolizm, Genetyka, Wykorzystanie.
Materiały Naukowe Sympozjum, Spała 2003 Politechnika Łódzka, Instytut
Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, **s.35-39**
6 pkt.
- 71/M KOWALCZYK, M., BARDOWSKI, J.
Nadprodukcja i oczyszczanie białka CcpA pochodzącego z *Lactococcus lactis*.
W: **Bakterie Fermentacji Mlekowej**. Metabolizm, Genetyka, Wykorzystanie.
Materiały Naukowe Sympozjum, Spała 2003 Politechnika Łódzka, Instytut
Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, **s.40-45**
6 pkt.

- 72/M GÓRECKI, R., BARDOWSKI, J.
Wpływ środowiska na ekspresję genów u bakterii fermentacji mlekowej.
W: **Bakterie Fermentacji Mlekowej**. Metabolizm, Genetyka, Wykorzystanie.
Materiały Naukowe Sympozjum, Spała 2003 Politechnika Łódzka, Instytut
Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, **s.46-49**
6 pkt.
- 73/M KORYSZEWSKA, A., BARDOWSKI, J.
Identyfikacja szczepów bakterii fermentacji mlekowej z rodzaju *Lactococcus*.
W: **Bakterie Fermentacji Mlekowej**. Metabolizm, Genetyka, Wykorzystanie.
Materiały Naukowe Sympozjum, Spała 2003 Politechnika Łódzka, Instytut
Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, **s.50-55**
6 pkt.
- 74/M DOMAŃ-PYTKA, M., BARDOWSKI, J.
Charakterystyka funkcjonalna regionu promotorowego genu kodującego pullulanę
u *Lactococcus lactis*.
W: **Bakterie Fermentacji Mlekowej**. Metabolizm, Genetyka, Wykorzystanie.
Materiały Naukowe Sympozjum, Spała 2003 Politechnika Łódzka, Instytut
Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, **s.56-61**
6 pkt.
- 75/M WAŚKO, A., TARGOŃSKI, Z., BARDOWSKI, J.
Optymalizacja wytwarzania kwasu mlekowego przez amylolityczny szczep
Lactococcus lactis IBB 500 na surowcach skrobiowych.
W: **Bakterie Fermentacji Mlekowej**. Metabolizm, Genetyka, Wykorzystanie.
Materiały Naukowe Sympozjum, Spała 2003 Politechnika Łódzka, Instytut
Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, **s.178-182**
6 pkt.
- 76/M TUDEK, B., CIEŚLA, Z., JANION, C., BOITEUX, S., BEBENEK, K.,
SHINAGAWA, H., BARTSCH, H., LAVAL, J., van ZEELAND, A.A.,
MULLENDERS, L.F.H., SZYFTER, K., COLLINS, A., KRUSZEWSKI, M.
Meeting Report. 32nd Annual Meeting of European Environmental Mutagen Society.
DNA damage and repair fundamental aspects and contribution to human disorders.
DNA Repair (2003) **2** 765-781
21 pkt.
- 77/M KACZANOWSKI, Sz., ZIELENKIEWICZ, P.
A TIP on malaria (genomics).
Nature Biotech. (2003) **21** 733
21 pkt.
- 78/M MAŁECKI, M., STĘPIEŃ, P.P.
Mechanizmy degradacji mRNA.
Post. Bioch. (2003) **49** 58-67
brak pkt.

- 79/M NOWOSIELSKA, A., GRZESIUK, E.
Mutacje adaptacyjne.
Post. Bioch. (2003) **49** 68-76
brak pkt.
- 80/M SOSIŃSKA, G.
Dolichole, długołańcuchowe lipidy izoprenoidowe biorące udział w modyfikacjach białek.
Post. Bioch. (2003) **49** 107-115
brak pkt.
- 81/M LUBOS, L., WAJGT, A., MACIEJOWSKI, M., MROCZEK-TOŃSKA, K.,
BARTNIK, E., DZIEKANOWSKA, D.
Przypadek choroby Lebera – różnicowanie z pozapalnym zanikiem nerwu II za pomocą analizy mtDNA.
Neurol. Neurochir. Pol. (2003) **37** 229-234
4 pkt.
- 82/M WOLNICKA-GLUBISZ, A., ZAREBSKA, Z.
PUVA – fotofereza, fotochemioterapia pozaustrojowa.
Przegl. Dermat. (2003) **5** 383-391
4 pkt.
- 83/M ZAIM, J., KIERZEK, A.M.
Domain organization of activation-induced cytidine deaminase.
Nature Immun. (2003) **4** 1153
6 pkt.
- 84/M TUDEK, B. (Editorial)
Oxidative DNA damage and its repair base excision repair.
Mut. Res. (2003) **531** 1-3
21 pkt.
- 85/M PASZEWSKI, A.
Osoba Zabłąkana w Debach Bioetycznej.
W: **Fizyczne problemy wynikające z rozwoju nauki.** Warszawa 2003,
Polska Akademia Nauk, Centrum Upowszechniania Nauki, s.229-241

TYTUŁY PRAC DOKTORSKICH

295/N BIAŁKOWSKA, A.

Proteins interacting with the Irr1p involved in sister chromatid cohesion and colony formation in *Saccharomyces cerevisiae*. (Białka współdziałające z Irr1p zaangażowanym w kohezję siostrzanych chromatyd i tworzenie kolonii u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*).

Presented February 25, 2003

Research done in the Department of Genetics IBB PAS

296/N KOPROWSKI, P.

Effect of the MSH1 and DIN7 genes products on the stability of microsatellite sequences in mitochondrial DNA of *Saccharomyces cerevisiae*. (Wpływ produktów genów *MSH1* i *DIN7* na stabilność sekwencji mikrosatelitarnych w mitochondrialnym DNA *Saccharomyces cerevisiae*).

Presented February 25, 2003

Research done in the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS

297/N GAWĘŁ, D.

Spontaneous frameshift mutagenesis and UV-induced mutagenesis occurring during replication of leading and lagging DNA strands in *Escherichia coli* cells.

(Spontaniczna mutageneza mutacji typu zmiany ramki odczytu oraz mutageneza indukowana promieniami ultrafioletowymi w komórkach *Escherichia coli*).

Presented March 18, 2003

Research done in the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS

298/N ADAMCZYK, M.

The role of KfrA protein in the stable inheritance of IncP-1 plasmids. (Rola białka KfrA w stabilnym dziedziczeniu plazmidów IncP-1).

Presented March 18, 2003

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS

299/N MALISZEWSKA-TKACZYK, M.

Asymmetry of spontaneous and SOS-induced base substitution mutagenesis during leading and lagging-strand replication in *Escherichia coli* cells. (Powstawanie mutacji typu zmiany podstawienia zasad na nici prowadzącej i opóźnionej DNA podczas mutagenezy spontanicznej oraz podczas indukcji systemu SOS w komórkach *Escherichia coli*).

Presented April 29, 2003

Research done in the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS

300/N WYSOCKA, J.

HCF: a chromatin associated cell proliferation factor. (HCF: związany z chromatyną czynnik proliferacji komórek).

Presented April 29, 2003

Research done in the IBB PAS and Cold Spring Harbour Laboratory, New York

301/N SARNOWSKI, T.J.

Identyfikacja i analiza funkcjonalna białka AtSWI3B z *A.Thaliana*, homologa rdzeniowej podejdnostki kompleksu remodelującego chromatynę. (Identification and functional analysis of *Arabidopsis* AtSWI3B protein, a homolog of yeast core subunit of chromatin remodeling complex).

Presented June 17, 2003

Research done in the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS

302/N DOMAŃ-PYTKA, M.

Identyfikacja oraz struktura i funkcja genu kodującego enzym degradujący skrobię u *Lactococcus lactis* IBB 500. (Identification and structure and function of the gene coding for a starch-degrading enzyme in *Lactococcus lactis* IBB 500).

Presented June 17, 2003

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS

303/N GRABOWSKA, D.

Identification of mutations in human genes encoding glucose-6-phosphate dehydrogenase and NADH-cytochrome b₅ reductase and functional analysis of their *Saccharomyces cerevisiae* homologues. (Identyfikacja mutacji w genach ludzkich kodujących dehydrogenazę glukozo-6-fosforanu i reduktazę cytochromu b₅ oraz analiza funkcjonalna genów kodujących ich homologii w *S.cerevisiae*)

Presented October 28, 2003

Research done in the Department of Genetics IBB PAS

304/N SPEINA, E.

Glycosylases of exocyclic adducts to DNA bases and products of their rearrangement studied in model systems and in lung cancer. (Glikozyłazy egzocyklicznych adduktów zasad i produktów ich rearanżacji badane w systemach modelowych i nowotworze płuca.)

Presented December 16, 2003

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS

TYTUŁY PRAC MAGISTERSKICH

305/N KOWALSKI, P.

Poszukiwanie genu kodującego kinazę p42 aktywowaną w odpowiedzi komórki roślinnej na stres osmotyczny. (Searching for a gene encoding p42 kinase activated in a plant cell in response to osmotic stress).

Presented February 18, 2003

Research done in the Agricultural University of Warsaw and the Laboratory Phosphorylation of Plant Proteins IBB PAS

306/N RUSIN, B.

Badanie specyficzności mutacji indukowanych przez produkty peroksydacji kwasów tłuszczowych u *E. coli* z wykorzystaniem modelu faga M13 – wpływ różnych systemów naprawy. (Research of the specificity mutations induced by products of lipid peroxidation in *E.coli* on the M13 phage model – influence different repair systems).

Presented June 16, 2003

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and the Maria Curie-Skłodowska Memorial University, Lublin

307/N WAŚKO, I.

Poszukiwanie oddziaływań między produktem genu *Saccharomyces cerevisiae* *YIL019w* a innymi białkami drożdżowymi przy użyciu systemu dwu-hybrydowego. (Searching for interactions between product of *Saccharomyces cerevisiae* gene *YIL019w* and other yeast protein by two-hybrid system).

Presented June 16, 2003

Research done in the Department of Biophysics IBB PAS and the Maria Curie-Skłodowska Memorial University, Lublin

308/N KOMISARSKI, M.

Badania nad powstawaniem cyklicznych adduktów w reakcjach mutagenów z zasadami DNA.

(Studies on formation of cyclic adducts in reactions of mutagens with DNA bases).

Presented June 23, 2003

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS and Faculty of Chemistry UW

309/N GEWARTOWSKI, K.

Procesy adenylacji RNA w mitochondriach ludzkich. (Functional analysis of the RNA adenylation in human mitochondria).

Presented June 26, 2003

Research done in Departament of Genetics UW

- 310/N BAŃKOWSKA, R.
Zależność pomiędzy sekrecją a O-glikozylacją białek u *Trichoderma reesei*.
(Interdependence between O-glycosylation and secretion in *T.reesei*).
Presented July 17, 2003
Research done in the Agricultural University of Warsaw and the Fungal Glycobiology Laboratory IBB PAS
- 311/N MARSZAŁEK, M.A.
Systemy do badania funkcji histonu H1 w tytoniu i *Arabidopsis*. (Tobacco and *Arabidopsis* model systems for studying histone H1 function).
Presented July 17, 2003
Research done in the Faculty of Biology Laboratory of Plant Molecular Biology UW
- 312/N WITEK, K.
Izolacja 1,3- β -glukanazy – produktu genu *gluB20-2* wyrażonego w komórkach *Escherichia coli*. (Isolation of β -1, 3-glucanase – the product of *gluB 20-2* gene expressed in *Escherichia coli* cells).
Presented June 16, 2003
Research done in the Agricultural University of Warsaw and the Department of Plant Biochemistry IBB PAS
- 313/N MIŚTA, M.
Badania wpływu ligazy ubikwitynowo-białkowej Rsp5p na szlak biosyntezy ergosterolu u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. (Role of Rsp5p ubiquitin ligase in ergosterol biosynthetic pathway in yeast *Saccharomyces cerevisiae*)
Presented October 13, 2003
Research done in the Faculty of Pharmacy Medical University and the Department of Genetics IBB PAS
- 314/N MAŁAGOCKI, P.
Analiza ekspresji genu kodującego kinazę OSAK (Osmotic Stress Activated Kinase) aktywowaną przez stress osmotyczny w komórkach *N.tabacum*. (Expression analysis of gene encoding OSAK (Osmotic Stress Activated Kinase) in tobacco cells).
Presented September 30, 2003
Research done in the Institute of Experimental Plant Biology UW and the Department of Plant Biochemistry IBB PAS
- 315/N PYTELEWSKA, A.
Wpływ jasmonianu metylu i chitozanu na biosyntezę alkoholi poliizoprenoidowych w kulturze zawiesinowej *Taxus baccata* L. (Influence of methyl jasmonate and chitosan on the biosynthesis of polyisoprenoid alcohols in the suspension culture of *Taxus baccata* L).
Presented December 5, 2003
Research done in the Faculty of Pharmacy Medical University and the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS

- 316/N PIERZYNOWSKI, Ł.
Wchłanianie α –ketoglutratu (AKG) z jelita prosiąt i jego eliminacja z krwi obwodowej. (Absorbition and elimination of α -ketoglutarate from porcine intestine and blood).
Presented on October 14, 2003
Research done in the Departament of Molecular Biology IBB PAS and the Department of Animal Physiology Lund University, Lund, Sweden
- 317/N BAJOR, M.
Izolacja i charakterystyka molekularna genów zaangażowanych w terminację translacji w szczepach z mutacją w genie *MRF1* (Isolation and molecular analysis of genes involved in termination of mitochondrial translation)
Presented on June 16, 2003
Research done in the Maria Curie-Skłodowska Memorial University, Lublin and the Department of Genetics IBB PAS
- 318/N WAWRZYŃSKI, A.
Rośliny jako bioreaktory: konstrukcja transgeniczných roślin tytoniu z ekspresją genów kodujących białka o potencjalnych właściwościach immunogennych przeciwko wirusowi EHV-1. (Plants as bioreactors: construction of transgenic tobacco plants expressing genes encoding proteins possesing potential anti-EHV-1 immunogenic properties)
Presented July 1, 2003
Research done in the Agricultural University of Warsaw and the Department of Plant Biochemistry IBB PAS
- 319/N WRZESIŃSKI, M.
Udział polimeraz *Escherichia coli* w mutagenzie SOS i naprawie MFD. (The role of *E.coli* DNA polymerases in SOS mutagenesis and MFD repair)
Presented December 19, 2003
Research done in the Agricultural University of Warsaw and the Department of Molecular Biology IBB PAS
- 320/N MAŚLANKA, A.
Wpływ nadekspresji genu RER2 (kodującego cis-prenyltransferazę) na aktywność syntezy Dol-P-Man w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*. (Overexpression of the RER2 gene affects Dol-P-Man synthase activity in the yeast *Saccharomyces cerevisiae* strains).
Presented November 27, 2003
Research done in the Agricultural University of Warsaw and the Fungal Glycobiology Laboratory IBB PAS

321/N MIKUŁA, R.Ł.

Regulacja transkrypcji wybranych genów metabolizmu siarkowego *Escherichia coli*.
(Transcriptional regulation of selected genes engaged In sulfur metabolism of
Escherichia coli.)

Presented July 10, 2003

Research done in the Faculty of Biology UW and the Department of the Microbial
Biochemistry IBB PAS

322/N PODWIŃSKA, R.

Synteza analogów benzotriazolu i benzimidazolu jako potencjalnych inhibitorów
helikazy HCV. (Synthesis of benzotriazole and benzimidazole analogues as potential
inhibitors of HCV helicase).

Presented November 6, 2003

Research done in the Laboratory of Antimetabolites, IBB PAS and the Faculty of
Chemistry UW

Indeks

A

ADAMCZYK, M.	3736
ADAMIAN, M.	3715
AERSCHOT, A.V.	3747
AGNEL, J.P.	1797/A, 1802/A
ALEKSANDRZAK, T.	1794/A
ANCZEWSKI, W.	3720, 3742
AUGUSTYNIAK, W.	3703
AWOTUNDE, O.S.	3719

B

BAIER, A.	1796/A
BAL, W.	3701, 3712, 3738
BALZARINI, J.	3747
BAŃKOWSKA, R.	
BARBIN, A.	3750
BARDOWSKI, J.	3735, 1793/A, 1794/A, 66/M, 67/M, 68/M, 69/M, 70/M, 71/M, 72/M, 73/M, 74/M, 75/M,
BARTNIK, E.	3748
BARTSCH, H.	76/M
BAYER, P.	1786/A
BEBENEK, K.	76/M
BERGES, T.	1803/A
BHADTI, V.S.	3746
BIALKOWSKA, A.	
BIENKOWSKI, T.	1790/A
BIERZYŃSKI, A.	3741, 1787/A
BINDOFF, L.A.	3748
BŁASZCZYK, A.	3729, 1784/A
BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M.	1795/A
BOITEUX, S.	76/M
BOŁTOWICZ, D.	1791/A, 1798/A
BOROWSKI, P.	3718, 3746, 1796/A
BOY, R.G.	3730
BRETNER, M.	3718, 3727, 3746, 3747, 1795/A, 1796/A, 1812/A
BREUKINK, E.	3739
BRULÉ, H.	3722
BRUNNER, L.	3739
BRZESKI, J.	3704
BRZYWCZY, J.	3749
BUJACZ, G.D.	3707
BURLEY, S.K.	3703
BURZYŃSKA, B.	3743, 1810/A
BUTOW, R.A.	1809/A

C

CHELSTOWSKA, A.	3717, 3743, 1809/A
CHEN, H.M.	3746
CHOJNACKI, T.	1790/A, 65/M
CHRZANOWSKA-LIGHTOWLERS, Z.M.A.	3748
CIEŚLA, Z.	76/M
COCAIGN-BOUSQUET, M.	1793/A
COLLINS, A.	76/M
COMAGIC, S.	3730

D

DADLEZ, M.	3703, 3711, 3744
DANIKIEWICZ, W.	1790/A
DARZYNKIEWICZ, E.	3703
de CLERCQ, E.	3747
de KRUIJFF, B.	3739
DEINERT, J.	3718
DMOCHOWSKA, A.	3708, 3732
DOBROWOLSKA, G.	1811/A
DODZIUK, H.	3720, 3742
DOLGONOS, G.	3720
DOMAŃ, M.	1785/A
DOMAŃ-PYTKA, M.	74/M
DOMINSKI, Z.	3744
DZIEMBOWSKI, A.	3708, 3732
DZIKOWSKA, A.	3700

E

EJCHART, A.	3710, 3720, 3742, 1787/A, 1788/A
ERIKSSON, S.	3723

F

FATTOM, A.I.	3746
FLIS, K.	1808/A
FLORENTZ, C.	3722
FRUGIER, M.	3722
FURMANOWA, M.	1790/A

G

GACKOWSKI, D.	3750, 3751
GAGANIDZE, D.	3729
GAJEWSKA, B.	3713
GAWEL, D.	
GEORGALIS, Y.	3753
GEWARTOWSKI, K.	
GINALSKI, K.	3718
GINGRAS, A.C.	3703
GOCH, G.	3741
GODZIK, A.	3715
GORA, M.	1807/A
GOZDEK, A.	1795/A
GÓRECKI, R.K.	68/M, 72/M
GRABINSKA, K.	1803/A
GRABOWSKA, D.	3717, 3743, 1810/A
GRĄZIEWICZ, M.A.	3750
GRIVELL, L.	3708
GROMADKA, R.	1806/A
GRYNBERG, M.	3715
GRZECHNIK, P.	3732
GRZESIUŁ, E.	3705, 3725, 1799/A, 1800/A, 1801/A, 79/M

H

HAENNI, A-L.	1795/A
HAINES, D.S.	3713, 3740
HARTWIG, A.	3701
HECK, A.J.R.	3739
HOFFMAN, M.	1807/A
HONG, D.H.	3715
HOSER, R.	3708
HOSMANE, R.S.	3746

J

JABLONSKA-SKWIECINSKA, E.	3743
JABLONOWSKA, A.	3711
JAGURA-BURDZY, G.	3736
JANIK, A.	3721
JANION, C.	3705, 3725, 1799/A, 1800/A, 1801/A, 76/M
JERZMANOWSKI, A.	3704
JEŻOWSKA-BOJCZUK, M.	3738

K

KACPRZAK, M.	3700
KACZANOWSKI, Sz.	77/M
KALINICHENKO, E.N.	3723
KAMIŃSKA-TRELA, K.	3728
KAŃSKI, A.	1789/A
KARACZAN, A.A.	3712
KARKUSIEWICZ, I.	1806/A
KARST, F.	1803/A
KASPRZAK, K.S.	3712
KAYGUN, H.	3744
KAZIMIERCZUK, K.	3729
KELNER, A.	1811/A
KIERDASZUK, B.	3702, 3723, 3731, 3754
KIERZEK, A.M.	3709
KOCH, V.	3746
KOMISARSKI, M.	
KOPER, M.	3700
KOPROWSKI, P.	
KORYSZEWSKA, A.	73/M
KOWALCZYK, M.	3735, 1793/A, 71/M
KOWALEWSKI, J.	3750, 3751
KOWALSKI, P.	
KOŹMIŃSKI, W.	3726
KRAJEWSKA, K.	3719
KRAWCZYK, M.	1789/A, 1795/A
KRAWIEC, K.	3702, 3723
KRĘŻEL, A.	3706, 3738
KRINICHNAYA, E.	3720
KROTKIEWSKI, H.	3721, 3752
KRUSZEWSKA, J.S.	3721, 3724, 3752
KRUSZEWSKI, M.	76/M
KRYSA, W.	1792/A, 69/M
KULIKOWSKI, T.	3718, 3747, 1796/A
KURLANDZKA, A.	1808/A
KUŚMIEREK, J.T.	3699
KUTNER, W.	3720

L

LATAJKA, R.	3707
LAUBITZ, D.	3733
LAVAL, J.	76/M
LEBECKA, R.	3737
LECHWARD, K.	3719
LEHLE, L.	3721
LEWANDOWSKA, I.	3743, 1810/A
LI, T.	3715
LIAO, Ch.L.	3746
LIBUDZISZ, Z.	66/M
LICHOTA, K.D.	3699
LISZEWSKA, F.	3729
LOUBIERE, P.	1793/A
LYKO, F.	3730

M

MACIEJCZYK, M.	3706, 3741
MACIEJEWSKA, A.M.	3699
MACIEJEWSKA, U.	3734, 3737, 1797/A, 1802/A
MAJEWSKA, Z.	3743
MALICKA, J.	3741
MALISZEWSKA-TKACZYK, M.	
MAŁECKI, M.	78/M
MARSZAŁEK, M.A.	
MARTIN, S.E.	1786/A
MARZLUFF, W.F.	3744
MCINTYRE, J.	3745, 1805/A
MIERNYK, J.A.	3714
MIGDAŁSKI, A.	3724
MIKHAILOPULO, I.A.	3723
MINCZUK, M.	3708, 3732
MONTILLET, J.L.	1797/A, 1802/A
MOONEY, B.P.	3714
MULLENDERS, L.F.H.	76/M
MUNCH-PETERSEN, B.	3723
MUSZYŃSKA, G.	3719

N

NASO, R.B.	3746
NATORFF, R.	3749
NICKELS, J.T.	3740
NIEDZWIECKA, A.	3703
NIEMINUSZCZY, J.	3733, 1799/A
NOWOSIELSKA, A.	3725, 1801/ A, 79/M
NYCKOWSKI, P.	1789/A

O

OFICJALSKA, D.	3713
OLESZCZUK, M.	3741, 1787/A
OLIŃSKI, R.	3750, 3751
OLSAK, K.	3722
OLSZOWSKA, O.	1790/A

P

PACIOREK, T.	3751
PACZKOWSKA, A.	1789/A
PALAMARCZYK, G.,	3721, 3752, 1803/A
PASZEWSKI, A.	3749
PATKOWSKI, W.	1789/A
PAWLOWSKI, P.	1808/A
PAWLYK, B.	3715
PENTTILA, M.E.	3724, 3752
PEKALA, I.	1811/A
PIWOWARSKI, J.	3708, 3732
PLOCHOCKA, D.	3743, 1810/A
PODLASKA, A.	3745, 1805/A
POLKOWSKA-KOWALCZYK, L.	1797/A, 1802/A
POZNAŃSKI, J.	3731, 3747, 3753, 3754
PRZYKORSKA, A.	3722

R

RADOMSKI, P.	1791/A
RAK, A.	1786/A
RANDALL, D.D.	3714
REMPOLA, B.	1806/A
RENAULT, P.	1785/A, 1794/A
ROZAŁSKI, R.	3751
RUBINOVA, E.B.	3723
RUSIN, B.	
RYTKA, J.	1806/A, 1807/A

S

SAENGER, W.	3753
SALOHEIMO, M.	3724, 3752
SARNOWSKI, T.J.	
SCAZZOCCHIO, C.	3700
SCHALINSKI, S.	3718, 1796/A
SCHIRRMACHER, R.	3730
SCHMITZ, H.	3746
SCHWERDTLE, T.	3701
SENECA, S.H.	3748
SHCHERBIK, N.	3713, 3740
SHINAGAWA, H.	76/M
SHUGAR, D.	3702, 3718, 3727, 3754, 1812/A
SIEDLECKI, J.A.	3750
SIEDLECKI, P.	3730
SIEŃKO, M.	3749
SIEP, M.	3708
SIKORA, A., (née Wójcik)	3705, 3725, 1799/A, 1800/AA
SIOMEK, A.	3751
SIRKO, A.	3729, 1784/A
SKONECZNA, A.	3745, 1805/A
SKONECZNY, M.	1809/A
SKORUPIŃSKA-TUDEK, K.	1790/A
SKWIECINSKA-JABLONSKA, E.	1810/A
SOHM, B.	3722
SOKOŁOWSKA, M.	3738
SONENBERG, N.	3703
SOSINSKA, G.	1803/A
SOSNOWSKA, M.	3721
SPEINA, E.	3750, 3751
STACHOWIAK, D.	3741

STANISZEWSKA, K.	3743
STANKIEWICZ, A.	1795/A
STEPINSKI, J.	3703
STĘPIEŃ, P.P.	3708, 3732, 78/M
STOLARSKI, R.	3703
STROKOVSKAYA, L.	3714, 1795/A
SUHAJ, S.	3730
SWIEZEWSKA, E.	3739, 1790/A, 1803/A
SZCZEPANIK, W.	3738
SZCZEPAŃSKA, A.	1792/A, 69/M
SZCZERBAKOWA, A.	3734, 1791/A, 1798/A
SZURMAK, B.	3714
SZYFTER, K.	76/M
SZYSZKA, R.	3727, 1812/A

Ś

ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA, E.	3745, 1805/A
------------------------	--------------

T

TARGOŃSKI, Z.	75/M
TEMPERLEY, R.J.	3748
TOCZYŁOWSKA, B.	1789/A
TOMECKI, R.	3700
TONSKA, K.	3748
TRIANTAPHYLIDÈS, Ch.	1797/A, 1802/A
TUDEK, B..	3716, 3750, 3751, 76/M

U

UEDA, H.	3720
----------	------

V

van der SPEK, H.	3708
van HEUSDEN, H.E.	3739
van ZEELAND, A.A.	76/M
VOLLMERHAUS, P.J.	3739

W

WALCZAK, P.	66/M
WALKER, S.	3739
WAŚKO, A.	75/M
WAŚKO, I.	
WEHR, L.	3753
WĘGLEŃSKI, P.	3700
WIELGAT, B.	3734, 1791/A, 1798/A, 1802/A
WIESSLER, M.	3730
WITEK, K.	
WITOŚ, I.	3743
WOLIŃSKI, J.	3733
WÓJCIK, J.	3706, 3728
WYSLOUCH-CIESZYŃSKA, A.	3703
WYSOCKA, J.	
WYSOCKA, M.	1804/A

Y

YANG, Xiao-cui.	3744
YUE, G.	3715

Z

ZABIELSKI, J.	3733
ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.	1795/A
ZAIM, J.	3709
ZAKRZEWSKA, A.	3724, 3752
ZANG, N.	3746
ZASTĄPIŁO, K.	3727, 1796/A, 1812/A
ZBIEĆ, R.	3705
ZDEBSKA, E.	3752
ZHANG, Z.	3703
ZHAO, Y.	3715
ZHUKOV, I.	3710, 3726, 1788/A
ZIELENKIEWICZ, P.	3730, 3753, 1807/A, 77/M
ZIELIŃSKA, M.	3750, 3751
ZIEŃ, P.	3727, 1812/A
ZIMNOCH-GUZOWSKA, E.	3734, 3737
ZUBEREK, J.	3703

Ż

ŻOŁĄDEK, T.	3713, 373740
ŻOŁNIEROWICZ, S.	3719
ŻYLIŃSKA, J.	70/M

Informacje o działalności IBB PAN za 2003 rok

opracowane zgodnie z zasadami
określonymi decyzją Prezesa PAN

Informacje o działalności placówki PAN w 2003 r.

I. Podstawowe dane:

I.1.	Nazwa		ulica		nr	kod poczt.	
	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN		Pawińskiego		5A	02-106	
	miasto		tel. 1		tel.2	fax	
	Warszawa		658-47-24		658-47-53	658-46-36	
	www		e-mail		inne		
	http://www.ibb.waw.pl		secretariate@ibb.waw.pl				
I.2.	Dyrektor		tytuł	Imię	Imię 2	Nazwisko	
			prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	
	Przewodniczący Rady Naukowej		tytuł	Imię	Imię 2	Nazwisko	
			prof. dr hab.	Andrzej		Paszewski	
I.3.	Uprawiane dyscypliny		nazwa dyscypliny				
			biochemia				
			biofizyka				
			bioinformatyka				
			biologia molekularna				
			genetyka molekularna				
			genomika				
			biotechnologia				

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

II. Aktywność naukowa:

II.1. Publikacje placówki(w roku sprawozdawczym), które ukazały się drukiem:

liczba ogółem	w tym:						
	monografie	podręczniki	publikacje 1	publikacje 2	prace popularno- naukowe	doniesienia zjazdowe i konferencyjne	inne publikacje
232	0	13	109	5	0	102	3

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

II. Aktywność naukowa

II.2. Realizowane projekty badawcze

Projekty badawcze									
II.2.1. 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 realizowane w ramach Szkoły Biologii Molekularnej:								
	Zastosowanie systemu opartego na drożdżach do identyfikacji konserwowanych substratów ludzkiej ligazy ubikwitynowo-białkowej Nedd4.	mgr	Paweł		Kaliszewski				
	Badanie potencjalnej roli (funkcji) białka Rsp5p w transporcie jądrowym.	mgr	Małgorzata		Lewandowska				
	Rola kinazy białkowej ZmCPKp54 i kwasu fosfatydowego (PA) w przekazywaniu sygnału zranienia.	mgr	Maria		Klimecka				
	Próby wyjaśnienia mechanizmu aktywacji kinazy p42OSAK.	mgr	Anna		Kelner				
	Identyfikacja białek zaangażowanych w biosyntezę dolicholi w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Grażyna		Sosińska				
	Ustalenie funkcji białek IncC i KorB w stabilnym dziedziczeniu pRA3, zidentyfikowanie domen dimeryzacyjnych i domen interakcji między IncC-KorB oraz wyjaśnienie funkcji nietypowych motywów występujących w KorBRA3.	mgr	Anna		Kulońska				
	Peptydowy inhibitor helikazy wirusa HCV.	mgr	Agnieszka		Gozdek				
	Badanie struktury przestrzennej tRNA wyizolowanych z mitochondriów ludzkich.	mgr	Krzysztof		Olszak				
	Charakterystyka promotora subgenomowego RNA1 wirusa liściozwoju ziemniaka.	mgr	Adrianna		Łoniewska				
	Badania strukturalne i funkcjonalne nad VPg, terminalnym białkiem wirusa Y ziemniaka.	mgr	Renata		Grzela				
	Analiza polimorficznych izolatów PVY(NTN) i PVY(N) Wilga metoda RFLP.	mgr	Jarosław		Kosakowski				
	Zależność pomiędzy O-mannozylacją a sekrecją białek w <i>Trichoderma reesei</i> .	mgr	Wioletta		Górka-Nieć				
	Poszukiwanie białek oddziałujących z Ccz1p metoda chemicznego cross-linkowania.	mgr	Marta		Hoffman				
Białka zaangażowane w terminację translacji u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Joanna		Towpik					
Analiza roli proteasomu 20s w utrzymywaniu stabilności genetycznej komórek drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Justyna		McIntyre					

Udział mitochondrialnego systemu MMR w naprawie uszkodzeń oksydacyjnych w mitochondrialnym DNA <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Piotr		Dzierzbicki			
Badanie wpływu ligazy Rsp5p na dokładność translacji u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Marta		Kwapisz			
Wpływ oddziaływania argininy z RNA na kontrolę ekspresji genu kodującego arginazę (agaA) u <i>Aspergillus nidulans</i> .	mgr	Karina		Solecka			
Rola polimerazy IV w procesach replikacji i stabilności genetycznej komórek <i>Escherichia coli</i> .	mgr	Wojciech		Kubań			
Analiza wybranych genów w kontekście ich oddziaływań z KRR1.	mgr	Iwona		Karkusiewicz			

Projekty realizowane w ramach Centrum Polsko-Francuskiego Biotechnologii Roślin:

Two-hybrid and immunoprecipitation search for yeast proteins interacting with NTF C160, a fragment of the large subunit of RNA pol III that corrects the defects in Maf1p, repressor of this enzyme.	dr	Wiesław		Smagowicz	2003	2003	
Regulation of tRNA transcription in yeast search for proteins that overcome the inactivation of Maf1, a repressor of RNA pol III.	prof. dr hab.	Magdalena		Boguta	2003	2003	
Plant nucleases as structural probes to search for the structure of RNA and DNA.	dr	Anna		Przykorska	2003	2003	
Structure/function studies of VPg, a terminal protein of potato virusY.	mgr	Renata		Grzela	2003	2003	
Genetic regulation of arginine and proline catabolism in <i>Aspergillus nidulans</i> .	dr	Agnieszka		Dzikowska	2003	2003	
Ferritin in development of symbiotic interactions.	dr	Paweł		Stróżycki	2003	2003	
Characterization of proteins interacting with Krr1 in ribosome biogenesis.	dr	Bożenna		Rempola	2003	2003	
Analysis of PSTVd genome plasticity.	dr	Anna		Góra-Sochacka	2003	2003	

Ogółem							
28							

II.2.2. własne (granty)	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	Egzocykliczne addukty jako nowe markery ryzyka uszkodzenia DNA człowieka.	doc. dr hab.	Barbara		Tudek	2000	2003	240 000 zł
32	Wykorzystanie drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> w badaniu mechanizmów regulacji biogenezy rybosomów.	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2000	2003	280 000 zł
	Rola kinazy białkowej p42OSAK w przenoszeniu sygnału stresu osmotycznego u roślin.	doc. 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
	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> .	doc. dr hab.	Jacek		Bardowski	2001	2004	260 000 zł
	Badanie roli tlenu azotu w procesach związanych z patogenezą u roślin.	mgr	Anna		Maassen	2001	2003	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
	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
	Udział proteasomu 20S w reperacji DNA w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	doc. dr hab.	Ewa		Śledziwska-Gójska	2002	2005	291 500 zł

Czynniki indukujące proliferację peroksysomów w komórkach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> : zastosowanie analizy transkryptomu do poszukiwania mechanizmów różnicujących indukcję kwasami tłuszczowymi od indukcji wywołanej dysfunkcją mitochondriów.	dr	Marek		Skoneczny	2002	2005	276 800 zł
Wykorzystanie drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> w badaniu transportu pęcherzykowego do wakuoli; rola białka Ccz1 w procesie fuzji pęcherzyków transportowych z wakuolą.	dr	Róża		Kucharczyk	2002	2005	165 800 zł
Udział terminacji translacji i prionu [PSI] w regulacji funkcjonowania mitochondriów u <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	prof dr hab.	Magdalena		Boguta	2002	2005	360 000 zł
Mitochondrialny system naprawy błędnie sparowanych zasad (mtMMR) w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	prof. dr hab.	Zygmunt		Cieśla	2002	2005	235 200 zł
Udział polimeraz DNA w kształtowaniu wierności replikacji chromosomu <i>Escherichia coli</i> .	doc. dr hab.	Iwona	Jadwiga	Fijałkowska	2002	2005	336 000 zł
Charakterystyka wybranych reakcji partycyjnych plazmidu P1 następujących po utworzeniu kompleksu centromerowego.	doc. dr hab.	Małgorzata		Łobocka	2002	2005	351 400 zł
Identyfikacja i charakterystyka molekularna występujących na terenie Polski bakteriofagów wirulentnych dla bakterii z rodzaju <i>Lactococcus</i> w produkcji żywności.	prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	2002	2005	200 000 zł
Mechanizm udziału 5-hydroksy-dUMP w reakcji katalizowanej przez syntazę tymidylanową.	dr	Maria		Bretner	2003	2004	50 400 zł
Regulacja metabolizmu siarkowego u <i>Escherichia coli</i> : funkcjonalna i molekularna analiza regulatorów transkrypcyjnych CysB i Cbl.	doc. dr hab.	Monika		Hryniewicz	2003	2006	240 000 zł
Modyfikacje redoksove białek: oddziaływanie białka S100B z zewnątrzkomórkowym receptorem RAGE.	dr	Aleksandra		Wysłouch-Cieszyńska	2003	2006	330 200 zł
Funkcje ubikwintynacji zależnej od ligaz Rsp5p/hNedd4 u drożdży i ludzi.	doc. dr hab.	Teresa		Żołądek	2003	2006	300 000 zł

Sekwencjonowanie genomu i analiza funkcjonalna genów pierwotniaka <i>Paramecium tetraurelia</i> przy zastosowaniu mechanizmu posttranskrypcyjnego "wyciszania genów" z użyciem interferencyjnych RNA (iRNA).	dr	Marek		Zagulski	2003	2006	350 000 zł
Opracowanie filtrów ekspresyjnych i zbadanie przy ich pomocy mutacji genowych warunkujących niedobory białek błonowych krwinek czerwonych u chorych ze sferocytozą wrodzoną lub innymi rzadziej spotykanymi wadami wrodzonymi erytrocytów.	dr	Ewa		Jabłońska-Skwiecińska	2003	2006	240 000 zł
Rola aktywowanej przez lipidy zależnej od wapnia kinazy białkowej z kukurydzy (ZmCPKp54) w przekazywaniu sygnału stresu.	prof. dr hab.	Grażyna		Muszyńska	2003	2006	250 000 zł
Nowe pirymidynowe fluorowane 2',3'-dideoksy-P1P2-dinukleotydy o aktywności przeciwko retrowirusowi HIV: ich synteza i badanie właściwości fizykochemicznych i biologicznych.	prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2003	2006	250 000 zł
Badanie wierności replikacji mutantów w domenie kciuka i spodu dłoni polimerazy DNA faga RB69.	dr	Anna		Bębenek	2003	2006	240 000 zł
Naprawa egzocyklicznych adduktów zasad DNA w patogenezie nowotworów jelita grubego.	doc. dr hab.	Barbara		Tudek	2003	2006	200 000 zł

II.2.3. promotorskie

	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	Elementy współpracujące z białkiem IRR1 z <i>Saccharomyces cerevisiae</i> , zaangażowanym w formowanie kolonii na podłożu stałym i tworzenie kompleksu kohezyjnego siostrzanych chromatyd.	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2001	2003	50 000 zł
	Konformacja i dynamika fragmentów białek wiążących jony wapnia.	prof. dr hab.	Andrzej		Ejchart	2002	2004	50 000 zł
	Wykorzystanie drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> w badaniach efektów mutacji w ludzkich genach kodujących wybrane enzymy, istotne dla metabolizmu krwinki czerwonej oraz analiza funkcjonalna ich drożdżowych ortologów.	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2002	2004	50 000 zł
	Analiza struktury przestrzennej czynnika terminacji translacji mitochondrialnej u <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	prof. dr hab.	Magdalena		Boguta	2002	2004	50 000 zł

II.2.4. zamawiane	Geny rodziny AtSW13 z <i>Arabidopsis</i> -homologi drożdżowego regulatora stanu chromatyny - charakterystyka i analiza funkcji fizjologicznych w roslinach.	prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	2003	2004	50 000 zł
	Badania wzajemnego wpływu oddziaływań jonów metali i substancji farmaceutycznych z ludzką albuminą osocza krwi.	doc. dr hab.	Wojciech		Bal	2003	2005	30 000 zł
	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	Badanie molekularnych mechanizmów regulujących ekspresję 1,3-B-Glukanaz - ważkiego elementu odpowiedzi ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i>) na infekcję mikroorganizmów.	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	2001	2004	350 000 zł
9	Badania na poziomie proteomu funkcji genów o istotnym znaczeniu w procesach chorobowych oraz ważnych dla produktywności roślin.	koordynator prof. dr hab.	Andrzej	Jerzy	Bierzyński	2001	2004	
w skład powyższego pakietu wchodzi 6 projektów, z których w IBB PAN są realizowane następujące:								
	Zastosowanie spektrometrii masowej w proteomice.	prof. dr hab.	Andrzej	Jerzy	Bierzyński	2001	2004	1 890 000 zł
	Genomika funkcjonalna chromatyny u roślin: identyfikacja zależnych od ATP kompleksów przebudowujących chromatynę odpowiedzialnych za regulację rozwoju i odpowiedzi na czynniki stresowe u <i>Arabidopsis thaliana</i> .	prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	2001	2004	473 000 zł
	Nowa metoda odcinania etykiety powinowactwa przy oczyszczaniu białek.	doc. dr hab.	Wojciech		Bal	2003	2005	500 000 zł
	Badanie stabilności efektów wywołanych przez RNAi w pokoleniach potomnych roślin ziemniaka (<i>Solanum tuberosum</i>) uzyskanych na drodze rozmnażania wegetatywnego lub generatywnego.	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	2003	2006	320 000 zł
	Udział RNAi w regulacji procesu kwitnienia i rola białek chromatynowych w zjawisku interferencji RNA (RNAi) u roślin.	prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	2003	2006	256 000 zł
	Nieenzymatyczne polipeptydy o właściwościach antybakteryjnych w sokach trawiennych u młodych ssaków.	dr hab.	Elżbieta		Grzesiuk	2003	2006	250 000 zł

	1. Wpływ bioaktywnych składników diety na proliferację i apoptozę w procesie dojrzewania nabłonka jelitowego oraz zewnątrzwydzielniczą funkcję trzustki u nowonarodzonych prosiąt. 2. Rola leptyny i greliny w regulacji dojrzewania przewodu pokarmowego noworodków prosiąt. 7. Wpływ zapaleń żołądka, jelita i trzustki we wczesnym okresie postnatalnym na funkcje przewodu pokarmowego u dorosłego organizmu - badania modelowe na szczurach.	doc. dr hab.	Barbara		Tudek	2003	2006	250 000 zł
	Badanie aktywności i ekspresji genów naprawy DNA w tkankach pacjentów z nowotworami płuc oraz jelita grubego i odbytnicy.	doc. dr hab.	Barbara		Tudek	2003	2006	
II.2.5. celowe	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	nie było							
0								
II.2.6. celowe zamawiane	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	nie było							
0								
SPUB-y międzynarodowe (tzw. SPUB-M) finansowane przez KBN	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
II.2.7.		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
	Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej (EMBEU).	prof. dr hab.	Andrzej		Rabczenko	2001	2004	2 829 600 zł
	Stres oksydacyjny a choroby chroniczne: egzocykliczne addukty DNA jako marker zaburzonej integralności genomu oraz ryzyka (HNE).	dr hab.	Barbara		Tudek	2001	2003	442 800 zł
Ogółem	Rozwój ultraczułych metod dla proteomu: zastosowanie w mukowiscytozie (EUROPROCF).	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2002	2004	505 400 zł
14	Poszukiwanie nowych inhibitorów RNA helikazy wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV) - potencjalnych środków przeciwwirusowych do terapii i profilaktyki chorób indukowanych przez HCV.	prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2002	2005	886 000 zł
	Rozwój ultraczułych metod proteomicznych: zastosowanie do mukowiscytozy (MS-EUR).	doc. dr hab.	Michał		Dadlez	2003	2004	280 700 zł

Profile ekspresji genomu jako wzorce dla oceny bezpieczeństwa nowych szczepów, włączając GMO używane w wytwarzaniu żywości na drodze procesów biotechnologicznych F153 (EXPRESS-FINGERPRINTS).	doc. dr hab.	Jacek		Bardowski	2003	2004	357 000 zł
Rozwój ulepszonych systemów do fitoremediacji gleb zanieczyszczonych metalami poprzez poprawę zdolności fitoakumulacji (PHYTAC).	doc. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2003	2004	280 462 zł
Optymalizacja wartości odżywczej roślin uprawnych (OPTI-II).	doc. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2003	2004	171 300 zł
Wykorzystanie ściany komórkowej drożdży do poszukiwania związków o działaniu grzybobójczym (CELL-WALL).	prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	2003	2003	111 000 zł
Linia komórkowa DT40 limfocytów B jako model genetyczny i alternatywa do badań z użyciem zwierząt laboratoryjnych (DT40).	dr	Andrzej		Kierzek	2003	2004	220 850 zł
Nukleotydohydrolaza trifosforanu deoksyurydyny jako cel dla leków kontrolujących zakażenia pierwotniakowe i bakteryjne (dUTPase).	prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2003	2004	240 800 zł
Centrum szkoleniowe Marie Curie - edukacja i badania w biologii molekularnej (IBBMCS).	prof. dr hab.	Andrzej		Rabczenko	2003	2005	560 000 zł
Genomika supresorów w badaniu integracji genów w sieci oddziaływań funkcjonalnych (GEN-NET).	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2003	2003	15 000 zł
Nowe generacje poliizoprenoidów dla inżynierii błon, nowych technologii, farmakomedycyny i powszechnych zastosowań (TERLIP).	prof. dr hab.	Tadeusz		Chojnacki	2003	2003	30 000 zł

II.2.8. finansowane przez inne poza KBN podmioty/instytucje krajowe np. zlecane placówce bezpośrednio przez resorty	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem								
0								

II.2.9. 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.	prof. 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.	doc. 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 (HNE)".	doc. 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 finansowany przez Wellcome Trust Collaborative Research Initiative Grants: "Partitioning in <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ".	doc. dr hab.	Grażyna		Jagura-Burdzy	2002	2005	
	Projekt finansowany przez United States Department of Agriculture: "Development of techniques for agriculturally valuable crops to create edible vaccines".	dr hab.	Agnieszka		Sirko	1999	2003	

Projekt w ramach 5.PR UE: "Design of novel inhibitors of HCV RNA helicase - potential antivirals for treatment and protection against hepatitis C virus-induced diseases (HCV)".	prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2002	2005	
Projekt w ramach 5.PR UE: "Development of ultrasensitive methods for proteome: Application to cystic fibrosis (MS-EUR)".	doc. dr hab.	Michał		Dadlez	2003	2004	
Projekt w ramach 5.PR UE: "Expression profiles as fingerprints for the safety evaluation of new strains, including GMOs used in bioprocessed food (EXPRESS-FINGERPRINTS)".	doc. dr hab.	Jacek		Bardowski			
Projekt w ramach 5.PR UE: "Development of systems to improve phytoremediation of metal contaminated soils through improved phytoaccumulation (PHYTAC)".	doc. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2003	2004	
Projekt w ramach 5.PR UE: "Optimising nutritional quality of crops (OPTI-2)".	doc. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2003	2004	
Projekt w ramach 5.PR UE: "Exploiting yeast cell wall for high throughput screening of antimicrobial agents(CELL-WALL)".	prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	2003	2003	
Projekt w ramach 5.PR UE: "The B-cell line DT40 as a genetic model and a substitute for animal research (DT40)".	dr hab.	Andrzej		Kierzek	2003	2004	
Projekt w ramach 5.PR UE: "Deoxyuridine triphosphate nucleotidohydrolase as a drug target for the control of protozoal and bacterial infections (dUTPase)".	prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2003	2004	
Projekt w ramach 5.PR UE: "Marie Curie Training Site-Education and Research in Mole (IBBMCS)".	prof. dr hab.	Andrzej		Rabczenko	2002	2006	
Projekt badawczy NATO: "Natural and recombinant protease inhibitors".	dr hab.	Krystyna		Grzelak	2002	2004	
Grant finansowany przez FEBS: "Purification and characterization of the <i>Arabidopsis thaliana</i> chromatin-remodeling complex containing Decrease in DNA Methylation 1 protein".	dr	Jan		Brzeski			
Projekt finansowany przez National Institutes of Health (USA): "Fidelity studies of RB69 DNA Polymerase Mutants".	dr	Anna		Bębenek	2003	2006	
Ogółem							
26							
Razem wszystkie							

II.2.10. Wybrane (3-4) ważne wyniki badań realizowanych projektów

- 1 **Rola kinazy białkowej p42^{OSAK} w przewodzeniu sygnału stresu osmotycznego u roślin.**
Anna Kelner, Izabela Pękała, Jadwiga Szczegielniak, Grażyna Muszyńska, Grażyna Dobrowolska

Projekt dotyczył molekularnej i biochemicznej analizy kinazy białkowej p42^{OSAK}, która ulega silnej i bardzo szybkiej aktywacji w roślinie pod wpływem stresu osmotycznego.

W ramach zrealizowanego projektu sklonowano cDNA kodujące p42^{OSAK}, zbadano właściwości biochemiczne oczyszczonego do homogenności enzymu, zidentyfikowano kilka białek oddziałujących z p42^{OSAK}, jak również podjęto próbę poznania mechanizmu jego aktywacji pod wpływem stresu. Analiza cDNA wykazała, że enzym ten należy do rodziny kinaz SnRK2b (SNF1-related kinase 2b) unikalnych dla roślin.

Ekspresja jego zarówno na poziomie RNA jak i białka jest najwyższa w korzeniach i łodygach rośliny, znacznie niższa w liściach. Poziom transkryptu jedynie nieznacznie zwiększa się pod wpływem stresu osmotycznego. Uzyskane za pomocą spektrometrii masowej wyniki wskazują, że za aktywację enzymu odpowiedzialna jest fosfosforylacja Ser 154 i 158 w pętli aktywacyjnej kinazy. Fosforylacja tych reszt jest skorelowana z aktywacją kinazy p42^{OSAK} pod wpływem stresu.

Rola kinazy białkowej p42^{OSAK} w przewodzeniu sygnału stresu osmotycznego w roślinie jest obecnie badana.
- 2 **Wykorzystanie drożdży *Saccharomyces cerevisiae* w badaniu mechanizmów regulacji biogenezy rybosomów**
Joanna Rytko, Robert Gromadka, Iwona Karkusiewicz, Bożenna Rempola, Monika Wysocka

Badano udział produktów nowo odkrytych genów *YCL059c* (*KRR1*) oraz *YBR142* (*MAK5*) w procesie biogenezy rybosomów. Stwierdzono, że *KRR1* koduje białko niezbędne dla prawidłowego dojrzewania 18s rRNA oraz dla syntezy podjednostki 40s rybosomów. Wykazano fizyczne oddziaływanie pomiędzy Krr1p i białkami rybosomalnymi oraz współregulację na poziomie transkrypcji ekspresji *KRR1* i genów kodujących białka rybosomalne. Stosując system dwuhybrydowy wykazano, że produkty otwartych ramek odczytu: *YIL019w*, *YKL075c* i *YML093c* o nieznanach funkcjach współdziałają *in vivo* z Krr1p. Okazało się, że białka Yil019 oraz Yml093 znajdują się w jąderku, podobnie jak Krr1p, podczas gdy Ykl075 występuje w jądrze i cytoplazmie.

Wykazano, że gen *YBR142w*, który koduje DEAD-box helikazę RNA, jest tożsamy ze znanym genem *MAK5* (*maintenance of killer*). Stwierdzono jądrową lokalizację białka Mak5 i wykazano, że jest ono niezbędne w procesie obróbki 27s pre-rRNA i biogenezy 60s podjednostki rybosomu.

Zagulski M, Kressler D, Becam AM, Rytko J, Herbert CJ. (2003). Mak5p, which is required for the maintenance of the M1 dsRNA virus, is encoded by the yeast ORF YBR142w and is involved in the biogenesis of the 60S subunit of the ribosome. *Mol Genet Genomics*. 270:216-224.

Gromadka R, Karkusiewicz I, Rempola B, Rytko J. (2004) Functional and physical interactions of Krr1p, a *Saccharomyces cerevisiae* nucleolar protein. *Acta Biochim Pol* 51 (przyjęte do druku)

Gromadka R, Rytko J. (2000) The *KRR1* gene encodes a protein required for 18S rRNA synthesis and 40S ribosomal subunit assembly in *Saccharomyces cerevisiae*. *Acta Biochim Pol*. 47: 993-1005.
- 3 **Egzocykliczne addukty jako nowe markery ryzyka uszkodzenia DNA człowieka**
Barbara Tudek, Jarosław Kuśmerek, Elżbieta Speina, Jarosław Cieśla, Paweł Kowalczyk, Maria-Anna Grązewicz, Janusz Siedlecki (COI, Warszawa), Ryszard Oliński (AM, Bydgoszcz)

Rola oksydacyjnych uszkodzeń DNA w powstawaniu nowotworów człowieka nie jest jasna, chociaż wiele typów tej choroby wiązana jest z przewlekłymi stanami zapalnymi i stresem oksydacyjnym. Reaktywne formy tlenu uszkadzają kwasy nukleinowe, białka i tłuszcze, a metabolity tych ostatnich wiążą się z zasadami DNA tworząc egzocykliczne addukty o znacznym potencjale mutagennym, takie jak 1N⁶-etenoadenina (εA) i 3,N⁴-etenocytozyna (εC). Badając grupę 56 pacjentów z rakiem płuca oraz 25 zdrowych ochotników stwierdziliśmy obniżoną aktywność naprawczą dla εA u pacjentów z rakiem płuca niż u zdrowych ochotników, a różnice te były jeszcze większe przy porównaniu osób zdrowych z chorymi, u których rozwinął się rak gruczołowy (AD). Patogeneza AD związana jest z przewlekłymi stanami zapalnymi. Dla εC, różnice w aktywności naprawczej obserwowano jedynie pomiędzy osobami zdrowymi a pacjentami AD. Wśród chorych, aktywności naprawcze względem εA i εC były również niższe u chorych z rakiem AD niż SQ. Wyniki te sugerują, że obniżona aktywność systemu naprawy przez wycinanie zasad dla εA i εC jest szczególnie związana z rakiem gruczołowym zależnym od chronicznych stanów zapalnych i może być czynnikiem ryzyka.

Zaobserwowano również, że tworzenie egzocyklicznych adduktów w ludzkim genie p53 jest sekwencyjnie zależne. Stwierdzono także, że 1N⁶-etenoadenina jest chemicznie niestabilna i albo ulega depuracji, albo rearanżacji polegającej na uwodnieniu i pęknięciu, a następnie deformacji pierścienia pirymidynowego z wytworzeniem pochodnej B. Pochodna C, z kolei depurynuje przechodząc w związek D. Znalezione dwie glikozylazy z *E. coli* – białka Fpg i Nth, które wycinały pochodną B z DNA z szybkością zależną od zasady leżącej naprzeciw w nici komplementarnej. Żaden z badanych enzymów nie był zdolny do eliminacji B z pary B:A, co umożliwiało dokończenie rearanżacji i wytworzenie miejsc apurynowych oraz pęknięć nici DNA. Zaobserwowaliśmy, że pochodna C obecna w matrycy słabiej hamuje syntezę DNA niż εA i B i może błędnie parować początkując powstawanie transwersji AT→TA i AT→CG oraz 1-2-nukleotydomowych delecji. To może tłumaczyć jej większy potencjał mutagenny. Może też tworzyć parę z tyminą rekonstruując parę AT. Badania te przyczyniły się do zrozumienia mechanizmu genotoksycznego działania egzocyklicznych adduktów zasad DNA.

[Strona początkowa](#)
[Poprzednia strona](#)

II. Aktywność naukowa placówki

II.3. Działalność placówki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym:

II.3.1. Ochrona własności intelektualnej (dotyczy uprawnień placówki z patentu/prawa ochronnego w tym: 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
7 zgłoszeń patentowych			

- za granicą

tytuł	data decyzji	nr patentu	Kraj

Uzyskane prawa ochronne

- w kraju

tytuł	data decyzji	nr świadectwa	Kraj

- za granicą

tytuł	data decyzji	nr świadectwa	Kraj

II.3.2. Przykłady zastosowania uzyskanych wyników badań w gospodarce narodowej.

- 1)

--
- 2)

--

[Następna strona](#)
[Ostatnia strona](#)

II. Aktywność naukowa

II.4. Kształcenie (rozwój) kadr naukowych

II.4.1. Uzyskane tytuły i stopnie naukowe pracowników placówki w roku sprawozdawczym

profesora (nadany przez Prezydenta RP)			
Imię 1		Imię 2	Nazwisko
Jacek		Mariusz	Hennig
Andrzej		Ottomar	Ejchart
Magdalena			Rakowska-Boguta
doktora habilitowanego			
Imię 1	Imię 2	Nazwisko	tytuły prac doktorskich i habilitacyjnych
nie było			
doktora			
Imię 1	Imię 2	Nazwisko	tytuły prac doktorskich i habilitacyjnych
Agnieszka	Beata	Białkowska	Białka współdziałające z Irr1p zaangażowanym w kohezję siostrzanych chromatyd i tworzenie kolonii u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .
Piotr	Romuald	Koprowski	Wpływ produktów genów MSH1 i DIN7 na stabilność sekwencji mikrosatelitarnych w mitochondrialnym DNA <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .
Małgorzata	Agnieszka	Adamczyk	Rola białka KfrA w stabilnym dziedziczeniu plazmidów IncP 1.
Damian	Kamil	Gawel	Spontaniczna mutagenesa mutacji typu zmiany ramki odczytu oraz mutagenesa indukowana promieniami ultrafioletowymi w komórkach <i>Escherichia coli</i> .
Magdalena		Maliszewska-Tkaczyk	Powstanie mutacji typu zmiany podstawienia zasad na nici prowadzącej i opóźnionej DNA podczas mutagenesy spontanicznej oraz podczas indukcji systemu SOS w komórkach <i>Escherichia coli</i> .
Tomasz	Jacek	Sarnowski	Identyfikacja i analiza białka AtSW13B z <i>A.thaliana</i> , homologa rdzeniowej podjednostki kompleksu remodelującego chromatynę.
Monika	Barbara	Pytko	Identyfikacja oraz struktura i funkcja genu kodującego enzym degradujący skrobię u <i>Lactococcus lactis</i> IBB 500.
Dorota	Barbara	Grabowska	Identyfikacja mutacji w ludzkich genach kodujących dehydrogenazę glikozo-6-fosforanową i reduktazę cytochromu b ₅ oraz funkcjonalna analiza homologicznych genów <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .
Elżbieta		Speina	Glikozylazy egzocyklicznych adduktów zasad DNA i produktów ich rearanżacji badane w systemach modelowych i nowotworów płuc.

II.4.2. Tytuły i stopnie naukowe nadane przez placówkę w roku sprawozdawczym innym pracownikom niż własnym

doktora habilitowanego	doktora
0	0

II.4.3. Wnioski o nadanie tytułów naukowych i stopni naukowych pracownikom naukowym nie zatrudnionym w placówce - przygotowane przez radę naukową placówki

liczba wniosków	
	0

II.4.4. 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
76	16	70	69

II.4.5. Promotorstwo prac doktorskich zrealizowane przez pracowników placówki

liczbowo	
	9

II.4.6. Uczestnicy studiów podyplomowych

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

II.4.7. Uczestnicy innych form kształcenia (magistranci, praktykanci, stażyści)
 - z wyszczególnieniem poszczególnych form kształcenia
 w tym, przyjęci w roku sprawozdawczym:

Ogółem
39

forma kształcenia	liczba
magistranci	38
praktykanci	0
stażyści	1
inni	0

II.4.8. Opieka nad studentami

liczba studentów odbywających praktyki	prace magisterskie		
ogółem	ogółem	w uczelniach macierzystych	w placówkach PAN
38	35	35	0

[Następna strona](#)
[Ostatnia strona](#)

[Strona początkowa](#)

[Poprzednia strona](#)

II. Aktywność naukowa placówki

II.5. Aktywność wydawnicza:

II.5.1. Własne wydawnictwa placówki w roku sprawozdawczym

tabela A

Razem		w tym:							
		publikacje zwarte:		publikacje ciągłe:		<<< w tym czasopisma:		pozostałe:	
liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)	liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)	liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)	liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)	liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

tabela B - uzupełniająca

wyszczególnienie	język obcy / jaki?	recenzowane o zasięgu międzynarodowym	indeksowane przez ISI

II.5.2. Wymiana zagraniczna publikacji w roku sprawozdawczym:

kraj	liczba kontrahentów	publikacje otrzymane		publikacje własne		Razem (wielkość wymiany)	
		periodyki	zweite	periodyki	zweite	periodyki	zweite
Królestwo Belgii	1	1		1		2	
Republika Białoruś	1	/		2		2	
Republika Bułgarii	1	1		1		2	
Republika Chorwacji	1	1		1		2	
Republika Finlandii	1	/		2		3	
Republika Kazachstan	1	1		2		3	
Królestwo Norwegii	1	/		1		1	
Republika Francuska	2	1		2		3	
Kanada	2	2		4		6	
Japonia	2	1		6		7	
Republika Rumunii	1	1		1		2	
Federacja Rosyjska	1	2		4		6	
Republika Włoska	/	/		/		/	
Stany Zjednoczone Ameryki	3	4		10		14	
Wielka Brytania	1	1		1		2	

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

II. Aktywność naukowa

II.6. 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 Festiwal Nauki 2003 Organizacja VII Warszawskiego Festiwalu Nauki 2003: prof. Magdalena Fikus - wicedyrektor i przewodnicząca Rady Programowej, prof. Kazimierz L. Wierchowski - członek Rady Programowej. Pracownicy Zakładów Genetyki IBB i UW prowadzili imprezy laboratoryjne o drożdżach i bakteriach mlekowych. Helwak z Zespołu Biomedycyny Molekularnej prowadziła warsztaty pt. „Enzymy wokół nas”. Prof. Bartnik (Zakład Genetyki UW/IBB) wygłosiła wykład o Rosalind Franklin oraz poprowadziła dyskusję „Czy rządzą nami geny?”. Dr A. Czyż przygotowała stoisko "Biologia molekularna" na I Bałtyckim Festiwalu Nauki.	Warsztaty dla uczniów liceum (J. Bardowski); udział w dwu uczniowskich lokalnych Festiwalach nauki i kultury (M.Fikus); wykłady i warsztaty dla stypendystów Krajowego Funduszu na Rzecz Dzieci (P.Borsuk, A. Alewlak). Udział w pracach Rady Programowej Szkoły Festiwalu Nauki Biologii Molekularnej (M. Fikus, A. Rabaczko); wykład dla Uniwersytetu 3-go wieku (M. Fikus); wykład z zakresu biologii molekularnej w trakcie Święta Uniwersytetu Warszawskiego na Wydziale Matematyki (M. Fikus).
2)	<u>Kontakty medialne</u> pracownicy IBB udzielili wielu wywiadów i wypowiadali się na tematy naukowe w prasie, radio i TV komentując Nagrody Nobla i znaczące wydarzenia w genetyce (profesorowie E. Bartnik, M. Fikus, A. Jerzmanowski, P. P. Stępień, doc. B. Tudek.	Prof. T. Chojnacki - członek Komitetu Organizacyjnego Międzynarodowych Targów Aparatury i Analityki Naukowej. Prowadzenie i współprogramowanie 10. spotkań Warszawskiej Kawiarni Naukowej (M. Fikus) Praca w Europejskim Stowarzyszeniu Spotkań z Nauką, EUSCEA, członek Zarządu (M. Fikus). Wykład na Kongresie Europejskich Centrów Nauki, Monachium, listopad 2003.
3)	<u>Praca wydawnicza</u> Prof. K. L. Wierchowski - redaktor naczelny Kosmosu.	Współpraca z Instytutem Adama Mickiewicza w organizacji prezentacji polskich osiągnięć popularyzatorskich we Francji w 2004. (M. Fikus).

II.

Aktywność naukowa placówki

II. 7. Współpraca naukowa z zagranicą:

II. 7.1. 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-ca								
	b) ponad 1 m-c								
Ogółem	a)	94	166	15	27	68	111	11	28
	b)	20	21	18	18	0	3	2	0
Argentyna	a)	1				1			
	b)								
Australia	a)	1	2			1	2		
	b)								
Chile	a)	1				1			
	b)								
Chińska Republika	a)	1				1			
	b)								
Czeska Republika	a)	1	3	1	3				
	b)								
Finlandia	a)	5	3	2		3	3		
	b)								
Indie	a)	1				1			
	b)								
Federacja Rosyjska	a)	1		1					
	b)								
Kanada	a)		1				1		
	b)								
Kolumbia	a)	1				1			
	b)								
Kuba	a)	1				1			
	b)								
Konfederacja Szwajcarska	a)	4	1			3	1	1	
	b)								
Królestwo Belgii	a)	1	4			1			4
	b)								
Królestwo Danii	a)	2	3		1	2		2	
	b)								
Królestwo Hiszpanii	a)	2	8	1		1	7		1
	b)								
Królestwo Niderlandów	a)	5	4			4	2	1	2
	b)								
Królestwo Norwegii	a)		7				7		
	b)								
Królestwo Szwecji	a)	2	16		2	2	13		1
	b)								
Państwo Izrael	a)	3				3			
	b)								
Republika Federalna	a)	16	23	4	5	7	18	5	
	b)								
Republika Słowacka	a)	1	4			1	3		1
	b)		3				3		
Republika Austrii	a)	1	11		1	1	1		8
	b)								
Republika Francuska	a)	16	27	3	10	9	9	4	8
	b)	6	5	4	5			2	
Republika Francuska - Centrum Polskie	a)		10		10	9	1		
	b)								
Republika Grecji	a)		2						2
	b)								
Republika Gruzji	a)								
	b)			1					
Republika Południowej	a)	1				1			
	b)								
Republika Portugalii	a)	2	1		1	2			
	b)								
Republika Turcji	a)	1		1					
	b)	1		1					
Republika Węgierska	a)	3	3	1		2	2		1
	b)								
Republika Włoska	a)	5	14			5	10		4
	b)								
Stany Zjednoczone	a)	1	9		1	1	6		2
	b)		1		1				
Ukraina	a)								
	b)	11		11					
Uzbekistan	a)		1				1		
	b)								
Wielka Brytania	a)	5	18	1	3	4	15		
	b)	9	8	18	8			2	

II. 7.2. Porozumienia zawarte przez placówkę:

kraj	partner	nazwa dokumentu	okres obowiązywania
------	---------	-----------------	---------------------

nie było			
----------	--	--	--

II. 7.3. **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 **52**

Nazwa	Kraj	Kod poczt.	Miasto	Ulica	nr	tel. 1	tel. 2	Fax	e-mail
Centre of Molecular Genetics, CNRS	Republika Francuska		Gif-sur-Yvette	Avenue de la Terrasse - Bat	26	(33) 169823198		(33)1698231	cgm@dir@cgm.cnrs.fr
National Institute for Agriculture Research, INRA	Republika Francuska	78352	Jouy-en-Josas	Domaine de Vilvert		(33)134652121		(33)1346521	ij-ucc@jouy.inra.fr
Thomas Jefferson University	Stany Zjednoczone Ameryki	PA 19107-5587	Philadelphia	Walnut Street	1020	2159556000			askalibrarian@jefferson.edu
National Institute of Environmental Health Sciences	Stany Zjednoczone Ameryki	NC USA 27709	Research Triangle Park	Alexander Drive	111	919/5413345			
The University of Birmingham	Wielka Brytania	B15 2TT	Birmingham	Edgbaston		(+44)1214143344			

II. 7.4. **Stypendia zagraniczne**

kraj	instytucja przyjmująca	liczba osób / łączny okres pobytu
Republika Bułgarii	AgroBioInstitut, Sophia	1 os. / 3 m-ce
Republika Czeska	Institute of Entomology CAV, Ceske Budejovice	1 os. / 3 m-ce
Królestwo Danii	University in Aarhus	1 os. / 3 m-ce
Republika Francuska	Laboratoire de Genetique Moleculaire, Ecole Normale Supérieure	1 os. / 11 m-cy
Republika Francuska	Institute of Structural Biology, Grenoble	1 os. / 11 m-cy
Republika Francuska	Institut Jacques Monod CNRS, Paris	1 os. / 1 m-c
Republika Francuska	Centre d'Etudes Nucleaires Saclay, Caslay	1 os. / 1 m-c
Republika Francuska	Institute Curie - Section Recherche, Paris	1 os. / 1 m-c
Republika Francuska	Nationale Institute of Agricultural Research, Jouy-en-Josas	1 os. / 5 m-cy
Republika Francuska	Institute of Genetics and Microbiology, University Paris-Sud, Orsay	1 os. / 3 m-ce
Republika Francuska	Institute Biology Molecular and Cellular, Strasbourg	1 os. / 2 m-ce
Republika Francuska	Institute of Applied Sciences, Toulouse	1 os. / 12 m-cy
Republika Francuska	CEA/Cadarache Life Sciences Division, Saint-Paul-lez-Durance	1 os. / 3 m-ce
Republika Francuska	Centre Emil Borel, Institute Henri Poincare, Paris	1 os. / 2 m-ce
Republika Federalna Niemiec	University of Freiburg	1 os. / 2 m-ce
Stany Zjednoczone Ameryki	National Institute of Environmental Health Science, Research Triangle Park	3 os. / 25 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	Louisiana State University, New Orleans	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	The Burnham Institute, San Diego	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	University of Massachusetts, Worcester	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	The University of Michigan, Ann Arbor	2 os. / 21 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	Biotechnology Foundation Laboratories at Thomas Jefferson University, Philadelphia	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	Department of Molecular and Cell Biology, Boston University Medical Center	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	Center for Neurovirology and Cancer Biology, Temple University, Philadelphia	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	The Burnham Institute	1 os. / 12 m-cy
Stany Zjednoczone Ameryki	Ohio State University	1 os. / 8 m-cy
Konfederacja Szwajcarska	Universite de Geneve, Faculte des Sciences, Section Chimie, Geneve	1 os. / 11 m-cy
Królestwo Szwecji	University of Stockholm	1 os. / 1 m-c
Królestwo Szwecji	Stockholm Royal Institute of Technology (KTH), department of Biotechnology	1 os. / 12 m-cy
Wielka Brytania	Kings College, Londyn	1 os. / 2 m-ce
Wielka Brytania	The University of York	1 os. / 8 m-cy
Republika Włoska	Joint Research Centre, Institute of Health Consumer Protection - Ispra	1 os. / 3 m-ce

II. 7.5. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą:

liczba tematów	47
----------------	----

II. 7.6. Uzyskane rezultaty współpracy:

np.: wspólne publikacje, patenty, nowe metody badawcze i technologie
W roku sprawozdawczym we współpracy z zagranicznymi partnerami opublikowano 33 prace.

II. 7.7. Prezentacja wyników prac naukowych, w tym: na konferencjach i zjazdach naukowych,

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

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

tytuł	autor			temat	nazwa zjazdu lub konferencji
	Imię 1	Imię 2	Nazwisko		
dr	Urszula		Maciejewska	Lipid peroxidation processes in Solanum species in response to <i>Phytophthora infestans</i> .	Conference on "Plant Stress Reactive oxygen and Antioxidants". Freising, Republika Federalna Niemiec
mgr	Marta		Hoffman	Metabolic regulation of heme biosynthesis.	XXI International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology. Goteborg, Szwecja
dr	Marek		Zagulski	<i>Paramecium tetraurelia</i> 1 Megabase chromosome sequencing project.	Ciliate Molecular Biology FASEB Saxtons River Vermont, Stany Zjednoczone Ameryki
dr	Marek		Zagulski	<i>Paramecium tetraurelia</i> 1 Megabase chromosome sequencing project.	Polish Science and Technology Forum. Paryż, Republika Francuska
doc. dr hab.	Iwona	Jadwiga	Fijałkowska	Unequal fidelity of leading and lagging strand DNA replication on the <i>E. coli</i> chromosome.	Hypermutation of simple sequences and the contribution of hypermutation to bacterial pathogenesis. Oxford, Wielka Brytania
prof. dr hab.	Piotr	Paweł	Stępień	Mitochondrial RNA turnover.	MitEuro plenary meeting. Saariseelka, Finlandia
prof. dr hab.	Piotr	Paweł	Stępień	Unexpected twists of SUV3 helicase.	WP 5 MitEuro Meeting. Saragossa, Królestwo Hiszpanii
mgr	Anna		Błaszczuk	Short-term sulfur deficiency in tobacco – identification of differentially expressed genes.	Final COST Action 829 Meeting: Progress in Plant Sulfur Research 1997-2003. Braunschweig, Republika Federalna Niemiec
prof. dr hab.	Ewa		Bartnik	Stand der Einfuehrung der genetisch veranderte Pflanzen in Polen.	Anbau der genetisch veraenderter Pflanzen – Koexistenz und Umweltbeobachtung in Agrarraum. Criewen, Republika Federalna Niemiec
doc. dr hab.	Michał		Dadlez	Differentially displayed proteins in CFTR.	HUPO World Congress. Montreal, Kanada
doc. dr hab.	Michał		Dadlez	Differentially displayed proteins in CFTR.	Polish Science and Technology Forum. Paryż, Republika Francuska
dr hab.	Jacek		Bardowski	Cassette des gènes pour l'adaptation de lactocoques à l'environnement des plants.	CBL12 - Club des Bacteries Lactiques. Aurillac, Republika Francuska
dr	Andrzej		Kierzek	6 wykładów w cyklu "Stochastic effects in biochemical reaction networks".	Program "Genomics, Mathematics, Informatics". Institute Henri Poincare, Paryż, Republika Francuska
dr	Andrzej		Kierzek	Structure of LTTR transcription factors.	Workshop on Structures and Sequence analysis, Institute Henri Poincare, Paryż, Republika Francuska
doc. dr hab.	Barbara		Tudek	Products of lipid peroxidation as mutagenic and carcinogenic mediators of inflammation	1 st US-EU Workshop on Endogenous stress and DNA Repair
doc. dr hab.	Wojciech		Bal	Complexation of Zn and Ni by glutathione; chemical studies with biological consequences.	Phytac Annual Meeting. Amsterdam, Królestwo Niderlandów
prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	Unraveling link between mevalonate pathway and cell wall integrity.	Annual Meeting of Czech and Slovak Microbiological Society. Smolenice, Republika Słowacka
prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	Induction of the changes in <i>Trichoderma reesei</i> cell wall; a strategy for hypersecretory strain construction.	San-Baltic Forum in Biotechnology, Sopot

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

tytuł	autor			temat	kraj
	Imię 1	Imię 2	Nazwisko		
prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	Antiviral agents - some recent developments in anti-HIV/AIDS drugs.	Republika Federalna Niemiec
prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	Helicase HCV.	Republika Słowacka
dr	Andrzej		Pałucha	Transformation and transfection of <i>Ostreococcus tauri</i> .	Republika Francuska
doc. dr hab.	Barbara		Tudek	Endogenous DNA damage induced by lipid peroxidation: mutagenesis, stability and repair.	Republika Francuska

prof. dr hab.	Ewa		Kula-Świeżewska	Protein prenyltransferases of plants.	Republika Włoska
prof. dr hab.	Ewa		Kula-Świeżewska	Biosynthesis and biological role of polyprenols.	Republika Włoska
doc. dr hab.	Iwona	Jadwiga	Fijałkowska	Mechanisms controlling fidelity of DNA replication.	Stany Zjednoczone Ameryki
prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	Linker histones in <i>Arabidopsis</i> .	Stany Zjednoczone Ameryki
prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	H1 and DNA methylation.	Stany Zjednoczone Ameryki

II. 7.8. Inne lub uzupełniające informacje dot. wydarzeń i osiągnięć wynikających z realizowanej przez placówkę współpracy naukowej z zagranicą.

Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej 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 sfinansowano w roku sprawozdawczym 51 przyjazdów, 62 wyjazdy naukowe, 1 międzynarodową konferencję i 4 warsztaty.
W wyniku wieloletniej współpracy IBB PAN z placówkami zagranicznymi zostały złożone wspólne projekty (tzw. dołączeniowe) w ramach 5. PR UE i 7 z nich zakwalifikowano do finansowania. W roku sprawozdawczym złożono również wnioski do 6. PR UE, dwa z nich zostały zaakceptowane, a ich realizacja rozpocznie się w 1. kwartale 2004 roku.
W ramach działalności Centrum Polsko-Francuskiego Biotechnologii Roślin w 2003 roku: przyznano 7 tzw. minigrantów; do laboratoriów francuskich wyjechało 15 stypendystów; ukazały się 4 publikacji, oraz zorganizowano workshop nt.: "Plant Molecular Biology Programmes and Perspectives on Enlarged Europe".

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

II. Aktywność naukowa placówki

II.8. Międzynarodowe centra naukowe (działające w strukturze placówki):

II.8.1. Ważniejsze dane o działalności:

nazwa centrum	rok założenia	dyrektor	skład Rady Naukowej	Kod poczt.	Miasto	Ulica	nr	tel. 1	tel. 2	Fax
1) Polsko-Francuskie Centrum Biotechnologii Roślin	1993	prof. Anne-Lise Haenni	J. Łazowska, P. Stonimski, 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	658-46-60	658-44-99 w. 5781	658-46-60
2) Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej - EMBEU	2000	prof. Andrzej Rabaczko	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	823-71-89	658-44-99 w. 1104	823-71-89

II.8.2. Działalność naukowa:

liczba opublikowanych (łącznie) prac

wybrane ważniejsze wyniki (3)
W ramach działalności Centrum Polsko-Francuskiego Biotechnologii Roślin w 2003 roku: przyznano 7 tzw. minigrantów; do laboratoriów francuskich wyjechało 15 stypendystów; ukazały się 4 publikacji, oraz zorganizowano workshop nt.: "Plant Molecular Biology Programmes and Perspectives on Enlarged Europe".
Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej 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 działów tematycznych Centrum. W ramach tej aktywności sfinansowano w roku sprawozdawczym 51 przyjazdów, 62 wyjazdy naukowe, 1 międzynarodową konferencję i 4 warsztaty.

działalność dydaktyczna
nie dotyczy

II.8.3. Pozostałe informacje – wynikające ze specyfiki działania centrum

W ramach działalności Centrum Polsko-Francuskiego Biotechnologii Roślin w 2003 roku: przyznano 7 tzw. minigrantów; do laboratoriów francuskich wyjechało 15 stypendystów; ukazały się 4 publikacji, oraz zorganizowano workshop nt.: "Plant Molecular Biology Programmes and Perspectives on Enlarged Europe".
Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej 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 działów tematycznych Centrum. W ramach tej aktywności sfinansowano w roku sprawozdawczym 51 przyjazdów, 62 wyjazdy naukowe, 1 międzynarodową konferencję i 4 warsztaty.

e-mail
centrefp@ibb
cemb@ibb.wa

[Strona początkowa](#)

[Poprzednia strona](#)

II. Aktywność naukowa placówki

II.9. . Działalność dydaktyczna

II.9.1. 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	28	1087				
- na podstawie umowy						
- pozostałe						
b) inne			4	13	13	108
2. Za granicą	nie było					

II.9.2. Działalność niepaństwowych szkół wyższych działających w strukturze organizacyjnej placówki, w tym:

Dane ogólne:

nazwa szkoły/studium	ulica	nr	kod poczt.	rok założenia	oferta dydaktyczna szkoły/studium
nie dotyczy					
miasto	tel. 1	tel.2	fax	rodzaj studiów	czas trwania studiów
www	e-mail	inne			
kierownictwo szkoły:					
rektor	tytuł	Imię	Imię 2	Nazwisko	
prorektor					

Dane o kształceniu:

liczba uczestników/studentów - **nie dotyczy**

liczba absolwentów -

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

II. Aktywność naukowa placówki

II. 10. Udział placówki w organizacji krajowego życia naukowego:

II. 10.1. Konferencje zorganizowane lub współorganizowane przez placówkę w kraju:

nazwa/tytuł konferencji	miejsce (miasto)	termin
Współorganizacja: Third European Workshop On „In Vitro HCV Chemotherapy”	Warszawa	17-19.01.2003
Współorganizacja: 1. Międzynarodowa Konferencja „Inhibitors of Protein Kinases”	Warszawa	22-26.06.2003
Współorganizacja: Workshop “Phosphoryl-Transfer Mechanisms”	Warszawa	27-28.06.2003
Współorganizacja: 5. Workshop “International Summer School in Computational Biology ”	Warszawa	31.08-09.09.2003
Annual General Meeting of EMBnet	Warszawa	03-05.09.2003
Konferencja naukowa nt.: “Interakcja ekspresji genów chromosomalnych i plazmidowych u bakterii mlekowych”	Warszawa	03-05.10.2003
Konferencja w ramach wspólnego projektu badawczego finansowanego przez 5. PR UE pt.: “Biosynteza ściany komórkowej drożdży jako model do badania wrażliwości mikroorganizmów na leki przeciwczybowe”	Warszawa	08-09.11.2003
Workshop “Plant Molecular Biology Programmes and Perspectives in an Enlarged Europe”	Warszawa	21-23.11.2003

II. 10.2. Wykłady i referaty prowadzone na zaproszenie instytucji naukowych w kraju,

nazwa/tytuł wykładu/referatu	miejsce (miasto)	termin
Metody badawcze RNA (dr hab. A.Przykorska)	Centralny Szpital Kliniczny WAM z Polikliniką i Samodzielnym Publicznym Zakładem Opieki Zdrowotnej, Sekcja Nauk Podstawowych PTG, Warszawa	25. 06.2003
Mikromacierze DNA (dr M.Skoneczny)	Centrum Onkologii, Instytut Skłodowskiej-Curie, Gliwice	19.02.2003
Mikromacierze DNA i techniki pokrewne-nowe narzędzia badawcze (dr M.Skoneczny)	Studium Medycyny Molekularnej-Szkoła Zimowa, Warszawa	05.12.2003
GMO (prof. dr hab. P.P.Stępień)	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Radzików	VI.2003
DNA 50 lat obaw i nadziei (prof. dr hab. A.Jerzmanowski)	Uniw. Warszawski, Wykład Inauguracyjny	01.10.2003
Miejsce DNA w nauce o życiu (pro dr hab. A.Jerzmanowski)	Oddział Poznański PAN, Poznań	02.12.2003
Mitochondria a starzenie (prof. dr hab. E.Bartnik)	Komisja Biologii Starzenia, Instytut Biologii Doświadczalnej im. Nenckiego PAN, Warszawa	22.10.2003
Systemy naprawy DNA u bakterii (dr hab. E.Grzesiuk)	Uniwersytet Łódzki, Łódź	22.10.2003
Egzocykliczne addukty zasad DNA (prof. dr hab. J.Kuśmerek)	Uniwersytet Łódzki, Łódź	22.10.2003
Protomika (doc dr hab. M.Dadlez)	Instytut Onkologii, Gliwice	22.02.2003
Nowe osiągnięcia w badaniach genomów bakterii mlekowych (doc. dr hab. J.Bardowski)	ITFiM Politechniki Łódzkiej, Spala	22.06.2003
Bakteriofagi bakterii fermentacji mlekowej(doc. dr hab. J.Bardowski)	ITFiM Politechniki Łódzkiej, Spala	23.06.2003
Badanie przesyłania sygnałów w komórkach roślinnych (doc. dr hab. G.Dobrowolska)	SGGW, Warszawa	12.05.2003
Spektroskopia NMR w proteomice strukturalnej (doc. dr hab. A. Ejchart)	Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań	11.03.2003
Spektroskopia NMR w badaniach strukturalnych peptydów i białek (doc. dr hab. A.Ejchart)	Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego, Warszawa	09.12.2003

II. 10.3. 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.

Prof. G.Muszyńska – członek komitetu organizacyjnego oraz przewodnicząca sesji 39. Zjazdu PTBioch (Gdańsk).
Prof. D. Schugar, prof. G. Muszyńska i doc. G. Dobrowolska – członkowie komitetu organizacyjnego „3 rd International Conference on Inhibitors of Protein Kinases (Warszawa).
Prof. G. Muszyńska – przewodnicząca sesji „Workshop “Plant Molecular Biology Programmes and Perspectives on Enlarged Europe” (Warszawa).
Prof.prof. T.Kulikowski J.Kuśmerek, P.P.Stępień, J.Hennig, E.Bartnik, dr M.Krzymowska, doc. B.Tudek, doc. M.Boguta i dr A.Wysłouch-Cieszyńska wygłosili referaty na krajowych konferencjach naukowych.
Pracownicy naukowcy IBB opracowali ok. 180 recenzji i ocen, w tym: 26 prac doktorskich, 7 rozpraw habilitacyjnych (w tym 3 dla instytucji zagranicznych); 1 opinię dorobku kandydata na profesora; 77 recenzji projektów badawczych (w tym 2 zagraniczne); 53 recenzji artykułów naukowych do czasopism krajowych i zagranicznych, recenzje książek i manuskryptów.

[Strona początkowa](#)

[Poprzednia strona](#)

II. Aktywność naukowa placówki

II. 11. Działalność ekspercka:

Ekspertyzy dyscyplinowe:

zagadnienie/temat	wykonawca				odbiorca				sposób wykorzystania/przeznaczenie	termin wykonania
	tytuł	imię 1	imię 2	nazwisko	tytuł	imię 1	imię 2	nazwisko		
GMO	prof. dr hab.	Piotr	Paweł	Stępień	ENGL Ispra				Wdrożenie norm GMO	od 2002 r. - prace w toku
	doc. dr hab.	Barbara		Tudek						
GMO	prof. dr hab.	Piotr	Paweł	Stępień	Komisja GMO przy Monisterstwie Środowiska				Ocena wniosków GMO	od 2001 r.
GMO	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	Ministerstwo Środowiska				Wydanie zezwolenia na prace z GMO	2003 r.
Normy europejskie w zakresie biotechnologii	doc. dr hab.	Barbara		Tudek	Polski Komitet Normalizacyjny				wdrożenie norm europejskich w Polsce	od 1999 r. - prace w toku
	dr hab.	Jacek		Bardowski						
	prof. dr hab.	Daniela		Barszcz						
GMO	doc. dr hab.	Barbara		Tudek	Ministerstwo Środowiska				Wdrożenie ustawy o GMO w Polsce	od 2002 r. - prace w toku
	dr	Jarosław		Cieśla						
Metody biologii molekularnej w identyfikacji genetycznej Lactobacillus	dr hab.	Jacek		Bardowski	UnitedPharma, Sosnowiec				Rejestracja preparatu probiotycznego do wdrożenia	2003 r.
	mgr	Roman		Górecki						
Metody biologii molekularnej w identyfikacji genetycznej Lactobacillus	dr hab.	Jacek		Bardowski	MultiPharma Sweden AB, Królestwo Szwecji				Rejestracja preparatu probiotycznego do wdrożenia	2003 r.
	mgr	Roman		Górecki						
5. PR Unii Europejskiej, Komitet Programowy <i>Quality of Life</i>	prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	Ministerstwo Nauki i Informatyzacji				informacja dla MNil	od 1999 r.
6. PR Unii Europejskiej, Grupa Science and Society	prof. dr hab.	Magdalena		Fikus	Ministerstwo Nauki i Informatyzacji				informacja dla MNil	od 2002 r.

II. Aktywność naukowa placówki

II. 12. Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólnoodrodowiskowym w tym:

II. 12.1. Biblioteki, z tego:

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
nie było		

- zasoby

liczba nabytków	rodzaj
94	książki
127	czasopisma zagraniczne
21	czasopisma krajowe

- udostępnianie zbiorów

liczba korzystających	ok. 1800
IBB PAN jest jednostką odpowiedzialną za techniczną i organizacyjną stronę w ramach Porozumienia Bibliotek jednostek PAN.	

II. 12.2. Muzea, wystawy, kolekcje specjalistyczne i eksponaty, banki zasobów genetycznych, inne

- eksponaty, kolekcje:

rodzaj nabytków
Centralna kolekcja szczepów IBB gromadzi: plazmidy, szczepy bakteryjne, drożdże, organizmy transgeniczne (7.000 w sieci). Podpisano porozumienia z 12. placówkami naukowymi o utrzymaniu i rozwoju kolekcji.
Adres strony internetowej: http://kolekcja.ibb.waw.pl/search nazwa użytkownika: ibb; hasło: kolekcja

- 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.
Wydano katalog pt. "Regional Strains Collection" (Regionalna kolekcja szczepów), Warszawa, 2003, IBB

II. 12.3. 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 w Laboratorium wykonywano pomiary widm MRJ dla zakładów IBB oraz szeregu laboratoriów spoza instytutu. Wykorzystanie czasu pracy spektrometru 500 MHz wynosiło 92% a spektrometru 400 MHz – 75%.
Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów:
W Pracowni zsyntetyzowano dla laboratoriów IBB 2 896 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 377 – 37 741 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 650 zasad daje 24 531 650 zasad. Dla 97 zleceniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 6 000 matryc DNA i zsyntetyzowano 6 355 oligonukleotydów.

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Masowej:

Laboratorium prowadzi pomiary mas cząsteczek biologicznych używając spektrometrów typu MALDI oraz ESI. Na zlecenie użytkowników zarówno z IBB jak i spoza oznaczane są masy peptydów, białek, oligonukleotydów i innych. Na podstawie pomiarów mas fragmentów białek obecnych w dostarczonych próbkach Laboratorium wykonuje oznaczenia składu białkowego tych próbek. W ciągu ostatniego roku wykonano ponad 1200 zleceń dla użytkowników z kilkudziesięciu ośrodków, również spoza Polski. Laboratorium prowadzi również prace własne w zakresie badań oddziaływań niekowalencyjnych i proteomiki płynów ustrojowych.

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

nie było

- uzyskane akredytacje laboratorium za spełnienie wymagań normy międzynarodowej lub europejskiej

nie było

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

II. Aktywność naukowa placówki

II. 13. Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PANw roku sprawozdawczym

nazwa / rodzaj nagrody	za co przyznane	przez kogo	komu
Doktorat honoris causa	Za całokształt pracy naukowej	Stockholm University	prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska
Nagroda za najlepszą pracę z chemii i biochemii kwasów nukleinowych	"Overexpressed yeast mitochondrial putative RNA helicase Mss116 partially restores proper mtRNA metabolism in strains lacking the Suv3 mtRNA helicase". Yeast (2002) 19(15) : 1285-1293	Polskie Towarzystwo Biochemiczne	dr Michał Mińczuk (Z-d Genetyki UW), dr Aleksandra Dmochowska, M. Palczewska (Z-d Genetyki UW), prof. dr hab. Piotr Stępień
I nagroda za pracę doświadczalną	Publikacja: „Rsp5p, a New Link between the Actin Cytoskeleton and Endocytosis in the Yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ”. Mol. Cel. Biol. (2002) 22 : 6946-6958	Rada Naukowa IBB PAN	dr Joanna Kamińska, dr Beata Gajewska, prof. Anita K. Hopper (The Pennsylvania State University College of Medicine), doc. dr hab. Teresa Żołądek
II nagroda za pracę doświadczalną	Publikacja: „STOCKS: STOChastic kinetic Simulations of biochemical systems with Gillespie algorithm”. Bioinformatics (2002) 18 : 470-481	Rada Naukowa IBB PAN	dr Andrzej Michał Kierzek
III nagroda za pracę doświadczalną	Publikacja: „AtSWI3B, an <i>Arabidopsis</i> homolog of SWI3, a core subunit of yeast Swi/Snf chromatin remodeling complex, interacts with FCA, a regulator of flowering time”. Nucl. Acid Res. (2002) 30 : 3412-3421	Rada Naukowa IBB PAN	T.J Tarnowski, dr Szymon Świeżewski, mgr Katarzyna Pawlikowska, dr Szymon Kaczanowski, prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski
III nagroda za pracę doświadczalną	Publikacja: „The switch from inorganic to organic sulphur assimilation in <i>Escherichia coli</i> : adenosine 5'-phosphosulphate (APS) as a signaling molecule for sulphate excess”. Mol. Microbiol. (2002) 43 : 1347-1358	Rada Naukowa IBB PAN	dr Tomasz Bykowski, dr J.R. van der Ploeg (Institute of Microbiology, Swiss Federal Institute of Technology, Switzerland), dr Roksana Iwanicka-Nowicka, doc. dr hab. Monika Hryniewicz
Nagroda za rozprawę doktorską	„The regulatory gene omega of plasmid pSM19035”. Obrona pracy 3.07.2002	Rada Naukowa IBB PAN	dr Izabela Sitkiewicz
Nagroda za rozprawę doktorską	„Genetic and biochemical characterization of dolichol biosynthesis in yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ”. Obrona pracy 26.02.2002	Rada Naukowa IBB PAN	dr Kariona Grabińska

III. Zatrudnienie

III.1. Zatrudnienie stanowe (na 31.12. roku sprawozdawczego) (w głównym miejscu pracy)

Ogółem	261
--------	------------

, w tym:

III.1.1. Pracownicy naukowí razem, z tego z tytułem:

Razem	w tym:				
	Profesora w tym:		docenta	adiunkta	asystenta
		członkowie PAN			
132	30	4	14	69	19

III.1.2. Pracownicy biblioteczni **4**

III.1.3. Pracownicy inż., techniczni organ.-ekonom. admin.i obsługi **111**

III.1.4. Pracownicy zatrud. na st. robot. i prac. zatrudn. przy pilnowaniu **14**

III.2. Zatrudnienie średnioroczne^{new} przeliczeniu na pełne etaty - ogółem **219**,
w tym naukowych **98**

[Strona początkowa](#)

[Poprzednia strona](#)

IV. Działające w placówce Centra doskonałości

Nazwa		Kod poczt.		Miasto		inne
Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej - EMBEU (5. PR Unii Europejskiej)		" 02-106		Warszawa		
Ulica	nr	tel. 1	tel. 2	Fax	e-mail	WWW
Pawińskiego	5A	832-71-89	658-44-99 w. 1104		cemb@ibb.waw.pl	http://www.ibb.waw.pl