

INSTYTUT BIOCHEMII I BIOFIZYKI

Polskiej Akademii Nauk

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

***SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2004 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 2004 r.:

Przyznane dotacje	23.760.785,-
-------------------	--------------

w tym:

Działalność statutowa	16.457.300,-
-----------------------	--------------

Projekty badawcze MNiI	2.297.640,-
------------------------	-------------

Projekty UE	1.992.240,-
-------------	-------------

SPB-M	1.364.230,-
-------	-------------

Projekty zamawiane	1649.375,-
--------------------	------------

Inne	9.284.644,-
------	-------------

w tym:

Działalność gospodarcza	2.196.675,-
-------------------------	-------------

Działalność finansowa	1.184.612,-
-----------------------	-------------

Pozostałe	5.903.357,-
-----------	-------------

LĄCZNIE: 33.045.429,-

PUBLIKACJE IBB PAN w 2004 r.:

- | | |
|---|-----|
| • podręczniki lub ich rozdziały | 1 |
| • publikacje ukazujące się w czasopiśmie
recenzowanych o zasięgu międzynarodowym | 76 |
| • publikacje ukazujące się w naukowych
czasopiśmie krajowych | 14 |
| • prace popularno-naukowe | 0 |
| • doniesienie zjazdowe i konferencyjne | 178 |
| • inne publikacje | 4 |

OGÓŁEM: 273

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2004 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, dr Maria A. Siwecka, mgr inż. Andrea Baier (od grudnia 2004), mgr Katarzyna Kopańska, mgr Agnieszka Miazga, mgr Andżelika Najda, mgr Norbert Odolczyk (od listopada 2004), mgr Romualda Podwińska, mgr inż. Przemysław Ziemkowski, prof. dr David Shugar.

Kontynuowano cykl badań poświęconych poszukiwaniom nowych inhibitorów wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV) należącego do grupy najbardziej rozpowszechnionych w świecie patogennych wirusów ludzkich. Wykonano syntezę i zbadano właściwości fizykochemiczne i biologiczne szeregu nowych pochodnych N⁴-hydroksycytydyny (NHC). Wykryto znaczącą aktywność anti-HCV u pochodnej 2-tio-NHC. Związki z tej serii inhibowały replikację wirusa w systemie subgenomowego replikonu HCV (współpraca z dr L. Covą z INSERM U271, Lyon, Francja) oraz wykazywały umiarkowaną cytotoksyczność w stosunku do komórek He-La i MT-2 (współpraca z dr A. Piaskiem z Instytutu Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN w Warszawie).

Wykonano również syntezę i badania potencjalnych inhibitorów HCV z grupy pochodnych tropolonu – metabolitu uzyskanego z *Pseudomonas sp.* Otrzymano m.inn. 3,7-dibromo- i 3,7-dibromomorfolinometylenotropolon o aktywności inhibującej helikazę HCV przy wartości IC₅₀ = 0.26 µM i umiarkowanej cytotoksyczności w stosunku do komórek drożdżowych.

Kontynuowano badania nad nietoksycznymi analogami 2',3'-dideoksy-3'-fluorotymidyny (FLT) – związku o silnej aktywności inhibującej wirusa HIV – ale wykazującego *in vivo* zbyt wysoką toksyczność hematologiczną. Celem wyjaśnienia mechanizmu aktywności przeciwwirusowej uprzednio otrzymanych tionowanych pochodnych FLT, syntetyzowano 5'-trifosforany tych pochodnych i zbadano ich oddziaływanie z rekombinacyjną odwrotną transkryptazą HIV (HIV-1 RT) wykazując dla S²FLTTP wysoką aktywność inhibującą ten enzym (IC₅₀ = 0.17 µM). Wykazano, że aktywności przeciwwirusowe w.wym. związków są skorelowane z inhibicją HIV RT, a związki te są kompetytywnymi inhibitorami HIV RT. Zbadano również oddziaływanie 5-propylowych analogów acyklourydyny, które okazały się niekompetytywnymi inhibitorami HIV RT wiążącymi się allosterycznie do kieszeni hydrofobowej miejsca katalitycznego. Wykazano wysoką aktywność inhibującą HIV RT (IC₅₀ = 0.06 µM).

Rozpoczęto badania nad potencjalnymi inhibitorami dUTPazy z pasożytów *Leishmania*, *Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma brucei* i *Campylobacter jejuni*. Dla wyjaśnienia wpływu różnic strukturalnych na mechanizm oddziaływania analogów dUTP z tym enzymem syntetyzowano dwoma metodami niehydrolizowalny, trwały analog dUTP, w którym tleny reszty 5'-trifosforanowej zastąpiono mostkami metylenowymi i użyto do badań enzymatycznych (współpraca z dr. D. Gonzales Pacanowską z Instituto de Parasitologia y Biomedicina, Granada, Hiszpania)

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalenie mechanizmu inhibicji wirusa HIV-1 przez nietoksyczne, tionowane analogi 2',3'-dideoksy-3'-fluorotymidyny.

PUBLIKACJE: 3823, 3840, 3848, 3883, 1925/A, 1933/A, 1934/A, 1939/A, 1940/A, 1961/A, 1962/A, 2000/A, 2050/A, 2051/A, 2052/A, 86/M, 88/M

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

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

Kontynuowano zadanie z ubiegłego okresu, mającego na celu ustalenie roli kwasu arachidonowego i jego fotoproduktu AA $\rightarrow$ PSO – badano przebieg apoptozy w ludzkich limfocytach w obecności czynników egzogennie dodanych do zawiesiny komórek.

Limfocyty traktowano w modelu *in vitro*, który imituje działanie terapii PUVA poza ustrojem. Fizjologiczną odpowiedź monitorowano we fluorocytometrze po około 20-godzinnej hodowli i znakowaniu limfocytów markerami. Aneksyna V– FITC oraz jodek propidyny wyznaczały procesy apoptozy w komórce, natomiast JC-1 (pochodna jodku benzimidazolo-karbocjaniny) wyznaczała zmiany w polaryzacji mitochondriów.

Stwierdzono, że sam kwas arachidonowy (AA), dodany do zawiesiny 10^6 komórek, wywołuje wczesną apoptozę: 40-60 μ M AA na ml zabarwia komórki AnxV⁺; przy wzrastających stężeniach ponad 100 μ M AA, limfocyty wchodziły w późną apoptozę, znakując się dwoma markerami, AnxV⁺PI⁺. Wzrost apoptozy osiąga maksimum przy 160 μ M/ml AA, uznany za poziom toksyczny. Natomiast fotoaddukt, AA $\rightarrow$ PSO, wywoływał podobne reakcje apoptotyczne przy molarnych stężeniach 2-3-krotnie większych od macierzystego AA.

Połączenie naświetlania UVA (2.0 – 6.0 J/cm²) z działaniem kwasu wywoływało procesy synergiczne w zakresie do 100 μ M/ml AA, przy wyższych stężeniach kwasu ilość komórek gwałtownie malała, ze względu na ich przyspieszony rozpad apoptotyczny. Odwrócenie traktowania komórek: najpierw naświetlanie a potem dodanie kwasu znacznie zmniejszało ilość komórek wchodzących w proces apoptozy. Komórki tego samego dawcy znakowane aneksyną i JC-1 wykazywały podobny przebieg krzywych, co świadczy, że zmianom apoptotycznym towarzyszą zmiany w potencjale błon mitochondrialnych.

Nasze wyniki wykazały, że kwas arachidonowy w połączeniu z naświetlaniem UVA synergicznie uszkadza limfocyty, w podobnym stopniu jak synergiczne współdziałanie psoralenu i naświetlania w terapii PUVA. Sugeruje się, że apoptoza wywołana w trakcie terapii PUVA może zachodzić częściowo na drodze uszkodzenia błon komórkowych przez czynniki sygnałowe z udziałem kwasu arachidonowego.

Najważniejszy wynik badawczy:

Synergizm współdziałania naświetlania z kwasem arachidonowym wskazuje na możliwość działania terapii PUVA na drodze uszkodzenia błon komórkowych przez bliżej nieokreślone czynniki sygnałowe.

PUBLIKACJE: 1951/A, 2014/A

Temat nr 4: Mechanizm inicjacji transkrypcji genów prokariotycznych.

Zespół: prof. dr hab. Kazimierz Lech Wierchowski, dr Krystyna Bolewska, dr Tomasz Łoziński, dr Jarosław Poznański, Teresa Rak

Kontynuowano badania nad strukturą w roztworze białka σ_4^{70} (domena wiążąca region –35 promotorów *E. coli*). W celu podniesienia rozpuszczalności i obniżenia zdolności do agregacji otrzymaliśmy analog tego białka skrócony o dwie C-końcowe reszty Asp. Zgodnie z oczekiwaniem, białko to okazało się lepiej rozpuszczalne, jednakże analiza widm

CD pokazała, że jego zdolność do zwijania się nie uległa istotnej poprawie. Jarosław Poznański wymodelował strukturę badanego przez nas kompleksu σ_4^{70} z czynnikiem anty-sigma AsiA faga T4.

Zastosowaliśmy opracowaną przez nas wcześniej ilościową metodę utleniania nadmanganianem reszt tyminy (T) w otwartym kompleksie transkrypcyjnym RPo do kompleksu na promotorze λP_R , w celu weryfikacji hipotezy grupy T.H. Recorda, Jr. o indukcji przez jony Mg^{2+} izomeryzacji tego kompleksu. Pomiary kinetyki reakcji utleniania T w funkcji temperatury i stężenia jonów Mg^{2+} w kompleksie oraz w tymidynie i jej nukleotydach (TMP, TTP i TpT) wykazały, że (i) powstawanie RPo w badanym przedziale temperatur (13-37 °C) jest procesem jednostopniowym a (ii) jony Mg^{2+} jedynie modulują szybkość reakcji w rozdzielonych niciach DNA promotora obniżając barierę dla dyfuzji jonów MnO_4^- przez osłanianie ładunków ujemnych na fosforanach i grupach karboksylowych. Okazało się ponadto, że stopień tej modulacji koreluje się rozkładem potencjału elektrostatycznego wzdłuż nici DNA w RPo, zależnym od rozmieszczenia zjonizowanych grup na powierzchni białkowych kanałów przez które przechodzą.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, wbrew przyjętym poglądom, że rozdział nici DNA promotora w trakcie powstawania bakteryjnego otwartego kompleksu transkrypcyjnego jest procesem jednostopniowym, zachodzącym bez udziału jonów $Mg(II)$.

PUBLIKACJE: 1912/A, 1913/A

Temat nr 5.1: Bakulowirusy i ich rekombinanty.

Zespół: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr hab. Ludmiła Strokowskaya, dr Ewa Szolańska, mgr Renata Grzela

Badaliśmy syntezę i trymeryzację heksonu, głównego składnika kapsydu adenowirusa w systemie bakulowirusa. Do prawidłowego fałdowania i oligomeryzacji heksonu oraz jego transportu do jądra komórkowego niezbędna i wystarczająca jest obecność adenowirusowego białka opiekuńczego (chaperoniny) – 100K. Nasze badania biochemiczne i cytologiczne wykazały, że 100K oddziałuje nie tylko z monomerycznym hexonem, ale również trymerem, co nie było nigdy wcześniej stwierdzone. Wyniki mikroskopii elektronowej oczyszczonego zrekombinowanego adenowirusowego białka 100K, oraz jego kompleksu z trymerycznym hexonem są pierwszymi tego rodzaju badaniami od czasu odkrycia adenowirusów i identyfikacji głównych składników ich kapsydu ponad czterdzieści lat temu.

Kontynuowano badania nad oddziaływaniem wirusowego białka VPg z eukariotycznym czynnikiem inicjacji 4E. Scharakteryzowano stałe dysocjacji VPg potywirusa Y (PVY) z różnymi roślinnymi czynnikami E4. Znaleziono najsilniej oddziałujący czynnik -isoformę *isoE4* z pszenicy. Określono, która część białka VPg oddziałuje z tym czynnikiem. Następnie pokazano, że w obecności VPg obserwuje się zahamowanie syntezy białek w układach bezkomórkowych w wyniku zmniejszenia powinowactwa E4 do struktury cap. Wykazano również, że obecność czynnika eIF4G, będącego platformą dla kompleksu inicjacyjnego, wzmacnia oddziaływanie VPg z E4. Dane te wskazują na podobieństwo

interakcji cap czy VPg z E4. Jednocześnie sugerują one, że białko VPg jest nowym rodzajem efektoru eIF4E, który hamuje syntezę białka gospodarza na bardzo wczesnym etapie tworzenia kompleksu inicjacyjnego poprzez zahamowanie wiązania cap z E4.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że adenowirusowa chaperonina – białko 100K oddziałuje nie tylko z monomerycznym hexonem, ale również trymerem, co nie było nigdy wcześniej stwierdzone.

PUBLIKACJE: 3835, 3837, 91/M, 1936/A, 1935/A, 1939/A, 2000A

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

Zespół: dr hab. Krystyna Grzelak, dr Barbara Kłudkiewicz, dr Anzhela Dvornyk (Instytut Biologii Molekularnej i Genetyki, Kijów)

We współpracy z Zakładem Biochemii Politechniki Wrocławskiej oraz grupą badawczą kierowaną przez doc. dr hab. Michała Dadleza kontynuowano badania nad rekombinowanym białkiem wiążącym hormon juvenilny (rJHBP). Wykazano występowanie dwóch dodatkowych form rJHBP (rJHBP-2 i rJHBP-3). Stwierdziliśmy, że specyficzność wydzielania, przez komórki *Pichia pastoris*, różnych form rJHBP zależy od składu medium hodowlanego. Białka rJHBP-2 i rJHBP-3, podobnie jak wcześniej opisane aktywne biologicznie białko rJHBP-1, ulegają N-glikozylacji jedynie w miejscu Asn-94. Wstępne wyniki wskazują, że łańcuchy cukrowe dwóch dodatkowych form rJHBP są dłuższe od tych, które wykazano dla rJHBP-1. Obie dodatkowe formy rJHBP, o masie cząsteczkowej wyższej niż obserwowana dla rJHBP-1, nie wykazują aktywności biologicznej. Uzyskane dotychczas wyniki sugerują, że poziom N-glikozylacji jak również struktura glikanów mogą mieć znaczący wpływ na aktywność białka JHBP z *Galleria mellonella*.

Kontynuowano współpracę z Instytutem Entomologii Czeskiej Akademii Nauk nad rekombinowanym białkiem SPI (silk protein inhibitor). Prowadzono badania mające na celu udoskonalenie już istniejącej aktywności naszego inhibitora (silnie hamuje proteinazę K i subtilizynę). Przygotowano konstrukty DNA do syntezy białek, które w miejscu aktywnym (P1) zamiast reszty treoniny (natywne białko) zawierały między innymi tryptofan, histydynę, asparaginę, argininę. Okazało się, że zamiana Thr → Arg sprawiła, iż inhibitor hamuje aktywność trypsyny, ale nie obniża się jego aktywność w stosunku do proteinazy K i subtilizyny. Badania struktury SPI metodą NMR są w toku.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie wpływu N-glikozylacji na aktywność biologiczną białka JHBP.

PUBLIKACJE: 3817, 2031A

Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej.

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

Badano wpływ mutacji w dwóch wybranych domenach genomu wiroida na jego żywotność. Pierwszym etapem pracy było uzyskanie nowych zmodyfikowanych konstruktów niosących 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. Sklonowane uprzednio w wektorze pGEM-T-easy cDNA PSTVd banku P i TL przeniesiono do zmodyfikowanego wektora binarnego pGreen. Modyfikację przeprowadzono w celu uzyskania wyższej infekcyjności badanych konstruktów. Uzyskanymi bankami PSTVd/pGreen w *Agrobacterium* zakażano siewki pomidora odmiany Rutgers. Z zainfekowanych roślin wyizolowano RNA PSTVd. Metodą RT-PCR uzyskano cDNA PSTVd, które następnie zsekwencjonowano. Wstępna analiza sekwencji PSTVd z kilku wybranych roślin pozwoliła na zidentyfikowanie trzech mutantów w domenie P oraz jednego w domenie TL.

Zakończono badania infekcyjności konstruktów cDNA PSTVd niosących mutacje wprowadzone w miejsca rozpoznawane przez enzymy restrykcyjnych Ava II i Eag I, Sty I, zlokalizowane odpowiednio w domenach zmiennej (V) i lewej terminalnej (TL). Mutacje polegały na dodaniu lub usunięciu 3-4 nukleotydów w wyżej wymienionych miejscach restrykcyjnych za pomocą odpowiednich enzymów, fragmentu Klenowa i nukleazy z fasoli Mung. Tylko jeden ze wszystkich badanych mutantów, AvaK (trzy dodatkowe nukleotydy w domenie V) był infekcyjny.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowano metodę otrzymywania wysoko infekcyjnych konstruktów cDNA PSTVd ze zmutowanym wybranym regionem genomu.

PUBLIKACJE: 3860, 1931/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-Ostoję, dr Anna Boguszevska-Chachulska, mgr Agnieszka Gozdek, mgr Mariusz Krawczyk, mgr Jerzy Pawłowicz, mgr Anna Stankiewicz-Drogoń, mgr Julita Koper

Kontynuowano prace nad oczyszczaniem na dużą skalę (miligramy białka do krystalizacji i badań NMR) pełnej helikazy oraz helikazy pozbawionej N-terminalnego His-tagu. W tym celu oczyszczono rekombinowaną proteazę wirusa TEV, która posłużyła do odcięcia His-tagu. Sklonowano i uzyskano ekspresję w systemie bakulowirusa pełnego genu NS3 HCV, trwają prace nad oczyszczaniem tego białka do testów helikazowych. Wyznakowano izotopami ^{15}N i ^{13}C oraz oczyszczono domenę 1 helikazy. Prowadzono badania struktury domeny 1 helikazy metodą dichroizmu kołowego (CD). We współpracy z dr Jarosławem Poznańskim i Igozem Zhoukovem z IBB uzyskano kolejne widma pełnej

helikazy i jej domen wraz z inhibitorami niskocząsteczkowymi.

Udoskonalono metodę badania aktywności helikazy, test fluorescencyjny, w celu wykorzystania jej do badania inhibitorów niskocząsteczkowych helikazy. Prace nad testowaniem na dużą skalę pochodnych tropolonów i benzotriazoli oraz antracyklinowych pozwoliły na wyselekcjonowanie kilku inhibitorów helikazy HCV o wartościach IC_{50} poniżej 200 μM .

Rozpoczęto eksperymenty nad wykorzystaniem drożdży *Saccharomyces cerevisiae* do oznaczania cytotoksyczności badanych inhibitorów helikazy w hodowlach płynnych (oparta na pomiarach OD hodowli w fazie logarytmicznej).

Prowadzono prace nad systemem replikacji sub-genomowego replikonu HCV w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae* poprzez transformację plazmidem niosącym cDNA HCV oraz transfekcję RNA otrzymanym drogą transkrypcji *in vitro*, otrzymując potwierdzenie zachodzenia replikacji sub-genomowego RNA w komórkach drożdży. W celu podniesienia poziomu ekspresji poliproteiny HCV prowadzone są prace nad wykorzystaniem IRES-ów drożdżowych zamiast wirusowych przy użyciu białka reporterowego lucyferazy.

Zakończono prace nad analizą metodą real-time PCR transgenicznymi liniami tytoniu opornego na wirusa PVY. Opracowano metodę oznaczania ilości kopii transgenu w odniesieniu do wewnętrznego wzorca, oznaczono liczbę kopii transgenu w wybranych liniach i uzyskano korelację z odpornością na infekcję PVY.

Podjęto współpracę z Zakładem Genetyki UW (Prof. P. Węgleński i Dr P. Borsuk) w temacie dotyczącym postranskrypcyjnej regulacji ekspresji genu argininy (agaA) u *Aspergillus nidulans*. W jej ramach wykonano serię analiz chromatograficznych dla zbadania specyficzności wiązania argininy z pre-mRNA argininy, uzyskując pozytywne wyniki.

Najważniejszy wynik badawczy:

Oznaczenie aktywności inhibitorowej najskuteczniejszych inhibitorów helikazy HCV – pochodnej antracykliny ($IC_{50} = 1.63 \pm 0.15 \mu M$) oraz 3,7-dibromo-5-morpholinomethyltropolone ($IC_{50} = 17.28 \pm 2 \mu M$).

PUBLIKACJE: 3837, 339/N, 1939/A, 1940/A, 2000/A, 2001/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 Adrianna Łoniewska-Lwowska, mgr Elżbieta Sułuja, mgr Jarosław Kosakowski, techn. Elżbieta Nowak

Zakończono prace nad charakterystyką polimorfizmu RFLP wybranych izolatów wirusa PVY. Wykazano zmienność genomu izolatów PVY charakteryzujących się zdolnością przełamania odporności uprawnych odmian tytoniu na infekcję tym wirusem a także wykazano ich pokrewieństwo ze szczepem PVY Wilga. Scharakteryzowano również typy RFLP szeregu izolatów wirusa PVY^{NTN}. Wyniki tej charakterystyki wskazują na relatywnie

duże zróżnicowanie w obrębie genomów tych izolatów, co może świadczyć o różnym tle genetycznym dla cechy warunkującej tworzenie nekroz na bulwach ziemniaków.

Ponadto prowadzone są doświadczenia nad analizą promotora subgenomowego (sg) RNA wirusa liściozwoju ziemniaka PLRV w systemie protoplastów otrzymywanych z zawiesin komórkowych tytoniu BY2. Modyfikując infekcyjną kopię wirusa PLRV stworzono narzędzie do mapowania promotora sgRNA1. Wykazano, że zarówno enhancer jak i promotor sgRNA1 wirusa PLRV znajduje się na odcinku 400 nukleotydów leżących wokół sekwencji korespondującej do końca 5' sgRNA1. Prowadzone są prace nad dokładnym mapowaniem sekwencji promotorowych zaangażowanych w inicjację syntezy sgRNA PLRV.

Rozpoczęto również prace nad otrzymaniem i charakterystyką cząsteczek wirusopodobnych (VLPs – ang.: *virus-like particles*) wirusa PLRV. W tym celu sklonowano gen białka płaszcza PLRV w wektorze FastBac w celu nadekspresji białka w systemie komórek owadzych za pomocą zrekombinowanego wektora bakulowirusowego. Wyrażone białko płaszcza scharakteryzowano za pomocą metody western blot oraz wykazano, że jego obecność chroni małe RNA z komórek owadzych przed degradacją przez RNazę A. Prowadzone są prace nad dokładną charakterystyką VLPs.

Metodą RT-PCR RFLP scharakteryzowano ok. 40 izolatów PVY, wykazano aktywność regionu promotorowego sgRNA1 PLRV w układzie cis *in vivo* oraz wykazano możliwość enkapsydacji małych, niespecyficznych cząsteczek RNA przez białko płaszcza PLRV.

Temat nr 8: Genomika *Paramecium tetraurelia*.

Zespół: prof. Joanna Rytka, dr Marek Juszczuk, dr Marek Zagulski, mgr Iwona Karkusiewicz, mgr Andrzej Migdalski, mgr Jacek Nowak, Beata Babińska, Małgorzata Filipiak, Ewa Kalińska

We współpracy z zespołem J. Cohena (CGM, CNRS, Gif-sur-Yvette, Francja) oraz E. Meyera (Laboratoire de Genetique Moleculaire, Ecole Normale Supérieure, CNRS, Paryż, Francja)) rozpoczęto analizę funkcjonalną genomu *Paramecium tetraurelia*. W naszej pracowni zsekwencjonowano największy somatyczny chromosom *Paramecium*, a wyniki opublikowano w sierpniu tego roku w *Current Biology*. Dzięki współpracy z CGM wykonano badania profilu ekspresji genów kodowanych na tym chromosomie przy wykorzystaniu technologii mikromacierzy DNA. 460 produktów PCR odpowiadających poszczególnym genom wykorzystano jako sondy przy przygotowaniu mikromacierzy, a cztery pule mRNA z komórek wegetatywnych oraz z różnych faz autogamii zostały poddane reakcji odwrotnej transkrypcji i wyznakowane. Ze wstępnej analizy rezultatów wynika, że około 40 genów jest aktywowanych we wczesnej fazie autogamii. Kilkanaście z tych genów, potencjalnie zaangażowanych w dojrzewanie makronukleusa sklonowano. Rozpoczęto inaktywację tych genów poprzez wyciszanie metodą interferencyjnego RNA. Badany jest efekt fenotypowy inaktywacji.

Najważniejszy wynik badawczy:

Analiza transkryptomu 460 genów *Paramecium tetraurelia*.

PUBLIKACJE: 3829, 3838, 3848, 3856, 1989/A, 347/N

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

Zespół: prof. Ewa Kula-Świeżewska, mgr Agnieszka Bajda, prof. Tadeusz Chojnacki, mgr Ewa Ciepichał (od 1.III.br), techn. Józefina Hertel, dr Wiesław Jankowski, mgr Karolina Skorupińska-Tudek, mgr Magdalena Wojtas, mgr Monika Zelman-Femiak (od 1.X.br), Julita Sternik (od 1.X.br), Julita Terebińska (od 1.X.br)

Stosując metodę HPLC/ESI-MS wykazano, że białka u *A.thaliana* modyfikowane są posttranslacyjnie przez długołańcuchowe dolichole (dominujący Dol-16) oraz prenole (Pren-9 i -10). Wykazano także, że w tkankach grzyba *Lentinus edodes* gromadzą się dolichole (dominujący Dol-17). Analizując widma masowe dolicholi uzyskanych po znakowaniu metabolicznym różnymi prekursorami izolowanych z korzeni *Coluria geoides* hodowanych *in vitro* wykazano, że reszty izoprenowe w ich cząsteczkach biosyntetyzowane są z udziałem dwu szlaków, tzn. mewalonianu (MEV) i fosforanu metyloerytroitylu (MEP).

Zaobserwowano wzrost zawartości solanezołu i dolicholi w liściach tytoniu pod wpływem stresu biotycznego (infekcji wirusowej).

Kontynuowano prace nad charakterystyką podjednostki REP Rab GGTazy u Arabidopsis – badano wiązanie rekombinowanego białka AtREP *in vitro* z substratem białkowym oraz możliwość komplementacji funkcjonalnej AtREP odpowiedniego mutantu *S.cerevisiae* (*mrs6*). Obserwowany jest także fenotyp odpowiednich mutantów insercyjnych Arabidopsis.

Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli wykonując i udostępniając innym ośrodkom preparaty poliizoprenoidowe. Udoskonalono procedurę preparatyki poliprenoli.

Przeprowadzono badania przesiewowe roślin wietnamskich (ponad 400 gatunków) na obecność poliprenoli. Po raz pierwszy zaobserwowano występowanie poliprenoli będących mieszaniną izomerów *E/Z* w reszcie α . Wykazano, że naturalny kauczuk z rośliny *Artocarpus heterophyllus* zawiera w cząsteczce grupę fosforanową.

Sklonowano gen *COQ2* kodujący pierwszy enzym szlaku biosyntezy ubichinonu u człowieka (wsp. Prof. G. Dallner, Uniwersytet Sztokholmski oraz Dr I.Climent, Biovitrum AB, Sztokholm).

Najważniejszy wynik badawczy:

Potwierdzenie struktury długołańcuchowych dolicholi i poliprenoli modyfikujących kowalencyjnie białka roślinne oraz wykazanie, że oba szlaki, MEV i MEP, biorą udział w biosyntezie alkoholi poliizoprenoidowych u roślin.

PUBLIKACJE: 3811, 3833, 3852, 3866, 3867, 3875, 1947/A, 1948/A, 1952/A, 1953/A, 1954/A, 1967/A, 1974/A, 1975/A, 1976/A, 87/M

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Muszyńska, dr Jadwiga Szczegielniak, dr Joanna Trojanek (urlop bezpłatny), mgr Maria Klimecka, mgr Maja Łebska, mgr Luiza Koper (od dnia 1.09.2004 r.)

Sklonowanie i zsekwencjonowanie zależnej od wapnia kinazy białkowej z kukurydzy nazwanej ZmCPK11, było zasadniczym etapem do otrzymania białka rekombinowanego. W celu otrzymania białka fuzyjnego z GST, cDNA kodujące ZmCPK11 sklonowano w wektorze ekspresyjnym pGEX4T-1 i ekspymowano w szczepie BL-21-DE3 *E. coli*. Opracowano optymalne warunki (18°C, 4h, 0.5 mM IPTG) do ekspresji białka fuzyjnego. Po oczyszczeniu, zbadano następujące właściwości białka rekombinacyjnego: specyficzność substratową, podatność na typowe inhibitory, powinowactwo do wapnia oraz zdolność do aktywacji przez fosfolipidy. GST-ZmCPK11, podobnie jak enzym oczyszczony z siewek kukurydzy, efektywnie fosforylował typowe substraty CDPK i był aktywowany przez Ca^{2+} . Interesującym było wykazanie, że aktywność GST-ZmCPK11 była wielokrotnie zwiększana zarówno przez składniki błon (fosfatydyloseryna, fosfatydylolinozitol) jak i hormon zranienia (kwas fosfatydowy). Wyniki te, łącznie z poprzednimi obserwacjami dotyczącymi wpływu zranienia liści na wzrost zarówno aktywności, jak i poziomu transkryptu, świadczą, że ZmCPK11 może uczestniczyć w szlaku sygnału zranienia, w którym pośredniczy kwas fosfatydowy.

Drugi projekt dotyczył badania kinaz białkowych CK2 w kukurydzy. Sklonowano homolog podjednostki katalitycznej zwany „CK2 α -like” (numer akcesyjny AAF76187) cechujący się nietypową sekwencją N-końcową. Analiza sekwencji genomowych wskazuje na trzy potencjalne miejsca inicjacji translacji tego białka. W celu wyjaśnienia funkcji „CK2 α -like”, trzy warianty tego białka ekspymowano w *E. coli* jako białka fuzyjne z GST. Wszystkie trzy formy nie były aktywne enzymatycznie, zarówno w formie monomeru, jak i holoenzymu (w obecności podjednostki regulatorowej – CK2 β). Badania dotyczące potencjalnej funkcji „CK2 α -like” są kontynuowane.

Najważniejszy wynik badawczy:

Otrzymano białko rekombinacyjne kinazy białkowej z kukurydzy aktywowanej przez Ca^{2+} i fosfolipidy. Uzyskane wyniki sugerują, że ZmCPK11 uczestniczy szlaku przekazywania sygnału zranienia regulowanym przez kwas fosfatydowy.

PUBLIKACJE: 3861, 3891

Temat nr 16: Enzymy nukleolityczne roślin wyższych.

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

Kontynuowano pracę nad charakterystyką aktywności 5' flap nukleazy ChSI i określeniem parametrów kinetycznych tego enzymu wobec rozgałęzionych struktur DNA. Wykazano, że nukleaza ChSI izolowana z chloroplastów pszenicy, ma znacznie większe powinowactwo wobec 5' flap DNA niż wobec jednoniciowego DNA. Pozwoliło to z całą pewnością zaklasyfikować badany enzym do nowej podklasy 5' flap endonukleaz,

charakteryzujących się brakiem aktywności 5'→3' egzonukleazy wobec dwuniciowego DNA, a obecnością niespecyficznego endonukleolitycznego aktywności wobec jednoniciowego DNA. Warto dodać, że jedyny opisany dotychczas enzym o aktywności 5' flap endonukleazy, który jest jednocześnie niespecyficzną endonukleazą w stosunku do jednoniciowego DNA, pochodzi również z organelli komórkowych- mitochondriów grzyba *Podospora anserina*. Przedstawione wyniki zostały opublikowane w 3871.

Prowadzono dalsze badania nad wiązaniem argininy do 5'UTR mRNA arginazy u *A. nidulans*, obejmującym sekwencję 274 nukleotydów, w której udało się wyodrębnić 58 nukleotydowy fragment nadal oddziałujący z L-argininą. Fragment ten obejmuje 5' splice site oraz potencjalny aptamer przypominający strukturę TAR wirusa HIV-1. We wspomnianych miejscach w obecności L-argininy występują też największe zmiany w strukturze badanego mRNA. Wykazano, że 5' UTR mRNA arginazy nie oddziałuje z L-lizyną, potwierdzając specyficzność wiązania L-argininy z badanym 5' UTR. Prowadzono też badania nad wyjaśnieniem sposobu oddziaływania L-argininy z 5'UTR arginazy. W tym celu zastosowano do badań strukturalnych pochodne L-argininy zawierające zmodyfikowany C- lub N- koniec. Otrzymane wyniki sugerują, że zarówno C- koniec cząsteczki, zawierający chiralny atom węgla jak i N-koniec, są zaangażowane w tworzenie specyficznego, stereoselektywnego oddziaływania z 5' UTR mRNA arginazy i dlatego też D-arginina nie oddziałuje z badanym mRNA.

Kontynuowano też pracę nad mitochondrialnym tRNA^{Lys}. Analizowano występowanie różnych form (klasycznej i zmienionej) w transkrypcie mt tRNA^{Lys}, w obrębie szczepu dzikiego tej cząsteczki tRNA i jego mutantów, różniących się od siebie miejscem występowania mutacji (G8313A, T8316C, oraz G8328A).

Najważniejszym wynikiem: Wykazanie, że nukleaza ChSI z chloroplastów pszenicy posiada aktywność specyficznego 5' „flap” endonukleazy.

PUBLIKACJE: 3871, 1903/A, 1929/A, 1930/A, 1932/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

Analizowano mieszańce somatyczne ziemniaka uzyskane z fuzji protoplastów *Solanum tuberosum* z gatunkami dzikimi *Solanum* jako dawcami cech odporności na *Phytophthora infestans*. Przy pomocy markerów SSR wykazano nowe konfiguracje plazmonu mtDNA i cpDNA pochodzących z dzikiego gatunku u około 50% mieszańców. Stwierdzono również nieliczne modyfikacje genomu mtDNA.

Uzyskano ponad 100 roślin mieszańców z fuzji protoplastów linii odpornych na *P. inf.* NT-98-81 i NT-98-109 z *S. tbr* DG81-68. Nie udało się uzyskać potomstwa z generatywnego krzyżowania wstecznego całkowicie odpornych na *P. inf* mieszańców *S. ngr.* (+) *S. tbr.* Zel 1136 z odm. uprawnymi *S. tbr.* Wykazano, że poziom reaktywnych form tlenu (RFT) i aktywność enzymów antyoksydacyjnych: peroksydazy askorbinianowej (APX), reduktazy

gutationowej (GR) i S-transferazy glutationowej (GST) w całkowicie odpornych mieszańcach *S. ngr.* (+) *S. tbr.* Zel 1136 był skorelowany ze stopniem odporności na *P. inf.* w poszczególnych genotypach roślin.

W badaniach peroksydacji lipidów w *S. ngr.*, *S. tbr.* odm. Bzura i H-8105 w odpowiedzi na elicytor z *P. inf.* stwierdzono wzrost aktywności lipoksygenazy. Analizowano ogólną pulę kwasów tłuszczowych. Wykazano, że w roślinach nie traktowanych elicitorem jest ona podobna, przy czym dominują kwasy 18:3, 18:2, 16:3. Po podaniu elicytora w genotypach odpornych pula kwasów tłuszczowych obniżała się, a we wrażliwych nie ulegała zmianom. Stopień utleniania kwasów tłuszczowych wzrastał w *S. ngr.* po podaniu elicytora, a w genotypach *S. tbr.* utrzymywał się na niskim poziomie.

Najważniejszy wynik badawczy:

W zróżnicowanych typach interakcji roślina / patogen indukowane procesy wykazują jedynie różnice ilościowe.

PUBLIKACJE: 3859, 3873, 1956/A, 1968/A, 1969/A, 1970/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, dr Anna Janik, mgr Urszula Lenart, mgr Wioletta Górka, mgr Klaudia Kuranda, mgr Jacek Orłowski, mgr Katarzyna Machuła

a/ Badanie mechanizmów regulacyjnych w biosyntezie glikokoniugatów oraz zależności pomiędzy biosyntezą dolicholi i dolicholo-zależną glikozylacją białek a integralnością ściany komórkowej w drożdżach *S. cerevisiae*.

Wykazano, że drożdżowe białko Dpm1, o aktywności syntazy dolichylo fosfo mannozy, zaangażowane w N- i O glikozylację białek oraz syntezę kotwicy GPI ulega fosforylacji w reakcji katalizowanej przez kinazę białkową zależną od c-AMP. Ta post-translacyjna modyfikacja białka decyduje o jego aktywności enzymatycznej a także o poziomie ekspresji. Mutacja punktowa w miejscu fosforylacji (Ser-142) jest letalna dla komórek drożdży.

Wyizolowano wielokopijne supresory mutacji *sec 59* w genie kodującym CTP-zależną kinazę dolicholu. Mutacja ta prowadzi do letalności komórek hodowanych w temperaturze niepermycyjnej na skutek całkowitego zahamowania procesów glikozylacji. Jednym z wyizolowanych supresorów jest gen *ROT1* zaangażowany w biosyntezę β -1,6 glukanu ściany komórkowej. Wynik ten wskazuje, że zaburzenie glikozylacji białek ściany komórkowej może być kompensowane podwyższoną syntezą innych polimerów tworzących strukturę ściany.

b/ Glikozylacja i sekrecja białek w *Trichoderma reesei*:

Kontynuowano badania nad wzajemnymi zależnościami pomiędzy O-mannozylacją a poziomem sekrecji białek. Stwierdzono, że nadekspresja drożdżowego genu *RER2* (koduje cis-prenylo transferazę odpowiedzialną za syntezę dolicholu) powoduje podwyższoną N-glikozylację białek *T. reesei*, często podwyższającą ich aktywność enzymatyczną.

Ekspresja białek sekrecyjnych *T. reesei* w mutantach drożdży z delecją genów (1-7) PMT O-mannozylo-transferaz odpowiedzialnych za procesy O-glikozylacji pozwoliła stwierdzić, że poszczególne mannozylotransferazy drożdży posiadają określoną specyficzność substratową w stosunku do glikozylowanego białka, jednocześnie jednak tworzą kompleksy białkowe, które mogą się nawzajem zastępować.

Najważniejszy wynik badawczy:

Znalezienie interakcji genetycznych w drożdżach *S. cerevisiae* pomiędzy dolicholo zależną glikozylacją białek a syntezą polimerów ściany komórkowej.

PUBLIKACJE: 1949/A, 2044/A, 2045/A, 342/N, 326/N

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

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

Otrzymane przez nas wyniki wskazują na udział prionu [PSI] w regulacji transkrypcji genu jądrowego *COX5b* kodującego jedną z dwóch form podjednostki V oksydazy cytochromu c u drożdży. Transkrypcja *COX5b* jest stymulowana w warunkach beztlenowych, a hamowana przez tlen. Represorem transkrypcji *COX5b* jest białko Ixr1. Kontekst kodonu stop genu *IXR1* wskazuje na słaby sygnał terminacji, a 30 bp za kodonem stop jest sekwencją kodującą. Supresja kodonu terminacyjnego *IXR1* została wykazana poprzez zastosowanie systemu reporterowego *lacZ-luc*. Wydajność supresji była 11-tokrotnie wyższa w szczepie [PSI⁺] niż w szczepie [psi⁻]. Aby stwierdzić, czy wzmocnienie supresji kodonu terminacyjnego *IXR1* przez [PSI⁺] ma znaczenie fizjologiczne, porównano poziom ekspresji *COX5b* w szczepach [PSI⁺] i [psi⁻]. Testowanie fenotypu wzrostu na niefermentowalnym źródle węgla YPGly wskazywało na obniżoną ekspresję *COX5b* w szczepach [PSI⁺]. Efekt fenotypowy był odwracalny po leczeniu komórek z [PSI⁺] poprzez traktowanie GuHCl lub nadprodukcję Hsp104. Bezpośrednim potwierdzeniem udziału [PSI⁺] w regulacji ekspresji *COX5b* był wynik hybrydyzacji Northern - poziom *COX5b* mRNA był obniżony w obecności prionu.

Kontynuowano pracę nad regulacją biosyntezy tRNA u drożdży. Stwierdzono fizyczne oddziaływanie białka Maf1, represora RNA polimerazy III, z N-końcowym fragmentem C160, największej podjednostki polimerazy. Jako supresor delecji genu *MAF1* zidentyfikowano mutację *ret1-119* w genie kodującym C128, drugą co do wielkości podjednostkę RNA polimerazy III. Mutacja *ret1-119* prowadzi do pojedynczej substytucji aminokwasu w sąsiedztwie domeny C128 wiążącej nukleotydy, powoduje obniżenie poziomu tRNA i słaby wzrost. Fenotyp *ret1-119* jest kompensowany przez dodatkową kopię genu *RBP10*, kodującego silnie konserwowane ewolucyjnie białko, będące podjednostką ABC10 wspólną na wszystkich trzech polimeraz RNA. Jako supresory *ret1-119* zidentyfikowano także kilka innych genów kodujących potencjalne aktywatory RNA polimerazy III u drożdży: *RBS1*, *FOB1*, *PRT1* i *FOB1*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano wpływ prionu [PSI⁺] na regulację transkrypcji jądrowego genu *COX5b* kodującego podjednostkę oksydazy cytochromu c u drożdży.

PUBLIKACJE: 3831, 344/N, 1927/A, 1828/A, 1990/A, 1991/A, 1993/A, 2019/A, 2020/A

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

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

Kontynuowano badania nad udziałem białka Csm1 w procesie mejozy w komórkach *S. cerevisiae*. Wykazano, że Csm1p oddziałuje z białkami rodziny Mcm2-7 wchodzącymi w skład kompleksu zaangażowanego w inicjację replikacji DNA. Wykazano również interakcję białka Csm1 z białkami Clf1, Mgs1, Ulp2 i Plp2 zaangażowanymi w proces segregacji chromosomów.

Dalsza analiza funkcji białka Ccz1p wykazała, że poza udziałem w procesach fuzji wakuol, endosomów z błoną wakuoli, autofagocytozy i peksofagii Ccz1p współdziała również z białkiem Arl1 w procesie transportu poprzez aparat Golgiego.

Gen *YDR533c* koduje białko homologiczne do ludzkiego białka DJ-1, którego mutacja odpowiada za wczesną postać choroby Parkinsona. Rozpoczęto analizę funkcjonalną genu *YDR533c*. Do analizy funkcji włączono trzy inne geny *YMR322c*, *YOR391c* i *YPL280w* kodujące białka homologiczne do produktu *YDR533c*. Skonstruowano zestaw szczepów z różnymi kombinacjami delecji powyższych genów. Porównanie transkryptomów szczepu dzikiego i szczepów z delecjami w warunkach stresu oksydacyjnego i w warunkach bezstresowych sugeruje rolę produktów analizowanych genów w przekazywaniu sygnału o stresie oksydacyjnym. We współpracy z zespołem prof. L. Frontali (Uniwersytet Rzymski "La Sapienza") rozpoczęliśmy badania nad białkiem Yaf9, homologiem ludzkich białek AF-9 i GAS41. Wykazano pleiotropowy charakter delecji genu *YAF9*. Delecję suprymował między innymi nadeksprymowany gen *BDF1*. Analiza transkryptomów szczepów *YAF9*, *yaf9Δ*, *yaf9Δ [BDF1]* wykazała udział białek Yaf i Bdf w procesie transkrypcji około dwustu genów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że białka Yaf9 i Bdf1 regulują transkrypcję poprzez zmiany w poziomie acetylacji histonu H3 i H4 w promotorze genu *RSC30*, kodującego podjednostkę kompleksu remodelującego chromatynę.

PUBLIKACJE: 3815, 3826, 3870, 1950/A, 1983/A, 1985/A, 1986/A, 1995/A

Temat nr 20.3: Genetyczna regulacja szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów.

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Paszewski, dr Jerzy Brzywczy, dr Marcin Grynberg, dr Renata Natorff, dr Irmína Lewandowska, dr Małgorzata Piotrowska, dr Marzena Sieńko

Otrzymano dominujące mutacje w genie *metR* kodującym czynnik transkrypcyjny. Mutacje te zwiększają aktywność czynnika, co prowadzi do uruchomienia alternatywnej drogi biosyntezy cysteiny i metioniny, stąd mutacje te są supresorami mutacji w głównej drodze biosyntezy metioniny. Mutacje supresorowe lokują się w N-terminalnej części genu *metR* i powodują podstawienie jednej, określonej fenylalaniny innym aminokwasem.

Stwierdzono, że szczelny fenotyp permeazy siarczanowej obserwowany po raz pierwszy u mutantu *metS A nidulans* wynika z translokacji trzech fragmentów

chromosomowych. Gen *sB* kodujący permeazę siarczanową pozbawiony został większej części promotora oraz zmutowany został gen *pigA* kodujący transmembranowe białko uczestniczące w zakotwiczeniu innych białek membranowych. Te dwie mutacje dają szczelny fenotyp braku wzrostu na siarczanie, który jest suprymowany przez wprowadzenie drogi transformacji dodatkowej kopii genu *sB*, bądź genu *pigA*, bądź genu *metR* lub genu *astA* kodującego alternatywny transporter siarczanu należący do obszernej rodziny transporterów przenoszących bardzo różne związki. Gen *astA* jest jednak regulowany przez metaboliczną represję siarkową stąd należy wnosić, że jest specyficznym transporterem siarczanu. Ostatnio metodą dwuhybrydową udało się zidentyfikować geny kodujące białka potencjalnie współdziałające z *PIGA*.

Zidentyfikowano nowy gen *metF* kodujący izoenzym reduktazy metylenotetrahydrometylenowej kodowanej przez gen *metA*. Należy on do genów regulowanych przez homocysteinę. Udało się ustalić, jakie białka mające *in vitro* aktywność syntazy cysteinowej mają znaczenie fizjologiczne w syntezie tego aminokwasu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Uzyskanie dominujących mutantów w genie *metR* zwiększające aktywność kodowanego przez niego czynnika transkrypcyjnego.

PUBLIKACJE: 3894, 1984/A, 1987/A, 1988/A, 1994/A

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

Zespół: doc. dr hab. Teresa Żołądek, mgr Marta Kwapisz, mgr Paweł Kaliszewski, mgr Piotr Chołbiński, mgr Marta Stawiecka, dr Joanna Kamińska (na stażu podoktorskim)

Rsp5p ligaza ubikwitynowo-białkowa bierze udział w wielu procesach komórkowych. Nasze wyniki wskazują, że mutacja *rsp5-13* (substytucja G707D w domenie katalitycznej Rsp5p) powoduje obniżenie tempa translacji i zwiększenie dokładności translacji. W mutancie tym częstość odczytywania kodonów stop jako sensownych jest dwukrotnie obniżona. Równocześnie mutant *rsp5-13* jest wrażliwszy na antybiotyki hamujące translację (cykloheksimid, anizomycyna) a oporniejszy na antybiotyk zmieniający wierność translacji (paromomycynę). Wpływ *rsp5-13* na dokładność translacji jest odwrócony przez nadekspresję genów *UBI1* i *UBA1* kodujących odpowiednio ubikwitynę i enzym aktywujący ubikwitynę. Badanie Northern blot wykazało, że w mutancie *rsp5-13* poziom syntetyzowanego tRNA i jego dojrzewanie jest podobny jak w szczepie typu dzikiego. Natomiast badanie dystrybucji tRNA^{Met} i tRNA^{Tyr} w komórce metodą FISH (ang. *fluorescence in situ hybridization*) pokazało, że w mutacie *rsp5-13* są one akumulowane w jądrze. Nie jest jasne czy Rsp5p wpływa na eksport tRNA bezpośrednio w jądrze czy też działając w cytoplazmie. Sygnał lokalizacji jądrowej Rsp5p (NLS_{RSP5}, ang. *nuclear localization signal*) 477-PEDLKRL-484 jest aktywny i jest wystarczający do wprowadzenia do jądra białka markerowego, β-galaktozydazy. Jądrowa lokalizacja fuzji NLS_{RSP5}-β-gal jest zależna od importyny Kap123p, która jest odpowiedzialna za import białek rybosomowych do jądra. Substytucje aminokwasów 477-PEDLNLL-484 w nls_{RSP5} zapobiegają importowi białka markerowego do jądra. Badanie dystrybucji tRNA w mutancie *rsp5-nls* wyjaśni rolę

puli jądrowej Rsp5p w eksporcie tRNA. Wydaje się, że w mutantach *rsp5-13* defekt eksportu tRNA powoduje obniżenie poziomu tRNA w cytoplazmie, co prowadzi do obniżenia poziomu syntezy białek i zwiększonej dokładności translacji. Nie można jednak wykluczyć, że składniki aparatu translacyjnego np. białka rybosomalne czy czynniki translacyjne są ubikwitynowane przez Rsp5p.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano, że ligaza ubikwitynowa Rsp5p wpływa na ekport tRNA z jądra a przez to na dokładność translacji.

PUBLIKACJE: 336/N, 1945/A, 1946/A, 1971/A, 1992/A, 2011/A, 2012/A, 92/M.

Temat nr 21: Regulacja metabolizmu siarkowego u prokariontów.

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

W ramach badań nad molekularnym mechanizmem kontroli transkrypcyjnej z udziałem regulatora CysB wykazano (stosując bakteryjny system dwu-hybrydowy), że CysB może kontaktować się zarówno z podjednostką α jak i regionem 4 podjednostki σ polimerazy RNA. Skonstruowano szczepy *E. coli* z fuzjami chromosomalnymi promotor-reporter *lacZ* dla testowania wpływu różnych mutacji punktowych w regionie 4 podjednostki σ na ekspresję z CysB-zależnych promotorów „klasy II” (genów *cysK* i *cysJ* *E. coli*).

Kontynuowano badania nad regulacją genów metabolizmu siarkowego u *Burkholderia cenocepacia*. Skonstruowano mutacje „null” w dwóch genach regulacyjnych *B. cenocepacia*, stanowiących potencjalne analogi genów *cysB* i *cbl* *E. coli* i oznaczonych roboczo jako *cysB_{Bc}* i *ssuR_{Bc}*. Przeprowadzono analizę utylizacji różnych źródeł siarki przez szczep typu dzikiego oraz mutanty *cysB_{Bc}* i *ssuR_{Bc}* *B. cenocepacia*. Rozpoczęto systematyczną analizę genów (operonów) *B. cenocepacia* pozostających pod kontrolą transkrypcyjną białek CysB_{Bc} i SsuR_{Bc}.

Przeprowadzono porównawcze analizy transkryptomu *E. coli* (z zastosowaniem technik hybrydyzacyjnych i mikromacierzy *E. coli*) w odpowiedzi na obecność/brak funkcji regulatora CysB oraz w odpowiedzi na rodzaj źródła siarki w podłożu. Zidentyfikowano znaczną liczbę genów (poza znanymi dotychczas) których ekspresja jest regulowana pozytywnie lub negatywnie przez CysB. Prace nad weryfikacją wyników tej analizy są kontynuowane.

Najważniejszy wynik:

Uzyskanie informacji o udziale CysB w globalnej ekspresji genów u *E. coli*.

PUBLIKACJE: 3853, 3869

Temat nr 25.1: Regulacja wierności replikacji DNA w komórkach bakteryjnych i drożdżowych.

Zespół: doc. dr hab. Iwona J. Fijałkowska, dr hab. Piotr Jonczyk, mgr Magdalena Banach-Orłowska, mgr Małgorzata Białoskórska, mgr Małgorzata Jaszczur, mgr Justyna Rudzka, mgr Wojciech Kubań, mgr Krzysztof Flis.

Główną replikazą bakterii *E. coli* jest holoenzym polimerazy III DNA (Pol III HE). Komórka *E. coli* posiada również 4 inne polimerazy DNA (Pol I, Pol II, Pol IV i Pol V). Pol I i Pol II są enzymami o wysokiej wierności syntezy DNA. Natomiast Pol IV i Pol V, nie posiadające aktywności 3'-5' egzonukleazy edytorskiej syntetyzują DNA z niską wiernością. Udział tych polimeraz w kształtowaniu wierności replikacji DNA nie jest do końca wyjaśniony. Opracowany w naszej pracowni system, umożliwiający badanie wierności replikacji DNA nici prowadzącej i nici opóźnionej podczas syntezy chromosomu *E. coli* użyto do określenia udziału polimerazy II (Pol II) w tym procesie. Otrzymano wyniki wykazujące, że Pol II uczestniczy w syntezie chromosomu *E. coli* oraz, że jej udział jest różny dla obu replikowanych nici DNA. Wykazano, że Pol II preferencyjnie uczestniczy w replikacji nici opóźnionej. Używając mutanty w różnych podjednostkach Pol III HE otrzymano wyniki sugerujące, że aktywność edytorska Pol II może usuwać błędy (niewłaściwe pary zasad) wstawione przez Pol III HE. Wykazano również, że Pol II ogranicza dostęp mutagennej polimerazy IV (Pol IV) do końca 3'OH syntetyzowanej nici DNA.

Przedstawiono model w którym Pol II jest istotnym czynnikiem uczestniczącym w zapewnianiu maksymalnej wierności syntezy chromosomu *E. coli* pełniąc funkcję polimerazy „pomocniczej” dla Pol III HE. Podczas syntezy DNA, wstawienie przez Pol III niewłaściwej zasady może spowodować jej dysocjację i pozostawienie wolnego końca 3'OH primera. Umożliwia to przyłączenie do widełek replikacyjnych innych polimeraz DNA. Szczególnie Pol II lub Pol IV. Aktywność edytorska Pol II może usuwać niewłaściwie wstawioną zasadę i równocześnie chronić widełki replikacyjne przed aktywnością „mutagennej” Pol IV. W przedstawionym modelu zaproponowano, że Pol II jest istotnym czynnikiem kontrolującym dostęp innych polimeraz DNA do widełek replikacyjnych.

Rozpoczęto prace mające na celu wyjaśnienie roli podjednostki Dpb2p, wchodzącej w skład holoenzymu polimerazy ϵ z *Saccharomyces cerevisiae*. Rola Pol ϵ w replikacji genomu drożdżowego jest wciąż niewyjaśniona. Dotychczas opublikowane prace sugerują jej udział w syntezie nici prowadzącej DNA oraz kontroli prawidłowego przebiegu cyklu komórkowego. Szczególnie mało jest informacji o fizjologicznej roli podjednostek tworzących holoenzym Pol ϵ . Wiadomo, że Dpb2p (największa, poza podjednostką katalityczną Pol2p, podjednostka holoenzymu Pol ϵ) jest niezbędne dla życia komórek drożdżowych. Obecnie prowadzimy prace mające na celu izolację mutantów w genie *DPB2* kodującym Dpb2p. Ich charakterystyka pozwoli na poznanie roli podjednostki Dpb2 w holoenzymie Pol ϵ , umożliwi zbadanie jej udziału w kształtowaniu wierności replikacji chromosomu *S. cerevisiae*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że Pol II *E. coli* pełni rolę istotnego czynnika wpływającego na wierność replikacji chromosomu *E. coli*, a w szczególności nici opóźnionej DNA.

PUBLIKACJE: 3842, 2046/A, 2047/A

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

Zespół: prof. Zygmunt Cieśla, dr Marta Fikus, dr Aneta Kaniak, mgr Piotr Dzierzbicki, mgr Ewa Malc, mgr Agata Rogowska (od 1. 10. 2004)

Kontynuowano badania nad mechanizmami odpowiedzialnymi za reperację uszkodzeń w mitochondrialnym DNA (mtDNA) komórek *S. cerevisiae*. Jednym z celów badawczych było zrozumienie funkcjonowania mitochondrialnego systemu naprawy błędnie sparowanych zasad (mtMMR), który, jak wykazaliśmy poprzednio, wspomaga system wycinania zasad (mtBER) w naprawie uszkodzeń oksydacyjnych w mtDNA. Podjęto próbę weryfikacji hipotezy, że oprócz białka Msh1, składnikiem mtMMR jest drożdżowy homolog bakteryjnego białka MutL. Badania te nie przyniosły dotychczas jednoznacznej odpowiedzi. Jakkolwiek stwierdzono, że delecja genu *MLH1* prowadzi do destabilizacji mikrosatelitarnych sekwencji poly AT w mtDNA, to jednak nie ma ona wpływu na stabilność traktów poly GT, która jest najczulszym testem dysfunkcji mtMMR. Podczas tych badań poczyniono jednak ciekawą obserwację, że dysfunkcja jądrowego MMR, np w szczepach z delecją genu *MSH2*, *PMS1* lub *MLH1*, podczas wydłużonej inkubacji komórek w warunkach głodzenia aminokwasowego, prowadzi do dramatycznego wzrostu częstości rearanżacji w traktach poly AT i poly GT w mtDNA. Prowadzone są badania nad mechanizmem tego fenomenu i czy jest on związany z opisywaną uprzednio tzw. mutagenezą adaptatywną. Innym celem badań, była próba ustalenia, czy kumulacja uszkodzeń oksydacyjnych w mtDNA, bardzo częstych ze względu na bliskość łańcucha oddechowego generującego reaktywne formy tlenu (ROS), prowadzi do skrócenia przeżywalności komórek *S. cerevisiae* w fazie stacjonarnej. Okazało się, że kumulacja uszkodzeń oksydacyjnych w mtDNA w szczepie z nieaktywną glikozylazą Ogg1 prowadzi do skrócenia przeżywalności komórek. Ciekawe, że supresja mitochondrialnego fenotypu mutatorowego w mutancie *ogg1* przez delecję genu *NTG1*, kodującego inną glikozylazę mitochondrialną, prowadzi jednocześnie do wydłużenia przeżywalności tego podwójnego mutantu. Wynik ten przemawia więc za hipotezą, że istotnym parametrem określającym długość życia komórek jest stabilność mitochondrialnego genomu.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalenie, że dysfunkcja jądrowego systemu MMR prowadzi do wtórnej destabilizacji mtDNA.

PUBLIKACJE: 3822, 1897/A

Temat nr 25.3: Koordynacja procesów naprawy DNA w komórkach eukariontycznych.

Zespół: doc. dr hab. Ewa Śledziewska-Gójska, prof. dr hab. Witold Jachymczyk, (1/3 etatu), dr Adrianna Słoneczna, dr Agnieszka Hałas (urlop macierzyński), dr Hanna Baronowska (1/3 etatu), mgr Agnieszka Podlaska, mgr Justyna McIntyre, mgr Ewa Brzozowska, Zofia Policińska.

Kontynuowano analizę roli proteasomu 20S w funkcjonowaniu komórkowego systemu tolerancji na uszkodzenia DNA. Jest to system związany z reperacją widełek replikacyjnych zablokowanych na nieinstrukcyjnym uszkodzeniu matrycy. Zatrzymanie widełek replikacyjnych powoduje nieciągłość nowosyntetyzowanej nici DNA. Wykorzystaliśmy modyfikację opracowanej przez prof. Jachymczyka procedury

pozwalającej, przy pomocy wirowania w gradiencie alkalicznej sacharozy, na ocenę reperacji DNA w oparciu o ustalenie wielkości fragmentów nowosyntetyzowanej nici. To biochemiczne podejście potwierdziło wyniki przeprowadzonej uprzednio analizy genetycznej pokazując, że brak w komórkach funkcjonalnej maturazy proteasomu powoduje defekt reperacji nowosyntetyzowanej nici charakterystyczny dla dysfunkcji procesów syntezy poprzez uszkodzenia DNA (TLS-TransLesion Synthesis) angażujących polimerazy alternatywne Pol eta i/lub Pol zeta. TLS i związana z nią mutageneza wymaga modyfikacji lizyny¹⁶⁴ w czynniku procesywności replikacji PCNA. Stwierdziliśmy, że zamiana tej istotnej lizyny na argininę w PCNA supremuje mutatorowy efekt związany z dysfunkcją proteasomu. Ten wynik, wraz z uprzednio wykazaną supresją efektu mutatorowego przez mutacje genach *RAD18*, *RAD30* i *REV3* wskazuje na zależny od ubikwitynacji PCNA unikalny mechanizm, angażujący zarówno Pol eta jaki Pol zeta, jako źródło mutacji spowodowanych dysfunkcją proteasomu i sugeruje rolę aktywności proteasomu w limitowaniu funkcjonowania tego mechanizmu w dzikich szczepach drożdży. Równocześnie stwierdziliśmy, że aktywność proteasomalna jest konieczna do powstawania mutacji w szczepach niezdolnych do ubikwitynacji PCNA. Jak zostało ostatnio wykazane, w takich szczepach powstawanie mutacji jest związane z, zależnym od sumoylacji lizyny¹⁶⁴ w PCNA, funkcjonowaniem Pol zeta. Nasze wyniki sugerują, że ta ścieżka jest stymulowana przez aktywność proteasomu. W sumie na podstawie uzyskanych wyników można przedstawić model, w którym aktywność proteasomu jest zaangażowana w kontrolę równowagi pomiędzy mechanizmami TLS w komórkach drożdży.

Najważniejszy wynik badawczy:

Identyfikacja mechanizmów TLS, których funkcjonowanie jest modulowana przez aktywność proteasomu.

PUBLIKACJE: 1908/A, 1986/A, 2014/A, 2042/A, 348/N, 350/N

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

Zespół: dr Izabella Kern-Zdanowicz, dr Urszula Zielenkiewicz, mgr Michał Dmowski, mgr Marcin Gołębiewski, mgr Maksymilian Zienkiewicz

Uprzednio stwierdzono, że system partycji plazmidu pSM19035 składa się produktów genów *delta* i *omega*, lecz nie określono położenia miejsca centromerowego. W plazmidzie pSM19035 istnieją trzy obszary mogące spełniać taką funkcję. Wykorzystano skonstruowany wcześniej układ pozwalający na wymianę między sobą tych sekwencji. Okazało się, że każdy z obszarów może pełnić funkcję centromerową, a ponadto, że każdy z badanych obszarów wprowadzony *in trans* powoduje destabilizację typu „partition mediated incompatibility”.

Równolegle badano rolę systemu postsegregacyjnego zabijania bezplazmidowych komórek potomnych (PSK) w stabilnym utrzymywaniu testowego plazmidu w populacji komórek wybranych bakterii Gram dodatnich: *Lactococcus lactis*, *Lactobacillus sp.*, *Streptococcus pyogenes*, *S. equisimilis* oraz *Staphylococcus aureus*. Wykazano, że we wszystkich badanych gatunkach, z wyjątkiem *S. equisimilis*, system PSK zapewnia stabilne,

lecz w różnym stopniu, utrzymywanie badanego plazmidu.

W projekcie poświęconym genomice plazmidowej kontynuowano analizę funkcjonalną wybranych genów plazmidów o pochodzeniu klinicznym pCTX-M3 i p1658/97. Na podstawie systematycznej analizy delecyjnej genów operonów *tra* i *trb* w plazmidzie pCTX-M3 odpowiedzialnych za jego transfer koniugacyjny wykazano, że geny *traJK*, *pri*, *traPQR*, *orf37*, *traUXY* i *trbC* są absolutnie niezbędne do zajścia transferu, natomiast usunięcie genów *orf36*, *nikB*, *traHIL*, *traMO*, *trbA* powoduje znaczne upośledzenie tego procesu. Pozostałe geny mogą być usunięte bez istotnego obniżenia częstości koniugacji. Na podstawie analizy bioinformatycznej zaproponowano model aparatu koniugacyjnego plazmidu pCTX-M3. Analiza delecyjna przeprowadzona w plazmidzie p1658/97, niosącym amplikon (złożony z obszaru zawierającego gen *bla_{SHV-5}* otoczony dwiema sekwencjami IS26), a następnie komplementacja w układzie *in trans* usuniętych fragmentów pokazała, że w takich układach nie dochodzi do zwiększenia liczby kopii amplikonu. Co więcej wykazano, że amplikon jest aktywnym złożonym transpozonom zdolnym do przeniesienia się na inny, zgodny plazmid o średniej liczbie kopii.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalenie roli genów operonu *tra* i *trb* plazmidu pCTX-M3 w transferze koniugacyjnym.

PUBLIKACJE: 2048/A, 2049/A, 334/N

Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenезy i reperacja adduktów cyklicznych.

Zespół: prof. dr hab. Jarosław Kuśmierek, prof. dr hab. Irena Pietrzykowska (1/3 etatu), dr Agnieszka Maciejewska, mgr Katarzyna Arczewska, mgr Marek Komisarski, mgr Joanna Krwawicz

Rola modyfikowanych dNTP w mutagenезie. Kontynuowano badania nad mutagennym działaniem eteno-dNTP (εdNTP) w kompetentnych komórkach *E. coli*. W związku z odkryciem, że kinaza glicerolu (*glpK*) defosforyluje εdCTP znacznie bardziej wydajnie niż inne dNTP, prowadzono badania w szczepach *glpK⁻* lub/i *mug⁻*. Nie stwierdzono mutagenności εdCTP w tych szczepach, co sugeruje, że kinaza glicerolowa nie ma decydującego udziału w usuwaniu εdCTP z puli prekursorów DNA. Z drugiej strony stwierdzono w badaniach *in vitro*, że εdCTP jest inkorporowane przez fragment Klenowa *exo⁻* polimerazy I do DNA, co sugeruje, że εdCTP może być inkorporowany do DNA podczas replikacji *in vivo* i tym samym może powodować mutacje. Zważywszy na fakt, że lizat *E. coli glpK⁻* wykazuje znaczną aktywność defosforylacji εdCTP, kontynuowane są badania nad scharakteryzowaniem enzymu odpowiedzialnego za usuwanie εdCTP z puli dNTP.

*Udział *alkB* w naprawie ε-adduktów DNA.* Bezpośrednie traktowanie szczepów *E. coli alkB⁻* aldehydem chloroctowym (CAA) generującym ε-addukty w DNA nie przyniosło oczekiwanych rezultatów ze względu na niejednoznaczność wyników spowodowaną niską przeżywalnością bakterii (*E. Grzesiuk*). Wobec tego plazmidy niosące mutacje Millera w genie *lacZ* modyfikowano CAA pozakomórkowo i transformowano je do badanych szczepów. Ze względu na duży rozmiar plazmidów metoda chlorkowa ukompetentniania komórek *E. coli* okazała się niewystarczająco wydajna. Spośród kilku testowanych wybrano

szczep TG1, dla którego osiągnięto najwyższą wydajność transformacji plazmidów metodą elektroporacji. Zastosowanie standardowej procedury indukcji odpowiedzi adaptacyjnej spowodowało jednakże śmierć adaptowanych bakterii alkB podczas elektroporacji. Trwają prace nad ustaleniem nowych warunków adaptacji.

Addukty trans-4-hydroksy-2-nonenalu (HNE). Zaprojektowano metodę asymetrycznej syntezy HNE w celu uzyskania obu enancjomerów. Wykonano pierwsze etapy syntezy.

Najważniejszy wynik badawczy:

Określenie parametrów kinetycznych inkorporacji edCTP do DNA przez fragment Klenowa exo⁻ polimerazy I.

PUBLIKACJE: 3834, 3881, 1901/A, 1902/A, 1907/A, 2016/A

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

Zespół: prof. dr Piotr Węgleński, dr Piotr Borsuk, dr. Agnieszka Dzikowska, dr Ana Stankovic, mgr Anna Olszewska, mgr Edyta Siergiejuk.

Kontynuowano badania nad bezpośrednim oddziaływaniem l-argininy z mRNA arginazy u *Aspergillus*. Wyniki pracy przesłano do PNAS, gdzie recenzenci zażądali szeregu doświadczeń uzupełniających, w szczególności dotyczących wyjaśnienia mechanizmu oddziaływania argininy z RNA, podania stałych oddziaływania itp. Doświadczenia te są obecnie wykonywane. Praca ta jest wykonywana wspólnie z dr Anną Przykorską, mgr Kariną Błachnio i dr Jerzym Pawłowiczem.

Przeprowadzono analizę molekularną dwóch genów regulacyjnych dla katabolizmu argininy. Jeden z nich kontroluje rozkład ornityny do proliny, badania nad tym genem będą przedmiotem rozprawy doktorskiej mgr Olszewskiej, której ukończenie przewidujemy na rok 2005.

Nawiązano współpracę z prof. S. Altmanem z Yale University, któremu dostarczono konstrukty do syntezy 5'UTA mRNA arginazy. Okazało się że ten RNA jest znakomitym substratem dla rybozomu (RNA-za H) badanego przez Altmana. Publikacja dotycząca tego aspektu badań jest w przygotowaniu.

PUBLIKACJE: 345/N

Temat nr 30: Analiza mutantów typu *suv3* u *Saccharomyces cerevisiae*.

Zespół: prof. Piotr P. Stepień, dr Aleksandra Dmochowska, dr Michał Mińczuk, dr Paweł Golik, mgr Rafał Tomecki, mgr Kamil Gewartowski

Zidentyfikowano ludzki gen jądrowy kodujący polimerazę poli(A) w mitochondriach (PAP). Analiza poliadenylacji transkryptów mitochondrialnych po wyciszaniu aktywności PAP potwierdziła udział tego enzymu w syntezie ogonów poli(A). Nieoczekiwanie, mRNA o skróconych ogonach jest jednak stabilny, tak więc poliadenylacja musi pełnić dodatkowe funkcje w metabolizmie transkryptów mitochondrialnych.

PUBLIKACJE: 3846, 3884

Temat nr 32.1: Działalność Pracowni Biologii Molekularnej (UGd)

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

Zespół: prof. dr hab. Grzegorz Węgrzyn, doc. dr hab. Alicja Węgrzyn, dr Agata Czyż, dr Magdalena Gabig

Prowadzone przez nasz zespół badania we współpracy z kilkoma laboratoriami europejskimi doprowadziły do opracowania metody szybkiego i ilościowego wykrywania kwasów nukleinowych w próbkach biologicznych. Metoda ta opiera się na zastosowaniu elektrycznych „chipów” DNA. Jak wykazały przeprowadzone testy, metoda ta nadaje się zarówno do analizy ilościowej transkryptów jak też do wykrywania specyficznych cząsteczek DNA, np. genomów bakteriofagów. Szybkie wykrywanie zakażeń bakteriofagowych w hodowlach bakteryjnych prowadzonych na dużą skalę może z kolei pozwolić na uchronienie danego bioreaktora czy nawet całego laboratorium przed rozprzestrzenianiem się bakteriofagów.

Szczegółowa znajomość sieci zależności w regulacji ekspresji genów i związanej z tym regulacji różnorodnych procesów komórkowych zachodzących u bakterii i bakteriofagów pozwoliła na zaproponowanie hipotezy dotyczącej możliwości przewidywania przebiegu ludzkich chorób genetycznych z grupy lizosomalnych chorób spichrzeniowych. Hipoteza ta opiera się o ogólny model genetycznej regulacji syntezy i degradacji glikozoaminoglikanów w komórkach.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Opracowanie metody szybkiego i ilościowego wykrywania kwasów nukleinowych w próbkach biologicznych za pomocą elektrycznych „chipów” DNA.
2. Zaproponowanie hipotezy dotyczącej możliwości przewidywania przebiegu ludzkich chorób genetycznych z grupy lizosomalnych chorób spichrzeniowych na podstawie genetycznej regulacji metabolizmu glikozoaminoglikanów.

PUBLIKACJE: 3818, 3832, 3863, 3864, 3865, 1982/A, 2017/A, 2022/A, 2023/A, 2024/A, 2025/A, 2026/A, 2027/A, 2028/A, 2029/A

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

Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej.

Zespół: Prof. dr hab. Maciej Żylicz, mgr Aleksandra Helwak (doktorantka), mgr Leszek Lipiński (doktorant)

Stosując immunoprecypitację chromatyny ludzkich fibroblastów wykazaliśmy, że geldanamycyna i radicicol, specyficzne inhibitory białka opiekuńczego Hsp90, hamują wiązanie p53 do sekwencji promotora p21. Stosując technikę *real-time* PCR wykazaliśmy, że hamowanie aktywności Hsp90 nie wpływa na stężenie mRNA p53, ale obniża stężenie mRNA kodującego p21 co sugeruje, że aktywność Hsp90 jest niezbędna do transkrypcyjnej aktywności białka supresorowego p53. W kontrolnych doświadczeniach wykazaliśmy, że geldanamycyna i radicicol nie obniża znacząco stężenia białka p53 w komórkach, ale obniża

stężenie inhibitora cyklu komórkowego, produktu genu p21. Dzięki wyizolowaniu z bakterii *Escherichia coli* rekombinowanych ludzkich białek p53 i dwóch izoform Hsp90 (alfa i beta) wykazaliśmy, że *in vitro* białko p53 wiąże się, w temperaturze fizjologicznej 37°C, do sekwencji promotora p21 tylko w obecności Hsp90. Sam kompleks Hsp90-p53 jest przejściowy, dysocjuje w obecności ATP, a p53 związane z sekwencją promotora p21 nie oddziałuje już z Hsp90. Podobnie jak w przypadku doświadczeń *in vivo*, także *in vitro* obecność geldanamycyny hamuje wiązanie p53 do sekwencji promotora p21. Inne rekombinowane ludzkie białka opiekuńcze należące do rodzin Hsp70 i Hsp40 nie potrafiły zastąpić Hsp90 w reakcji wiązania się p53 do sekwencji p21 w temp. 37°C, sugerując, że opisana reakcja jest specyficzna dla białka opiekuńczego Hsp90. Reasumując wykazaliśmy, że aktywność transkrypcyjna p53 zapobiegająca transformacji nowotworowej wymaga aktywności opiekuńczej Hsp90.

PUBLIKACJE: 3851, 3897, 2055/A, 2056/A, 2057/A, 2058/A, 2059/A

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

Zespół: dr Małgorzata Łobocka, dr Krystyna Krajewska-Grynkiewicz, mgr Olga Juszczyk, mgr Aneta Dobruk-Serkowska, mgr Wojciech Stanisławski, mgr Magdalena Lewandowska

I. Badania nad fuzją białka ParA z białkiem Egfp pozwoliły na ustalenie toru ruchu ParA w komórkach. Oscylacja ParA-Egfp odbywa się w obrębie obszaru przy lub w zewnętrznej powierzchni nukleoidu, po torze przypominającym owiniętą wokół nukleoidu taśmę. Skonstruowano chromosomalne mutanty insercyjne *minD::kan*. Ich komórki tworzą filamenty i mają zaburzenia w lokalizacji nukleoidu. W mutantach tych ParA-Egfp nadal lokalizuje się w obrębie nukleoidów, co wskazuje, że jest ono strukturalnie związane z chromosomalnym DNA lub z białkiem wchodzącym w skład nukleoidu.

II. W badaniach nad mechanizmem destabilizacji plazmidów niosących centromer P1, *parS*, przez białko ParB, zademonstrowano, że destabilizacja nie wynika wyłącznie z wyciszenia transkrypcji genów sąsiadujących z centromerem, ale także z organizacji plazmidów w pary, która ogranicza ich swobodną migrację do przeciwległych połówek dzielącej się komórki. Zademonstrowano obecność par plazmidów w żywych komórkach i pokazano, że ich tworzenie nie zależy od ParA.

III. Badano wpływ mutacji w genie kodującym dwufunkcyjną metylazę Dmt faga P1 na aktywność białka Dmt. Delecja w rejonie *dmt* kodującym domenę o aktywności metylotransferazy C-5 cytozynowej nie zmniejszała zdolności białka Dmt do metylacji sekwencji GATC w pozycji A-6 adeniny, co wskazuje na funkcjonalną niezależność obu domen Dmt.

IV. Scharakteryzowano morfologicznie poliwalentnego bakteriofaga A5 *Staphylococcus aureus* i wykonano mapę restykcyjną 145 kb genomu tego faga. Przygotowano bibliotekę 3000 klonów genomowych A5 w wektorze plazmidowym. Analiza sekwencji pierwszych fragmentów biblioteki wskazuje na jego pokrewieństwo faga A5 z innym poliwalentnym fagiem *S. aureus*, K.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalenie toru ruchu białka ParA w komórkach oraz zademonstrowanie powstawania par plazmidów niosących *parS* z udziałem białka ParB, ale w nieobecności ParA.

PUBLIKACJE: 3874, 351/N, 2053/A, 2054/A

Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów.

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, dr Jan Brzeski, dr Tomasz Sarnowski,
dr Katarzyna Olczak-Brzeska, mgr Szymon Świeżewski, mgr Katarzyna Pawlikowska,
Monika Banaszak (technik)

1. Wykazano, że produkt genu *DDM1* (Decrease in DNA Methylation 1) w *Arabidopsis thaliana*, niezbędny do utrzymywania metylacji DNA i systemu pamięci komórkowej, lokalizuje się w jądrze komórkowym w euchromatynie i obszarach heterochromatyny pericentromerycznej, poza obszarem najbardziej skondensowanym, tj. chromocentrami. Stwierdzono, że lokalizacja DDM1 nie zmienia się u mutantów w genach kodujących metylotransferazy DNA, metylotransferazę H3K9 i białka szlaku RNAi, odpowiedzialne za heterochromatynizację. Zasadnicza zmiana lokalizacji polegająca na przesunięciu DDM1 do wnętrza chromocentrow, wystąpiła natomiast u mutantu w genie *HUA-2*, kodującym białko z domeną rozpoznającą metylowany DNA oraz domeną wiążącą RNA. Powyższe dane wskazują na możliwy związek między specyficzną sekwencyjnie lokalizacją DDM1 w jądrze i metabolizmem RNA.

2. Zidentyfikowano i scharakteryzowano linie *Arabidopsis* z mutacjami *null* w genach kodujących cztery izoformy białka SWI3 w *Arabidopsis*, kluczowej podjednostki zależnego od ATP kompleksu remodelującego chromatynę, typu SWI/SNF. Mutacje w *AtSWI3A* i *AtSWI3B* powodują zatrzymanie rozwoju zarodkowego we wczesnym stadium globularnym. Ze względu na efekt wywierany na imprinting genów allel *atswi3b* powoduje letalność około połowy makro- i mikrospor. Mutacja w *AtSWI3C* powoduje zwijanie liści, półkarłowaty pokrój, zahamowanie wydłużania korzenia, obniżoną płodność ze względu na wady rozwojowe pręcików i słupka oraz opóźnione kwitnienie w długim dniu. Inaktywacja *AtSWI3D* powoduje również opóźnienie kwitnienia w długim dniu oraz do męskiej i żeńskiej sterility spowodowanej zmianami w liczbie i rozwoju organów kwiatowych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Białka podrodziny AtSWI3 w *Arabidopsis*, związane z remodelowaniem chromatyny, pełnią nie nakładające się funkcje regulatorów o kluczowym znaczeniu w kontroli wczesnej embriogenezy oraz wegetatywnej i reproduktywnej fazy rozwoju rośliny.

PUBLIKACJE: 3827, 3836, 1911/A, 1913/A, 1914/A, 1915/A, 1916/A, 1917/A, 1918/A, 1920/A, 1924/A, 2035/A, 2036/A, 2037/A, 2038/A, 2039/A

Temat nr 35: Ekspresja genów bakteryjnych w roślinach.

Zespół: doc. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Błaszczuk, mgr Frantz Liszewska,
mgr Kacper Kazimierzczuk (do 31 lipca), mgr Adam Wawrzyński, mgr Małgorzata Lewandowska,
mgr Jolanta Kamińska

Badania dotyczyły głównie sprawdzenia możliwości modyfikacji metabolizmu siarki w roślinach poprzez wprowadzenie genów bakteryjnych kodujących serynową acetylotransferazę (SAT) i liazę OAS–tiolową OAS-TL. Enzymy te są komponentami kompleksu syntazy cysteinowej, której aktywność ma podstawowe znaczenie dla produkcji cysteiny oraz wydajnej asymilacji siarczanu. Nasze zainteresowania koncentrowały się wokół

oddziaływań białek w kompleksie (także heterologicznych) oraz wpływu tych oddziaływań na aktywność enzymatyczną OASTL. Stosując system dwu-hybrydowy do monitorowania wpływu wprowadzanych mutacji na właściwości enzymatyczne białka OASTL podjęto próbę zidentyfikowania za pomocą ukierunkowanej (ang. targeted) mutagenazy aminokwasów tego białka, które biorą udział w oddziaływaniu z białkiem SAT. Nie udało się zidentyfikować mutacji, która powodowałaby brak oddziaływania z SAT, a równocześnie nie obniżałaby aktywności enzymatycznej białka OASTL. Sklonowano region genomu odpowiadający sekwencjom znajdującym się powyżej zidentyfikowanego uprzednio cDNA *Npsat1* z *Nicotiana plumbaginifolia*. Pozwoliło to na ustalenie potencjalnej sekwencji sygnałowej białka SAT i określenie potencjalnej lokalizacji tego białka jako organellowej.

Ponadto, uzyskano rośliny tytoniu o zwiększonej zawartości fitochelatyn poprzez nadekspresję genów kodujących enzymy limitujące przepływ siarki do tych związków, mianowicie SAT, syntazę gamma-glutamylu cysteiny (ECS) i syntazę fitochelatyn (PCS). Najlepsze z linii uzyskanych roślin produkowały 8-krotnie więcej związków z grupami tiolowymi, w których skład wchodzi m.in. gamma-glutamylu-cysteina, glutation oraz fitochelatyny, niż linie kontrolne. Uzyskane rośliny nie wykazywały jednakże zwiększonej tolerancji na metale ciężkie ani nie magazynowały więcej metali ciężkich w tkankach nadziemnych niż linia kontrolna.

Najważniejszy wynik badawczy:

Uzyskano metodami transformacji genetycznej oraz wstępnie scharakteryzowano rośliny tytoniu o znacznie podwyższonym poziomie fitochelatyn. Powyższa modyfikacja nie doprowadziła do zwiększonej akumulacji metali ciężkich (kadmu) w tkankach nadziemnych badanych roślin.

PUBLIKACJE: 3857, 332/N, 349/N, 1888/A, 1889/A, 1891/A, 1998/A, 1999/A

Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej

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

Przeprowadzono analizę statystyczną 17065 rekordów z bazy danych EMP (Enzymes and Metabolic Pathways database: <http://www.empproject.com>) w celu zbadania zależności szybkości katalizy enzymatycznej od masy enzymu. Analizowano wyznaczaną energię aktywacji procesu. Zaobserwowano jej asymptotyczny spadek wraz ze wzrostem całkowitej masy enzymu. Zaproponowano model teoretyczny zjawiska tłumaczący powyższy przebieg, uwzględniający rolę oddziaływań Londona oraz mostków wodorowych w procesie uwalniania produktu. Dokonano również analizy dyspersji energii potwierdzając udział oddziaływań ze wspomnianej grupy.

Badano modułową budowę autotransporterowych adhezyn bakteryjnych. W tym celu zanalizowano ponad 100 sekwencji tych białek pod kątem występowania w nich elementów powtórzonych. W planach jest budowa bazy danych tych elementów i ich klasyfikacja.

Przenalizowano interaktom drożdży *Saccharomyces cerevisiae* biorąc pod uwagę występowanie homologów oddziałujących białek na różnych etapach ewolucji. Badano także duplikacje genów. Pozwoliło to na wyróżnienie konserwowanych modułów wspólnie ewoluujących, oddziałujących ze sobą białek.

Kontynuowano prace nad wpływem zatłoczenia molekularnego na stałe szybkości rozpoznawania białko-białko. Zakończono obliczenia dla układu lizozym- przeciwciało. Pokazano, że sumarycznym efektem wpływu tłoku molekularnego jest przyspieszenie reakcji tych białek.

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych.

Zespół: prof. dr hab. Jacek Hennig, dr Dorota Konopka, dr Magdalena Krzymowska, mgr Robert Kuthan (od 01.IX.2004), mgr Grzegorz Bednarczyk (od 01.X.2004), mgr Anna Maassen, mgr Agnieszka Mac, mgr Kamil Witek

Kontynuowaliśmy badania nad określeniem funkcji różnych cząsteczek sygnałnych uczestniczących w odpowiedzi roślin na infekcję. Wykonaliśmy analizę funkcjonalną niesymbiotycznej hemoglobiny, produktu genu *Mhb1* poprzez wykreowanie dwu grup transgeniczných roślin *Nicotiana tabacum* oraz *Arabidopsis thaliana* wyrażających charakteryzowany gen, w orientacji sens. Rośliny z ekspresją genu *Mhb1* charakteryzują się obniżoną odpornością na infekcje bakterii, z rodzaju *Pseudomonas* oraz infekcje wirusowe (TMV i TNV). Przeprowadzona, analiza ilościowa syntezy reaktywnych form tlenu oraz kwasu salicylowego wykazała znaczące obniżenie poziomu tych cząsteczek sygnałnych, uczestniczących w procesie odpowiedzi komórek roślinnych na infekcję. Nasze wyniki dostarczyły silnych dowodów wskazujących, że w odpowiedzi obronnej roślin tytoniu (*N. tabacum*) po infekcji bakteriami lub wirusami uczestniczą kolejno następujące cząsteczki sygnałowe: NO, H₂O₂ oraz kwas salicylowy.

Oczyściliśmy białko Mhb1, do stanu homogenności. Stwierdziliśmy, że ma ono strukturę homodimeru o wielkości 44 kDa. W testach *in vitro* wykazaliśmy, że białko Mhb1 wiąże cząsteczkę NO przekształcając ją do NO₂, tak więc posiada aktywność oksygenazy. Aktywność ta jest zależna od dostępności kofaktorów takich jak: NAD(P)H i FAD.

Dalsza szczegółowa analiza fenotypu roślin *A. thaliana* o zmienionej ekspresji *Mhb1* jest w toku.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie roli roślinnej niesymbiotycznej hemoglobiny, produktu genu *Mhb1*, w procesie metabolizmu tlenu azotu.

PUBLIKACJE: 3821, 3885, 3886, 3887, 3888, 3889, 2004/A, 2005/A, 2006/A, 2007/A, 2015/A, 338/D

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

Zespół: dr Bożenna Rempola

Prowadzone badania były kontynuacją analizy funkcjonalnej genu *FAF1/YIL019w*. Wcześniejsze badania wykazały, że białko Faf1 jest niezbędne do życia komórki i oddziałuje w systemie dwu-hybrydowym z białkiem Krr1, biorącym udział w biogenezie małej podjednostki rybosomu, 40S. Podobnie jak Krr1p, Faf1p zlokalizowane jest w jąderku.

Wstępna analiza Faf1p wskazywała na udział tego białka w procesach związanych z biogenezą rybosomów. Kontynuując badania skoncentrowaliśmy się więc na analizie profilu polisomów i na analizie prekursorowych form rRNA w szczepie niosącym zmutowany allel genu *FAF1*.

Analiza profilu polisomów wykazała wyraźne zmniejszenie ilości wolnych podjednostek 40S i równoczesne zwiększenie ilości wolnych podjednostek 60S w mutancie, w porównaniu ze szczepem dzikim. Charakterystyczny jest również spadek poziomu monosomów 80S w mutancie. Ustalono także rzeczywistą różnicę w poziomach obu podjednostek w badanych szczepach, przez porównanie wartości stosunku 60S/40S w mutancie do wartości stosunku 60S/40S w szczepie dzikim. Wynoszą one odpowiednio 16 dla mutantu i 4 dla szczepu dzikiego.

Analiza rRNA w szczepie niosącym mutację w genie *FAF1* wykazała zmniejszenie ilości 18S rRNA względem szczepu dzikiego. Wynika ono z defektu w procesowaniu pre-rRNA na etapie trawień w miejscach A₀, A₁ i A₂.

Zastosowano metodę TAP (Tandem Affinity Purification) do izolacji białek oczyszczających się wraz z białkiem Faf1. Ich identyfikacja wykazała, że są to białka wchodzące w skład kompleksu SSU - dużego kompleksu białkowego zaangażowanego w procesowanie pre rRNA i biogenezę małej podjednostki rybosomu.

Badania prowadzone są wspólnie z prof. Joanną Rytką (Temat nr 8)

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano, że białko Faf1 bierze udział w procesowaniu rRNA i biogenezie małej podjednostki rybosomu.

PUBLIKACJE: 3828, 3829, 1989/A

Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej.

Zespół: prof. dr hab. Ewa Bartnik, dr Katarzyna Tońska, mgr Janusz Piechota (nie są pracownikami IBB); od października doktorant IBB mgr Roman Szczęsny; II-X Andrea Rachinger, stypendystka Marie Curie

W tym roku zakończono w/w badania, publikacja na ten temat ukaże się w ostatnim zeszycie Acta Biochimica Polonica „J. Piechota, K. Tońska, M. Nowak, D. Kabzińska, A. Lorenc, E. Bartnik. Comparison between the Polish population and European populations on the basis of mitochondrial morphs and haplogroups. Przyjęta do druku Acta Biochimica Polonica tom 51, zeszyt 4 (2004)”. W zasadzie trudno jest streścić wynik inaczej niż stwierdzeniem, że zgodnie z oczekiwaniem rozkład haplogrup mitochondrialnych w populacji polskiej jest typowo europejski.

Kontynuowano badania nad diagnostyką najczęstszej choroby powodowanej przez mutację w genomie mitochondrialnym – zespołu Lebera. W sumie przebadano 75 osób skierowanych przez lekarzy okulistów lub genetyków, u 18 stwierdzono mutację (13 – w 11778, 2 – 3460, 3 – 14484). Dodatkowo przebadano 25 członków rodzin osób chorych. U osób, u których wykryto mutacje badano także haplogrupę, jako że uważa się, że zespół Lebera występuje częściej u osób z haplogrupą J. Żadna z osób z mutacją 11778 nie miała tej haplogrupy, natomiast miały ją wszystkie osoby z mutacją 14484.

PUBLIKACJE: 3844, 3845, 3899, 330/N

Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA.

Zespół: doc. dr hab. Barbara Tudek, dr Jarosław Cieśla, dr Elżbieta Speina, dr Katarzyna Szymańska, mgr Paweł Kowalczyk, mgr Tomasz Obtulowicz, Mgr Maja Zielińska, mgr Leena Maddukuri, mgr Beata Rusin, mgr Alicja Winczura (od 1.10.2004)

Stres oksydacyjny i peroksydacja lipidów (LPO) są przyczyną chorób degeneracyjnych człowieka, w tym powstawania nowotworów. Badano interakcję z DNA *trans*-4-hydroxy-2-nonenalu (HNE), jednego z głównych alkenali powstających w wyniku peroksydacji lipidów.

HNE tworzy propano- lub etenoaddukty z sześć- lub siedmiowęglowym łańcuchem bocznym ze wszystkimi czterema zasadami DNA. Ponieważ reakcja grupy aldehydowej HNE a atomami azotu zasad DNA jest odwracalna, HNE może również tworzyć w DNA wiązania krzyżowe, które stanowią ok. 5% wszystkich uszkodzeń DNA indukowanych przez HNE. Okazało się ponadto, że grupa aldehydowa adduktu HNE może także reagować z białkami tworząc wiązania krzyżowe DNA-białko. Niektóre enzymy naprawy DNA, np. endonukleaza miejsc apurynowych, HAP1, tworzą wiązania krzyżowe z adduktami HNE do zasad DNA.

Addukty HNE blokują syntezę DNA i wykazują właściwości rekombinogenne u *E.coli* i w komórkach ssaków. Wykazaliśmy, że u *E.coli* w usuwaniu adduktów HNE bierze udział system naprawy przez wycinanie nukleotydów (NER). Równie ważnym mechanizmem unikania szkodliwych skutków obecności adduktów HNE w DNA okazało się być przechodzenie polimeraz DNA o obniżonej wierności przez te uszkodzenia. Zaobserwowano, że najważniejszym enzymem zaangażowanym przy przechodzeniu przez addukty HNE u *E.coli* jest polimeraza DNA IV, natomiast polimeraza V jest niezbędna do indukcji mutacji.

Ludzkie komórki z defektem NER, zarówno szlaku naprawy całego genomu (XPA), jak i naprawy związanej z transkrypcją (CSB) są bardziej wrażliwe i obserwuje się u nich więcej wymian chromatyd siostrzanych (SCE) niż w izogenicznych szczepach dzikich. Podobnie zachowują się komórki chomika chińskiego z upośledzonym systemem NER (XPD) oraz systemem łączenia niehomologicznych końców DNA (NHEJ).

Najważniejszy wynik badawczy:

HNE tworzy addukty do zasad DNA oraz wiązania krzyżowe DNA-DNA i DNA-białko. W usuwaniu skutków obecności tych uszkodzeń w DNA biorą udział: system naprawy przez wycinanie nukleotydów, system łączenia niehomologicznych końców DNA oraz polimerazy DNA o obniżonej wierności.

PUBLIKACJE: 3834, 327/N, 1898/A, 1899/A, 1900/A, 1904/A, 1906/A, 1980/A, 2032/A, 2033/A, 2043/A

Zespół kierowany przez dr Annę Bębenek: dr Anna Bębenek, mgr Edyta Łysik (do maja 2004), mgr Agata Jacewicz, (od 1.10.2004), mgr Anna Trzemecka (od 1.11.2004), mgr Gertruda Pokrywińska (od IX 2004) na urlopie macierzyńskim.

Kontynuowano badania wierności replikacji polimerazy DNA faga RB69. Polimeraza faga RB69, podobnie jak polimeraza faga T4 (z którą wykazuje wysoki stopień podobieństwa) zaliczana jest do polimeraz rodziny B, do której należą główne replikacyjne polimerazy eukariotyczne (α , δ i ϵ) a także polimerazy bakterii termofilnych. Polimeraza ta

służy jako model dla badania wierności replikacji polimeraz z tej rodziny. W oparciu o dostępną strukturę krystaliczną potrójnego kompleksu skonstruowano nowe mutanty w genie RB69 *gp43*: w silnie konserwatywnym rejonie KKRY (R707A i K705A) oraz w niekonserwowanym rejonie domeny kciuka (D714A). Do wcześniej skonstruowanych mutantów z okolicy centrum aktywnego polimerazy Y391M, Y619F i L561A wprowadzono mutacje D222A i D327A, które wyłączały funkcję korektorską domeny egzonukleazy.

Podjęto próbę ustalenia wpływu wprowadzonych mutacji w genie polimerazy faga RB69 na poziom wierności replikacji *in vivo*. W tym celu konieczne było zbadanie w teście komplementacji czy mutanty te mają zdolność do podtrzymywania wzrostu faga T4 *gp43 amam* (którego gen 43, kodujący fagową polimerazę został wyłączony poprzez wprowadzenie mutacji amber). Mutanty polimerazy RB69 R707A, K705A, D714A a także podwójny mutant L561A Exo⁻ nie podtrzymują wzrostu faga T4 *43 amam*. Mutanty podtrzymujące wzrost faga T4 *gp43 amam*, L561A Exo⁺, Y391M Exo⁺/Exo⁻ oraz Y619F Exo⁺/Exo⁻ były badane w teście rewersji w fagowym genie *rII* w celu określenia ich wpływu na wierność replikacji DNA. W celu mierzenia poziomu rewersji w genie *rII* faga T4, lizaty fagowe odpowiednich mutantów faga T4 *gp43 amam rII* były namnażane na szczepach *E.coli* BB niosących plazmid kodujący interesującą nas mutację w genie polimerazy RB69. Poziom rewersji był badany na szczepie QA1 (na szczepie tym rosną tylko rewertanty w genie *rII*), a całkowita liczba fagów określana była na szczepie *E. coli* BsuII⁺. Dla mutantu RB69 *gp43* Y619F Exo⁺ i Y619F Exo⁻ określono także poziom mutagenezy typu forward w genie *r⁺→rI*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Mutant RB69 Y619F to antymutator/mutator dla mutacji typu zmiany ramki odczytu +1/-1 w obecności funkcjonalnej egzonukleazy i generalny antymutator zarówno dla mutacji typu zmiany ramki odczytu jak i podstawienia zasad przy braku funkcjonalnej egzonukleazy.

PUBLIKACJE: 2034/A

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne.

Zespół: doc.dr hab. Elżbieta Grzesiuk, dr Anna Sikora (od 01. 09. 04), dr Anetta Nowosielska (staż podoktorski USA), mgr Jadwiga Nieminuszczy, mgr Michał Wrzesiński, prof. Celina Janion (1/3 etatu)

U *E.coli* wysoka wierność replikacji DNA jest zapewniona między innymi dzięki aktywności 3'→5' egzonukleazy podjednostki ε głównej polimerazy replikacyjnej Pol III. Mutacja *dnaQ49* prowadzi do zaburzenia korektorskiej funkcji Pol III i podwyższonego poziomu mutacji spontanicznych. Celem projektu była analiza specyficzności mutacji *dnaQ49* w temperaturze permisyjnej (28°C) i nie permisyjnej (37°C) i wpływu obecności genów *umuDC* na poziom i specyficzność mutacji spontanicznych w warunkach indukcji systemu SOS. Wykorzystując system opracowany przez Millera stwierdzono, że spośród substytucji najczęstsze są tranzycje GC→AT i transwersje GC→TA i AT→TA ale najliczniejsze są mutacje typu frameshift, a mianowicie, delecje -1G i addycje +1A. Wszystkie mutacje, których poziom wzrósł na skutek mutacji *dnaQ49* były w różnym stopniu *umuDC* – zależne.

Pomimo, że gen *alkB* i jego produkt białko AlkB był znany od dawna to dopiero od 3 lat wiadomo, że białko AlkB jest dioksygenazą, która oksydatywnie demetyluje N¹meA

i N³meC w DNA. Wykazaliśmy, że białko AlkB chroni komórki *E.coli* przed mutagennym działaniem MMS, ponieważ w szczepie *alkB*⁻ częstość rewersji *argE3*→Arg⁺ jest znacznie podwyższona i zależna od typu mutacji *alkB*. Reversje Arg⁺ są głównie wynikiem transwersji AT→TA i są zależne od kodowanej przez *umuDC* polimerazy V. W szczepie *E.coli* AB1157*alkB*⁻ delecja operonu *umuDC* prowadzi do dramatycznego spadku rewersji Arg⁺ indukowanych MMS. Wobec tego postulujemy, że AlkB chroni komórkę nie tylko przed cytotoksycznym ale również mutagennym działaniem MMS.

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Określono specyficzność mutacji *dnaQ49* i wpływ obecności Pol V (białek UmuD'C) na tą specyficzność, częstość mutacji i przeżywalność bakterii.
2. Mutacja w genie *alkB* prowadzi do znacznego podwyższenia poziomu mutacji indukowanych MMS. Mutageneza MMS w komórkach *alkB*⁻ wymaga obecności operonu *umuDC*.

PUBLIKACJE: 3839, 3862, 1890/A, 1893/A, 1894/A, 2002/A, 2003/A, 2021/A

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

Zespół: doc. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy, dr Aneta Bartosik, mgr Patrycja Dołowy, mgr Anna Kulińska, mgr Jolanta Mierzejewska, mgr Małgorzata Mikosa, mgr Magda Piwowarek i Magda Ochocka (w roku sprawozdawczym członkami grupy byli też: dr Krzysztof Lasocki, mgr Małgorzata Macioszek i mgr Anna Pisarska). dr D. Płochocka (Zakład Bioinformatyki, IBB) uczestniczyła w części projektu: modelowaniu białka ParB.

Koniugacyjne plazmidy o szerokim zakresie gospodarzy są podstawowym składnikiem tzw mobilnej puli genów. Zadziwiająca stabilność niskokopijnych, dużych plazmidów „środowiskowych” w komórkach bakteryjnych, wśród nich IncP czy IncU, zależy m.in. od systemów aktywnego rozdziału opartego na dwóch białkach: ParA (ATPazy) i ParB (białka wiążącego DNA) i sekwencji centromero-podobnej *parS*. Podczas gdy plazmidy z grupy IncP reprezentują najbardziej złożony system stabilizacyjny wspomagany skomplikowaną siecią regulacji ekspresji genów, nasze badania pRA3 z grupy IncU wskazują, że ten plazmid zawiera maksymalnie uproszczoną kasetę partycyjną wspomaganą przez nieliczne dodatkowe elementy stabilizacyjne czy regulacyjne. Białko KorB(ParB) z pRA3 ma dwie funkcje: partycyjną i regulacyjną (represorową), unikalną cechą KorB_{RA3} jest rozpoznawanie różnych motywów w DNA w zależności od roli jaką białko ma do spełnienia.

Kontynuowano badania nad chromosomalnymi przedstawicielami rodzin ParA i ParB z *Pseudomonas aeruginosa*. Stosując dwie niezależne metody selekcji uzyskano liczne klasy mutantów *parB*: niezdolnych do polimeryzacji („wyciszania transkrypcyjnego”) oraz nie wywołujących inhibicji wzrostu *P.aeruginosa*. Allele te zostały zsekwencjonowane i pozwoliły na rozstrzygnięcie, który z dotychczasowych modeli strukturalnych dla dimerów ParB jest słuszny. Równolegle przy użyciu mutagenezy ukierunkowanej rozpoczęto systematyczną analizę mutacyjną genów *parA* i *parB* w celu zidentyfikowania reszt aminokwasowych odpowiedzialnych za dimeryzację i oddziaływania z partnerem. Produkty zmutowanych alleli *parB* będą nadprodukowane i analizowane *in vitro* pod względem oddziaływań białkowych i białko-DNA.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Białko KorB_{RA3} rozpoznaje dwa różne motywy w DNA, oddziaływanie KorB z tymi sekwencjami wiąże się z różnymi funkcjami białka w cyklu „życiowym” plazmidu;

2. Analiza mutacyjna *parB* uwiarygodniła jeden z alternatywnych modeli strukturalnych dla białek tej rodziny;
3. Dimeryzacja białek ParA i ParB jest niezbędna do wzajemnych oddziaływań ParA-ParB.

PUBLIKACJE: 3872, 324/N, 329/N, 335/N, 340/N, 2040/A, 2041/A.

Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego.

Zespół: prof. dr hab. Andrzej Ejchart, dr Jacek Wójcik, dr Piotr Bernatowicz, dr Beata Toczyłowska (1/4 etatu), dr Igor Zhukov, mgr Marta Oleszczuk, mgr Michał Nowakowski, mgr Paweł Hodurek, 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 dokonano analizy eksperymentalnych wyników pomiarów NMR dla peptydów będących analogami trzeciej pętli wiążącej jony wapnia w kalmodulinie. Wyznaczono struktury peptydów i szybkości wymiany protonów H_N z rozpuszczalnikiem, co pozwoliło obliczyć populacje struktur helikalnych (helisy α i 3_{10}) w C-końcowych fragmentach peptydów.

Wyznaczanie struktury peptydów metodą EDMC/Analize.

Metodę EDMC/Analize zastosowano do wyznaczania struktury peptydów o dużej swobodzie konformacyjnej: nociceptyny i jej fragmentów oraz dermorfin.

Badanie związków modelowych z wiązaniem wodorowym C-H...X.

Zbadano modelowe związki przejawiające stosunkowo silne międzycząsteczkowe oddziaływania C-H...O oraz wewnątrzcząsteczkowe oddziaływania C-H...X (X = F, Cl, Br).

Analiza statystyczna wyników badań NMR płynu mózgowo-rdzeniowego pacjentów leczonych CDP-choliną.

Wykonano analizę statystyczną danych medycznych i spektralnych płynu mózgowo-rdzeniowego pacjentów po urazach mózgowo-czaszkowych. Pacjenci leczeni CDP-choliną przeżywają częściej niż pacjenci, którym podawano placebo. Z danych spektralnych wynika istotna statystycznie różnica stężeń cytruliny, mleczanu, alaniny i octanu występująca w trakcie leczenia CDP-choliną oraz niezidentyfikowanej substancji ($\delta=2,65$ ppm) przy podawaniu placebo.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowanie zestawu metod pomiarowych stosowanych przy badaniach strukturalnych białek opartych na zredukowanej wymiarowości i ewolucją koherencji dwukwantowych: 3877, 3882

PUBLIKACJE: 3812, 3820, 3847, 3868, 3877, 3882, 3890, 3892; 1896/A, 1912/A, 1939/A, 1966/A, 2008/A, 2009/A, 2010/A, 346/N, 93/M.

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

dr hab. Anna Szkopińska

Wiele eukariontów takich jak tasiemce, słodkowodne ślimaki i prymitywne organizmy przybrzeżne może funkcjonować (czasowo) bez tlenu. Oprócz fermentacji w wyniku, której glukoza degradowana jest do etanolu lub mleczanu większość tych fakultatywnych beztlenowców ma zdolność do dwustopniowej redukcji jabłczanu do bursztynianu. Rodochinon (RQ) jest istotnym elementem w procesie redukcji fumaranu u eukariontów. Postanowiliśmy sprawdzić, czy RQ lub inny związek może pełnić podobną rolę u drożdży. Analiza frakcji lipidowej rodzicielskiego szczepu dzikiego BY4741 i mutantów *COQ2* z dysrupcją w genie kodującym transferazę heksaprenyl:kwasy hydroksybenzoesowy oraz *COQ3* z dysrupcją w genie kodującym 3,4-dihydroksy-5-heksaprenylbenzoeso metyltransferazę wykazała obecność Q6 (spektrometria masowa) tylko w szczepie BY4741. Analiza TLC, HPLC i spektrometria UV lipidów z *COQ2* i *COQ3* ujawniła związki z maksimum absorpcji przy 254 nm, nie występujące w szczepie dzikim BY4741. Wyniki ze spektrometrii masowej pokazały, że żaden z tych związków nie jest RQ. Dalsza analiza wyizolowanych związków jest w toku.

Ligaza ubikwitynowa Rsp5p odgrywa ważną rolę w wielu procesach komórkowych między innymi w biosyntezie nienasyconych kwasów tłuszczowych. Domena C2 Rsp5 wiąże fosfolipidy. Stwierdzono, że drożdżowy gen *PIS1* kodujący syntazę fosfatydyloinozytolu jest supresorem defektów wzrostu mutantu *rsp5* w temp 35⁰ C. Transkrypcja genu *PIS1* w mutancie *rsp5-13* była prawie 2-krotnie wyższa w porównaniu ze szczepem dzikim. Analiza TLC fosfolipidów w ekstraktach komórkowych ze szczepu dzikiego i *rsp5* transformowanego pustym plazmidem wykazała, że ich skład jest bardzo podobny. Jednakże ilość fosfatydyloinozytolu w *rsp5* był wyższy w porównaniu ze szczepem dzikim hodowanym w 30⁰C i przeniesionym na 2 godziny do 37⁰ C. Prawdopodobnie produkt genu *PIS1* znosi defekt wzrostu *rsp5* przez zmianę poziomu syntezy fosfolipidów wpływających na funkcje Rsp5p.

Drożdże nie syntetyzują RQ zdolnego do redukcji fumaranu. Prawdopodobnie produkt genu *PIS1* reguluje aktywność Rsp5p.

PUBLIKACJE: 3812, 1945/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

Przeprowadzone uprzednio pomiary stałych wiązania wapnia do białka S100A1 w formie natywnej i glutationylowanej pozwoliły na wysunięcie hipotezy, że zależna od wapnia aktywność białka S100A1, a być może także kilku innych białek z rodziny S100, jest regulowana przez glutationylację, a zatem białka te mogą pełnić rolę przekaźników pomiędzy dwoma głównymi szlakami sygnałowymi: wapniowym i oksydacyjno-redukcyjnym.

Praca przedstawiająca tę hipotezę została wysłana w r. 2004 do Biochemisty i odrzucona przez superrecenzenta, który uznał, że przedstawione wyniki nie uzasadniają dostatecznie takiej hipotezy.

Zasadnicze pytanie, na które nie można było odpowiedzieć na podstawie dotychczasowych wyników, brzmiało: czy glutationylowane białko S100A1, podobnie jak białko natywne, wiąże się do białek docelowych wtedy i tylko wtedy, gdy jest wysycane jonami wapnia?

Peptyd TRTK-12, o sekwencji TRTKIDWNKILS analogicznej do sekwencji miejsc wiązania białka S100A1 i jego homologów w białkach docelowych, od kilku lat jest używany do testowania aktywności biologicznej wielu białek S100. Peptyd ten został przez nas uzyskany na drodze ekspresji w systemie *E. coli*. Badania przeprowadzone metodą fluorescencyjną dowodzą jednoznacznie, że glutationylowane białko S100A1 wiąże peptyd TRTK-12, lecz tylko w obecności wapnia, co zdecydowanie potwierdza wysuniętą wcześniej hipotezę.

Zmierzono stałe wiązania wapnia do S100A1 i glutationylowanego białka S100A1 w temperaturze 37°C. Porównanie wyników z uzyskanymi wcześniej w temp. 25°C pozwoliło na oszacowanie entalpii wiązania jonów metalu. Okazało się, że zaobserwowany uprzednio ogromny wzrost powinowactwa S100A1 związany z glutationylacją wynika ze wzrostu entalpii wiązania wapnia.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że glutationylowane białko S100A1 posiada zasadniczą właściwość regulatorowych białek koordynujących jony wapnia: wiąże się do białek docelowych lecz tylko po związaniu wapnia. Wynik ten zdecydowanie potwierdza wysuniętą uprzednio hipotezę, że zależna od wapnia aktywność białka S100A1 może być regulowana poprzez utlenianie i redukcję jego reszt cysteinowych.

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek.

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

Kontynuowano pracę nad inhibitorami metylacji DNA. Wyróżniono ogólny wzór chemiczny cząsteczek preferowanych przez centrum aktywne metylotransferazy DNMT1. Zdefiniowano szkielet oraz możliwe podstawniki, które mogą wchodzić w skład takich cząsteczek oraz sposobu w jaki oddziałują z resztami aminokwasów enzymu. Na tej podstawie opatentowanie wykorzystania tych związków w terapii chorób związanych z nieprawidłową metylacją DNA (m. in. rak jelita grubego, białaczka).

Kontynuowano współpracę z dr hab. Grażyną Dobrowolską przy projekcie dotyczącym kinazy OSAK. Wykorzystanie dynamiki molekularnej i modelowanie komputerowe do wyjaśnienia nietypowej fosforylacji białka.

Reduktaza 3-hydroksy-3-metylglutaryl koenzymu A (HMG-CoA), pierwszy enzym szlaku miewalonowego jest podstawowym enzymem, którego inhibicja powoduje zmniejszenie syntezy cholesterolu. Inhibitorami HMG-CoA reduktazy są statyny, szeroko stosowane w leczeniu. Dotychczas niewiele wiadomo na temat polimorfizmów i mutacjach w genie HMG-CoA reduktazy. Być może mutacje takie mogą zmieniać strukturę enzymu,

a zatem mieć związek ze stopniem redukcji cholesterolu pod wpływem statyn. Podjęto próbę korelacji zmiany poziomu cholesterolu pod wpływem statyn ze zmianą struktury enzymu. Wykazano, że w przypadku mutacji S580N ani deformacje strukturalne, ani oddziaływanie ze statynami nie mogą wytłumaczyć obserwowanych zmian poziomu cholesterolu.

Mutacje kinazy pirogronianowej ludzkich erytrocytów są przyczyną anemii hemolitycznej. Rozpoznano nową mutację tego enzymu R510Q i przeanalizowano jej wpływ na zmiany struktury przestrzennej białka. R510 jest ułożona między domeną allosteryczną i katalityczną. Mimo, że następują zmiany w oddziaływaniach międzydomenowych, struktura żadnej z nich nie ulega zasadniczym zmianom, co sugeruje, że tak uszkodzony enzym nie powinien zmienić swej aktywności. Wyniki te są zgodne z obserwacjami, że homozygotyczni ze względu na tę mutację pacjenci wykazują anemię łagodną.

PUBLIKACJE: 3812, 3815

Temat nr 48: Badania wczesnych etapów zwijania i agregacji białek.

Zespół: doc. dr hab. Michał Dadlez, mgr A. Jabłonowska, mgr Anna Kupniewska-Kozak, mgr Marcin Kłoniecki, mgr Małgorzata Kowalska

Kontynuowano badania procesu agregacji peptydu Abeta związanego z chorobą Alzheimera oraz jego oddziaływanie z potencjalnym receptorem RAGE (domena V). Wykonano serię nowych konstruktów kodujących warianty badanego peptydu, w tym pełną wersję peptydu 1-40. Opracowano nowy protokół nadekspresji peptydu w bakteriach i odcinania końcowego produktu proteazą TEV. Otrzymanie homogenego preparatu Abeta1-40 potwierdzono przez spektrometrię mas. Wykonano serię eksperymentów z mutantami punktowymi Abeta10-30 i zidentyfikowano reszty aminokwasowe odpowiedzialne za homogenne, równoległe ułożenie monomerów w oligomerach. Opracowano metodę prowadzenia badań struktury białek przez śledzenie wyminay proton-deuter w spektrometrii mas. Rozpoczęto badania strukturalne oddziaływania peptydu Abeta10-30 z domeną V receptora RAGE, również uzyskiwanym na drodze nadekspresji w bakteriach. Białko RAGE jest receptorem odpowiedzialnym za aktywny transport Abeta przez barierę krew-mózg i co za tym idzie za akumulację potencjalnie neurotoksycznego czynnika. Przeprowadzono wstępne badania metodami kołowego dichroizmu i spektrometrii mas oddziaływań niekowalencyjnych. Pokazano tworzenie kompleksu Abeta10-30 – v-RAGE w stosunku molowym 1:1.

Najważniejszy wynik badawczy:

Demonstracja oddziaływania Abeta-v-RAGE.

PUBLIKACJE: 3817, 3841, 3880, 3895.

Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych.

Zespół: dr hab. Jacek Bardowski, dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, mgr Magda Kowalczyk, mgr Agnieszka Szczepańska, mgr Roman Krzysztof Górecki, mgr Anna Koryszewska, mgr Monika Hejnowicz, mgr Joanna Życka, mgr Joanna Lampkowska

Kontynuując badania nad sprzężonym katabolizmem laktozy i celobiozy u *L. lactis* IL1403 wykazano, że: (i) mutacja w genie *bglS* kodującym β -glukozydazę, powodowała zanik zdolności wzrostu na laktozie i spowolnienie wzrostu na celobiozie; (ii) inaktywacja genu *yebF* powodowała zanik zdolności do wzrostu na laktozie i celobiozie; natomiast w mutancie podwójnym, *yebF*⁻*ccpA*⁻, ten wzrost był tylko nieco wolniejszy, w porównaniu do dzikiego szczepu IL1403. Ponadto, fuzje transkrypcyjne genów *celB*, *ptcA*, *ptcB*, *bglS* i *yebF* z genami reporterowymi *luxAB* wykazały, że wszystkie te geny, poza *yebF*, ulegają wysokiej ekspresji w obecności celobiozy. Stwierdzono, że wysoka aktywność P- β -galaktozydazy, szczególnie w pożywce z celobiozą i laktozą, spadała do zera w komórkach mutantu *bglS*, hodowanych w obecności laktozy, natomiast w obecności celobiozy była ona obniżona. Wykazano także, iż białko PtbA warunkuje transport wszystkich β -glukozydów, poza celobiozą.

Przeprowadzone badania pozwoliły na stworzenie modelu prawdopodobnego katabolizmu laktozy i β -glukozydów u *L. lactis* IL1403. Głównymi elementami tego modelu są białka CelB, PtcB, PtcA, BglS, PtbA i CcpA. W obecności glukozy IL1403 nie asymiluje laktozy ani β -glukozydów, bo systemy zaangażowane w katabolizm tych cukrów podlegają represji przez białko CcpA i/lub nie są aktywowane przez BglR. Obecność celobiozy aktywuje specyficzny dla celobiozy system PTS, którego w skład wchodzi CelB, PtcB i PtcA, co umożliwia wzrost IL1403 na celobiozie i laktozie. Ta zdolność do wzrostu dodatkowo jest warunkowana obecnością β -glukozydazy (BglS), która hydrolizuje celobiozę i laktozę do galaktozy i glukozy-6-P. Galaktoza jest metabolizowana w szlaku Leloir, natomiast glukozy-6-P ulega przemianom w cyklu glikolitycznym. Inne, poza celobiozą, β -glukozydy (arbutyna, eskulina, salicyna) są katabolizowane przez specyficzny dla β -glukozydów system PTS, którego aktywność podlega aktywacji ze strony BglR i represji ze strony CcpA.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że w *L. lactis* IL1403 CelB, PtcA, PtcB i BglS są jedynymi białkami zaangażowanymi w transport, fosforylację i hydrolizę laktozy oraz, za wyjątkiem BglS, są również jedynymi białkami zaangażowanymi w transport i fosforylację celobiozy.

PUBLIKACJE: 1895/A, 1921/A, 1957/A, 1958/A, 1959/A, 1960/A, 1972/A, 1973/A, 1996/A, 89/M, 90/M, 2060/A, 2061/A, 2062/A, 2063/A, 2064/A, 2065/A, 3814, 3850, 3858

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach.

Zespół: doc. dr hab. Grażyna Dobrowolska, mgr Anna Kelner, mgr Izabela Pękala

Kontynuowano badania mające na celu wyjaśnienie mechanizmu aktywacji i funkcji kinazy białkowej NtOSAK, aktywowanej w roślinie w pierwszych minutach stresu osmotycznego. Wcześniejsze nasze badania wykazały zmiany fosforylacji Ser154 i Ser158 w pętli aktywacyjnej kinazy pod wpływem stresu osmotycznego. Fosforylacja ta jest

skorelowana z aktywnością kinazy. Wynik ten sugerował, że odwracalna fosforylacja jest odpowiedzialna za regulację aktywności NtOSAK w odpowiedzi rośliny na stres. Obecnie za pomocą mutagenезы ukierunkowanej wykazaliśmy, że faktycznie modyfikacja zidentyfikowanych seryn powoduje aktywację kinazy. Uzyskano w *E.coli* białka rekombinacyjne: formę dziką NtOSAK oraz zmutowaną, w której Ser 154 i Ser158 zastąpiono resztami Glu mimikującymi ufosforylowane reszty aminokwasowe. Analiza ich aktywności wykazała, że zmutowana forma enzymu w przeciwieństwie do formy dzikiej jest aktywna. Wynik ten był punktem wyjścia do konstrukcji linii transgeniczných tytoniu o zmienionej aktywności NtOSAK, w których NtOSAK jest konstytutywnie aktywny, lub nie posiada zupełnie aktywności. Badania te są obecnie prowadzone. Jeżeli zadanie to zakończy się powodzeniem i uzyskamy rośliny transgeniczne różniące się znacznie ekspresją i aktywnością NtOSAK, to ich morfologiczna i molekularna analiza posłuży nam do określenia funkcji tej kinazy w odpowiedzi rośliny na stres.

Rozpoczęliśmy poszukiwanie substratów i regulatorów aktywności NtOSAK za pomocą systemu dwuhybrydowego oraz koimmunoprecypitacji, używając w tym celu specyficznych przeciwciał anti-NtOSAK. Nasze wyniki wskazują, że syntetaza glutaminy (GS1) ko-immunoprecypituje z NtOSAK. Sklonowano cDNA kodujące GS1 z tytoniu, uzyskano ekspresję tego białka w *E.coli* oraz wykazano w badaniach *in vitro*, że białko to jest substratem NtOSAK. Celem obecnie prowadzonych badań jest sprawdzenie, czy GS1 jest endogennym substratem NtOSAK oraz jaki ma wpływ fosforylacja na aktywność i stabilność syntetazy.

Badano subkomórkową lokalizację NtOSAK. Wstępne wyniki wskazują, że enzym ten jest białkiem cytoplazmatycznym.

Najważniejszy wynik badawczy:

Uzyskanie konstytutywnie aktywnej formy kinazy białkowej NtOSAK poprzez zastąpienie reszt seryny 154 i 158 resztami kwasu glutaminowego.

PUBLIKACJE: 3861, 3891, 2030/A

Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek.

Zespół: dr Aleksandra Wysłouch-Cieszyńska, dr Małgorzata Adamczyk, mgr Małgorzata Bajor, mgr Monika Zaręba, mgr Katarzyna Piechota (urlop wychowawczy), Liliya Zhukova

Celem pracy zespołu w roku 2004 była kontynuacja projektu, który wyjaśni wpływ modyfikacji cystein w białkach S100A1 i S100B na oddziaływanie tych białek z receptorem RAGE oraz wewnątrzkomórkowym białkiem Cacy BP na poziomie strukturalnym, funkcjonalnym i proteomicznym. Wykazano, że modyfikacja cystein w białkach S100A1 i S100B pod wpływem małocząsteczkowych czynników utleniających nie tylko zależy od wiązania przez zredukowane białka takich metali jak wapń, cynk lub miedź, ale że modyfikacje następczo wpływają na zmianę stałych wiązania tych metali do białka. Stwierdzono, że zredukowane białko S100B w sposób specyficzny wiąże miedź z jednoczesną aktywacją tlenu, oddziaływanie z miedzią i tlenem jest modyfikowane przez

selektywną nitrozylację i glutationylację C-terminalnej cysteiny.

Zostały zinterpretowane wszystkie pomiary NMR niezbędne do określenia wpływu nitrozylacji na zmianę konformacji białka S100A1. Badania te wykazały, że nitrozylacja C-końcowej cysteiny wpływa na zmianę konformacji nie tylko w bezpośrednim otoczeniu tej cysteiny, ale również w odległych sekwencyjnie częściach białka, które są istotne w oddziaływaniu białka z jego partnerami w komórce. We współpracy z zespołem Prof. Jacka Otłewskiego prowadzone są badania wiązania metali, białka RAGE i Cacy BP do modyfikowanych białek S100 przy pomocy metod mikrokalorymetrycznych.

Opracowano metodę opartą na połączeniu HPLC, spektrometrii mas oraz trawienia enzymatycznego do określania miejsc nitrozylacji w białkach S100.

Modyfikacje redoksove cystein w białkach S100A1 i S100B wpływają na trzeciorzędową strukturę tych białek modyfikując oddziaływanie aktywność metalami aktywność takimi partnerami białkowymi jak zewnątrzkomórkowy receptor RAGE oraz wewnątrzkomórkowe białko Cacy BP.

PUBLIKACJE: 3817, 3892

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

Prowadzone prace są m.in. kontynuacją badań zmierzających do odnalezienia funkcjonalnego homologa antymutatorowego białka MutT (Nudix) w roślinach. Spośród licznej rodziny białek Nudix *Arabidopsis thaliana*, do dokładniejszej charakterystyki, wybrano roślinnego homologa ssaczego białka GFG. Białko GFG posiada zdolność do komplementowania funkcji białka MutT w bakteryjnych mutantach *mutT*. Wybrane białko *Arabidopsis*, określone przez nas symbolem AtNUDT4.1 nie komplementowało jednak mutacji *mutT* w komórkach *E. coli* jak również nie katalizowało hydrolizy mutagennego związku 8-oxodGTP, głównego substratu białka MutT. Spośród zastosowanych do reakcji enzymatycznych substratów najwydajniej przez białko AtNUDT4.1 hydrolizowana była ADP-ryboza. Stwierdzono także, że hydrolaza ta jest niewrażliwa na wysokie temperatury i może kompleksować z białkiem Hsp70, co sugeruje jej udział w odpowiedzi komórek na stres cieplny.

Innym białkiem scharakteryzowanym przez nas była Ap₄A hydrolaza z *A. thaliana*.

W części poświęconej badaniom udziału białka Ku 70 w transdukcji sygnału świetlnego w roślinach zmapowano domeny, w białkach Ku70 oraz fitochromie B, odpowiedzialne za wzajemne interakcje. Ponadto, przy zastosowaniu tzw. metody GST-pull down potwierdzono uzyskaną wcześniej, w drożdżowym systemie dwuhybrydowym, obserwację o wzajemnej interakcji pomiędzy tymi białkami.

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Sklonowanie, oczyszczenie i charakterystyka roślinnego, nowego białka Nudix hydrolizującego ADP-rybozę.
2. Sklonowanie, oczyszczenie i charakterystyka Ap₄A hydrolazy z *Arabidopsis thaliana*.
3. Potwierdzenie oddziaływań między białkiem Ku70 a fitochromem B.

4. Ustalenie domen w białku Ku 70 i fitochromie B odpowiedzialnych za interakcje między tymi białkami.

PUBLIKACJE: 1941/A, 1938/A

Temat nr 53: Zastosowanie metod bioinformatyki do analizy genomów.

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

W roku 2004 kontynuowano prace nad systemem informatycznym wspomagającym projekt sekwencjonowania cDNA kury (*Gallus gallus*) oraz wykonano analizę transkryptów. W ścisłej współpracy z „International Chicken Genome Consortium” wykonano porównanie sekwencji cDNA oraz genomowego DNA. Wyniki tych porównań zostały wykorzystane do weryfikacji algorytmów znajdowania genów. Wykonano także analizę istotności statystycznej różnic w poziomie ekspresji genów oszacowanych metodą SAGE.

Opracowano model domeny wiążącej DNA czynnika transkrypcyjnego CysB z *Escherichia coli*. Analizowano także strukturę C-końcowej domeny podjednostki alfa polimerazy RNA. Na powierzchni obu białek zidentyfikowano aminokwasy mogące uczestniczyć w ich oddziaływaniu na promotorze *cysP*. Wyniki zostały wykorzystane do analizy i interpretacji danych doświadczalnych.

Przeanalizowano mutację w glikozylazie OGG1 zaobserwowaną w materiale klinicznym pobranym od pacjentów z nowotworami płuc. Stwierdzono, że obserwowana mutacja dotyczy silnie konserwowanej pozycji w sekwencjach białek OGG1. Analiza struktury OGG1 wykazała, że zmutowany aminokwas leży w pobliżu centrum wiązania 8-okso-guaniny. Analiza teoretyczna przewiduje zmniejszoną aktywność zmutowanego enzymu, co zostanie sprawdzone eksperymentalnie przez grupę doc. dr hab. Barbary Tudek.

Najważniejszy wynik badawczy:

1. Oszacowanie jakości anotacji transkryptów w genomie kury dla „International Chicken Genome Consortium”.
2. Identyfikacja aminokwasów uczestniczących w oddziaływaniu czynnika transkrypcyjnego CysB i C-końcowej domeny podjednostki alfa polimerazy RNA.
3. Przewidywania dotyczące roli mutacji w białku OGG1 związanej z rakiem płuc.

PUBLIKACJE: 3819, 3853, 3893, 3896, 3898

ś

Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie.

Zespół: doc dr hab. Wojciech Bal, mgr Maciej Maciejczyk, dr Małgorzata Adamczyk (1/2 etatu), doktoranci: mgr Edyta Kopera, mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk, mgr Magdalena Sokołowska (Uniwersytet Wrocławski).

Kontynuowano realizację 3 grantów MNiI przyznanych w r. 2003, współpracę z jednym ośrodkiem krajowym (Wydział Chemii U. Wr.) oraz trzema zagranicznymi. W ramach grantu zamawianego nr PBZ-MIN-007/P04/01, poświęconego nowej metodzie odcinania etykiety powinowactwa, scharakteryzowaliśmy parametry reakcji dla modeli peptydowych i otrzymaliśmy białka testowe. W grantie nr 3 T09A 009 26 opisaliśmy mechanizmy uszkodzenia palca cynkowego XPA przez jony Co(II) i Cd(II) jako potencjalne

mechanizmy karcynogenezy metali (3879). Pracę tą, jak i badania uszkodzeń palców cynkowych przez związki selenu (3854), wykonano we współpracy z grupą prof. Andrei Hartwig (dawniej U. Karlsruhe, obecnie TU Berlin). W grantie promotorskim nr 4 T09A 129 25 (, U. Wr.) zbadaliśmy związek pomiędzy wiązaniem jonu Cu(II) i aminokwasów do cząsteczki albuminy człowieka. W badaniach z zakresu rozprawy doktorskiej Artura Krężela (U. Wr.) uzyskaliśmy wzór, umożliwiający bezpośrednie wyznaczenie stałych kwasowych dla H₂O z pomiarów w D₂O (3816), a także opisaliśmy oddziaływania nitrozoglutationu z jonami metali (3824). We współpracy z prof. M. Jeżowską-Bojczuk (U. Wr.) i dr K. S. Kasprzakiem (NCI at Frederick) zbadaliśmy wiązanie Ni(II) do dGMP i reaktywność kompleksów z punktu widzenia karcynogenezy niklu (3876). Przedstawiliśmy również opis wiązania Zn(II) do sekwencji wiążącej histonu H2A (3855). We współpracy z grupą dr A. Wysłouch-Cieszyńskiej opisaliśmy nowe oddziaływania białka S100B z jonami metali i czynnikami redokсовymi (3892).

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalono związek między sekwencją peptydu i jego podatnością na hydrolizę zależną od niklu w bibliotece ponad 700 wariantów peptydów.

PUBLIKACJE: 3816, 3824, 3854, 3855, 3876, 3879, 3892, 3901

Sprawozdanie z działalności Szkoły Biologii Molekularnej/Studium Doktoranckiego przy IBB PAN w roku 2003 (temat statutowy nr 31)

Kierownik Studium: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk

Kierownictwo z ramienia Dyrekcji IBB PAN:

prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz i doc. dr hab. Piotr Jończyk

Recenzenci przebiegu studiów doktoranckich:

Prof. Prof. dr hab. Magdalena Boguta, Danuta Hulanicka, Grażyna Muszyńska, Joanna Rytka, Kazimierz L. Wierzchowki, doc. doc. dr hab. Grażyna Dobrowolska, Grażyna Burdzy, Iwona Fijałkowska, Agnieszka Sirko i Teresa Żołądek.

Na studiach doktoranckich w IBB PAN zarejestrowano 80 osób. Rok 1-szy (od 1-szego października) 20 osób, 2-gi 117, 3-ci 15, 4-ty 10 osób. 15-tu doktorantów przedłużyło studia na rok 5-ty. Ponadto zatrudniono na etatach asystentów i biologów 57 osób z wyższym wykształceniem. Osoby te wraz z doktorantami wchodzi w skład słuchaczy Szkoły Biologii Molekularnej (SBM).

Stopień doktora w roku 2004 otrzymało: **11-tu** doktorantów.

Działalność dydaktyczna:

W okresie sprawozdawczym doktoranci wzięli udział w międzynarodowym kursie zorganizowanym przez Z-d Bioinformatyki i Centrum Doskonałości IBB PAN na temat:

Bioinformatics, Metabolism Pathways and Structural Biology – intensive course. Mieli również okazję wysłuchania cyklu wykładów w IBBPAN z zakresu Biotechnologii.

Część doktorantów uczestniczyła również w wykładach zorganizowanych przez Instytut Nenckiego oraz w Międzynarodowych Szkołach Letnich.

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 (recenzenci doktorantów).

Osiągnięcia naukowe doktorantów: Alicja Winczura i Marek KomisarSKI, doktoranci z Z-du Biologii Molekularnej IBB, otrzymali w drodze konkursu projektów badawczych stypendia doktoranckie Prezesa PAN.

28 doktorantów jest współautorami pełnych prac naukowych opublikowanych w roku 2004 oraz **61** 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 5000 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

W roku sprawozdawczym SBM/Studium Doktoranckie otrzymało status Międzynarodowego Studium Doktoranckiego i związany z tym grant Ministerstwa Nauki w wysokości **200 000** 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.

Sprawozdanie z Funduszu kierowanego przez Komisję Wspomagania Współpracy Naukowej z Zagranicą Rady Naukowej IBB w roku 2004

Przewodniczący: prof. dr hab. Przemysław Szafranski

W ramach funduszu kierowanego przez Komisję Wspomagania Współpracy Naukowej z Zagranicą Rady Naukowej IBB w roku 2004 pracowało w Instytucie 10 osób. Ośmiu stypendystów z Instytutu Biologii Molekularnej i Genetyki UAN w Kijowie, 1 osoba z Instytucji Wydawniczej „Świat Fizyki” we Lwowie oraz 1 osoba z Naukowego Centrum Biotechnologii Rolnictwa w Tbilisi.

Były to stypendia długoterminowe w większości 9 -12 miesięczne oraz 2-3 miesięczne.

Współpraca stypendystów jest udokumentowana wspólnymi publikacjami np. w Eur. J. Bioch., FEBS Letters oraz 2nd EPSO Conference „Interactions in Plant Biology: cells, plants and communities” (Ischia, Italy).

Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej

Koordynacja: Prof. Andrzej Rabczenko

W ramach działalności Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej w okresie od stycznia do grudnia 2004, IBB PAN odwiedziło 22 naukowców z Unii Europejskiej, a także 110 naukowców z IBB wyjechało do europejskich laboratoriów lub wzięło udział w konferencjach i krótkich wizytach roboczych.

Organizacja spotkań, warsztatów i konferencji:

1. Spotkanie Rady Naukowej CEMB (8 – 9 maja 2004), która oceniła roczną działalność Centrum (uczestników 20, finansowanych 6).
2. Workshop “Bioinformatics Course, Metabolic Pathways and Structural Biology” zorganizowany przez CEMB we współpracy z Centrum Doskonałości MAMBA w dniach 13 – 19 maja 2004. Kurs był skierowany do studentów studiów doktoranckich (30 uczestników).
3. 29th Congress of Federation of European Biochemical Societies (FEBS 2004), 26.06 – 1.07.2004, Warszawa. CEMB współpracowało przy organizacji kongresu oraz finansowało koszty pobytu i podróży 24 spośród 105 zaproszonych wykładowców.
4. Konferencja „Comparative Genomics for Health and Environment” połączona z sesją sprawozdawczą oraz obchodami 50-lecia Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN, która odbyła się w dniach 26 – 29.11.2004 r. CEMB było jednym ze sponsorów konferencji; między innymi pokryło koszty podróży 5 zaproszonych gości zagranicznych i koszty wynajmu sal konferencyjnych.

CEMB administruje również program stypendialny Marie Curie Training Site (w ramach 5PR), skierowany do studentów studiów doktoranckich z krajów UE (w r. 2004 przyjęto pięcioro stypendystów). W roku 2004 r. CEMB złożyło wniosek do Komisji Europejskiej o następny program stypendialny Marie Curie – Early Stage Training w ramach 6PR.

Środowiskowe laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

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 w roku 2004 następująco:

Kierownik projektu	Instytucja	Czas przyrządu (h)	
		400 MHz	500 MHz
prof. Ryszard Stolarski	Wydział Fizyki UW	294	336
dr Sylwia Rodziewicz-Motowidło	Uniwersytet Gdański	--	144
prof. Krzysztof Rolka	Uniwersytet Gdański	--	192
prof. Adam Gryff-Keller	Politechnika Warszawska	24	84
prof. E. Mayzner-Zawadzka	Akademia Medyczna, Warszawa	--	264
prof. Helena Dodziuk	I.Ch.F. PAN, Warszawa	396	270
prof. Jan Izdebski	Wydział Chemii, UW	--	72
dr hab. Wiktor Koźmiński	Wydział Chemii, UW	360	360
prof. Andrzej Gamian	I.I.T.D. PAN, Wrocław	348	--
prof. Peter Bayer	MPI Dortmund, Niemcy	--	432
prof. Kulikowski	IBB	576	396
dr Wysłouch-Cieszyńska	IBB	120	--
prof. Jarosław Kuśmierek	IBB	130	--
prof. Ewa Świeżewska	IBB	150	408
doc. Wojciech Bal	IBB	740	384
doc. Krystyna Grzelak	IBB	--	155
dr Jarosław Poznański	IBB	72	--
	<i>Usługi-zlecenia razem</i>	3210	3497
Prace własne		3772	3920
Nowe techniki, szkolenia		240	--
Konserwacja, uzupełnianie ciekłego helu i azotu		150	150
Awarie		210	840
Wykorzystanie czasu w godzinach		7582	8407
Wykorzystanie czasu w procentach		86 %	96 %

Zgodnie ze swoimi zadaniami statutowymi w Laboratorium wykonywano pomiary widm MRJ dla zakładów IBB oraz szeregu laboratoriów spoza instytutu. Wykorzystanie czasu pracy spektrometru 500 MHz wynosiło 96% a spektrometru 400 MHz – 86%.

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów – działalność usługowa

W ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 2 970 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 377 5 869 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 650bp daje 3 814 850 zasad.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

		Ilość matryc	Ilość oligonukleotydów
1.	Zakład Genetyki	567	167
2.	Zakład Biochemii Drobnoustrojów	1863	685
3.	Zakład Biosyntezy Białka	616	266
4.	Zakład Biochemii Roślin	285	237
5.	Zakład Biofizyki	160	145
6.	Zakład Biologii Molekularnej	36	89
7.	Zakład Genetyki UW	1528	929
8.	Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA	429	128
9.	Pracownia Glikobiologii Grzybów	115	75
10.	Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	270	249

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 Medyczna w Bydgoszczy
3. Akademia Techniczno-Rolnicza Wydział Rolniczy
4. Akademia Medyczna - Samodzielna Pracownia Endokrynologii i Diagnostyki Laboratoryjnej w Gdańsku
5. Bio-Diagnostyka sp. z o.o. Gdańsk
6. DNA Gdańsk s. c.
7. EURx sp. z o.o. w Gdańsku
8. Izba Celną w Gdańsku
9. Miedzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG-AMG
10. Politechnika Gdańska
11. Samodzielny Publiczny Szpital Kliniczny AM Nr 2 w Gdańsku
12. Uniwersytet Gdański Katedra Biochemii
13. Katedra Zoologii Bezkręgowców Uniwersytet Gdański
14. Morski Instytut Rybacki w Gdyni
15. Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej PAN - Gołysz
16. Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN- Jastrzębiec
17. Śląska Akademia Medyczna w Katowicach
18. Akademia Świętokrzyska im. Jana Kochanowskiego w Kielcach
19. Świętokrzyskie Centrum Onkologii
20. Instytut Dendrologii PAN - Kórnik
21. Collegium Medicum Uniwersytet Jagielloński - Kraków
22. Instytut Biologii Molekularnej Uniwersytet Jagielloński - Kraków
23. Instytut Farmakologii w Krakowie
24. Instytut Ochrony Przyrody - Kraków
25. Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN w Krakowie

26. Instytut Zootechniki w Krakowie
27. Katedra Genetyki, Hodowli i Nasiennictwa - Akademia Rolnicza w Krakowie
28. Akademia Medyczna w Lublinie
29. Akademia Rolnicza w Lublinie, Wydział Biologii i Hodowli Zwierząt
30. Akademia Rolnicza w Lublinie, Wydział Medycyny Weterynaryjnej
31. Katolicki Uniwersytet Lubelski
32. Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie
33. Centrum Badań Molekularnych i Makromolekularnych PAN w Łodzi
34. Centrum Biologii Medycznej i Mikrobiologii PAN w Łodzi
35. Centrum Mikrobiologii i Wirusologii PAN w Łodzi
36. Instytut Medycyny Pracy w Łodzi
37. Politechnika Łódzka, Wydział Chemii Spożywczej i Biotechnologii
38. Szpital Kliniczny nr 3 Samodzielny Akademicki Publiczny ZOZ w Łodzi
39. Uniwersytet Medyczny w Łodzi
40. Zakład Genetyki Drobnoustrojów Uniwersytet Łódzki
41. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Młochowie
42. Instytut Rozrodu Zwierząt i Badań Żywności PAN Olsztynie
43. Uniwersytet Warmińsko - Mazurski
44. Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Olsztynie
45. Uniwersytet Opolski
46. Akademia Ekonomiczna - Poznań
47. Akademia Medyczna im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
48. Akademia Rolnicza w Poznaniu
49. Akademia Wychowania Fizycznego im. Eugeniusza Piaseckiego w Poznaniu
50. Centrum Alergologii dr med. Teresa Hoffman – Poznań
51. Instytut Chemii Bioorganicznej w Poznaniu
52. Instytut Genetyki Człowieka PAN - Poznań
53. Instytut Genetyki Roślin w Poznaniu
54. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Oddział Poznań
55. Instytut Ochrony Roślin w Poznaniu
56. Prywatny Gabinet Lekarski Lek. Ewa Matuszewska - Poznań
57. Samodzielny Publiczny Szpital Kliniczny nr 2 - Poznań
58. Wielkopolska Hodowla Buraka Cukrowego sp. z o.o.
59. Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Poznaniu
60. Wydział Biologii Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
61. Biowet Puławy sp. z o.o. w Puławach
62. Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Puławach
63. Państwowy Instytut Weterynaryjny- Puławy
64. Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii w Puławach
65. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie
66. Akademia Podlaska Instytut Bioinżynierii i Hodowli Zwierząt w Siedlcach
67. Instytut Sadownictwa i Kwiaciarstwa w Skierniewicach
68. Instytut Warzywnictwa w Skierniewicach
69. Pomorska Akademia Pedagogiczna w Słupsku
70. Instytut Oceanologii PAN - Sopot
71. Akademia Rolnicza w Szczecinie
72. Pomorska Akademia Medyczna w Szczecinie
73. Uniwersytet Szczeciński
74. Główny Inspektorat Inspekcji Ochrony Roślin i Nasiennictwa w Szczecinie
75. Instytut Biologii Ogólnej i Molekularnej Uniwersytet im. M. Kopernika w Toruniu

76. Adamed sp. z o.o. Pieńków
77. Akademia Medyczna w Warszawie
78. Centralne Laboratorium Surowic i Szczepionek w Warszawie
79. Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego w Warszawie
80. Centrum Onkologii-Instytut im Marii Skłodowskiej-Curie w Warszawie
81. Fundacja na Rzecz Chorych z Chorobami Krwi - Warszawa
82. Instytut Badań DNA sp. z o.o. w Warszawie
83. Instytut Badawczy Leśnictwa - Warszawa
84. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego w Warszawie
85. Instytut Biotechnologii i Antybiotyków
86. Instytut Centrum Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN w Warszawie
87. Instytut Gruźlicy i Chorób Płuc w Warszawie
88. Instytut Hematologii i Transfuzjologii w Warszawie
89. Instytut Kardiologii - Warszawa
90. Instytut Leków - Warszawa
91. Instytut Matki i Dziecka w Warszawie
92. Instytut Parazytologii PAN - Warszawa
93. Instytut Reumatologiczny w Warszawie
94. Instytut Żywności i Żywienia - Warszawa
95. Krzysztof Kucharczyk - Techniki Elektroforetyczne
96. Labgen w Warszawie
97. Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej - Warszawa
98. Medigen - Warszawa
99. Muzeum i Instytut Zoologii PAN - Warszawa
100. Uniwersytet Warszawski
101. Państwowy Zakład Higieny Instytut Naukowo-Badawczy w Warszawie
102. Polskie Towarzystwo Kardiologiczne w Warszawie
103. SGGW AR
104. Wojewódzki Szpital Zakaźny ul. Wolska 37 Warszawa
105. Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii w Warszawie
106. Wojskowy Instytut Medyczny w Warszawie
107. Zakład Biologii Antarktyki PAN w Warszawie
108. Akademia Medyczna we Wrocławiu
109. Akademia Rolnicza - Wrocław
110. Genet Research sp. z o.o. Wrocław
111. Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN Wrocław
112. Uniwersytet Wrocławski
113. Państwowy Instytut Weterynaryjny Zakład Pryszczy - Zduńska Wola
114. Instytut Biotechnologii i Ochrony Środowiska Uniwersytet Zielonogórski
115. Liga Ochrony Przyrody Zarząd Okręgu - Zielona Góra

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. 1000 identyfikacji składu białkowego próbek i ok. 1500 oznaczeń mas cząsteczkowych. Lista użytkowników Laboratorium 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.

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 ul osocza można uzyskać wysokiej złożoności mapy peptydów, zawierające kilka tysięcy sygnałów peptydowych. Mapy takie mogą stać się podstawą nowych procedur diagnostycznych dla medycyny. Wykonano serię pomiarów map peptydomu osocza grupy 44 osób z rodzin dotkniętych mukowiscydozą. Analiza porównawcza tych map jest w toku.

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

SEMINARIA INSTYTUTOWE

06.01.2004

Dr Anna Boguszewska-Chachulska /Zakład Biosyntezy Białka/
Jak zahamować replikację wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV)?

13.01.2004

Prof. Piotr Stępień /Zakład Genetyki UW/
Ludzkie mitochondria.

20.01.2004

Mgr Jacek Nowak /Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów/
Kompletna sekwencja chromosomu *Paramecium tetraurelia*.

10.02.2004

Dr Jacek Wójcik /Laboratorium NMR/
"Niecenzuralne" wiązania wodorowe w biomolekułach.

16.02.2004

Prof. Fotis Kafatos /European Molecular Biology Laboratory, Heidelberg, Germany/
EMBL: Past, Present and Future.

24.02.2004

Dr Wojciech Bal /Zakład Biofizyki/
Chemia i biochemia oddziaływań nitrozoglutationu z jonami metali.

02.03.2004

Mgr Anna Kupniewska-Kozak /Zakład Biofizyki/
Struktura oligomerów peptydu Alzheimerowskiego A β .

09.03.2004

Mgr Joanna Towpik /Zakład Genetyki/
Terminacja translacji mitochondrialnej u drożdży.

11.03.2004

Prof. Edward A. Gwóźdź /Uniwersytet Adama Mickiewicza, Poznań/
Tlenek azotu-nowy fitohormon? Rola w procesach wzrostowych oraz w odpowiedzi roślin na warunki stresowe.

16.03.2004

Mgr Sebastian Piłsyk /Zakład Genetyki/
Genetyka i biologia molekularna asymilacji siarczanu przez grzyb *Aspergillus nidulans*.

23.03.2004

Mgr Lidia Polkowska-Kowalczyk /Zakład Biochemii Roślin/
Indukcja wczesnych reakcji obronnych w komórkach *Solanum* wywołanych infekcją patogena *Phytophthora infestans*.

30.03.2004

Mgr Maksymilian Zienkiewicz /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/
Analiza sekwencji plazmidu p1658/97, kodującego β -laktamazę o szerokim spektrum działania.

06.04.2004

Dr Paweł Siedlecki /Zakład Bioinformatyki/
Modelowanie ludzkiej metylotransferazy I i poszukiwanie jej specyficznych inhibitorów.

27.04.2004

Mgr Grzegorz Wieczorek /Zakład Bioinformatyki/
Wpływ tłoku molekularnego na kinetykę oddziaływań białko-białko.

04.05.2004

Dr Marcin Grynberg /Zakład Genetyki/
Wąglik w kontekście.

18.05.2004

Mgr Karina Solecka /Zakład Biosyntezy Białka/
Struktura drugorzędowa 5' UTR mRNA genu arginazy (agaA) z *Aspergillus*.

25.05.2004

Mgr Tomasz Obtulowicz /Zakład Biologii Molekularnej/
Niestabilność genetyczna w nowotworach jelita grubego.

26.05.2004

Dr Tomasz Wilanowski /Bone Marrow Research Laboratories, Royal Melbourne Hospital, USA/
Ziarnista głowa, skręcony ogon, rozszczep kręgosłupa i "Nature Medicine".

01.06.2004

Mgr Katarzyna Arczewska /Zakład Biologii Molekularnej/
Uszkodzenia komórkowej puli nukleotydów - rola w mutagenezie i kancerogenezie.

08.06.2004

Dr Krzysztof Felczak /Pracownia Antymetabolitów/
Sprawozdanie ze stażu naukowego w USA- aldolaza 7,8-dihydroneopteryny.

15.06.2004

Mgr Magdalena Banach-Orłowska /Pracownia Mutagenezy i Reperacji DNA/
Udział polimerazy II DNA w replikacji chromosomu *Escherichia coli*.

16.06.2004

Dr Pierre Hainaut /International Agency for Research on Cancer, Lyon, Francja/
TP53 mutation patterns in cancers: interplay between mutagenesis and selection.

21.06.2004

Dr Ana Rojas /Centro Nacional de Biotecnología, Campus Universidad Autónoma, Madrid, Spain/
Bridging Bioinformatics to Biology: Some Examples

22.06.2004

Mgr Marta Kwapisz /Zakład Genetyki/
Czynniki wpływające na dokładność translacji u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

13.07.2004

Prof. Andrei Lupas /Max Planck Institute for Developmental Biology, Tübingen, Germany/
On the evolution of proteins from peptides.

20.07.2004

Mgr Aleksander Masny /Instytut Biotechnologii i Antybiotyków/
Dwie nowe metody różnicowania szczepów bakteryjnych.

05.10.2004

Prof. Aleksander Włodawer /NCI-Frederick, USA/
Road to Rio: structural studies of an unusual family of serine protein kinases.

12.10.2004

Prof. Oswaldo Trelles /Computer Architecture Department, University of Malaga, Hiszpania/
Bioinformatics for gene expression data processing.

20.10.2004

Prof. Andrzej Rabczenko /Instytut Biochemii i Biofizyki/
Konstrukcja rybosomu: koncepcja chaosu, koncepcja zamysłu. Filmy Ady Yonath.

18.10.2004

Dr Jagadeesan Nair /German Cancer Research Center, Heidelberg, Germany/
Lipid peroxidation induced DNA damage in human liver carcinogenesis.

26.10.2004

Mgr Klaudia Kuranda /Pracownia Glikobiologii Grzybów/
Białko Yta7 i jego znaczenie dla integralności ściany komórkowej drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

02.11.2004

Mgr Katarzyna Brzeska /Zakład Biosyntezy Białka/
Functional properties and intracellular localisation of major protein subunits of chromatin remodeling complexes in *Arabidopsis*.

09.11.2004

Mgr Marta Oleszczuk /Laboratorium NMR/
Konformacja i dynamika fragmentów białek wiążących jony wapnia.

16.11.2004

Dr Monika Góra /Zakład Genetyki/
Lokalizacja głównych konformacyjnych epitopów peroksydazy tarczycowej (TPO).

23.11.2004

Prof. Magdalena Rakowska-Boguta /Zakład Genetyki/
Maf1, a negative effector of RNA Polymerase III.

30.11.2004

Mgr Jacek Sikora /Laboratorium Spektrometrii Mas/
Wpływ obecności prionu [PSI] na białka mitochondrialne drożdży. Totalna analiza proteomiczna.

07.12.2004

Mgr Adam Wawrzyński /Zakład Biochemii Roślin/
Rola tioli w akumulacji i tolerancji kadmu w roślinach - kolejny kawałek układanki.

14.12.2004

Mgr Maciej Maciejczyk /Zakład Biofizyki/
Energia swobodna propagacji helisy w krótkich łańcuchach polialaninowych wyznaczona metodą symulacji wzrostu modelowych peptydów wiążących jony La^{3+} .

Lista publikacji za 2004 rok

ARTYKUŁY

3812

KARST, F. PŁOCHOCKA, D. MEYER, S. SZKOPIŃSKA, A.
Farnesyl diphosphate synthase activity affects ergosterol level and proliferation of yeast *Saccharomyces cerevisiae*.
Cell Biol. Int. (2004) **28** 193-197
pkt. 6

3813

WÓJCIK, J. KAMIEŃSKA-TRELA, K. PECUL, M. BARTOSZAK-ADAMSKA, E.
VDOVIENKO, S.I. GERUS, I.I.
Improper hydrogen C-H...O bonds cause self-association of α,β -enaminoketones containing fluorosubstituted alkyl groups.
ChemPhysChem (2004) **5** 209-215

3814

DOMAŃ-PYTKA, M. RENAULT, P. BARDOWSKI, J.
Gene-cassette for adaptation of *Lactococcus lactis* to a plant environment.
Lait (2004) **84** 33-37
pkt. 16

3815

GRABOWSKA, D. JABŁOŃSKA-SKWIECIŃSKA, E. PŁOCHOCKA, D.
CHEŁSTOWSKA, A. LEWANDOWSKA, I. WITOS, I. MAJEWSKA, Z. ROKICKA-MILEWSKA, R. BURZYŃSKA, B.
A novel mutation in the glucose-6-phosphate dehydrogenase gene in a subject with chronic nonspherocytic hemolytic anemia-characterization of enzyme using yeast expression system and molecular modeling.
Blood Cell. Mol. Dis. (2004) **32** 124-130
pkt. 21

3816

KREŻEL, A. BAL, W.
A formula for correlating pK_a values determined in D_2O and H_2O .
J. Inorg. Biochem. (2004) **98** 161-166
pkt. 11

3817

DĘBSKI, J. WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA, A. DADLEZ, M. GRZELAK, K.
KŁUDKIEWICZ, B. KOŁODZIEJCZYK, R. LALIK, A. OŻYHAR, A. KOCHMAN, M.
Positions of disulfide bonds and N-glycosylation site in juvenile hormone binding protein.
Arch. Biochem. Biophys. (2004) **421** 260-266
pkt. 16

3818

GABIG-CIMINSKA, M. LOS, M. HOLMGREN, A. ALBERS, J. CZYŻ, A. HINTSCHE, R.
WĘGRZYN, G. ENFORS, S.-O.
Detection of bacteriophage infection and prophage induction in bacterial cultures by means of electric DNA chips.
Anal. Biochem. (2004) **324** 84-91
pkt. 16

3819

PUCHAŁKA, J. KIERZEK, A.M.

Bridging the gap between stochastic and deterministic regimes in the kinetic simulations of the biochemical reaction networks.

Biophys. J. (2004) **86** 1357-1372

pkt. 21

3820

DODZIUK, H. KOŹMIŃSKI, W. EJCHART, A.

NMR studies of chiral recognition by cyclodextrins.

Chirality (2004) **16** 90-105

pkt. 16

3821

ANTOSIEWICZ, D.M. HENNIG, J.

Overexpression of *LCTI* in tobacco enhances the protective action of calcium against cadmium toxicity.

Environ. Pollut. (2004) **129** 237-245

pkt. 16

3822

DZIERZBICKI, P. KOPROWSKI, P. FIKUS, M.U. MALC, E. CIEŚLA, Z.

Repair of oxidative damage in mitochondrial DNA of *Saccharomyces cerevisiae*: involvement of the *MSH1*-dependent pathway.

DNA Repair (2004) **3** 403-411

pkt. 21

3823

BRETNER, M. SCHALINSKI, S. HAAG, A. LANG, M. SCHMITZ, H. BAIER, A.

BEHRENS, S-E. KULIKOWSKI, T. BOROWSKI, P.

Synthesis and evaluation of ATP-binding site directed potential inhibitors of nucleoside triphosphatases/helicases and polymerases of hepatitis C and other selected *Flaviviridae* viruses.

Antivir. Chem. Chemoth. (2004) **15** 35-42

pkt. 21

3824

KREŻEL, A. BAL, W.

Contrasting effects of metal ions on S-nitrosoglutathione, related to coordination equilibria: GSNO decomposition assisted by Ni(II) vs stability increase in the presence of Zn(II) and Cd(II).

Chem. Res. Toxicol. (2004) **17** 392-403

pkt. 21

3825

GOLIK, P. ZWOLIŃSKA, U. STĘPIEŃ, P.P. LAZOWSKA, J.

The *SUV3* gene from *Saccharomyces douglasii* is a functional equivalent of its *Saccharomyces cerevisiae* orthologue and is essential for respiratory growth.

FEMS Yeast Res. (2004) **4** 477-485

3826

WYSOCKA, M. RYTKA, J. KURLANDZKA, A.

Saccharomyces cerevisiae *CSM1* gene encoding a protein influencing chromosome segregation in meiosis I interacts with elements of the DNA replication complex.

Exp. Cell Res. (2004) **294** 592-602

pkt. 21

3827

JERZMANOWSKI, A.J.

The linker histones.

In: **Chromatin Structure and Dynamics: State-of-the-Art**. Ed. J. Zlatanova and S.H.

Leuba. Elsevier (2004) 77-102

pkt. 10

3828

TRZEPALKA, E. OLESZCZUK, M. MACIEJCZYK, M. LAMMEK, B.

Solution structure of conformationally restricted vasopressin analogues.

Acta Biochim. Pol. (2004) **51** 33-49

pkt. 6

3829

GROMADKA, R. KARKUSIEWICZ, I. REMPOŁA, B. RYTKA, J.

Functional and physical interactions of Krr1p, a *Saccharomyces cerevisiae* nucleolar protein.

Acta Biochim. Pol. (2004) **51** 173-187

pkt. 6

3830

PAWŁOWSKI, P.H. ZIELENKIEWICZ, P.

Biochemical kinetics in changing volumes.

Acta Biochim. Pol. (2004) **51** 231-243

pkt. 6

3831

TOWPIK, J. CHACIŃSKA, A. CIEŚLA, M. GINALSKI, K. BOGUTA, M.

Mutations in the yeast *MRF1* gene encoding mitochondrial release factor inhibit translation on mitochondrial ribosomes.

J. Biol. Chem. (2004) **279** 14096-14103

pkt. 21

3832

GABIG-CIMINSKA, M. HOLMGREN, A. ANDRESEN, H. BUNDEVIG BARKEN, K.

WÜMPPELMANN, M. ALBERS, J. HINTSCHE, R. BREITENSTEIN, A. NEUBAUER, P.

LOS, M. CZYŻ, A. WĘGRZYN, G. SILFVERSPARRE, G. JÜRGEN, B. SCHWEDER, T.

ENFORS, S.-O.

Electric chips for rapid detection and quantification of nucleic acids.

Biosens. Bioelectron. (2004) **19** 537-546

pkt. 21

3833

ZMUDZKA, K. NAWROT, B. CHOJNACKI, T. STEC, W.J.

An oxathiaphospholane approach to one-pot phosphorothioylation of isoprenoid alcohols.

Org. Lett. (2004) **6** 1385-1387

3834

KOWALCZYK, P. CIEŚLA, J.M. KOMISARSKI, M. KUŚMIEREK, J.T. TUDEK, B.

Long-chain adducts of *trans*-4-hydroxy-2-nonenal to DNA bases cause recombination, base substitutions and frameshift mutations in M13 phage.

Mutat. Res. - Fund. Mol. M. (2004) **550** 33-48

pkt. 21

3835

SZOŁAJSKA, E. POZNAŃSKI, J. FERBER, M.L. MICHALIK, J. GOUT, E. FENDER, P. BAILLY, I. DUBLET, B. CHROBOCZEK, J.

Poneratoxin, a neurotoxin from ant venom. Structure and expression in insect cells and construction of a bio-insecticide.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** 2127-2136

pkt. 16

3836

BRZESKI, J.B. JERZMANOWSKI, A.J.

Plant chromatin - epigenetics linked to ATP-dependent remodeling and architectural proteins.

FEBS Lett. (2004) **567** 15-19

pkt. 21

3837

BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M. KRAWCZYK, M. STANKIEWICZ, A. GOZDEK, A. HAENNI, A.-L. STROKOVSKAYA, L.

Direct fluorometric measurement of hepatitis C virus helicase activity.

FEBS Lett. (2004) **567** 253-258

pkt. 21

3838

KARKUSIEWICZ, I. REMPOŁA, B. GROMADKA, R. GRYNBERG, M. RYTKA, J.

Functional and physical interactions of Faf1p, a *Saccharomyces cerevisiae* nucleolar protein.

Biochem. Bioph. Res. Co. (2004) **319** 349-357

pkt. 21

3839

NOWOSIELSKA, A. JANION, C. GRZESIUK, E.

Effect of deletion of SOS-induced polymerases, Pol II, IV, and V, on spontaneous mutagenesis in *Escherichia coli mutD5*.

Environ. Mol. Mutagen. (2004) **43** 226-234

pkt. 21

3840

KOPAŃSKA (née ZASTĄPIŁO), K. NAJDA, A. ŻEBROWSKA, J. CHOMICZ, L. PIEKARCZYK, J. MYJAK, P. BRETNER, M.

Synthesis and activity of 1*H*-benzimidazole and 1*H*-benzotriazole derivatives as inhibitors of *Acanthamoeba castellanii*.

Bioorgan. Med. Chem. (2004) **12** 2617-2624

pkt. 16

3841

ZUBEREK, J. JEMIELITY, J. JABŁONOWSKA, A. STĘPIŃSKI, J. DADLEZ, M. STOLARSKI, R. DARZYŃKIEWICZ, E.

Influence of electric charge variation at residues 209 and 159 on the interaction of eIF4E with the mRNA 5' terminus.

Biochemistry (2004) **43** 5370-5379

pkt. 21

3842

KUBAŃ, W. JONCZYK, P. GAWĘŁ, D. MALANOWSKA, K. SCHAAPER, R.M. FIJAŁKOWSKA, I.J.

Role of *Escherichia coli* DNA polymerase IV in In Vivo replication fidelity.

J. Bacteriol. (2004) **186** 4802-4807

pkt. 21

3843

PIWOWARSKI, J. DZIEMBOWSKI, A. DMOCHOWSKA, A. MIŃCZUK, M. TOMECKI, R. GEWARTOWSKI, K. STĘPIEŃ, P.P.

RNA degradation in yeast and human mitochondria.

Toxicol. Mech. Method. (2004) **14** 53-57

3844

LORENC, A. BRYK, J. BARTNIK, E.

Mitochondrial DNA in tumors.

Toxicol. Mech. Method. (2004) **14** 85-90

3845

LORENC, A. TOŃSKA, K. KABZIŃSKA, D. BARTNIK, E.

Mitochondrial DNA in polish centenarians.

Toxicol. Mech. Method. (2004) **14** 91-95

3846

GAGLIARDI, D. STĘPIEŃ, P.P. TEMPERLEY, R.J. LIGHTOWLERS, R.N.

CHRZANOWSKA-LIGHTOWLERS, Z.M.A.

Messenger RNA stability in mitochondria: different means to an end.

Trends Genet. (2004) **20** 260-267

pkt. 21

3847

KAMIŃSKA-TRELA, K. WÓJCIK, J.

Applications of spin-spin couplings.

A Specialist Periodical Report. Nuclear Magnetic Resonance. Senior reporter G.A. Webb.

Royal Society of Chemistry (2004) **33** 146-191

pkt. 10

3848

SMACZYŃSKA-de ROOIJ, I. MIGDAŁSKI, A. RYTKA, J.

α -ketoglutarate dehydrogenase and lipoic acid synthase are important for the functioning of peroxisomes of *Saccharomyces cerevisiae*.

Cell. Mol. Biol. Lett. (2004) **9** 271-286

pkt. 5

3849

KULIKOWSKA, E. KIERDASZUK, B. SHUGAR, D.

Xanthine, xanthosine and its nucleotides: solution structures of neutral and ionic forms, and relevance to substrate properties in various enzyme systems and metabolic pathways.

Acta Biochim. Pol. (2004) **51** 493-531

pkt. 6

3850

DOMAŃ-PYTKA, M. BARDOWSKI, J.
Pullulan degrading enzymes of bacterial origin.
Crit. Rev. Microbiol. (2004) **30** 107-121
pkt. 16

3851

KUDŁA, G. HELWAK, A. LIPINSKI, L.
Gene conversion and GC-content evolution in mammalian Hsp70.
Mol. Biol. Evol. (2004) **21** 1438-1444
pkt. 21

3852

WOJTAS, M. BIEŃKOWSKI, T. TATEYAMA, S. SAGAMI, H. CHOJNACKI, T.
DANIKIEWICZ, W. ŚWIEŻEWSKA, E.
Polyisoprenoid alcohols from the mushroom *Lentinus edodes*.
Chem. Phys. Lipids (2004) **130** 109-115
pkt. 16

3853

ŁOCHOWSKA, A. IWANICKA-NOWICKA, R. ZAIM, J. WITKOWSKA-ZIMNY, M.
BOLEWSKA, K. HRYNIEWICZ, M.M.
Identification of activating region (AR) of *Escherichia coli* LysR-type transcription factor
CysB and CysB contact site on RNA polymerase alpha subunit at the *cysP* promoter.
Mol. Microbiol. (2004) **53** 791-806
pkt. 21

3854

BLESSING, H. KRAUS, S. HEINDL, P. BAL, W. HARTWIG, A.
Interaction of selenium compounds with zinc finger proteins involved in DNA repair.
Eur. J. Biochem. (2004) **271** 3190-3199
pkt. 16

3855

MYLONAS, M. KRĘŻEL, A. PLAKATOURAS, J.C. HADJILIADIS, N. BAL, W.
Interactions of Zn(II) ions with three his-containing peptide models of histone H2A.
Bioinorg. Chem. Appl. (2004) **2** 125-140

3856

ZAGULSKI, M. NOWAK, J.K. LE MOUËL, A. NOWACKI, M. MIGDALSKI, A.
GROMADKA, R. NOËL, B. BLANC, I. DESSEN, P. WINCKER, P. KELLER, A.-M.
COHEN, J. MEYER, E. SPERLING, L.
High coding density on the largest *Paramecium tetraurelia* somatic chromosome.
Curr. Biol. (2004) **14** 1397-1404
pkt. 21

3857

SIRKO, A. BŁASZCZYK, A.K. LISZEWSKA, F.
Overproduction of SAT and/or OASTL in transgenic plants: a survey of effects.
J. Exp. Bot. (2004) **55** 1881-1888
pkt. 21

3858

SZAJEWSKA, H. FORDYMACKA, A. BARDOWSKI, J. GÓRECKI, R.K. MRUKOWICZ, J.Z. BANASZKIEWICZ, A.

Microbiological and genetic analysis of probiotic products licensed for medicinal purposes.

Med. Sci. Monit. (2004) **10** 346-350

3859

POLKOWSKA-KOWALCZYK, L. WIELGAT, B. MACIEJEWSKA, U.

The elicitor-induced oxidative processes in leaves of *Solanum* species with differential polygenic resistance to *Phytophthora infestans*.

J. Plant. Physiol. (2004) **161** 913-920

pkt. 16

3860

GÓRA-SOCHACKA, A.

Viroids: unusual small pathogenic RNAs.

Acta Biochim. Pol. (2004) **51** 587-607

pkt. 6

3861

TROJANEK, J.B. KLIMECKA, M.M. FRASER, A. DOBROWOLSKA, G. MUSZYŃSKA, G.

Characterization of dual specificity protein kinase from maize seedlings.

Acta Biochim. Pol. (2004) **51** 635-647

pkt. 6

3862

NOWOSIELSKA, A. NIEMINUSZCZY, J. GRZESIUK, E.

Spontaneous mutagenesis in exponentially growing and stationary-phase, *umuDC*-proficient and -deficient, *Escherichia coli dnaQ49*.

Acta Biochim. Pol. (2004) **51** 683-692

pkt. 6

3863

WĘGRZYN, G. WĘGRZYN, A. TYLKI-SZYMAŃSKA, A.

A general model for genetic regulation of turnover of glycosaminoglycans suggests a possible procedure for prediction of severity and clinical progress of mucopolysaccharidoses.

Med. Hypotheses (2004) **62** 986-992

pkt. 11

3864

GABIG-CIMINSKA, M. WĘGRZYN, G. ENFORS, S.-O.

Recent advances on an electric silicon based chip for analysis of nucleic acids.

PharmaChem (2004) 6-8

3865

ŁOŚ, M. CZYŻ, A. SELL, E. WĘGRZYN, A. NEUBAUER, P. WĘGRZYN, G.

Bacteriophage contamination: is there a simple method to reduce its deleterious effects in laboratory cultures and biotechnological factories.

J. Appl. Genet. (2004) **45** 111-120

3866

FORSGREN, M. ATTERSAND, A. LAKE, S. GRÜNLER, J. ŚWIEŻEWSKA, E. DALLNER, G. CLIMENT, I.

Isolation and functional expression of human *COQ2*, a gene encoding a polyprenyl transferase involved in the synthesis of CoQ.

Biochem. J. (2004) **382** 519-526

pkt. 21

3867

GUTKOWSKA, M. BIEŃKOWSKI, T. HUNG, V.S. WANKE, M. HERTEL, J. DANIKIEWICZ, W. ŚWIEŻEWSKA, E.

Proteins are polyisoprenylated in *Arabidopsis thaliana*.

Biochem. Bioph. Res. Co. (2004) **322** 998-1004

pkt. 21

3868

KLAUDEL, L. ŁĘGOWSKA, A. BRZOZOWSKI, K. SILBERRING, J. WÓJCIK, J. ROLKA, K.

Solution conformational study of nociceptin and its 1-13 and 1-11 fragments using circular dichroism and two-dimensional NMR in conjunction with theoretical conformational analysis.

J. Pept. Sci. (2004) **10** 678-690

pkt. 11

3869

STEC, E. WITKOWSKA, M. HRYNIEWICZ, M.M. BRZOZOWSKI, A.M. WILKINSON, A.J. BUJACZ, G.D.

Crystallization and preliminary crystallographic studies of the cofactor-binding domain of the LysR-type transcriptional regulator Cbl from *Escherichia coli*.

Acta Crystallogr. D (2004) **60** 1654-1657

3870

BIANCHI, M.M. COSTANZO, G. CHEŁSTOWSKA, A. GRABOWSKA, D. MAZZONI, C. PICCINNI, E. CAVALLI, A. CICERONI, F. RYTKA, J. SŁONIMSKI, P.P. FRONTALI, L. NEGRI, R.

The bromodomain-containing protein Bdf1p acts as a phenotypic and transcriptional multicopy suppressor of *YAF9* deletion in yeast.

Mol. Microbiol. (2004) **53** 953-968

pkt. 21

3871

PRZYKORSKA, A. SOLECKA, K. OLSZAK, K. KEITH, G. NAWROT, B. KULIGOWSKA, E.

Wheat (*Triticum vulgare*) chloroplast nuclease ChSI exhibits 5' flap structure-specific endonuclease activity.

Biochemistry (2004) **43** 11283-11294

pkt. 21

3872

BARTOSIK, A.A. LASOCKI, K.W. MIERZEJEWSKA, J. THOMAS, CH.M. JAGURA-BURDZY, G.

ParB of *Pseudomonas aeruginosa*: interactions with its partner ParA and its target *parS* and specific effects on bacterial growth.

J. Bacteriology (2004) **186** 6983-6998

pkt. 21

3873

MONTILLET, J.-L. CACAS, J.-L. GARNIER, L. MONTANÉ, M.-H. DOUKI, T. BESSOULE, J.-J. POLKOWSKA-KOWALCZYK, L. MACIEJEWSKA, U. AGNEL, J.-P. VIAL, A. TRIANTAPHYLIDES, CH.

The upstream oxylipin profile of *Arabidopsis thaliana*: a tool to scan for oxidative stresses.

Plant J. (2004) **40** 439-451

pkt. 21

3874

ŁOBOCKA, M.B. ROSE, D.J. PLUNKETT III, G. RUSIN, M. SAMOJEDNY, A. LEHNHERR, H. YARMOLINSKY, M.B. BLATTNER, F.R.

Genome of bacteriophage P1.

J. Bacteriol. (2004) **186** 7032-7068

pkt. 21

3875

MEKKRIENGKRAI, D. UTE, K. ŚWIEŻEWSKA, E. CHOJNACKI, T. TANAKA, Y. SAKDAPIPANICH, J.T.

Structural characterization of rubber from jackfruit and *Euphorbia* as a model of natural rubber.

Biomacromolecules (2004) **5** 2013-2019

pkt. 21

3876

JEŻOWSKA-BOJCZUK, M. KACZMAREK, P. BAL, W. KASPRZAK, K.S.

Coordination mode and oxidation susceptibility of nickel(II) complexes with 2'-deoxyguanosine 5'-monophosphate and L-histidine.

J. Inorg. Biochem. (2004) **98** 1770-1777

pkt. 11

3877

KOŹMIŃSKI, W. ZHUKOV, I.

The DQ-HN{CACB} and DQ-HN(CO){CACB} sequences with evolution of double quantum C_{α} - C_{β} coherences.

J. Magn. Reson. (2004) **171** 186-191

pkt. 21

3878

SZOŁAJSKA, E. POZNAŃSKI, J. FERBER, M.L. MICHALIK, J. GOUT, E. FENDER, P. BAILLY, I. DUBLET, B. CHROBOCZEK, J.

Poneratoxin, a neurotoxin from ant venom: Structure and expression in insect cells and constructions of a bio-insecticide.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** 2127-2136

pkt. 16

3879

KOPERA, E. SCHWERDTLE, T. HARTWIG, A. BAL, W.

Co(II) and Cd(II) substitute for Zn(II) in the zinc finger derived from the DNA repair protein XPA, demonstrating a variety of potential mechanisms of toxicity.

Chem. Res. Toxicol. (2004) **17** 1452-1458

pkt. 21

3880

JABLONOWSKA, A. BAKUN, M. KUPNIEWSKA-KOZAK, A. DADLEZ, M.
Alzheimer's disease A β peptide fragment 10-30 forms a spectrum of metastable oligomers
with marked preference for N to N and C to C monomer termini proximity.

J. Mol. Biol. (2004) **344** 1037-1049

pkt. 21

3881

JURADO, J. MACIEJEWSKA, A.M. KRZAWICZ, J. LAVAL, J. SAPARBAEV, M.K.
Role of mismatch-specific uracil-DNA glycosylase in repair of 3, N^4 -ethenocytosine in vivo.

DNA Repair (2004) **3** 1579-1590

pkt. 21

3882

KOŹMIŃSKI, W. ZHUKOV, I.

The set of triple-resonance sequences with a multiple quantum coherence evolution period.

J. Magn. Reson. (2004) **171** 338-344

pkt. 21

3883

WIERZCHOWSKI, J. BZOWSKA, A. STĘPNIAK, K. SHUGAR, D.

Interactions of calf spleen purine nucleoside phosphorylase with 8-azaguanine,
and a bisubstrate analogue inhibitor: implications for the reaction mechanism.

Z. Naturforsch. (2004) **59c** 713-725

pkt. 11

3884

TOMECKI, R. DMOCHOWSKA, A. GEWARTOWSKI, K. DZIEMBOWSKI, A. STĘPIEŃ, P.P.
Identification of a novel human nuclear-encoded mitochondrial poly(A) polymerase.

Nucleic Acids Res. (2004) **20** 6001-6014

pkt. 21

3885

YIN, Z. HENNIG, J. SZWACKA, M. MALEPSZY, S.

Tobacco PR-2d promoter is induced in transgenic cucumber in response to biotic and abiotic
stimuli.

J. Plant. Physiol. (2004) **161** 621-629

pkt. 16

3886

SEREGÉLYES, C. IGAMBERDIEV, A.U. MAASSEN, A. HENNIG, J. DUDITS, D. HILL, R.D.
NO-degradation by alfalfa class 1 hemoglobin (Mhb1): a possible link to *PR-1a* gene
expression in Mhb1-overproducing tobacco plants.

FEBS Lett. (2004) **571** 61-66

pkt. 21

3887

MARCZEWSKI, W. FLIS, B. SYLLER, J. STRZELCZYK-ŻYTA, D. HENNIG, J.
GEBHARDT, C.

Two allelic or tightly linked genetic factors at the *PLRV.4* locus on potato chromosome XI
control resistance to potato leafroll virus accumulation.

Theor. Appl. Genet. (2004) **109** 1604-1609

pkt. 21

3888

MAC, A. KRZYMOWSKA, M. BARABASZ, A. HENNIG, J.
Transcriptional regulation of the *gluB* promoter during plant response to infection.
Cell. Mol. Biol. Lett. (2004) **9** 843-853
pkt. 8

3889

BANDOROWICZ-PIKULA, J. KONOPKA, D. HENNIG, J. PIKULA, S.
Transgenic plants as a model for studying human annexin A6 in vivo.
Annexins (2004) **1** 68-78

3890

EJCHART, A. GRYFF-KELLER, A.
NMR w cieczach. Zarys teorii i metodologii.
Oficyna Wydawnicza Politechniki Warszawskiej, Warszawa 2004, 225 s.
pkt. 16

3891

KELNER, A. PEKALA, I. KACZANOWSKI, S. MUSZYŃSKA, G. HARDIE, D.G.
DOBROWOLSKA, G.
Biochemical characterization of the tobacco 42-kD protein kinase activated by osmotic stress
Plant Physiol. (2004) **136** 3255-3265
pkt. 21

3892

ZHUKOVA, L. ZHUKOV, I. BAL, W. WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA, A.
Redox modifications of the C-terminal cysteine residue cause structural changes S100A1 and S100B proteins.
Biochim. Biophys. Acta (2004) **1742** 191-201
pkt. 16

3893

HILLIER, LaD.W. MILLER, W. BIRNEY, E. WARREN, W. HARDISON, R.C. PONTING, C.P.
BORK, P. BURT, D.W. GROENEN, M.A.M. DELANY, M.E. DODGSON, J.B. CHINWALLA,
A.T. CLIFTEN, P.F. CLIFTON, S.W. DELEHAUNTY, K.D. FRONICK, C. FULTON, R.S.
GRAVES, T.A. KREMITZKI, C. LAYMAN, D. MAGRINI, V. McPHERSON, J.D. MINER, T.L.
MINX, P. NASH, W.E. NHAN, M.N. NELSON, J.O. ODDY, L.G. POHL, C.S. RANDALL-
MAHER, J. SMITH, S.M. WALLIS, J.W. YANG, S.-P. ROMANOV, M.N. RONDELLI, C.M.
PATON, B. SMITH, J. MORRICE, D. DANIELS, L. TEMPEST, H.G. ROBERTSON, L.
MASABANDA, J.S. GRIFFIN, D.K. VIGNAL, A. FILLON, V. JACOBBSOON, L. KERJE, S.
ANDERSSON, L. CROOIJMANS, R.P.M. AERTS, J. VAN DER POEL, J.J. ELLEGREN, H.
CALDWELL, R.B. HUBBARD, S.J. GRAFHAM, D.V. KIERZEK, A.M. McLAREN, S.R.
OVERTON, I.M. ARAKAWA, H. BEATTIE, K.J. BEZZUBOV, Y. BOARDMAN, P.E.
BONFIELD, J.K. CRONING, M.D.R. DAVIES, R.M. FRANCIS, M.D. HUMPHRAY, S.J.
SCOTT, C.E. TAYLOR, R.G. TICKLE, C. BROWN, W.R.A. ROGERS, J. BUERSTEDDE, J.-M.
WILSON, S.A. STUBBS, L. OVCHARENKO, I. GORDON, L. LUCAS, S. MILLER, M.M.
INOKO, H. SHIINA, T. KAUFMAN, J. SALOMONSEN, J. SKJOEDT, K. WONG, G.K-S.
WANG, J. LIU, B. WANG, J. YU, J. YANG, H. NEFEDOV, M. KORIABINE, M. deJONG, P.J.
GOODSTADT, L. WEBBER, C. DICKENS, N.J. LETUNIC, I. SUYAMA, M. TORRENTS, D.
von MERING, C. ZDOBNOW, E.M. MAKOVA, K. NEKRUTENKO, A. ELNITSKI, L.
ESWARA, P. KING, D.C. YANG, S. TYEKUCHEVA, S. RADAKRISHNAN, A. HARRIS, R.S.
CHIAROMONTE, F. TAYLOR, J. HE, J. RIJNKELS, M. GRIFFITHS-JONES, S. URETA-
VIDAL, A. HOFFMAN, M.M. SEVERIN, J. SEARLE, S.M.J. LAW, A.S. SPEED, D.
WADDINGTON, D. CHENG, Z. TUZUN, E. EICHLER, E. BAO, Z. FLICEK, P.
SHTEYNBERG, D.D. BRENT, M.R. BYE, J.M. HUCKLE, E.J. CHATTERJI, S. DEWEY, C.

PACHTER, L. KOURANOV, A. MOURELATOS, Z. HATZIGEORGIOU, A.G. PATERSON, A.H. IVARIE, R. BRANDSTROM, M. AXELSSON, E. BACKSTROM, N. BERLIN, S. WEBSTER, M.T. POURQUIE, O. REYMOND, A. UCLA, C. ANTONARAKIS, S.E. LONG, M. EMERSON, J.J. BETRÁN, E. DUPANLOUP, I. KAESSMANN, H. HINRICHS, A.S. BEJERANO, G. FUREY, T.S. HARTE, R.A. RANEY, B. SIEPEL, A. KENT, W.J. HAUSSLER, D. EYRAS, E. CASTELO, R. ABRIL, J.F. CASTELLANO, S. CAMARA, F. PARRA, G. GUIGO, R. BOURQUE, G. TESLER, G. PEVZNER, P.A. SMIT, A. FULTON, L.A. MARDIS, E.R. WILSON, R.K.

Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution.

Nature (2004) **432** 695-716

pkt. 24

3894

DODATKO, T. FEDOROV, A.A. GRYNBERG, M. PATSKOVSKY, Y. ROZWARSKI, D.A. JAROSZEWSKI, Ł. ARONOFF-SPENCER, E. KONDRASKINA, E. IRVING, T. GODZIK, A. ALMO, S.C.

Crystal structure of the actin binding domain of the cyclase-associated protein.

Biochemistry (2004) **43** 10628-10641

pkt. 21

3895

DAVEZAC, N. TONDELIER, D. LIPECKA, J. FANEN, P. DEMAUGRE, F. DĘBSKI, J. DADLEZ, M. SCHRATTENHOLZ, A. CAHILL, M.A. EDELMAN, A.

Global proteomic approach unmasks involvement of keratins 8 and 18 in the delivery of cystic fibrosis transmembrane conductance regulator (CFTR)/ΔF508-CFTR to the plasma membrane.

Proteomics (2004) **4** 3833-3844

3896

WAHL, M.B. CALDWELL, R.B. KIERZEK, A.M. ARAKAWA, H. EYRAS, E. HUBNER, N. JUNG, CH. SOELDENWAGNER, M. CERVELLI, M. WANG, Y.-D. LIEBSCHER, V. BUERSTEDDE, J.-M.

Evaluation of the chicken transcriptome by SAGE of B cells and the DT40 cell line.

BMC Genomics (2004) **5** 98

3897

WALERYCH, D. KUDŁA, G. GUTKOWSKA, M. WAWRZYNOW, B. MULLER, L. KING, F.W. HELWAK, A. BOROS, J. ŻYLICZ, A. ŻYLICZ, M.

Hs90 chaperones wild-type p53 tumor suppressor protein.

J. Biol. Chem. (2000) **279** 48836-48845

pkt. 21

3898

CALDWELL, R.B. KIERZEK, A.M. ARAKAWA, H. BEZZUBOV, Y. ZAIM, J. FIEDLER, P. KUTTER, S. BLAGODATSKI, A. KOSTOVSKA, D. KOTER, M. PLACHY, J. CARNINCI, P. HAYASHIZAKI, Y. BUERSTEDDE, J.-M.

Full-length cDNAs from chicken bursal lymphocytes to facilitate gene function analysis.

Genome Biol. (2004) **6** R6.1-R6.9

pkt. 21

3899

PIECHOTA, J. TOŃSKA, K. NOWAK, M. KABZIŃSKA, D. LORENC, A. BARTNIK, E.
Comparison between the Polish population and European populations on the basis of
mitochondrial morphs and haplogroups.

Acta Biochim. Pol. (2004) **51** 883-895

pkt. 6

3900

BŁASZCZAK, W. SADOWSKA, J. FORNAL, J. VACEK, J. FLIS, B. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.
Influence of cooking and microwave heating on microstructure and mechanical properties of
transgenic potatoes.

Nahrung/Food (2004) **48** 169-176

pkt. 16

3901

KREŻEL, A. BAL, W.

Studies of Zinc(II) and Nickel(II) complexes of GSH, GSSG and their analogs shed more
light on their biological relevance.

Bioinorg. Chem. Appl. (2004) **2** 293-305

ABSTRAKTY

1888/A

SIRKO, A. BŁASZCZYK, A.K. LISZEWSKA, F.

Overproduction of SAT and/or OAS-TL in transgenic plants-a survey of effects.

Annual Main Meeting 29th March-2nd April 2004, Heriot-Watt University, Edinburgh, UK.Society for Experimental Biology.

Abstracts/Comparative Biochemistry and Physiology. Part A (2004) 137 P7.6 p.S232

1889/A

BŁASZCZYK, A.K. SIRKO, A.

Molecular and biochemical characteristics of sulfur-starved tobacco plants.

Annual Main Meeting 29th March-2nd April 2004, Heriot-Watt University, Edinburgh, UK.Society for Experimental Biology.

Abstracts/Comparative Biochemistry and Physiology. Part A (2004) 137 P7.26 p.S239

1890/A

NIEMINUSZCZY, J. GLINKA, M. LUBAŃSKA, A. KOZŁOWSKI, M. GRZESIUK, E. LAUBITZ, D.

The antibacterial activity of pig pancreatic juice.

Gastrointestinal Functions in Health and Disease 26-27 March, 2004. Cracow, Poland.

J. Physiol. Pharmacol. (2004) 55 Suppl.1 p.32

1891/A

KAZIMIERCZUK, K. WAWRZYŃSKI, A. SIRKO, A.

Initial characterization of biological activity of mouse granulocyte-macrophage colony stimulating factor produced in tobacco plants in a fusion with selected bacterial (UreB of *Helicobacter pylori*) or viral (gD of equine herpesvirus 1) antigens.

International Symposium on: Plant derived vaccines and antibodies: Potential and limitations organized by the Fondation Merieux in partnership with Aventis Pasteur 21-24 March 2004. The Merieux Conference Centre, Les Pensieres, Veyrier du Lac, near Annency (French Alps).

Poster 29 p.82

1892/A

RUSIN, B. TUDEK, B.

Role of damage specific DNA polymerases in mutagenicity of lipid peroxidation-induced DNA adducts.

4th DNA Repair Workshop, Smolenice Castle, Slovakia, May 2-5, 2004.Cancer Research Institute, Bratislava.

Book of Abstracts Poster Session P5 p.41

1893/A

NIEMINUSZCZY, J. SIKORA, A. GRZESIUK, E. JANION, C.

AlkB protects *E. coli* AB1157 against MMS-induced mutations.

4th DNA Repair Workshop, Smolenice Castle, Slovakia, May 2-5, 2004.Cancer Research Institute, Bratislava.

Book of Abstracts Poster Session P7 p.43

1894/A

GRZESIUŁ, E. NIEMINUSZCZY, J. NOWOSIELSKA, A.

SOS-induced spontaneous mutagenesis in growing and stationary-phase *Escherichia coli* *dnaQ49* cells.

4th DNA Repair Workshop, Smolenice Castle, Slovakia, May 2-5, 2004. Cancer Research Institute, Bratislava.

Book of Abstracts Poster Session P6 **p.42**

1895/A

GÓRECKI, R.K. BARDOWSKI, J.

Plasmidic genes in *Lactococcus Lactis* as elements of genome plasticity and strain adaptation. Genomes 2004. The Wellcome Trust Conference Centre Hinxton Cambridgeshire CB10 1RQ, 14th-17th April 2004. The Institute for Genomics Research. The Wellcome Trust.

Poster Abstracts 032 p.44

1896/A

KOŹMIŃSKI, W. ZHUKOV, I.

Single frequencies from multiple quantum evolution.

Ampere XII NMR School, Zakopane-Poland, June 6-11, 2004. Under the auspices of the AMPERE Group and the Jagellonian University.

Abstracts p.50

1897/A

DZIERZBICKI, P. KOPROWSKI, P. FIKUS, M.U. MALC, E. CIEŚLA, Z.

Mitochondrial MMR is backing-up mitochondrial BER in the repair of mtDNA in *Saccharomyces cerevisiae*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-07 p.8**

1898/A

TUDEK, B. OBTUŁOWICZ, T. MASNY, A. SPEINA, E. KLEMENSKA, E. PŁUCIENNICZAK, A. Differences in the stability of genomes from cancer and nonaffected human tissues revealed by PCR and polyacrylamide gel electrophoresis method - PCR melting profiles.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-08 p.8**

1899/A

TUDEK, B. RUSIN, B. POKRYWIŃSKA, G.

Processing of trans-4-hydroxy-2-nonenal adducts to DNA bases in *Escherichia coli*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-09 p.8**

1900/A

TUDEK, B. SPEINA, E. GACKOWSKI, D. ZIELIŃSKA, M. SIOMEK, A. OLIŃSKI, R.

Repair of 8-oxoguanine in lung of nonsmall lung cancer patients.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-10 p.8**

1901/A

LICHOTA-ARCZEWSKA, K.D. KUŚMIEREK, J.T.

A possible role of glycerol kinase in sanitization of nucleotide pool of mutagenic DNA precursors in *Escherichia coli*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-16 p.10**

1902/A

MACIEJEWSKA, A.M. RIBEIRO, T. KACZKA, P. KUŚMIEREK, J.T.

Mutagenic effect of damaged deoxynucleoside-5'-triphosphates in *Escherichia coli*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-18 p.10**

1903/A

SOLECKA, K. OLSZAK, K. KEITH, G. NAWROT, B. KULIGOWSKA, E. PRZYKORSKA, A.
Plant chloroplasts have their own 5'-flap endonuclease

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-19 p.10**

1904/A

MADDUKURI, L. SOMMER, S. RAHDEN-STARON, I. KUDŁA, G. WÓJCIK, A. TUDEK, B.
Hypersensitivity of *XPA* cells to genotoxic effects of lipid peroxidation product *trans*-4-hydroxy-2-nonenal

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-26 p.12**

1905/A

FIJAŁKOWSKA, I.J. JONCZYK, P. GAWEL, D. BANACH-ORŁOWSKA, M.
BIAŁOSKÓRSKA, M. SCHAAPER, R.M.

The role of the tau subunit (product of *dnax* gene) in maintaining the fidelity of DNA synthesis in *Escherichia coli*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-27 p.12**

1906/A

ZIELIŃSKA, M. SPEINA, E. TUDEK, B.

Expression of genes involved in DNA repair in lung tissues of nonsmall lung cancer patients.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-30 p.13**

1907/A

KRWAWICZ, J. PIETRZYKOWSKA, I.

Involvement of DNA Pol V in base excision repair-dependent mutagenesis induced by MMS and UV under nonpermissive conditions for DNA replication.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-31 p.13**

1908/A

PODLASKA, A. McINTYRE, J. SKONECZNA, A. HAŁAS, A. ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA, E.
The nature of spontaneous mutator phenotype conferred by proteasome dysfunction in
Saccharomyces cerevisiae.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-37 p.15**

1909/A

KUBAŃ, W. JONCZYK, P. GAWEL, D. BANACH-ORŁOWSKA, M. SCHAAPER, R.M.
FIJAŁKOWSKA, I.J.

Looking for the role of DNA polymerase IV in *Escherichia coli*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-38 p.15**

1910/A

JONCZYK, P. SCHAAPER, R.M. FIJAŁKOWSKA, I.J. BANACH-ORŁOWSKA, M.

Involvement of DNA polymerase II in chromosomal DNA synthesis in *Escherichia coli*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.1-39 p.15**

1911/A

JERZMANOWSKI, A.J. PRYMAKOWSKA-BOSAK, M.P.-B. BRZESKI, J.B. WIERZBICKI,
A.W. SARNOWSKI, T.J. OLCZAK, K.O. ŚWIEŻEWSKI, S.S. PAWLIKOWSKA, K.P.

Linker histones and chromatin remodelers in plant development.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **S1.2-10 p.17**

1912/A

POZNAŃSKI, J. ZHUKOV, I. BOLEWSKA, K. WIERZCHOWSKI, K.L.

Structure of *Escherichia coli* σ 70 domain 4 and its complex with T4 antisigma factor by
homology modelling.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.2-09 p.19**

1913/A

ŁOZIŃSKI, T. WIERZCHOWSKI, K.L.

Role of Mg ions in the opening of transcription complex of *Escherichia coli* RNA polymerase
at lambda phage PR promoter.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.2-10 p.20**

1914/A

PRYMAKOWSKA-BOSAK, M.P.-B. OLCZAK, K.O. ARCHACKI, R. KURAS, M.
JERZMANOWSKI, A.J.

AtSNF2, a bromo domain-containing SWI2/SNF2-like protein, is a global regulator in
Arabidopsis.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.2-12 p.20**

1915/A

SARNOWSKI, T.J. ŚWIEŻEWSKI, S.S. RIOS, G. PAWLIKOWSKA, K.P. KOZBIAL, M. KOZBIAL, P. KURAS, M. KONCZ, C. JERZMANOWSKI, A.J.

Functional characterization of *Arabidopsis AtSWI3* genes encoding homologs of a core subunit of yeast SWI/SNF chromatin remodeling complex.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.2-14 p.21**

1916/A

SOKÓŁ, A. PRYMAKOWSKA-BOSAK, M.P.-B. JERZMANOWSKI, A.J.

Changes in the modifications of core histone H3 after salt stress in the BY-2 tobacco cell line.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.2-22 p.23**

1917/A

WIERZBICKI, A.W. JERZMANOWSKI, A.J.

Histone H1 is required for maintaining the pattern of DNA methylation in *Arabidopsis*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.2-28 p.24**

1918/A

PAWLIKOWSKA, K.P. SARNOWSKI, T.J. KACZANOWSKI, S. JERZMANOWSKI, A.J.

AtSWP73A, an *Arabidopsis* homologue of a subunit of yeast SWI/SNF complex, interacts with some but not all of *Arabidopsis* SWI3-type proteins.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.2-31 p.25**

1919/A

BRZESKI, J.B. OLCZAK, K.O. GITTINS, J. JERZMANOWSKI, A.J.

Biochemical studies on DDM1 chromatin remodeling factor.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.2-35 p.26**

1920/A

OLCZAK, K.O. DONCZEWA, I. JERZMANOWSKI, A.J.

Studies on BSH - *Arabidopsis thaliana* member of SNF5 family.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.2-36 p.26**

1921/A

GÓRECKI, R.K. BARDOWSKI, J.

Composite genes structure of a plasmid from a *Lactococcus lactis* strain.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.3-16 p.32**

1922/A

KACZANOWSKI, S. KORNETA, I. ZIELENKIEWICZ, P.

Molecular convergence in evolution of Plasmodium and Vertebrataproteins containing EGF and Kringle domains.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, June 26-July 1, 2004
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.3-20 p.33**

1923/A

ZUBEREK, J. JEMIELITY, J. JABŁONOWSKA, A. STĘPIŃSKI, J. DADLEZ, M.

STOLARSKI, R. DARZYNKIEWICZ, E.

Influence of electric charge variation at residues 209 and 159 on interaction of eIF4E with the mRNA 5'-terminus.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P2.1-18 p.41**

1924/A

ŚWIEŻEWSKI, S.S. BOSS, P. DEAN, C. JERZMANOWSKI, A.J.

Small RNA molecules are involved in regulation of FLC - a key locus in flowering regulation in *Arabidopsis thaliana*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P2.2-03 p.46**

1925/A

SIWECKA, M.A.

Double-stranded RNA nuclease associated with rye germ ribosomes and post-transcriptional gene silencing.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P2.2-05 p.46**

1926/A

NOWACKI, M. MALINSKY, S. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W. MEYER, E.

A novel RNA-binding protein involved in developmental genome rearrangements in *Paramecium*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.2-35 p.46**

1927/A

BOGUTA, M. OFICJALSKA, D. CIEŚLA, M. HARISMENDY, O. SMAGOWICZ, W.J.

LEFEBVRE, O.

The role of Maf1 protein in regulation of tRNA biosynthesis.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **S2.3-05 p.48**

1928/A

TOWPIK, J. CHACIŃSKA, A. CIEŚLA, M. GINALSKI, K. BOGUTA, M.

Mutations in the yeast MRF1 gene encoding mitochondrial release factor inhibit translation on mitochondrial ribosomes.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P2.3-02 p.48**

1929/A

WĘGLEŃSKI, P. BORSUK, P. PRZYKORSKA, A. SOLECKA, K. KOPER, M.

The arginine-riboswitch regulates alternative splicing of the *Aspergillus nidulans* arginase mRNA.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **S2.4-09 p.53**

1930/A

PRZYKORSKA, A. SOLECKA, K.

Solution structure of arginine riboswitch in 5'UTR of *Aspergillus nidulans* arginase mRNA.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P2.4-02 p.53**

1931/A

GÓRA-SOCHACKA, A. WIĘSYK, A. ROSA, I. CANDRESSE, T. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.
Expression of RNA in transgenic plants carrying a mutated cDNA copy of the PSTVd genome.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P2.4-03 p.54**

1932/A

OLSZAK, K. SOLECKA, K. ODYNETS, K.A. PRZYKORSKA, A. KORNELYUK, A.I.

The analysis of the complex between cytokine-like COOH-terminal module of mammalian tyrosyl-tRNA synthetase and tRNA.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P2.4-05 p.54**

1933/A

BRETNER, M. FELCZAK, K. KOPAŃSKA (née ZASTĄPIŁO), K. ZIEŃ, P. SZYSZKA, R. SHUGAR, D.

Influence of benzimidazole and benzotriazole analogues on protein kinase CK2 and yeast cell growth.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.1-10 p.62**

1934/A

NAJDA, A. BRETNER, M. KOPAŃSKA (née ZASTĄPIŁO), K. BAIER, A. BOROWSKI, P. KULIKOWSKI, T.

Benzotriazoles as inhibitors of the NTPase/helicase of hepatitis C and related flaviviridae viruses.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.1-12 p.62**

1935/A

GRZELA, R. STROKOVSKAYA, L. ANDRIEU, J.P. DUBLET, B. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W. CHROBOCZEK, J.

Characterization of the viral genome-linked protein VPG of potato virus y and its interactions with the eukaryotic initiation translation factor eIF4e.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.1-30 p.67**

1936/A

SZOLAJSKA, E. HONG, S.S. FRANQUEVILLE, L. SCHOEHN, G. ANDRADE, P. BOULANGER, P. CHROBOCZEK, J.

Interaction of major adenovirus capsid protein, hexon, and viral chaperone, protein 100k.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.1-33 p.67**

1937/A

MILNER, M. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.

Possible role of proteinase inhibitors in engineering of protein stabilization.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.1-35 p.68**

1938/A

KRASZEWSKA, E. OLEJNIK, K.

An *Arabidopsis thaliana* homologue of the human GFG protein is active on ADP-ribose and flavine adenine dinucleotide (FAD).

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.2-04 p.71**

1939/A

KRAWCZYK, M. STROKOVSKAYA, L. STANKIEWICZ, A. GOZDEK, A. BRETNER, M. PAWŁOWICZ, J. HAENNI, A.-L. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W. BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M.

Applying fluorescence resonance energy transfer to measure hepatitis C virus helicase activity.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.2-20 p.74**

1940/A

STANKIEWICZ, A. STROKOVSKAYA, L. GOZDEK, A. POZNAŃSKI, J. ZHUKOV, I. BRETNER, M. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W. BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M.

Hepatitis C virus helicase: expression and structural studies with inhibitors.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.2-28 p.76**

1941/A

DOBRZAŃSKA-WIERNIKOWSKA, M. SZURMAK, B. WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA, A. BAL, W.
Cloning, expression and characterization of *Arabidopsis thaliana* diadenosine tetraphosphate hydrolase.
29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.2-60 p.84**

1942/A

ADAMCZYK, M.A. BAJOR, M. WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA, A.
Studies on the interaction of receptor for advanced glycation end products (RAGE) with its
ligands.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.6-05 p.110**

1943/A

CALIKOWSKI, T. KOTLINSKI, M. PRYMAKOWSKA-BOSAK, M.P.-B.
JERZMANOWSKI, A.J.

The proteomic analysis of the *Arabidopsis* chromatin components during vernalization.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.6-07 p.110**

1944/A

BAJOR, M. ADAMCZYK, M.A. ZHUKOVA, L. WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA, A.

Interaction between S100B protein and receptor for advanced glycation end products (RAGE)
- importance of redox signaling.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, June 26-July 1, 2004
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.6-25 p.114-115**

1945/A

KALISZEWSKI, P. GAJEWSKA, B. KAMIŃSKA, J. SZKOPIŃSKA, A. ŻOŁĄDEK, T.
Defects resulted from Rsp5 ubiquitin ligase deficiency are suppressed by elevated levels of
phosphatidylinositol synthase in *Saccharomyces cerevisiae*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.7-05 p.117**

1946/A

KWAPISZ, M. LEWANDOWSKA, M. HATIN, I. HOPPER, A.K. ROUSSET, J.P.
ŻOŁĄDEK, T.

Rsp5 ubiquitin protein ligase affects translation in *Saccharomyces cerevisiae*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P3.7-06 p.117**

1947/A

WOJTAS, M. ŚWIEŻEWSKA, E.

Cloning and overexpression of rab escort protein (REP) from *Arabidopsis thaliana*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P4.1-24 p.135**

1948/A

JANKOWSKI, W. CHOUDA, M. CHOJNACKI, T.

The occurrence of polyisoprenoids in seeds and leaves of plants.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P4.2-10 p.150**

1949/A

SOSIŃSKA, G. MACHUŁA, K. PALAMARCZYK, G.

Suppressors of the glycosylation defective *sec59* mutant thermosensitivity.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P4.2-11 p.150**

1950/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.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P4.4-07 p.161**

1951/A

ZAREBSKA, Z. ZIELINSKA, J. MASLINSKI, W.

Effects of arachidonic acid and its photoproducts on PUVA-induced lipoapoptosis in human lymphocytes.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P4.9-15 p.187**

1952/A

ŚWIEŻEWSKA, E. WOJTAS, M. ZELMAN, M. BIEKOWSKI, T. TATEYAMA, S.

SAGAMI, H. CHOJNACKI, T. DANIKIEWICZ, W.

Dolichols of the fern *Matteuccia struthiopteris*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P4.9-18 p.187**

1953/A

BAJDA, A. KONOPKA, D. MIKOSZEWSKI, J. KRZYMOWSKA, M. HENNIG, J. CHOJNACKI, T. ŚWIEŻEWSKA, E.

Effect of viral infection on the content of polyisoprenoid alcohols in the tobacco leaves.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P4.9-25 p.189**

1954/A

SKORUPIŃSKA-TUDEK, K. OLSZOWSKA, O. CHOJNACKI, T. ŚWIEŻEWSKA, E.

The influence of mevinolin and fosmidomycin on biosynthesis of polyisoprenoid alcohols in hairy roots of *Cohuria Geoides*.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P4.9-27 p.190**

1955/A

MACIASZCZYK, E. WYSOCKI, R. GOLIK, P. LAZOWSKA, J. ULASZEWSKI, S.
Genetical determinants of arsenical resistance in the yeast *Saccharomyces douglasii*.
29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.
Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P4.10-18 p.202**

1956/A

POLKOWSKA-KOWALCZYK, L. MACIEJEWSKA, U. WIELGAT, B. MONTILLET, J.-
L. AGNEL, J.-P. TRIANTAPHYLIDES, CH.
Lipoxygenase-dependent lipid peroxidation in elicitor-treated *Solanum leaves*.
29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.
Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P5.1-05 p.207**

1957/A

KORYSZEWSKA, A. BARDOWSKI, J.
Mosaic genetic structure of the pIL5 plasmid from the *Lactococcus lactis* IL594 strain.
29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.
Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P5.3-05 p.212**

1958/A

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK, T. RENAULT, P. BARDOWSKI, J.
Genetic diversity in beta-glucosides catabolism in *Lactococcus lactis* IL1403.
29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.
Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P6.2-19 p.228**

1959/A

KOWALCZYK, M. COCAIGN-BOUSQUET, M. LOUBIERE, P. BARDOWSKI, J.
Transcriptional analysis of genes engaged in *b*-glucoside catabolism.
29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.
Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P6.2-21 p.229**

1960/A

SZCZEPAŃSKA, A. HEJNOWICZ, M. BARDOWSKI, J.
Biodiversity of virulent lactococcal phages isolated in Poland.
29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.
Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P6.2-33 p.232**

1961/A

ZIEMKOWSKI, P. BRETNER, M. NARAYAN, R. KOPAŃSKA (née ZASTĄPIŁO), K.
NAJDA, A. PETIT, M.-A. COVA, L. KULIKOWSKI, T.
Cytidine analogs as inhibitors of HCV replication.
29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.
Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P6.4-04 p.240**

1962/A

MIAZGA, A. SIWECKA, M.A. KULIKOWSKI, T.

Selective inhibition of HIV-1 reverse transcriptase by 3'-fluorothymidine and acyclovir analogs.

29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P6.4-05 p.240**

1963/A

PIECHOTA, J. SZCZĘSNY, R. CHLEBOWSKI, A. KRACZEK, K. BARTNIK, E.

Mitochondrial and nuclear genome responses in cells with arrested transcription and translation.

Euromit 6, Nijmegen, June 30 - July 4, 2004

1964/A

BARTNIK, E. TOŃSKA, K.

Leber's hereditary optic neuropathy mutations in Poland.

Euromit 6, Nijmegen, June 30 - July 4, 2004.

1965/A

BARTNIK, E. DALBIAK, A.

Introduction of genetically modified plants in Poland.

Anbau gentechnisch veränderter pflanzen: koexistenz und umweltbeobachtung im agrarraum.

Fachgespräch zur Ausgestaltung von Koexistenz und Umweltbeobachtung in Brandenburg vom 06-07 November, 2003

Studien und Tagungsberichte des Landesumweltamtes, **Bd 48, 1.4 p.13-14**

1966/A

WÓJCIK, A. KAMIENSKA-TRELA, K. PECUL, M. BARTOSZAK-ADAMSKA, E.

VDOVIENKO, S.I. GERUS, I.I.

C-H...O bonds cause self-association of α,β -enaminoketones containing fluorosubstituted alkyl group.

14th European Symposium on Fluorine Chemistry, July 11-16, 2004 Adam Mickiewicz University, Poznań, Poland

Book of Abstracts, A-O-34 p.83

1967/A

WOJTAS, M. ŚWIEŻEWSKA, E.

Molecular characteristics of REP (Rab Escort Protein) subunit of Rab prenyltransferase from *Arabidopsis thaliana*.

15th International Conference on Arabidopsis Research, July 11-14, Berlin, Germany

Cell Biol., T03-007

1968/A

POLKOWSKA-KOWALCZYK, L. WIELGAT, B. MACIEJEWSKA, U. MONTILLET, J.-L. AGNEL, J.-P. TRIANTAPHYLIDES, CH.

Fatty acid analysis in leaves of *Solanum* species treated with elicitor from *Phytophthora infestans*.

The 14th FESPB Congress of the Federation of European Societies of Plant Biology, August 23-27, 2004, Cracow, Poland

Acta Physiol. Plant. Book of Abstracts (2004) **26** Suppl. **PM-24 p.269-270**

1969/A

WIELGAT, B. BOŁTOWICZ, D. SZCZERBAKOWA, A.

Rapd analysis of the somatic hybrids *Solanum bulbocastanum* (+) *S. tuberosum*.

The 14th FESPB Congress of the Federation of European Societies of Plant Biology, August 23-27, 2004, Cracow, Poland

Acta Physiol. Plant. Book of Abstracts 26 Suppl. C1-08 p.139

1970/A

ANTONOVA, O. THIEME, R. SZCZERBAKOWA, A. FEDORINA, J. WIELGAT, B. GAVRILENKO, T.

Organelle DNA analyses in interspecific somatic hybrids of potato.

The 14th FESPB Congress of the Federation of European Societies of Plant Biology, August 23-27, 2004, Cracow, Poland

Acta Physiol Plant. Book of Abstracts 26 Suppl. C1-09 p.139

1971/A

KWAPISZ, M. CHOŁBIŃSKI, P. LEWANDOWSKA, M. HOPPER, A.K. ŻOŁĄDEK, T. Nuclear localization sequence (NLS) of Rsp5p ubiquitin ligase is functional but is not important for its essential functions.

Join 59th Harden/ EMBO Conference. The Ubiquitin-Proteasome System in Health and Disease. Royal Agricultural College, Cirencester, UK 6-10 September 2004

Programme and Abstracts (2004) P030

1972/A

SZCZEPAŃSKA, A. BIDNENKO, E. BARDOWSKI, J. CHOPIN, M.-CH.

Recombination functions of *Lactococcus lactis* bacteriophage BIL67.

13^{ème} Colloque du Club des Bactéries Lactiques. Nantes, 8, 9 et 10 septembre 2004

Posters (2004) G11 p.6

1973/A

KORYSZEWSKA, A. BARDOWSKI, J.

Molecular characterisation of the pIL7 plasmid from *Lactococcus lactis* IL594, the parental strain of the il 1403 derivative.

13^{ème} Colloque du Club des Bactéries Lactiques. Nantes, 8, 9 et 10 septembre 2004

Poster (2004) G12 p.7

1974/A

BAJDA, A. KONOPKA, D. MIKOSZEWSKI, J. KRZYMOWSKA, M. HENNIG, J. CHOJNACKI, T. ŚWIEŻEWSKA, E.

Effect of viral infection on the content of polyisoprenoid alcohols in the tobacco leaves.

The 14th FESPB Congress of the Federation of European Societies of Plant Biology, August 23-27, 2004, Cracow, Poland

Acta Physiol Plant. Book of Abstracts (2004) 26 BS-13 p.127

1975/A

MARCZEWSKI, A. CHOJNACKI, T. ŚWIEŻEWSKA, E. LE, X.C. TRAN, T.B.

The search for long chain polyprenols in selected species of Vietnamese flora.

The 14th FESPB Congress of the Federation of European Societies of Plant Biology, August 23-27, 2004, Cracow, Poland

Acta Physiol. Plant. Book of Abstracts (2004) 26 SM-12 p.183

1976/A

SKORUPIŃSKA-TUDEK, K. BIEŃKOWSKI, T. OLSZOWSKA, O. DANIKIEWICZ, W. ŚWIEŻEWSKA, E.

Biosynthesis of polyisoprenoid alcohols in hairy roots of *Coluria geoides*.

The 14th FESPB Congress of the Federation of European Societies of Plant Biology, August 23-27, 2004, Cracow, Poland

Acta Physiol. Plant. Book of Abstracts (2004) 26 SM-08 p.181

1977/A

SOBCZYŃSKA-TOMASZEWSKA, A. BĄK, D. CZERSKA, K. ORALEWSKA, B. ORACZ, G. TEISSEYRE, M. SOCHA, J. ZAGULSKI, M. NOREK, A. BAL, J.

Mutacje genów CFTR, PRSS1 i SPINK1 u pacjentów z zapaleniem trzustki.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd

Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia W21. s.40

1978/A

TOŃSKA, K. PIECHOTA, J. RATAJSKA, D. BARTNIK, E.

Mutacja i tło genetyczne w zespole Lebera.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd

Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P38. s.46

1979/A

BADURA, M. MATERNA-KIRYŁUK, A. TOŃSKA, K. BARTNIK, E. LATOS-BIELEŃSKA, A.

Zespół MERRF u trzech sióstr z mnogą symetryczną tłuszczakowatością.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd

Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia W34. s.60

1980/A

ZIELIŃSKA, M. SPEINA, E. TUDEK, B.

Expression of genes involved in DNA repair in lung tissues of non-small lung cancer patients.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd

Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P106. s.100

1981/A

MACIĄG, M. SPYCHALSKA, J. JABŁOŃSKA-SKWIECIŃSKA, E. CENTKOWSKI, P. KOŚCIELAK, J. ZDEBSKA, E. ADAMOWICZ-SALACH, A. BURZYŃSKA, B.

Zmiana konserwowanej argininy w domenie błonowej białka pasma 3 przyczyną sferocytozy wrodzonej.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd

Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P143. s.119-120

1982/A

ULANOWSKA, K. PIOSIK, J. GWIZDEK-WIŚNIEWSKA, A. CZYŻ, A. WĘGRZYN, G.
Kofeina i jej pochodne zapobiegają mutagennemu działaniu MTTP (1-metylo-4-fenilo-1,3,6-tetrahydropirydyny).

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia W118. s.191

1983/A

WYSOCKA, M. RYTKA, J. KURLANDZKA, A.

Interakcja genu CSM1 kodującego białko, które wpływa na segregację chromosomów w mejozie I, z elementami kompleksu replikacji DNA w drożdżach.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P242. s.191-192

1984/A

PIŁSYK, S. NATORFF, R. SIENKO, M. PASZEWSKI, A.

Genetyczne i molekularne aspekty transportu siarczanu u grzyba *Aspergillus nidulans*.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia W122. s.195

1985/A

CHEŁSTOWSKA, A. BIANCHI, M.M. CAVALLI, A. COSTANZO, G. GRABOWSKA, D. PICCINNI, E. FRONTALI, L. NEGRI, R. SŁONIMSKI, P.P. RYTKA, J.

Nadekspresja genu BDF1 znosi efekty delecji genu YAF9, kodującego podjednostkę kompleksu NuA4 w drożdżach *S. cerevisiae*.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia W123. s.195

1986/A

MICIAŁKIEWICZ, A. SKONECZNA, A. SKONECZNY, M.

Apoptotyczna funkcja białka Ydr533p z drożdży *Saccharomyces cerevisiae*, homologa białka DJ-1, którego mutacja powoduje chorobę Parkinsona.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia W124. s.196

1987/A

SIENKO, M. NATORFF, R. HEJDUK, A. PASZEWSKI, A.

Geny kodujące reduktazy metylenotetrahydrofolianu u *Aspergillus nidulans*.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P247. s.196

1988/A

NATORFF, R. BRZYWCZY, J. PASZEWSKI, A.

Charakterystyka aktywatora transkrypcji METR (*Aspergillus nidulans*).

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P248. s.196

1989/A

REMPOŁA, B. KARKUSIEWICZ, I. GROMADKA, R. GRYNBERG, M. RYTKA, J.

Rola białka Faf1 w procesie biogenezy rybosomów w *Saccharomyces cerevisiae*.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P250. s.197

1990/A

KUTNER, J. BOGUTA, M.

Białka zaangażowane w terminację translacji mitochondrialnej u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P253. s.199

1991/A

CIEŚLA, M. BOGUTA, M.

Klonowanie supresorów delekcji genu MAF1 u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P254. s.199

1992/A

CHOŁBIŃSKI, P. LEWANDOWSKA, M. KWAPISZ, M. ŻOŁĄDEK, T.

Ligaza ubikwitynowo-białkowa Rsp5 *S. cerevisiae* posiada funkcjonalną sekwencję NLS kierującą ją do jądra.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P256. s.200

1993/A

JANKOWSKA, A. TOWPIK, J. BOGUTA, M.

Udział terminacji translacji i prionu [PSI+] w regulacji ekspresji genu COX5b u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P257. s.201

1994/A

LEWANDOWSKA, I. ZIELIŃSKI, Z. PASZEWSKI, A.

Regulacja ekspresji genów metabolizmu folianów u *Aspergillus nidulans*.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 09 2004.

Streszczenia P261. s.202

1995/A

KUCHARCZYK, R. HOFFMAN, M. JASZCZA, A. RYTKA, J.

Interakcje genu CCZ1 kodującego białko wymagane w procesie transportu wakuolarnego w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P278. s.218

1996/A

DOMAŃ-PYTKA, M. BARDOWSKI, J.

An acidic pullulanase from a mesophilic lactic acid bacterium *Lactococcus lactis* IBB500.

2nd Symposium on the Alpha-Amylase Family. Smolenice Castle, Slovakia, Oct 3-7, 2004.

Program and Abstracts (2004) Poster-P9 p. 62

1997/A

KAMIŃSKA, J. SMACZYŃSKA-de ROOIJ, I. WYSOCKA, M. RYTKA, J. ŻOŁĄDEK, T.

Pan1p, the actin cytoskeleton-associated protein, is required for growth of yeast on oleate medium.

International Meeting on the Topogenesis of Organellar Proteins, RuhrCongressBochum, October 28-30, 2004

P32

1998/A

BŁASZCZYK, A.K. LEWANDOWSKA, M. KAMIŃSKA, J. LISZEWSKA, F.

GAGANIDZE, D. SIRKO, A.

Analysis of nicotiana tabacum response to short term sulfur starvation. Sessions: Interactions within plants - abiotic stress.

2nd EPSO Conference, Interactions in Plant Biology: cells, plants and communities. Hotel Continental Terme, Ischia, Italy, 10-14 October 2004

P 133 p.227

1999/A

WAWRZYŃSKI, A. BŁASZCZYK, A.K. KOPERA, E. BAL, W. SIRKO, A.

Overexpression of genes involved in phytochelatin biosynthesis in transgenic tobacco plants.

COST 859 Phytotechnologies to promote sustainable land use management and improve food safety. 18-19 October 2004, Institute of Biochemistry and Biophysics PAS, Warsaw, Poland.

Programme and Abstracts p.55

2000/A

BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M. KRAWCZYK, M. STROKOVSKAYA, L.

STANKIEWICZ, A. BRETNER, M. NAJDA, A. GOZDEK, A. HAENNI, A.-L.

ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.

Fluorometric hunt for efficient inhibitors of hepatitis C virus helicase.

2nd European Congress of Virology Eurovirology 2004, Madrid, Spain, 5-9 September 2004

Final Programme and Abstracts P9-12 p.203

2001/A

GOZDEK, A. POZNAŃSKI, J. PAWŁOWICZ, J. BOROWSKI, P. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W. BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M.

Expression and structural studies on the peptide inhibitor of the hepatitis C virus helicase.
3rd Interantional and 28th European Peptide Symposium, September 5-10, 2004, Prague, Czech Republic

J. Pept. Sci. (2004) Suppl. to vol. 10 **P336 p.208**

2002/A

NIEMINUSZCZY, J. JANION, C. WRZESIŃSKI, M. GRZESIUK, E.

Contribution of *E. coli* ALKB protein in the alkylating DNA repair.

European Environmental Mutagen Society, 34th Annual Meeting, Organised by section Genetic Toxicology of the Netherlands Society of Toxicology, University of Maastricht, Netherlands, September 4-8, 2004

Program and Abstracts Poster Session 1 **PW2007 p.58**

2003/A

GRZESIUK, E. NIEMINUSZCZY, J. KRUSZEWSKI, M. PLAZINSKA, M.T. GRZESIUK, W.
Damage to DNA and its repair in radioiodine treated patients with autonomous thyroid nodule.

European Environmental Mutagen Society, 34th Annual Meeting, Organised by section Genetic Toxicology of the Netherlands Society of Toxicology, University of Maastricht, Netherlands, September 4-8, 2004

Program and Abstracts Poster Session 1 **PW2008 p.58**

2004/A

KONOPKA, D. WITEK, K. BANDOROWICZ-PIKULA, J. PIKULA, S. HENNIG, J.

Is annexin 1 involved in cellular defense against oxidative stress in Arabidopsis?

15th International Conference on Arabidopsis Research, July 11-14, Berlin, Germany

T05-009

2005/A

MAC, A. BARABASZ, A. KRZYMOWSKA, M. BIENIAK, B. CHARZYNSKA, M. HENNIG, J.

Glub 20-2 - a novel β -1,3-glucanase involved both in pathogenesis and development of potato (*Solanum tuberosum*).

The International Join Workshop on PR-Proteins and Induced Resistance, Hotel Marienlyst - Elsinore, Denmark, May 5-9, 2004.

Abstract-Book Poster 42 p.104

2006/A

KRZYMOWSKA, M. SAMUEL, M. ELLIS, B.E. HENNIG, J.

Differential response of SIPK manipulated plants to pathogen infection.

The International Join Workshop on PR-Proteins and Induced Resistance, Hotel Marienlyst - Elsinore, Denmark, May 5-9, 2004.

Abstract-Book Poster 71 p.133

2007/A

FLIS, B. HENNIG, J. STRZELCZYK-ŻYTA, D. GEBHARDT, C. MARCZEWSKI, W.
(P9-11) CAPS marker GP122718 linked to the gene Ry-fsto on potato chromosome XII is useful to idenfity potato cultivars expressing extreme resistance to Potato virus Y.

1st Solanaceae Genome Workshop 2004, 19-21 September 2004, Wageningen, The Netherlands.

Book of Abstracts p.142

2008/A

BERNATOWICZ, P. EJCHART, A. PASTUCH-GAWOLEK, G. SZEJA, W. LIPINSKI, T. GAMIAN, A.

NMR-Based method for the location of amino acid moieties in bacterial oligosaccharides.

XXXVII Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications. Kraków, 1-2 December 2004.

Abstracts p.15

2009/A

CZERSKI, I. KAMIENSKA-TRELA, K. RATAJCZYK, T. SZYMANSKI, S. WÓJCIK, J.

"Through space" j-couplings of the peri-f atom to the CH₃ protons in a tetrafluoro derivative of 9-methyltripitycene. Strengthened evidence of blue-shifting hydrogen bond.

XXXVII Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications. Kraków, 1-2 December 2004.

Abstracts p.25

2010/A

ZHUKOV, I. EJCHART, A. BIERZYŃSKI, A.

Three-dimensional structure and backbone dynamics of the mixed disulfide of bovine *apo*-S100A1 protein with β -mercaptoethanol.

XXXVII Polish Seminar on Nuclear Magnetic Resonance and Its Applications. Kraków, 1-2 December 2004.

Abstracts p.113

2011/A

KAMIŃSKA, J. SMACZYŃSKA-de ROOIJ, I. WYSOCKA, M. RYTKA, J. ŻOŁĄDEK, T.

Pan1p, the actin cytoskeleton-associated protein, is required for growth of yeast on oleate medium.

International Meeting on the Topogenesis of Organellar Proteins, RuhrCongressBochum, October 28-30, 2004.

P32

2012/A

KWAPISZ, M. CHOLBIŃSKI, P. LEWANDOWSKA, M. HOPPER, A.K. ŻOŁĄDEK, T.

Nuclear localization sequence (NLS) of Rsp5p ubiquitin ligase is functional but is not important for its essential functions.

Join 59th Harden/ EMBO Conference, The Ubiquitin-Proteasome System in Health and Disease, Royal Agricultural College, Cirencester, UK, 6-10 September 2004.

Programme and Abstracts Poster Abstracts P030 p.16

2013/A

McINTYRE, J. PODLASKA, A. SKONECZNA, A. HAŁAS, A. ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA, E.
Towards understanding the role of ubiquitin-mediated proteolysis in DNA-damage tolerance mechanisms.

Join 59th Harden/ EMBO Conference, The Ubiquitin-Proteasome System in Health and Disease, Royal Agricultural College, Cirencester, UK, 6-10 September 2004.

Programme and Abstracts Poster Abstracts P073 p.27

2014/A

McINTYRE, J. PODLASKA, A. SKONECZNA, A. HAŁAS, A. ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA, E.
Towards understanding the role ubiquitin-mediated proteolysis in DNA-damage tolerance mechanisms.

Join 59th Harden/EMBO Conference - The Ubiquitin Proteasome System in Health and Disease, Royal Agricultural College, Cirencester, UK, 6-10 September 2004.

2015/A

GÓRECKA, K. KONOPKA, D. BUSZEWSKA, M.E. HENNIG, J. PIKULA, S.
Characteristics of GABI-Kat mutant AnnAt1 annexin (line 327B12).
15th International Conference on Arabidopsis Research, July 11-14, Berlin, Germany.
T04-026

2016/A

KOMISARSKI, M. CIEŚLA, J.M. TUDEK, B. KUŚMIEREK, J.T.
Reaction of trans-4-hydroxy-2-nonenal with deoxynucleosides.
2nd Meeting of the HNE-Club, HNE and Lipid Peroxidation Products: from basic science to medicine, July 6-9, 2004, Berlin, Germany.
P20

2017/A

PIOTROWSKA, E. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. GRYNKIEWICZ, G. SKORUPA, E.
WĘGRZYN, A. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. WĘGRZYN, G. Genisteina i jej pochodne
potencjalnymi inhibitorami syntezy glikozoaminoglikanów w leczeniu chorób lizosomalnych.
Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd
Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9
września 2004.
Streszczenia P24. s.30

2018/A

JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. KADZIŃSKI, L. BANECKA-MAJKUTEWICZ, Z.
SAWUŁA, W. BANECKI, B. WĘGRZYN, A. WĘGRZYN, G. NYKA, W. Analiza
molekularna genów związanych z metabolizmem homocysteiny u chorych z niedokrwiennym
udarem mózgu.
Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd
Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9
września 2004.
Streszczenia P59. s.56

2019/A

OFICJALSKA, D. HARISMENDY, O. SMAGOWICZ, W.J. BOGUTA, M. SENTENAC, A.
LEFEBVRE, O.
MafI mediated regulation of RNA polymerase III transcription.
2004 Yeast Genetics and Molecular Biology Meeting, University of Washington, Seattle,
June 21-Aug.1 2004.

2020/A

OFICJALSKA, D. HARISMENDY, O. SMAGOWICZ, W.J. BOGUTA, M. SENTENAC, A.
LEFEBVRE, O.
MafI mediated regulation of RNA polymerase III transcription.
EURESCO Conference: Gene transcription in yeast, San Felieu de Guixds, Spain, May 29-
June 3.

2021/A

GRZESIUŁ, E. WRZESIŃSKI, M. NIEMINUSZCZY, J. NOWOSIELSKA, A.
Mutational specificity of Escherichia coli DNAQ₄₉ and the effect of UMUD(D')C proteins.
European Environmental Mutagen Society, 34th Annual Meeting, Organised by section
Genetic Toxicology of the Netherlands Society of Toxicology, University of Maastricht,
Netherlands, September 4-8, 2004
Program and Abstracts Poster Session 1 PW2006 p.56

2022/A

WĘGRZYN, G. KURLENDA, J. LIBEREK, A. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. CZARTORYSKA, B. PIOTROWSKA, E. WĘGRZYN, A.

Untypical microbial infections of digestive tract may contribute to diarrhoea in mucopolysaccharidosis patients: a MPS I case study.

8th International Symposium on Mucopolysaccharide and Related Diseases. New therapeutic strategies - what can we hopefully expect? June 10-13, 2004, Rheingoldhalle Mainz, Germany.

Abstracts P19 p.21

2023/A

PIOTROWSKA, E. SKORUPA, E. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. WĘGRZYN, A. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. WĘGRZYN, G.

Effect of genistein on synthesis of glycosaminoglycans.

8th International Symposium on Mucopolysaccharide and Related Diseases. New therapeutic strategies - what can we hopefully expect? June 10-13, 2004, Rheingoldhalle Mainz, Germany.

Abstracts V6 p.5

2024/A

JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. KLOSKA, A. STEPNOWSKA, M. BANECKI, B. WĘGRZYN, A. WĘGRZYN, G. Bakteryjny model w badaniach ludzkich mutacji - badania *in vivo* na przykładzie polimorfizmu genu *MTHFR*.

Polski Kongres Genetyki, XV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetycznego, IV Zjazd Polskiego Towarzystwa Genetyki Człowieka, Warsztaty: Choroby genetyczne, Gdańsk, 6-9 września 2004.

Streszczenia P58. s.56

2025/A

WĘGRZYN, G. BARANSKA, S. NARAJCZYK, M. KONOPKA, G. WĘGRZYN, A. Regulation of directionality of lambda plasmid and phage DNA replication.

Plasmid Biology 2004, International Symposium on Molecular Biology of Bacterial Plasmids and other Mobile Genetic Elements, 15-21 September 2004, Kanoni, Corfu, Greece.

2026/A

PIOTROWSKA, E. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. SKORUPA, E. WĘGRZYN, A. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. WĘGRZYN, G.

Soy isoflavone genistein as a potential inhibitor of glycosaminoglycan synthesis in treatment patients with lysosomal storage diseases.

The Fourth Multidisciplinary Conference on Drug Research, Gdańsk-Sobieszewo, 17-19 maja 2004.

Book of Abstracts P-93

2027/A

WĘGRZYN, G. SIKORA, A. BARANSKA, S. CZYŻ, A.

Inhibition of bacteriophage lambda DNA replication initiation in the *Escherichia coli* CGTA mutant.

ASM Conferences, The New Phage Biology, August 1-5, 2004, Key Biscayne, Florida.

Poster Abstracts 156C p.70

2028/A

JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. KŁOSKA, A. STEPNOWSKA, M. BANECKI, B. WĘGRZYN, A. WĘGRZYN, G. System doświadczalny do badania efektów ludzkich mutacji w komórkach bakteryjnych - efekty najczęstszego polimorfizmu w ludzkim genie *MTHFR*. IX Polskie Sympozjum nt. Wrodzonych Wad Metabolizmu, Pułtusk, 11-12 październik 2004.
Materialy Zjazdowe

2029/A

JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. KŁOSKA, A. STEPNOWSKA, M. BANECKI, B. WĘGRZYN, A. WĘGRZYN, G.
A bacterial system for studies on mechanism and development of treatment of stroke caused by human *MTHFR* gene mutations.
The Fourth Multidisciplinary Conference on Drug Research, Gdańsk-Sobieszewo, 17-19 maja 2004.

Book of Abstracts**2030/A**

PEKALA, I. KELNER, A. CIESIELSKI, A. DOBROWOLSKA, G.
Study on osmotic stress activated protein kinase from *Nicotiana tabacum* (NtOSAK).
FEBS Advanced Course, Transcriptome analyses: experimental design, microarray production and data analyses. École Normale Supérieure, Paris, France, July 19-23, 2004.
Abstract book

2031/A

KODRIK, D. KŁUDKIEWICZ, B. SEHNAL, F. GRZELAK, K.
Recombinant silk proteinase inhibitors.
29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.
Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **PS4-30 p.251**

2032/A

OLIŃSKI, R. GACKOWSKI, D. ROZALSKI, R. SPEINA, E. ZIELIŃSKA, M. ARCZEWSKA, K.D. OBTUŁOWICZ, T. KUŚMIEREK, J.T. TUDEK, B.
Oxidative DNA damage as a biomarker of cancer risk in humans.
29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004, Warsaw, Poland.
Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **S1.1-06 p.4**

2033/A

TUDEK, B. RUSIN, B. MADDUKURI, L. KOMISARSKI, M. KUŚMIEREK, J.T. KOWALCZYK, P. CIEŚLA, J.M.
Processing of lipid peroxidation-derived DNA adducts by repair enzymes and DNA polymerases.
Gliwice Scientific Meetings 2004, Gliwice, 19-2- XI 2004. **p.32**

2034/A

BĘBENEK, A. KADYROV, F.A. CARVER, G. DRAKE, J.W.
The impact of accessory proteins on the fidelity of RB69 DNA polymerase.
Gordon Conference "Mutagenesis", Oxford, England, 7-12 September 2004.

2035/A

SARNOWSKI, T.J. ŚWIEŻEWSKI, S.S. RIOS, G. PAWLIKOWSKA, K.P.
KWIATKOWSKA, A. KOZBIAL, M. KOZBIAL, P. KURAS, M. KONCZ, C.
JERZMANOWSKI, A.J.

Functional characterization of *Arabidopsis AtSWI3* genes encoding homologs of a core subunit of yeast SWI/SNF chromatin remodeling complex.

15th International Conference on Arabidopsis Research, July 11-14, Berlin, Germany.

T09-005

2036/A

OLCZAK, K.O. GITTINS, J. JERZMANOWSKI, A.J. BRZESKI, J.B.

Sub-nuclear localization of chromatin remodeling factor DDM1.

15th International Conference on Arabidopsis Research, July 11-14, Berlin, Germany.

T09-024

2037/A

WIERZBICKI, A.T. JERZMANOWSKI, A.J.

Histone H1 is required for maintaining the pattern of DNA methylation in *Arabidopsis*.

15th International Conference on Arabidopsis Research, July 11-14, Berlin, Germany.

T09-055

2038/A

KOTLINSKI, M. CALIKOWSKI, T. JERZMANOWSKI, A.J.

Proteomic analysis of nuclear components from *Arabidopsis* suspension cells and *Arabidopsis* plants.

15th International Conference on Arabidopsis Research, July 11-14, Berlin, Germany.

T10-008

2039/A

SOKÓŁ, A. PRYMAKOWSKA-BOSAK, M.P.-B. JERZMANOWSKI, A.J.

Changes in the modifications of core histone H3 after salt stress in the BY-2 tobacco cell line and *Arabidopsis thaliana* cells.

15th International Conference on Arabidopsis Research, July 11-14, Berlin, Germany.

T12-020

2040/A

DOŁOWY, P. KULIŃSKA, A. OCHOCKA, M. HAYES, F. JAGURA-BURDZY, G.

The replication functions and regulatory network of RA3 of the IncU plasmid incompatibility group. Plasmid Biology 2004, International Symposium on Molecular Biology of Bacterial Plasmids and other Mobile Genetic Elements, 15-21 September 2004, Kanoni, Corfu, Greece.

Program & Abstracts p.151

2041/A

KULIŃSKA, A. CAO, Y. HAYES, F. JAGURA-BURDZY, G.

The segregational stability functions of RA3 from the IncU plasmid incompatibility group. Plasmid Biology 2004, International Symposium on Molecular Biology of Bacterial Plasmids and other Mobile Genetic Elements, 15-21 September 2004, Kanoni, Corfu, Greece.

Program & Abstracts p.122

2042/A

McINTYRE, J. PODLASKA, A. SKONECZNA, A. HAŁAS, A. ŚLEDZIEWSKA-GÓJSKA, E.
Ubiquitin-proteasome pathway is involved in modulation of trans-lesion DNA synthesis in untreated yeast cells.

Gordan Research Conferences Mutagenesis, September 12-17, 2004, Queen's College, Oxford, UK.

2043/A

SPEINA, E. GACKOWSKI, D. ZIELIŃSKA, M. SIOMEK, A. OLIŃSKI, R. TUDEK, B.
Repair of 8-oxoguanine in lung of non-small lung cancer patients.
American Association for Cancer Research, 95th Annual Meeting, March 27-31, 2004,
Orange County Convention Center, Orlando, Florida.

Program**2044/A**

KURANDA, K. LEBERRE, V. SOKOL, S. PALAMARCZYK, G. FRANÇOIS, J.
Genomic analysis of the yeast response to the cell wall damage caused by calcofluor white.
29th Meeting of the Federation of the European Biochemical Societies, 26 June-1 July 2004,
Warsaw, Poland.

Eur. J. Biochem. (2004) **271** Suppl. 1, **P1.3-18 p.33**

2045/A

GÓRKA, W. BAŃKOWSKA, R. SALOHEIMO, M. PENTTILÄ, M. PALAMARCZYK, G.
KRUSZEWSKA, J.S.

Heterologous expression of *T. reesei* secretory protein in *S. cerevisiae* *PMT* mutants.
7th European Conference on Fungal Genetics, Copenhagen, 17-20 April, 2004.

Final programme and Abstract book VIIIp-6 p.189

2046/A

KUBAŃ, W. BANACH-ORŁOWSKA, M. BIAŁOSKÓRSKA, M. JONCZYK, P.
FIJAŁKOWSKA, I.J.

Role of DNA polymerase IV in synthesis of leading and lagging DNA strand during
chromosomal replication in *Escherichia coli*.

Gordan Research Conferences Mutagenesis, September 12-17, 2004, Queen's College,
Oxford, UK.

Poster number Tu-9

2047/A

BANACH-ORŁOWSKA, M. FIJAŁKOWSKA, I.J. SCHAAPER, R.M. JONCZYK, P.
DNA polymerase II as a fidelity factor in chromosome DNA synthesis in *Escherichia coli*.

Gordan Research Conferences Mutagenesis, September 12-17, 2004, Queen's College,
Oxford, UK.

Poster number M-6

2048/A

ZIELENKIEWICZ, U. CEGŁOWSKI, P.

The ClpXP protease is responsible for degradation of the epsilon antidote of post-
segregational killing system of pSM19035 plasmid.

Plasmid Biology 2004, International Symposium on Molecular Biology of Bacterial Plasmids
and other Mobile Genetic Elements, 15-21 September 2004, Kanoni, Corfu, Greece.

Program & Abstracts p.129

2049/A

DMOWSKI, M. SITKIEWICZ, I. CEGŁOWSKI, P.

Delta and omega genes of pSM19035 plasmid constitute a novel stabilization cassette.

Plasmid Biology 2004, International Symposium on Molecular Biology of Bacterial Plasmids
and other Mobile Genetic Elements, 15-21 September 2004, Kanoni, Corfu, Greece.

Program & Abstracts p.117

2050/A

MAZGA, A. FELCZAK, K. BRETNER, M. SIWECKA, M.A. LIPNIACKI, A. PIASEK, A. KULIKOWSKI, T.

Prodrugs of 3'-deoxy-3'-fluorothymidine analogues: synthesis and anti-HIV-1 activity.

The Fourth Multidisciplinary Conference on Drug Research, Gdańsk-Sobieszewo, 17-19 maja 2004.

Book of Abstracts K-10

2051/A

BRETNER, M. NAJDA, A. PODWIŃSKA, R. BAIER, A. PARUCH, K. LIPNIACKI, A. PIASEK, A. BOROWSKI, P. KULIKOWSKI, T.

Inhibitors of the NTPASE/Helicase of hepatitis C and related *Flaviviridae* viruses.

The Fourth Multidisciplinary Conference on Drug Research, Gdańsk-Sobieszewo, 17-19 maja 2004.

Book of Abstracts K-14

2052/A

BRETNER, M. ZIEMKOWSKI, P. NARAYAN, R. NAJDA, A. LIPNIACKI, A. PIASEK, A. PETIT, M.-A. COVA, L. KULIKOWSKI, T.

Nucleoside analogues as potential inhibitors of HCV replication.

The Fourth Multidisciplinary Conference on Drug Research, Gdańsk-Sobieszewo, 17-19 maja 2004.

Book of Abstracts P-96

2053/A

JUSZCZUK, O. ŁOBOCKA, M.B.

In vivo tracking *parS*-carrying plasmids destabilized by P1 partition protein ParB.

Plasmid Biology 2004, International Symposium on Molecular Biology of Bacterial Plasmids and other Mobile Genetic Elements, 15-21 September 2004, Kanoni, Corfu, Greece.

Program & Abstracts p.120

2054/A

KRAJEWSKA-GRYNKIEWICZ, K. ŁOBOCKA, M.B.

Alterations in cell division-associated processes in cells overproducing partition proteins of P1 plasmid.

Plasmid Biology 2004, International Symposium on Molecular Biology of Bacterial Plasmids and other Mobile Genetic Elements, 15-21 September 2004, Kanoni, Corfu, Greece.

Program & Abstracts p.123

2055/A

KUDŁA, G. HELWAK, A. LIPINSKI, L.

Evolution of nucleotide usage in mammalian Hsp70-family genes.

The 2004 meeting on Molecular Chaperones & The Heat Shock Response. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York, May 5-May 9, 2004.

Abstracts p.115

2056/A

KUDŁA, G. HELWAK, A. GUTKOWSKA, M. WALERYCH, D. BOROS, J. WAWRZYNOW-ŻYLICZ, A. ŻYLICZ, M.

Inactivation of a temperature-sensitive p53 mutant by Hsp70.

The 2004 meeting on Molecular Chaperones & The Heat Shock Response. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York, May 5-May 9, 2004.

Abstracts p.116

2057/A

WALERYCH, D. KUDŁA, G. GUTKOWSKA, M. HELWAK, A. ŻYLICZ, M. WAWRZYNOW-ŻYLICZ, A.

Hsp90 chaperones a wild-type p53 tumor suppressor protein.

The 2004 meeting on Molecular Chaperones & The Heat Shock Response. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York, May 5-May 9, 2004.

Abstracts p.225

2058/A

WALERYCH, D. KUDŁA, G. GUTKOWSKA, M. HELWAK, A. KING, F.W. ŻYLICZ, M. ŻYLICZ, A.

Hsp90 chaperones a wild-type p53 tumor suppressor protein.

EMBO Workshop and 2nd International Conference on The Hsp90 Chaperone Machine.

Gwatt, Switzerland, September 25-29, 2004.

2059/A

GUTKOWSKA, M. HELWAK, A. JÓZEFACKI, R. WAWRZYNOW-ŻYLICZ, A. ŻYLICZ, M.

Hsp90 dependent chaperoning of the luciferase.

EMBO Workshop and 2nd International Conference on The Hsp90 Chaperone Machine.

Gwatt, Switzerland, September 25-29, 2004.

2060/A

KORYSZEWSKA, A. BARDOWSKI, J.

Rola plazmidów w adaptacji *Lactococcus lactis* do środowiska.

XXV Jubileuszowy Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Bydgoszcz, 23-25 września 2004.

Post. Mikrobiol. (2004) 43 Supl. 1, P-44 p.58

2061/A

ŻYLIŃSKA, J. BARDOWSKI, J.

Analiza genetyczna małego plazmidu z *Lactococcus lactis* replikującego się udziałem mechanizmu typu theta.

XXV Jubileuszowy Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Bydgoszcz, 23-25 września 2004.

Post. Mikrobiol. (2004) 43 Supl. 1, P-45 p.59

2062/A

SZCZEPAŃSKA, A. BARDOWSKI, J.

Badanie funkcji rekombinacyjnych u bakteriofaga bIL67 wiruletnego wobec *Lactococcus lactis*.

XXV Jubileuszowy Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Bydgoszcz, 23-25 września 2004.

Post. Mikrobiol. (2004) 43 Supl. 1, P-46 p.60

2063/A

BARDOWSKI, J. ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK, T. GÓRECKI, R.K. HEJNOWICZ, M. KORYSZEWSKA, A. KOWALCZYK, M. SZCZEPAŃSKA, A.

Bakterie mlekowe w biotechnologii - źródło genów, enzymów i "zdrowia".

XXV Jubileuszowy Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Bydgoszcz, 23-25 września 2004.

Post. Mikrobiol. (2004) 43 Supl. 1, U-55 p.484

2064/A

HEJNOWICZ, M. SZCZEPAŃSKA, A. BARDOWSKI, J.

Różnorodność biologiczna i występowanie na terenie Polski bakteriofagów wirulentnych wobec bakterii z rodzaju *Lactococcus*.

XXV Jubileuszowy Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Bydgoszcz, 23-25 września 2004.

Post. Mikrobiol. (2004) **43** Supl. 1, **P-422 p.518**

2065/A

GÓRECKI, R.K. BARDOWSKI, J.

Geny plazmidowe *Lactococcus lactis* jako elementy plastyczności genomu oraz adaptacji do środowiska.

XXV Jubileuszowy Zjazd Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów, Bydgoszcz, 23-25 września 2004.

Post. Mikrobiol. (2004) **43** Supl. 1, **P-423 p.519**

MISCELLANEA

86/M

SHUGAR, D.

Preface.

Biochimica et Biophysica Acta (2004) **1697** 1

87/M

BOGUCKA, K. CHOJNACKI, T.

Zamiast przedmowy - o książce Simona Sznola i o Autorze.

W: Herosi, gangsterzy i konformiści. Simon Sznol. Warszawa 2004, Dom Wydawniczy Bellona, s.5-11

88/M

SHUGAR, D.

3rd Meeting of the Federation of European Biochemical Societies, Warsaw, April 4-7, 1966:
Some Personal Recollections.

Acta Biochim. Pol. (2004) **51** III-VI

89/M

BARDOWSKI, J.

Modyfikacje genetyczne bakterii *Lactococcus lactis* - perspektywy wykorzystania w procesach biotechnologicznych.

W: Bakterie Fermentacji Mlekowej. Klasyfikacja, Metabolizm, Genetyka, Wykorzystanie. Politechnika Łódzka. s.26-41

90/M

BARDOWSKI, J. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.

Piotr Cegłowski - Wspomnienie

Post. Mikrobiol. (2004) **43** 231-234

91/M

MICHALIK, J. ZWIERZCHOWSKI, L. STROKOVSKAYA, L. SZOŁAJSKA, E.

Biologically active recombinant human prolactin synthesised and secreted extracellularly in baculovirus expression system.

Biotechnologia (2004) **1** 260-273

92/M

ŻOŁĄDEK, T.

Nagroda Nobla z chemii, czyli o systemie degradacji białek komórkowych.

Post. Biochem. (2004) **50** 294-295

93/M

EJCHART, A.

Spektroskopia magnetycznego rezonansu jądrowego w wyznaczaniu budowy białek.

Kosmos (2004) **53** 263-270

TYTUŁY ROZPRAW HABILITACYJNYCH

323/N

CZYŻ, A.

Rola genu *cgtA* u bakterii *Vibrio harveyi* i *Escherichia coli*.

Role of the *cgtA* gene in *Vibrio harveyi* and *Escherichia coli* cells.

2004-02-03

Presented February 3, 2004

Microbiology (2001) **147** 183-191; **Biochem.J.** (2002) **362** 579-584;

Biochem.Bioph.Res.Co. (2002) **292** 333-338; **Curr.Microbiol.** (2002) **45** 440-445; **Plasmid** (2003) **50** 45-52; **Microbiology** (2003) **149** 1763-1770

TYTUŁY PRAC DOKTORSKICH

324/N

BARTOSIK, A.A.

Molekularna analiza białka ParB z *Pseudomonas aeruginosa* homologa plazmidowych białek partycyjnych. (Molecular analysis of ParB protein from *Pseudomonas aeruginosa* - the homologue of plasmid partitioning proteins).

Presented April 20, 2004

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Promotor: doc. Grażyna Jagura-Burdzy

325/N

DYCZKOWSKI, J.

Informatyczna identyfikacja genów kodujących białka kompleksu remodelującego chromatynę SWI/SNF u *Arabidopsis thaliana*. (Computational identification of genes of the SWI/SNF chromatin remodelling complex in *Arabidopsis thaliana*).

Presented June 15, 2004

Research done in the Department of Bioinformatics IBB PAS.

Promotor: Prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz

326/N

JANIK, A.

Regulacje biosyntezy glikozylowanych form fosforanu dolicholu w *Saccharomyces cerevisiae*. (Regulatory mechanisms in dolichol-linked saccharide formation in *Saccharomyces cerevisiae*).

Presented June 15, 2004

Research done in the Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS.

Promotor: Prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk

327/N

SZYMAŃSKA, K.

Swoista mutacja kodonu 249 genu *TP53* w etiologii i diagnostyce nowotworu wątroby. (Specific mutation at codon 249 of the *TP53* gene in aetiology and diagnostics of liver cancer).

Presented June 15, 2004

Research done in the Department of the Molecular Biology IBB PAS and the International Agency for Research on Cancer (WHO), Lyon.

Promotor: Doc. dr hab. Barbara Tudek

328/N

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK, T.

Katabolizm laktozy i β -glukozydów u *Lactococcus lactis* - procesy biochemiczne i regulacja genetyczna. (Lactose and β -glucosides catabolism in *Lactococcus lactis* - biochemistry and genetic regulation).

Presented June 22, 2004

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Promotor: Dr hab. Jacek Bardowski

329/N

LASOCKI, K.W.

Molekularna analiza białka ParA z *Pseudomonas aeruginosa* homologa plazmidowych białek partycyjnych. (Molecular characterization of ParA of *Pseudomonas aeruginosa* - a homologue of plasmid-partitioning proteins).

Presented June 22, 2004

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

Promotor: Doc. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy

330/N

LORENC, A.

Mutacje w ludzkim mitochondrialnym DNA w nowotworach i procesie starzenia. (Mutations in human mitochondrial DNA in tumours and aging).

Presented September 28, 2004

Research done in the Department of Genetics UW and the IBB PAS.

Promotor: Prof. dr hab. Ewa Bartnik

331/N

MASNY, A.

Opracowanie dwóch nowych metod typowania bakterii. (Development of two novel DNA typing methods).

Presented September 28, 2004

Research done in the IBB PAS and the Institute of Biotechnology and Antibiotics, Warsaw.

Promotor: Prof. dr hab. Andrzej Płucienniczak

332/N

WAWRZYŃSKA, A.K.

Próby modyfikacji metabolizmu siarkowego oraz identyfikacja genów regulowanych przez głodzenie siarkowe w roślinach tytoniu. (Modification of sulfur metabolism in tobacco and identification of genes regulated by sulfur starvation).

Presented October 5, 2004

Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

Promotor: Doc. dr hab. Agnieszka Sirko

333/N

BRZESKA, K.

Własności funkcjonalne i lokalizacja wewnątrzkomórkowa głównych podjednostek białkowych kompleksów remodelujących chromatynę u *Arabidopsis*. (Functional properties and intracellular localisation of major protein subunits of chromatin remodeling complexes in *Arabidopsis*).

Presented November 25, 2004

Research done in the Laboratory of Plant Molecular Biology IBB PAS.

Promotor: Prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski

TYTUŁY PRAC MAGISTERSKICH

335/N

PISARSKA, A.

Analiza mutacyjna genu parB *Pseudomonas aeruginosa*. (Mutational analysis parB *Pseudomonas aeruginosa*).

Presented June 5, 2004

Research done in the Institute of Microbiology UW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

336/N

STAWIECKA, M.

Badanie interakcji ligazy ubikwitynowo-białkowej Rsp5p z białkiem cytoszkieletu aktynowego Bee1p u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. (Study of the interaction of ubiquitin-protein ligase Rsp5p with the actin cytoskeleton protein Bee1p in yeast *Saccharomyces cerevisiae*).

Presented June 21, 2004

Research done in the Department of Genetics IBB PAS.

337/N

WIENCZEK, E.

Poszukiwanie białek oddziałujących z Kha1p metodą systemu dwuhybrydowego. (Searching for proteins interacting with Kha1p using the two hybrid system).

Presented June 25, 2004

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Genetics IBB PAS.

338/N

WÓJCIK, D.

Uzyskanie transgeniczných roślin *Arabidopsis thaliana* wyrażających gen *Mhb-1*. (Transgenic *Arabidopsis thaliana* plants overexpressing *Mhb-1* gene).

Presented June 29, 2004

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

339/N

KOPER-NAWROCKA, J.

Zastosowanie metody real-time PCR do oceny liczby kopii transgenu w roślinach transgeniczných tytoniu (*Nicotiana tabacum*) odpornych na PVY. (Application of the real-time PCR method to the estimation of number of transgene copies in transgenic tobacco (*Nicotiana tabacum*) plants resistant to PVY).

Presented July 2, 2004

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

340/N

MACIOSZEK, M.

Białko ParB z *Pseudomonas aeruginosa* jako przedstawiciel rodziny ParB: rola zakonserwowanych motywów. (ParB protein from *Pseudomonas aeruginosa* as the member of ParB family: the role of conserved motifs).

Presented July 5, 2004

Research done in the Department of Genetics UW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

341/N

KRACZEK, K.

Badanie stanu fizjologicznego komórek z zahamowaną transkrypcją i translacją mitochondrialną na liniach komórkowych Jurkat i HeLa. (Investigation of the physiological state of cells with inhibited mitochondrial transcription and translation on Jurkat and HeLa cell lines).

Presented July 2, 2004

Research done in the Department of Genetics UW and the IBB PAS.

342/N

MACHUŁA, K.

Zależności pomiędzy aktywnością kinazy dolicholu, a glikozylacją białek i integralnością ściany komórkowej drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. (Impairment of dolichol kinase activity affects protein glycosylation and cell wall integrity in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*).

Presented July 6, 2004

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS.

343/N

BRZOZOWSKA, K.

Funkcjonowanie systemu toksyna-antidotum plazmidu pSM19035 w różnych gatunkach bakterii Gram-dodatnich. (Functioning of pSM19035 plasmid toxin-antitoxin system in different species of Gram-positive bacteria).

Presented September 21, 2004

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

344/N

BALICKI, K.

Badanie oddziaływań pomiędzy białkami uczestniczącymi w regulacji biosyntezy tRNA u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. (Searching for interactions between proteins involved in tRNA biosynthesis regulation in yeast *Saccharomyces cerevisiae*).

Presented September 21, 2004

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Genetics IBB PAS.

345/N

PEKALA, M.

Regulacja ekspresji genu *agaA* *Aspergillus nidulans*. (Regulation of the *agaA* gene from *Aspergillus nidulans*).

Presented June 29, 2004

Research done in the Department of Genetics UW and the IBB PAS.

46/N

NOWAKOWSKI, M.

Badania strukturalne NMR w roztworze peptydów opiatowych oraz fragmentu (D101-K137) białka XPA. (Structural NMR studies of opioid peptides and (D101-K137) fragment of XPA protein in solution).

Presented June 29, 2004

Research done in the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS and the Department of Biophysics UW.

347/N

BERDYŃSKI, M.

Wpływ ekspresji bakteryjnych genów *luxA* i *luxB* na potencjał replikacyjny drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. (Influence of expression of bacterial genes *luxA* and *luxB* on the *Saccharomyces cerevisiae* lifespan).

Presented September 29, 2004

Research done in the Department of Biology UW and the IBB PAS.

348/N

STEFAŃCZYK, B

Rola polimerazy 4 i systemu MMR w powstawaniu mutacji fazy stacjonarnej w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. (The role of DNA polymerase 4 and MMR system in stationary phase mutagenesis of the yeast cells *Saccharomyces cerevisiae*).

Presented February 10, 2004

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

349/N

KAMIŃSKA, J.

Użycie drożdżowego systemu dwuhybrydowego do identyfikacji roślinnych białek wiążących się białkiem U9 *Nicotiana tabacum*. (Using the yeast two-hybrid system for identification of plant proteins able to interact with the U9 protein from *Nicotiana tabacum*).

Presented June 29, 2004

Research done in the Institute of Microbiology UW and the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

350/N

BROJEK, J.

Udział proteasomu 20S w ochronie komórek *Saccharomyces cerevisiae* przed letalnym i mutagennym efektem uszkodzeń oksydacyjnych w DNA. (The role of 20S proteasome in protection of *Saccharomyces cerevisiae* against mutagenic and letuel effects of oxidative DNA damages).

Presented September 6, 2004

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

351/N

DURAWA, M.

Wstępna charakterystyka genetyczna i funkcjonalna "dwufunkcyjnej" metylotransferazy bakteriofaga P1. (Preliminary functional and genetic characterisation of "bifunctional" methyltransferase Dmt of bacteriophage P1).

Presented October 19, 2004

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

PUBLIKACJE ZA ROK 2003, KTÓRE NIE ZNALAZŁY SIĘ W UBIEGŁOROCZNYM SPRAWOZDANIU

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

pkt. 16

3811

DALLNER, G., BRISMAR, K., CHOJNACKI, T., ŚWIEŻEWSKA, E.

Regulation of coenzyme Q biosynthesis and breakdown.

BioFactors (2003) **18** 11-22

Informacje o działalności IBB PAN za 2004 rok

opracowane zgodnie z zasadami
określonymi decyzją Prezesa PAN

Informacje o działalności placówki PAN w 2003 r.

I. Podstawowe dane:

ustawowe 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
276	-	1	78	15	-	178	4

[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:							
	Badanie mechanizmu działania systemu naprawy błędnie sparowanych zasad MMR w komórkach <i>Escherichia coli</i> .	mgr	Wojciech		Kubań	2004	2004	
	Fizjologiczna rola podjednostki Dpb2 DNA polimerazy epsilon <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Małgorzata		Jaszczur	2004	2004	
	Otrzymanie i charakterystyka transgenicznej marchwi ekspresyjacej białko. UreB z <i>Helicobacter pylori</i> i jego fuzje z cytokinami IL-2 i CSF-2. Krok w kierunku uzyskania szczepionki podjednostkowej.	mgr	Kacper		Kazimierzczuk	2004	2004	
	Próby wyjaśnienia roli biologicznej homologu podjednostki katalitycznej CK2alpha (CK2alpha-like) z kukurydzy.	mgr	Maja		Łebska	2004	2004	
	Białka zaangażowane w terminację translacji u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Jan		Kutner	2004	2004	
	Oksydacyjne uszkodzenia mitochondrialnego DNA a długość życia komórek drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Ewa		Malc	2004	2004	
	Klonowanie i wyrażanie białka płaszcza (BP) wirusa liściozwoju ziemniaka (PLRV) w bakteryjnych i owadzych systemach ekspresyjnych.	mgr	Elżbieta		Sułaja	2004	2004	
	Charakterystyka promotora subgenomowego rna1 wirusa liściozwoju ziemniaka.	mgr	Adrianna		Łoniewska	2004	2004	
	Identyfikacja supresorów delekcji genu MAF1 u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Małgorzata		Cieśla	2004	2004	
	Zależność między aktywnością łańcucha oddechowego, a mutagenezą komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Piotr		Dzierzbicki	2004	2004	

Dalsza analiza fenotypu roślin ziemniaka jadalnego (<i>Solanum tuberosum</i>) nadprodukujących ziemniaczanę β -1,3-glukanazę (GluB) oraz uzyskanie i analiza roślin <i>Arabidopsis thaliana</i> , nadprodukujących to samo białko.	mgr	Agnieszka		Mac	2004	2004	
Ekspresja i badania strukturalne helikazy wirusa zapalenia wątroby typu C wraz z inhibitorami.	mgr	Anna		Stankiewicz	2004	2004	
Badanie aktywności helikazy wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV) wraz z inhibitorami.	mgr	Mariusz		Krawczyk	2004	2004	
Próba wyjaśnienia biologicznej funkcji NtOSAK (Nicotiana tabacum Osmotic Stress Activated Protein Kinase).	mgr	Izabela		Pękala	2004	2004	
Funkcjonalna analiza białka KorB z plazmidu RA3 oraz ustalenie organizacji genetycznej i sekwencji regionów sąsiadujących z kasetą stabilizacyjną plazmidu RA3 z grupy IncU.	mgr	Anna		Kulińska	2004	2004	
Molekularna charakterystyka podjednostki rep (rab escort protein) rab prenylotransferazy z <i>Arabidopsis thaliana</i> .	mgr	Magdalena		Wojtas	2004	2004	
Rola białek typu Kfr w biologii plazmidów R751 (IncP-1) i RA3 (IncU). Analiza funkcjonalna i porównawcza.	mgr	Patrycja		Dołowy	2004	2004	
Rola małych RNA w regulacji kwitnienia <i>Arabidopsis thaliana</i> .	mgr	Szymon		Świeżewski	2004	2004	
Funkcjonalna analiza białka ParB z <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	mgr	Jolanta		Mierzejewska	2004	2004	
Genetyczne i molekularne aspekty asymilacji siarczynu u grzyba <i>Aspergillus nidulans</i> .	mgr	Sebastian		Piśsyk	2004	2004	
Zależność pomiędzy O-mannozylacją a sekrecją białek w <i>Trichoderma reesei</i> .	mgr	Wioletta		Górka-Nieć	2004	2004	
Analiza mutacyjna białka Cbl, bakteryjnego regulatora transkrypcyjnego u <i>Escherichia coli</i> .	mgr	Małgorzata		Witkowska	2004	2004	
Ogółem							
22							

II.2.2. własne (granty)	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	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
32	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.	doc. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2001	2004	311 800 zł
	Roślinne prenylotransferazy białkowe.	prof. 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.	dr	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
Fizjologiczna rola podjednostki Dpb2 DNA polimerazy epsilon <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	dr hab.	Piotr		Jonczyk	2004	2007	309 600 zł
Chemiczne podstawy karcynogenezy metali. Mechanizmy ataku metali toksycznych na palce cynkowe.	doc. dr hab.	Wojciech		Bal	2004	2007	180 000 zł
Udział białka AlkB <i>Escherichia coli</i> w naprawie alkilowanego DNA na drodze oksydatywnej demetylacji.	doc. dr hab.	Elżbieta		Grzesiuk	2004	2006	180 000 zł
Udział białka KU70 i hydrolaz grupy nudix w mechanizmach reakcji roślin na światło i stres abiotyczny.	dr	Elżbieta		Kraszevska	2004	2007	240 000 zł

II.2.3. promotorskie	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
Ogółem	Konformacja i dynamika fragmentów białek wiążących jony wapnia.	prof. dr hab.	Andrzej		Ejchart	2002	2004	50 000 zł
8	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
	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
	Molekularna charakterystyka systemu transferu koniugacyjnego plaZMIDU Pctm3.	doc. dr hab.	Piotr		Cegłowski	2004	2005	50 000 zł
	Identyfikacja quasispecies wirusa hepatitis C w praktyce klinicznej.	prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	2004	2005	50 000 zł
	Udział białek Csm1p i Irr1p/Scs3p w podziałach mejotycznych drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2004	2006	50 000 zł

II.2.4. zamawiane	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
15	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.	doc. 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	200 000 zł
Nowe oprogramowanie do różnicowej analizy proteomów poprzez znakowanie stabilnymi izotopami, wielowymiarową chromatografią cieczową i spektrometrią mas.	doc. dr hab.	Michał		Dadlez	2004	2007	700 000 zł
Molekularne aspekty stresu głodu siarkowego w roślinach.	doc. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2004	2007	420 000 zł
Analiza porównawcza sekretomów różnych odmian chorobotwórczych <i>Pseudomonas syringae</i> celem znalezienia białek wirulencji uruchamiających odpowiedź obronną roślin oraz modulujących jej przebieg.	dr	Magdalena		Krzymowska	2004	2007	502 000 zł
Udział lipidów prenylowych w obronie komórki roślinnej przed stresem biotycznym i abiotycznym.	prof. dr hab.	Ewa		Kula-Świeżewska	2004	2007	550 000 zł
Badanie funkcji oraz mechanizmu przesyłania sygnału stresu osmotycznego w roślinie poprzez kinazę białkową NtOSAK (<i>Nicotiana tabacum</i> Osmotic Stress-Activated Protein Kinase).	doc. dr hab.	Grażyna		Dobrowolska	2004	2007	578 000 zł
Udział kinaz białkowych zależnych od wapnia (CPK/CDPK) w przekazywaniu sygnałów stresu u roślin, ze szczególnym uwzględnieniem roli ZMCPK11 w stresie zranienia.	prof. dr hab.	Grażyna		Muszyńska	2004	2007	500 000 zł

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 II.2.7. KBN	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		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
Ogółem	Rozwój ultraczułych metod dla proteomu: zastosowanie w mukowiscytozie (EUROPROCF).	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2002	2005	505 400 zł
15	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	2005	280 700 zł
	Profile ekspresji genomu jako wzorce dla oceny bezpieczeństwa nowych szczepów, włączając GMO używane w wytwarzaniu żywności 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	2005	280 462 zł
	Optymalizacja wartości odżywczej roślin uprawnych (OPTI-II).	doc. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2003	2004	171 300 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	2005	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	2004	15 000 zł
	Nowe generacje poliizoprenoidów dla inżynierii błon, nowych technologii, farmakomedycyny i powszechnych zastosowań (TERLIP).	prof. dr hab.	Tadeusz		Chojnacki	2003	2004	30 000 zł
	Zrozumienie normalnego i patologicznego rozwoju człowieka przez integrowaną genomikę porównawczą na modelach kręgowców nie-ssaków (AMPHISHBIERD).	dr	Andrzej		Kierzek	2004	2004	15 000 zł
	Analiza i krytyczna ewaluacja rozprzestrzeniania się oporności na natybiotyki w łańcuchu produkcji żywności (ACE-ART).	doc. dr hab.	Jacek		Bardowski	2004	2006	493 640 zł
	Produkcja IgY za pomocą szczepionki DNA oraz wykorzystanie wytworzonych w ten sposób przeciwciał do nowych zastosowań terapeutycznych i diagnostycznych (PRODIGY).	doc. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2004	2004	30 000 zł
II.2.8. finansowane przez inne poza KBN podmioty/instytucje krajowe np. zlecane placówki 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	2004	
	1) Provision of European perspective and expertise in molecular biotechnology.	prof. dr hab.	Grażyna		Palamarczyk	2000	2004	
	2) Molecular modelling of protein structures and protein-protein interaction.	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2000	2004	
	3) New variants of recombinant proteins of biotechnological interest.	doc. dr hab.	Michał		Dadlez	2000	2004	
	4) Plant developmental and biosynthetic pathways of potential use in biotechnology.	prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	2000	2004	
	5) Plant-Pathogen Interactions.	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	2000	2004	
	6) Plasmid Genomics.	doc. dr hab.	Piotr		Cegłowski	2000	2004	
	7) Applied fungal genetics.	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2000	2004	
	8) Mitochondrial diseases.	prof. dr hab.	Ewa		Bartnik	2000	2004	
	9) Hepatitis C virus (HCV) RNA helicase as a new target for antiviral therapy.	prof. dr hab.	Tadeusz		Kulikowski	2000	2004	
	10) DNA adducts, repair and carcinogenesis.	doc. dr hab.	Barbara		Tudek	2000	2004	
	Projekt w ramach 5.PR UE: "Development of ultrasensitive methods for proteome: Application to cystic fibrosis (EUROPROCF)".	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2001	2005	
	Projekt finansowany przez Wellcome Trust Collaborative Research Initiative Grants: "Partitioning in <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ".	doc. dr hab.	Grażyna		Jagura-Burdzy	2002	2005	
	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	2003	2005	
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	2005	
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: "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 Molecular Biology (IBBMCS)".	prof. dr hab.	Andrzej		Rabczenko	2002	2006	
Projekt w ramach 6.PR UE: "Assesment and critical evaluation of antibiotic resistance transferability in food chain (ACE-ART)".	doc. dr hab.	Jacek		Bardowski	2004	2006	
Projekt w ramach 6.PR UE: "Controlled gene integration: a requisite for genome analysis and gene therapy (GENINTEG)".	dr	Andrzej		Kierzek	2004	2007	
Projekt badawczy NATO: "Natural and recombinant protease inhibitors".	dr hab.	Krystyna		Grzelak	2002	2004	
Projekt finansowany przez National Institutes of Health (USA): "Fidelity studies of RB69 DNA polymerase mutants".	dr	Anna		Bębenek	2003	2006	
Projekt finansowany przez National Institutes of Health (USA): "The roles of DNA polymerase epsilon in yeast".	doc. dr hab.	Iwona	Jadwiga	Fijałkowska	2004	2007	
	dr hab.	Piotr		Jonczyk			

	Ogółem							
	26							
Razem wszystkie								
118								

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

- 1 „Dolicholo-zależna glikozylacja białek w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*: Regulacja oraz związek ze szlakiem integralności komórki.” *prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk, dr Anna Janik, dr Kariona Grabińska, mgr Klaudia Kuranda, mgr Grażyna Sosińska, mgr Jacek Orłowski*

Celem projektu było poznanie mechanizmów regulujących przebieg syntezy dolichylo fosfo cukrów, rozpoczynającej reakcję glikozylacji białek. W toku realizacji projektu skupiono się na związkach pomiędzy syntezą glikoprotein a integralnością ściany komórkowej drożdży. Wykazano, że defekt w syntezie dolichylo fosfo mannozy (DolPMan), kluczowego intermediatu w N- i O- glikozylacji białek oraz syntezy kotwicy glikozylo fosfatydilo inozytolowej, powoduje uszkodzenie ściany komórkowej i uruchomienie w komórce efektów kompensacyjnych. Defekty glikozylacji można zmniejszyć a w niektórych przypadkach usunąć całkowicie poprzez nadekspresję genów kodujących substraty do syntezy DolPMan tj. GDPMan (gen MPG1) oraz DolP (gen RER2). Naprawie defektów glikozylacji, szczególnie poprzez ekspresję genu RER2, towarzyszy częściowe lub całkowite zahamowanie mechanizmów kompensacyjnych w naprawie ściany komórkowej drożdży. Ten ostatni wynik ma potencjalne znaczenie aplikacyjne gdyż uruchamianie mechanizmów kompensujących defekty w ścianie komórkowej grzybów jest jednym z najistotniejszych utrudnień w stosowaniu leków przeciw grzybiczych.

Istotnym wynikiem jest ponadto wykazanie, że poziom ekspresji białka syntazy DolPMan, kluczowego enzymu w procesach syntezy mannoprotein ściany komórkowej, (białko Dpn1) zależy od jego posttranslacyjnych modyfikacji (fosforylacji) na resztach seryny 141 i 142. Podsumowując, nasze wyniki wyjaśniają niektóre mechanizmy regulujące syntezę glikoprotein drożdży oraz wskazują na ich związek z syntezą polimerów ściany komórkowej. Ich przeniesienie na grzyby patogenne powinno ułatwić projektowanie bardziej skutecznych leków przeciw grzybowych.
- 2 **"Roślinne prenylotransferazy białkowe"**
prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżawska, mgr Karolina Skorupińska-Tudek, mgr Magdalena Wojtas, mgr Agnieszka Bajda

Badania prowadzone w ramach projektu miały na celu charakterystykę przebiegu procesu prenylacji białek u roślin pod kątem katalizujących ten proces enzymów, a także powstających produktów. Najważniejsze uzyskane wyniki:

 - (i) Wykazano, że białka *Arabidopsis* modyfikowane są kowalencyjnie przez długołańcuchowe alkohole poliizoprenoidowe (dekaprenol oraz rodzinę dolicholi z dominującym Dol-16). Białka modyfikowane tymi silnie hydrofobowymi grupami związane są w komórce z frakcją lekkich pęcherzyków. Badania strukturalne poliizoprenoidów możliwe były dzięki opracowaniu nowej metody HPLC/Electrospray Ionization - Mass Spektrometry (techniki Selected Ion Monitoring oraz Multiple Reaction Monitoring) dla tych wysoce hydrofobowych cząsteczek.
 - (ii) Sklonowano gen At3g06540 kodujący Rab Escort Protein (REP), pomocniczą podjednostkę GGTazy II odpowiedzialnej za prenylację białek Rab, nadeksprymowane białko badane jest w testach biochemicznych. Trwają badania nad rolą REP w transporcie pęcherzykowym u *Arabidopsis*.
 - (iii) Wykazano, że zarówno szlak klasyczny – mewalonowy i nowo opisany deoksyksylulozowy, są zaangażowane w biosyntezę dolicholi i poliprenoli w korzeniach roślin.

W wyniku grantu opublikowano 10 publikacji.
- 3 **Kompleksy przebudowujące chromatynę i histony typu H1 u roślin - charakterystyka molekularna i analiza funkcji fizjologicznych.**
prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski, prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr hab. Mieczysław Kuraś, dr Wacław Orczyk, dr Tomasz Sarnowski, dr Joanna Ślusarczyk, dr Anna Nadolska-Orczyk, dr Jan Brzeski, mgr Katarzyna Olczak, mgr Szymon Kaczanowski, mgr Jerzy Dyczkowski, mgr Szymon Świerzewski

A) W ramach części projektu dotyczącej identyfikacji, charakterystyki molekularnej i ustalenia roli biologicznej podjednostek tworzących zależne od ATP kompleksy remodelujące chromatynę w *Arabidopsis* uzyskano następujące wyniki: 1) Zidentyfikowano i wszechstronnie scharakteryzowano wszystkie cztery występujące w *Arabidopsis* typy podjednostek z rodzaju SWI3 (tj. AtSWI3A, AtSWI3B, AtSWI3C i AtSWI3D), stanowiące kluczowy element podstawowego kompleksu remodelującego SWI/SNF. W szczególności ustalono: lokalizację subkomórkową, partnerów w oddziaływaniach białko-białko (za pomocą metod PhageDisplay i Yeast-Two-Hybrid), wzór ekspresji w roślinie (analiza ekspresji genu markerowego pod kontrolą specyficznych promotorów) oraz efekty biologiczne mutacji typu „null” w genach kodujących odpowiednie typy podjednostek AtSWI3 (analiza zidentyfikowanych linii z insercjami wyłączającymi funkcje genu). (Sarnowski et al. Nucleic Acids Res. 2002 i Sarnowski et al. wyniki w przygotowaniu do druku).

2) Za pomocą porównawczej analizy genetycznej mutantów „null” w genie AtSWI3D i genie kodującym zidentyfikowaną w naszym laboratorium zależną od DNA bromo-ATPazę wykazano, że oba białka wchodzą w skład tego samego kompleksu remodelującego (Brzeski et al., Advances in Botanical Research 2003 i Olczak, Prymakowska-Bosak et al., wyniki w przygotowaniu do druku). 3) Analiza ultrastrukturalna, anatomiczna i molekularno-genetyczna mutantów „null” w genie bromo-ATPazy wykazała, że jest ona nadrzędnym regulatorem genu Leafy, determinującego przejście z wegetatywnej w generatywną fazę wzrostu u roślin (Prymakowska-Bosak, Olczak et al., wyniki przygotowywane do druku). 4) Wykazano, że białko DDM1 (Decrease in DNA Methylation 1), odpowiedzialne za utrzymywanie metylacji DNA w Arabidopsis, jest zależną od DNA i chromatyny ATPazą, zdolną do samodzielnego remodelowania nukleosomów. Ustalono lokalizację wewnątrzjądrową DDM1 i częściowo oczyszczono zawierający je kompleks (Brzeski, J. and Jerzmanowski J. Biol. Chem. 2003; Brzeski, J. and Jerzmanowski, A. FEBS Lett. 2004; Brzeski et al., wyniki przygotowane do druku).

BJW ramach części projektu dotyczącej funkcji histonu H1 uzyskano następujące wyniki: 1) Wykazano, że u roślin histony typu H1 warunkują utrzymanie specyficznego wzoru dziedzicznej metylacji DNA, co oznacza, że są elementem systemu pamięci komórkowej (Wierzbicki, A.T. and Jerzmanowski, A. (2004) Genetics (in press), published on-line 16 October 2004, DOI: 10.1534/genetics.104.031997; Jerzmanowski, A. „Linker histones” in „Chromatin-State-of-the-art” Elsevier, 2004); 2) Wykazano, że nadekspresja indukowanego stresem suszy wariantu H1 nie wywołuje męskosterylności u tytoniu (Wierzbicki et al., Planta 2002); 3) Dokonano identyfikacji głównych i pobocznych wariantów H1 w pszenicy i opracowano system umożliwiający ich analizę w warunkach stresu suszy (Sokół, Orczyk et al., wyniki w przygotowaniu do druku).

Analiza mlekularna genów metabolizmu siarkowego u grzyba *Aspergillus nidulans* i mechanizmów regulacji ich ekspresji.

prof. dr hab. Andrzej Paszewski, dr Jerzy Brzywczy, dr Marcin Grynberg, dr Magdalena Kacprzak, dr Irmína Lewandowska, dr Renata Natorff, dr Magorzata Piotrowska, dr Marzena Sieńsko, mgr Sebastian Piłsyk

W badaniach prowadzonych w ramach grantu uzyskaliśmy znaczny postęp w poznaniu genetycznej kontroli metabolizmu siarki u grzyba *Aspergillus nidulans*, okresliłism sposób regulacji kilku nowych genów kodujących enzymy szlaków biosyntezy cysteiny i metioniny, zbliżając się do uzyskania pełnego transkryptomu genów tego obszaru metabolicznego. 4 Stwierdziliśmy w tym obszarze trzy systemy regulacyjne zależne odpowiednio od cysteiny, homocysteiny i metioniny. Do najważniejszych wyników należy scharakteryzowanie genu metR kodującego czynnik transkrypcyjny specyficznie aktywujący szereg genów metabolizmu siarkowego. Za te prace zespół otrzymał nagrodę im. K. Bassalika przyznawaną przez Komitet Mikrobiologii PAN, jako najlepszą pracę mikrobiologiczną wykonaną w kraju w roku 2003. W czasie realizacji grantu jedna osoba uzyskała doktorat i jedna stopień magistra.

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

[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
Nowy wektor binarny i sposób jego konstrukcji (autorzy: A.Boguszewska-Chachulska; W.Zagórski-Ostoją)	27.05.2004	186760	
Sposób otrzymywania roślin odpornych na wirus Y ziemniaka /PVY/ (autorzy: A.Boguszewska-Chachulska; W.Zagórski-Ostoją; M.Krzymowska; M.Chrzanowska - IHAR, Rozalin; B. Flis - IHAR, Rozalin)	28.06.2004	186761	

- za granicą

tytuł	data decyzji	nr patentu	Kraj
2 zgłoszenia patentowe			USA, Europa

Uzyskane prawa ochronne

- w kraju

tytuł	data decyzji	nr świadectwa	Kraj
nie było			

- za granicą

tytuł	data decyzji	nr świadectwa	Kraj
nie było			

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

1)

[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

stopnia naukowego profesora (nadany przez Prezydenta RP)			
Imię 1		Imię 2	Nazwisko
			nie było
doktora habilitowanego			
Imię 1	Imię 2	Nazwisko	tytuły prac doktorskich i habilitacyjnych
Agata		Czyż	Rola genu <i>cgt4</i> u bakterii <i>Vibrio harveyi</i> i <i>Escherichia coli</i> .
doktora			
Imię 1	Imię 2	Nazwisko	tytuły prac doktorskich i habilitacyjnych
Aneta	Agnieszka	Bartosik	Molekularna analiza białka ParB z <i>Pseudomonas aeruginosa</i> - homologa plazmidowych białek podziałowych.
Anna		Janik	Mechanizmy regulujące w biosyntezie cukrowych pochodnych fosforanu dolicholu w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .
Jerzy	Bolesław	Dyczkowski	Bioinformatyczna identyfikacja genów kodujących białka kompleksu remodelującego chromatynę SWI/SNF u <i>Arabidopsis thaliana</i> .
Katarzyna	Joanna	Szymańska	Swoista mutacja w kodonie 249 genu TP53 w etiologii i diagnostyce nowotworów wątroby.
Tamata	Anna	Aleksandrak	Katabolizm laktozy i beta-glukozydów u <i>Lactococcus lactis</i> - procesy biochemiczne i regulacja genetyczna.
Krzysztof	Władysław	Lasocki	Molekularna charakterystyka ParA z <i>Pseudomonas aeruginosa</i> - homologa plazmidowych białek partycyjnych.
Anna	Katarzyna	Wawrzyńska	Modyfikacja metabolizmu siarki w tytoniu oraz identyfikacja genów regulowanych przez głodzenie siarkowe.
Katarzyna		Brzeska	Właściwości funkcjonalne i lokalizacja wewnątrzkomórkowa głównych podjednostek białkowych kompleksów remodelujących chromatynę u <i>Arabidopsis thaliana</i> .

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

doktora habilitowanego	doktora
0	2

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
78	22	73	71

II.4.5. Promotorstwo prac doktorskich zrealizowane przez pracowników placówki

liczbowo	19
----------	----

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:

forma kształcenia	liczba
magistranci	38
praktykanci	28
stażyści	2
inni	1

Ogółem
69

II.4.8. Opieka nad studentami

liczba studentów odbywających praktyki ogółem	ogółem	prace magisterskie	
		w uczelniach macierzystych	w placówkach PAN
68	38	21	17

[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 Bułgarii	1	1		1		2	
Republika Chorwacji	1	1		1		2	
Republika Finlandii	1	-		2		2	
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	
Stany Zjednoczone Ameryki	3	4		10		14	
Wielka Brytania	1	1		1		2	

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

[Strona początkowa](#)

[Poprzednia 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 2004. Organizacja VIII Festiwalu Nauki 2004: wicedyrektor - prof. M. Fikus, członek Rady Programowej - prof. K.L. Wierzchowski. Organizacja i prowadzenie zajęć dla publiczności w IBB: J. Bardowski, M. Kowalczyk, A. Szczepańska, R.K. Górecki, A. Koryszewska, M. Hejnowicz, J. Życka, J. Lampkowska "Bakterie mlekowe w biotechnologii - źródło genów, enzymów i <zdrowia>" (pokaz i doświadczenia z aktywnym uczestnictwem słuchaczy); wykłady wygłosili: prof. A. Ejchart "Od N-wymiarowych widm magnetycznego rezonansu jądrowego do 3-wymiarowej struktury białka", dr A.M. Siwecka "Enzymy - obiecujący cel terapii antywirusowej" i prof. A. Rabczenko "Życie zaczyna się od rybosomu. Czy Stwórca był inżynierem?"	Zajęcia dla klas szkolnych dr P. Borsuk (Fundusz na Rzecz Dzieci); zajęcia dla gimnazjalistów mgr mgr A. Wawrzyński, I. Pękała, A. Kelner, W. Kubań; wykłady dla nauczycieli pod patronatem EMBO (prof. E. Bartnik, mgr W. Kubań, prof. M. Fikus); wykłady i współorganizacja Szkoły Festiwalu Nauki (biologicznej i dwu humanistycznych - prof. prof. M. Fikus, E. Bartnik;
2)	Kontakty medialne: Pracownicy udzielili wielu wywiadów i wypowiadali się na tematy naukowe w prasie, radio i TV, komentując m.in. Nagrody Nobla, ważne odkrycia naukowe, polskie imprezy we Francji (prof. prof. E. Bartnik, M. Fikus, A. Jerzmanowski, doc. doc. T. Żołądek, E. Śledziewska-Gójska, B. Wielgat, mgr A. Wawrzyński) Brali udział w publicznych debatach naukowych: prof. E. Bartnik (GMO Zjazd PTG), prof. J. Hennig (GMO), mgr A. Wawrzyński (TVP)	Wykłady na: II Bałtyckim Festiwalu Nauki: dr A. Czyż, prof. A. Węgrzyn; VIII Pikniku Naukowym Radia Bis: mgr W. Kubań, dr J. Cieśla oraz współorganizacja Kawiarni Naukowej: 4 lata działalności, rocznie 10 spotkań - prof. M. Fikus Wykład dla Wszechnicy PAN: prof. W. Zagórski-Ostoja
3)	Działalność wydawnicza: prof. K.L. Wierzchowski Red. Naczelny miesięcznika „Kosmos”; prof. G. Palamarczyk Red. Naczelna kwartalnika "Postepy Biochemii".	Polskie prezentacje popularyzujące naukę we Francji (30 imprez, 50 wykonawców), organizator: prof. M. Fikus, uczestniczka debaty prof. E. Bartnik.

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

II. Aktywność naukowa placówki

II. 7. Współpraca naukowa z zagranicą:

II. 7.1. Kontakty zagraniczne placówki w roku sprawozdawczym - wg krajów: **zgodnie z pismem PAN nie wypełniać**

Kraje		Wymiana osobowa wg celu pobytu (w osobach)							
		z tego :							
		Ogółem		badawcze		konferencje		szkoleniowe i organizacyjne	
Okres pobytu:		Przyj.	Wyj.	Przyj.	Wyj.	Przyj.	Wyj.	Przyj.	Wyj.
Ogółem	a)								
	b)								

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 101

Nazwa	Kraj	Kod poczt.	Miasto	Ulica	nr	tel. 1	tel. 2	Fax	e-mail	WWW	inne
Centre of Molecular Genetics, CNRS	Republika Francuska		Gif-sur-Yvette	Avenue de la Terrasse - Bat	26	(33) 169823198		(33) 169823160	cgmdir@cgm.cnrs-gif.fr	www.cgm.cnrs-gif.fr	
Institut National de la Sante et de la Recherche Medicale	Republika Francuska	75654 Cedex 13	Paryż	rue de Tolbiac	101	(33) 144236000		(33) 144236057	nom@tolbiac.inserm.fr	www.inserm.fr	
Institute Chemie - Crystallography, Freie Universität Berlin	Republika Federalna Niemiec	14195	Berlin	Takustraße	6	(49) 3083853460		(49) 3083853464		www.chemie.fu-berlin.de	
National Institute of Enviromental Health Sciences	Stany Zjednoczone Ameryki	NC USA 27709	Research Triangle Park	Alexander Drive	111	919/5413345				www.niehs.nih.gov	
The University of Birmingham	Wielka Brytania	B15 2TT	Bimingham	Edgbaston		(+44)1214143344				www.general.bham.ac.uk	

II. 7.4. Stypendia zagraniczne

kraj	instytucja przyjmująca	liczba osób / łączny okres pobytu
Konfederacja Szwajcarska	Universite de Lausanne	1 os./4 m-ce
Królestwo Danii	University of Aarchus	1 os./2 m-ce
Królestwo Szwecji	Royal Institute of Technology, Sztokholm	1 os./9 m-cy
Republika Czeska	Institute of Entomology CAV, Ceskie Budejowice	1 os./4 m-ce
Republika Federalna Niemiec	Institute of Plant Biochemistry, Halle	1 os./1 m-c
Republika Federalna Niemiec	Max-Planck Institute for Molecular Genetics, Berlin	1 os./8 m-cy
Republika Federalna Niemiec	Center for Plant Molecular Biology Plant Biochemistry,University of Tübingen	2 os./5 m-cy
Republika Francuska	University Paris Sud	1 os./1 m-c

Republika Francuska	Institute of Genetics and Microbiologie, CNRS, University of Paris-Sud, Orsay	1 os./6 m-cy
Republika Francuska	Laboratory of Genetics of Yeast, CNRS, University of Poitiers	1 os./3 m-ce
Republika Francuska	Laboratoire de Genetique Moleculaire CNRS Ecole Normale Supérieure, Paris	1 os./6 tygodni
Republika Francuska	International Agency for Research on Cancer, Lyon	1 os./1 m-c
Republika Francuska	INRA, Labo. Génétique Microbienne, Jouy-en-Josas	1 os./5 m-cy
Republika Francuska	Institute of Structural Biology, Grenoble	2 os./24 m-ce
Republika Węgierska	Biological Research Center, Scheged	1 os./1 m-c
Stany Zjednoczone Ameryki	The Pennsylvania State University College of Medicine, Hershey	1 os./2 m-ce
Stany Zjednoczone Ameryki	University of Wisconsin, Madison	1 os./5 m-cy
Zjednoczone Królestwo Wielkiej Brytanii	School of Biological Sciences, University of Manchester, Manchester	1 os./2 m-ce

II. 7.5. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą:

liczba tematów	49
----------------	----

II. 7.6. Uzyskane rezultaty współpracy:

np.: wspólne publikacje, patenty, nowe metody badawcze i technologie
W roku sprawozdawczym we współpracy z zagranicznymi partnerami opublikowano 38 prac.

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, visting scholar, invited speaker):

autor				temat	nazwa zjazdu lub konferencji
tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko		
prof. dr hab.	Magdalena		Fikus	Polish Science Festivals	ECSITE Annual Conference Barcelona, Królestwo Hiszpanii
prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	SPI – silk proteinase inhibitor.	Symposium „From immunogenicity to autoimmunity” Rehovot, Izrael
dr	Andrzej		Pałucha	Virus-like particles of potato leafroll polerovirus as potential carrier/delivery system in gene therapy.	Review Conference, BIOTECHNOLOGY Wiedeń, Republika Austrii
prof. dr hab.	Magdalena		Boguta	The role of Maf1 in regulation of tRNA biosynthesis	29-th Congress of FEBS Warszawa, Rzeczpospolita Polska
dr	Agnieszka		Dzikowska	Nitrogen metabolite repression of arginine catabolism genes in <i>Aspergillus nidulans</i>	7th European Conference on Fungal Genetics Kopenhaga, Królestwo Danii
dr	Agnieszka		Dzikowska	Nitrogen metabolite repression of arginine catabolism genes in <i>Aspergillus nidulans</i>	19th International Conference on arginine and pyrimidines ICAP 2004 Marburg, Republika Federalna Niemiec
prof. dr hab.	Piotr		Węgleński	The arginine ribo-switch regulates alternative splicing of the <i>Aspergillus nidulans</i> mRNA.	29th Meeting of FEBS Warszawa, Rzeczpospolita Polska

prof. dr hab.	Joanna		Rytka	Multifunctional yeast proteins involved in various trafficking pathways to the vacuole	Topogenesis of Organellar Proteins Bochum, Republika Federalna Niemiec
mgr	Jacek		Nowak	Identification of genes specifically expressed during macronuclear differentiation by differential hybridization	Second Meeting of the GDRE "Paramecium Genomics", Blaubeuren, Republika Federalna Niemiec
prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	Chromatin remodeling in <i>Arabidopsis</i>	Howard Hughes Medical Institute Conference, Tallin, Republika Estońska
prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	Chromatin mechanisms in plant development	EMBO Young Investigators Conference Praga, Republika Czeska
doc. dr hab.	Agnieszka		Sirko	Overproduction of SAT and/or OAS-TL In transgenic plants – a survey of effects	Annual Main Meeting of the Society for Experimental Biology Edinburgh, Zjednoczone Królestwo Wielkiej Brytanii
doc. dr hab.	Barbara		Tudek	DNA repair in human cancers	DNA Repair Workshop Smolenice, Republika Słowacka
dr hab.	Wojciech		Bal	The coordination chemistry of the zinc-glutathione system	Zinc Signals 2004 Aarhus, Królestwo Danii
				Glutathione as a potential carrier of essential and toxic metals – chemical perspective	BioMetals 2004 Garmisch-Partenkirchen, Republika Federalna Niemiec
				Interplay of zinc(II), nickel(II) and copper(I) complexes with zinc fingers	1st IBMG Symposium Villard-de-Lans (Grenoble), Republika Francuska

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

autor				temat	kraj
tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko		
dr hab.	Iwona		Fijałkowska	Replication of leading and lagging DNA strands	Stany Zjednoczone Ameryki
dr	Marcin		Grynberg	Combining distant homology and context analyses to reconstruct missing metabolic functions: the anthrax example	Kanada
prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	Linker histones in plants	Stany Zjednoczone Ameryki
dr hab.	Jacek		Bardowski	Sugar catabolism in lactococci and their adaptation potential to plant and milk environments	Irlandia

dr	Andrzej		Kierzek	Stochastic Effects in Biochemical Reaction Networks	Stany Zjednoczone Ameryki
dr	Andrzej		Kierzek	Stochastic Effects in Biochemical Reaction Networks	Zjednoczone Królestwo Wielkiej Brytanii
mgr	Marian		Siwiak	Modeling of NB01 domain of CFTR	Republika Francuska
dr	Szymon		Kaczanowski	Genomics of Plasmodium	Królestwo Niderlandów
dr	Szymon		Kaczanowski	The evolution of yeast interactome	Zjednoczone Królestwo Wielkiej Brytanii
doc. dr hab.	Barbara		Tudek	Repair and stability of exocyclic DNA adducts in human cancers and model systems	Królestwo Norwegii

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

-

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

[Strona początkowa](#)

[Poprzednia 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	e-mail	WWW	inne
1) Centrum Doskonałości Biotechnologii Molekularnej - EMBEU	2000	prof. Andrzej Rabczenko	H.Bartsch, W.Saenger, T.A.Trautner (Niemcy), P.Boistard, S.D.Ehrlich, J.-C.Kader, A.Kondorosi, J.-H. Wielj (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	592-57-82	823-71-89	cemb@ibb.waw.pl	http://www.ibb.waw.pl	
2) Centrum Doskonałości – Genomika Porównawcza dla Zdrowia i Środowiska	2004	prof. Andrzej Rabczenko	-	02-106	Warszawa	Pawińskiego	5a	823-71-89	592-57-82	823-71-89		http://www.ibb.waw.pl	

II.8.2. Działalność naukowa:

liczba opublikowanych (łącznie) prac

8

wybrane ważniejsze wyniki (3)
1 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 38 przyjazdów, 110 wyjazdów naukowych, 2 międzynarodowe konferencje i 1 warsztat.

2

Centrum Doskonałości – Genomika Porównawcza dla Zdrowia i Środowiska zostało powołane uchwałą Komitetu Badań Naukowych z dnia 16 września 2004. Działalność Centrum Doskonałości ma obejmować badania naukowe i prace rozwojowe o charakterze specjalistycznym i multidyscyplinarnym, charakteryzujące się wysokim poziomem jakościowym, realizację międzynarodowych projektów i programów badawczych oraz prowadzenie aktywności edukacyjnej, szkoleniowej i publikacyjnej. Do tej pory w ramach Centrum Doskonałości zostało przygotowane wystąpienie o dotację, w ramach Funduszy Strukturalnych, poddziałanie 1.4.3, na wyposażenie Laboratorium Hodowli Komórkowych.

działalność dydaktyczna

nie dotyczy

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

-

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

[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	8	475				
- na podstawie umowy						
- pozostałe						
b) inne			5	11	24	140
2. Za granicą						
	2	14				

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](#)

[Strona początkowa](#)

[Poprzednia 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
Workshop: Word, Excell, PowerPoint use of less known possibilities in daily practice	Warszawa	05.05.2004
Statistical methods in the analysis of biological experimental results	Warszawa	26.05.2004
Bioinformatics, Metabolic Pathways and Structural Biology – intensive course	Warszawa	13.05.2004-19.05.2004
29. kongres FEBS	Warszawa	26.06.2004-01.07.2004
Symposium sprawozdawcze projektu PBZ/KBN/039/P04/2001	Nadarzyn	14.10.2004-15.10.2004
COST Action 859, Working Group 1 Meeting	Warszawa	18.10.2004-19.10.2004

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

nazwa/tytuł wykładu/referatu	miejsce (miasto)	termin
Wybrane elementy w odpowiedzi roślin na infekcję. (prof. dr hab. J. Hennig)	Uniwersytet Łódzki; Uniwersytet MCS – Lublin; Instytut Chemii Bioorganicznej PAN – Poznań	15.01.2004 20.05.2004 08.10.2004
Bakteryjne systemy naprawy DNA. (doc. dr hab. E. Grzesiuk)	Instytut Mikrobiologii PAN, Łódź	09.02.2004
Genomika bakteriofagów terapeutycznych (dr M. Łobocka)	Akademia Medyczna, Warszawa	03.03.2004
Terminacja translacji mitochondrialnej u drożdży. (prof. dr hab. M. Boguta)	Wydział Biotechnologii SGGW, Warszawa	05.03. 2004
Wprowadzenie do proteomiki. (doc. dr hab. M. Dadlez)	Wydział Chemii, UMK Toruń; Instytut Matematyki PAN, W-wa	03.03.2004 29.03.2004
Spektroskopia NMR w badaniach strukturalnych peptydów i białek. (prof. dr hab. A. Ejchart)	Wydział Chemii, Uniwersytet Warszawski	26.03.2004
Przykłady zastosowań MS w proteomice. (doc. dr hab. M. Dadlez)	Instytut Chemii Organicznej PAN, Poznań	20.04.2004
Uszkodzenia komórkowej puli nukleotydów – rola w mutageniezie i kancerogenezie. (prof. dr hab. J.T. Kuśmirek)	Instytut Onkologii, Gliwice	25.04.2004
Regulacja ekspresji genów plazmidowych – niezbędny warunek stabilności. (doc. dr hab. G. Jagura-Burdzy)	Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii	12.05.2004
Szkoła Spektroskopii NMR. Strategie wyznaczania struktur białek w roztworach. (prof. dr hab. A. Ejchart)	Politechnika Łódzka	27.05.2004
Od sekwencji DNA do organizacji genomu – przykłady analizy genomów fagowych. (dr M. Łobocka)	SGGW, Warszawa	28.05.2004
Człowiek – i jego geny. (prof. dr hab. M. Fikus)	Instytut Oceanografii PAN, Sopot	03.06.2004
Wstęp do bioinformatyki. (dr Sz. Kaczanowski)	IBB PAN – Warszawa, Uniwersytet – Szczecin, Uniwersytet – Poznań	10.10.2004 11.10.2004 12.10.2004
Biologiczna rola poliizoprenoidów. (mgr E. Ciepicha)	Wydział Chemii UW, Warszawa	15.10.2004
Modyfikacje szlaku biosyntezy glutationu oraz fitochelat w transgenicznym roślina tytoniu. (mgr A. Wawrzyński)	Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, SGGW, Warszawa	19.11.2004

Badanie metabolizmu siarkowego w roślinach, na przykładzie tytoniu <i>Nicotiana tabacum</i> . (mgr M. Lewandowska)	Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, SGGW, Warszawa	19.11.2004
Hydrolazy Nudix – od naprawy DNA do metabolizmu komórkowego (dr E. Kraszewska)	SGGW, Warszawa	22.11.2004
Wpływ tloku na kinetykę oddziaływań białko-białko. (mgr G. Wieczorek)	Interdyscyplinarne Centrum Modelowania Matematycznego i Komputerowego UW	23.11.2004
Co zdeterminowało, a co przypadkowe w systemach biologicznych – gdzie zaczyna się wolność (prof. dr hab. A. Paszewski)	Polska Akademia Nauk oddział w Poznaniu	30.11.2004
Molekularne mechanizmy kontroli rozwoju u roślin. (prof. dr hab. A. Jerzmanowski)	Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań	03.12.2004
Przykłady zastosowań MS w proteomice. (doc. dr hab. M. Dadlez)	Politechnika Wrocławska, Wrocław	13.12.2004
Sekwencja chromosomu Paramecium co z tego wynika. (prof. dr hab. W. Zagórski-Ostoja)	Wszechnica PAN i Towarzystwo Naukowe Warszawskie, Warszawa	14.12.2004
Wpływ tloku molekularnego na stałą szybkości reakcji białko-białko. (mgr G. Wieczorek)	Instytut Fizyki PAN	20.12.2004

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. W. Zagórski-Ostoja - przewodniczący komitetu programowego 29. kongresu FEBS; prof. prof. A. Jerzmanowski, P. Zielenkiewicz, M. Żylicz - członkowie; skarbnik - prof. A. Rabchenko. Na ww. kongresie przewodniczyli sesjom: prof. prof. A. Jerzmanowski, J. T. Kuś
Prof. prof. A. Paszewski, J. T. Kuśmerek, E. Świeżewska, doc. B. Tudek B., dr P. Bernatowicz, mgr P. Siedlecki, mgr J. Nieminuszczy wygłosili referaty na krajowych konferencjach naukowych.
Pracownicy naukowci IBB opracowali ok. 224 recenzji i ocen, w tym: 3 opinie dorobku kandydata na profesora, 5 rozpraw habilitacyjnych, 14 prac doktorskich, 114 recenzji projektów badawczych (w tym 4 zagraniczne i 1 dla UE), 59 recenzji artykułów naukowych d

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

[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				Ocena wniosków GMO	2004 r.
GMO	doc. dr hab.	Barbara		Tudek	Ministerstwo Środowiska				Wdrożenie ustawy o GMO w Polsce	od 2002 r. - prace w toku
	dr	Jarosław		Cieśla						
Nowelizacja ustawy o GMO	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	Ministerstwo Środowiska/ Sejm RP				Opracowanie nowelizacji ustawy o GMO w Polsce	2004 r.
Akredytacja laboratorium GMO	dr	Jarosław		Cieśla	IBB PAN				Przygotowanie i tłumaczenie Księgi Jakości dla Laboratorium GMO	od 2004 r. - prace w toku
Normy europejskie w zakresie biotechnologii	doc. dr hab.	Barbara		Tudek	Polski Komitet Normalizacyjny				Wdrożenie norm europejskich w Polsce	od 1999 r. - prace w toku od 2004 r. - prace w toku
	dr hab.	Jacek		Bardowski						
	dr	Daniela		Barszcz						
	dr	Jarosław		Cieśla						
6 Program Ramowy Unii Europejskiej Grupa Science and Society	prof. dr hab.	Magdalena		Fikus	Ministerstwo Nauki i Informatyzacji				Informacja dla MNiI	od 2002 r.
6 Program Ramowy Unii Europejskiej	prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	Rada Europy				Ekspert w 6 Progranie Ramowym UE	2004 r.
	prof. dr hab.	Ewa		Bartnik						
Identyfikacja molekularna bakterii mlekowych	dr hab.	Jacek		Bardowski	Natur Produkt Zdrovit				Przygotowanie patentu i rejestracja produktu	2004 r.
Deklaracja UNESCO o Normach Uniwersalnych w dziedzinie bioetyki	prof. dr hab.	Ewa		Bartnik	UNESCO				Konsultacja 2 i 3 wersji deklaracji	2004 r.
Program PISA 2006 (Program of International Student Assessment - Science)	prof. dr hab.	Ewa		Bartnik	OECD				Ekspert w Science Expert Group	od 2004 r. - prace w toku

Recenzja grantu UE	doc. dr hab.	Wojciech		Bal	INTAS		2004 r.
--------------------	--------------	----------	--	-----	-------	--	---------

[Następna strona](#)

[Ostatnia strona](#)

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
88	książki
129	czasopisma zagraniczne
21	czasopisma krajowe

- udostępnianie zbiorów

liczba korzystających	ok. 2000
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 (6.236 w sieci).
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.

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 NMR dla zakładów IBB oraz szeregu laboratoriów spoza instytutu. Wykorzystanie czasu pracy spektrometru 500 MHz wynosiło 96% a spektrometru 400 MHz – 86%.
Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów:
W Pracowni zsyntetyzowano dla laboratoriów IBB 2 970 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 377 – 5 869 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 650 zasad daje 3 814 850 zasad. Dla 115 zlecniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 8 200 matryc DNA i zsyntetyzowano 10 000 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 ok. 1000 zleceń dla użytkowników z kilkudziesięciu ośrodków, również spoza Polski. Wykonano również ok. 2000 pomiarów mas białek i innych makrocząsteczek. Laboratorium prowadzi również prace własne w zakresie badań oddziaływań niekowalencyjnych i proteomiki płynów ustrojowych oraz opracowuje własne procedury bioinformatyczne analizy danych spektrometrii mas.

- 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
Nagroda za pracę doświadczalną	Publikacja: „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	Rada Naukowa IBB PAN	dr A. Dziembowski, J. Piwowarski, R. Hoser, M. Mińczuk (Z-d Genetyki UW), dr Aleksandra Dmochowska, M. Siep (University of Amsterdam), H. van der Spek, L. Grivell, prof. Piotr P. Stępień - biologia; biologia molekularna; genetyka molekularna
Nagroda za pracę doświadczalną	Publikacja: „Multiple quadrature detection in reduced dimensionality experiments”. J. Biomol. NMR (2003) 26 : 157-166	Rada Naukowa IBB PAN	dr hab. Wiktor Koźmiński (Wydz. Chemii UW), dr Igor Zhukov - biofizyka; spektroskopia NMR
Nagroda za pracę doświadczalną	Publikacja: „The link between 20S proteasome activity and post-replication DNA repair in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ”. Mol. Microbiol. (2003) 49 : 1321-1332	Rada Naukowa IBB PAN	mgr Agnieszka Podlaska, mgr Justyna McIntyre, dr Adrianna Skoneczna, doc. dr hab. Ewa Śledziwska-Gójska - biologia; biologia molekularna
Nagroda za pracę doświadczalną	Publikacja: „The <i>Aspergillus nidulans</i> metR gene encodes a bZIP protein which activates transcription of sulphur metabolism genes”. Mol. Microbiol. (2003) 49 : 1081-1094	Rada Naukowa IBB PAN	dr Renata Natorff, dr Marzena Sieńko, dr Jerzy Brzywczy, prof. Andrzej Paszewski - biologia; genetyka i fizjologia mikroorganizmów, genetyka molekularna
Nagroda za pracę monograficzną	Publikacja: "Imidazole ring-opened DNA purines and their biological significance". J. Biochem. Mol. Biol. (2003) 36 :12-19	Rada Naukowa IBB PAN	doc. dr hab. Barbara Tudek - biologia; biochemia, biologia molekularna
Nagroda za pracę monograficzną	Publikacja: „Plant chromatin – learning from similarities and differences”. Advances Botanical Research (2003) 40 :107-142	Rada Naukowa IBB PAN	dr Jan Brzeski - biochemia; biologia molekularna , dr Jerzy Dyczkowski, dr Szymon Kaczanowski, prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz - bioinformatyka
Nagroda za rozprawę doktorską	"Glycosylases of exocyclic adducts to DNA bases and products of their rearrangement studied in model systems and in lung cancer".	Rada Naukowa IBB PAN	dr Elżbieta Speina - biologia; biochemia; biologia molekularna
Nagroda za rozprawę doktorską	"Assymetry of spontaneous and SOS- induced base substitution mutagenesis during leading and lagging-strand replication in <i>Escherichia coli</i> "	Rada Naukowa IBB PAN	dr Magdalena Maliszewska-Tkaczyk - biologia; biologia molekularna

Nagroda za rozprawę doktorską	"The role of KfrA protein in the stable inheritance of IncP-1 plasmids".	Rada Naukowa IBB PAN	dr Małgorzata Adamczyk - biochemia, biologia molekularna, biofizyka
Wyróżnienie dla młodego profesjonalisty	Za udział w programie pt.: "Podzielmy się pomysłami w dziedzinie biotechnologii"	Ministerstwo Spraw Zagranicznych Wielkiej Brytanii	dr Szymon Kaczanowski - bioinformatyka
Nagroda im. Kazimierza Bassolika	Za najlepszą pracę w dziedzinie mikrobiologii w 2003 r.: „The <i>Aspergillus nidulans</i> metR gene encodes a bZIP protein which activates transcription of sulphur metabolism genes”. Mol. Microbiol. (2003) 49 : 1081-1094	Komitet Mikrobiologii PAN	dr Renata Natorff, dr Marzena Sierko, dr Jerzy Brzywczy, prof. Andrzej Paszewski - biologia; genetyka i fizjologia mikroorganizmów, genetyka molekularna
Nagroda	Za najlepszą pracę wykonaną i opublikowaną przez polską placówkę naukową: "Effect of <i>Saccharomyces cerevisiae</i> CTA 1 Gene Expression on Response of Tobacco Plants to Tobacco Mosaic Virus Infection"	Polskie Towarzystwo Genetyczne	dr Andrzej Talarczyk, dr Magdalena Krzymowska, prof. dr hab. Jacek Hennig - genetyka roślin
Nagroda zespołowa	Za najlepszy cykl publikacji w okresie trzech lat 2001-2003	Polskie Towarzystwo Genetyczne	doc. dr hab. Alicja Węgrzyn, dr Agata Czyż - biologia; biochemia, biologia molekularna
II nagroda indywidualna	Za pracę nad uszkodzeniami DNA powstającymi w wyniku stresu oksydacyjnego i ich rolę w procesach mutagenezy i kancerogenezy.	Wydział II Nauk Biologicznych PAN	doc. dr hab. Barbara Tudek - biologia; biochemia, biologia molekularna
Stypendium	Za projekt pracy doktorskiej: "Addukty trans-4-hydroksy-2-nonenalu do cytozyny - badania struktury oraz synteza nukleozydów, nukleotydów i oligonukleotydów zawierających te addukty"	Prezes Polskiej Akademii Nauk	mgr Marek KomisarSKI - chemia bioorganiczna
Stypendium	Za projekt pracy doktorskiej: "Modyfikacje enzymów naprawy DNA z grupy glikozylaz w chorobach nowotworowych człowieka"	Prezes Polskiej Akademii Nauk	mgr Alicja Winczura - biologia molekularna; biochemia
Stypendium	Za najlepszy plakat pt.: "Influence of cysteine nitrosylation on structure and activity of S100B protein." przedstawiony na Keystone Symposia Scholarship	National Institutes of Health Scholarship	mgr Małgorzata Bajor - biochemia; biofizyka

Nagroda za najlepszy plakat	Za najlepszy plakat pt: "Metal binding and redox modifications of cysteines in the coupled regulation of S100B protein." zaprezentowany na "8th European symposium on calcium-binding proteins in normal and transformed cells"	European Calcium Society	dr Aleksandra Wyślouch-Cieszyńska - biochemia; biofizyka
-----------------------------	--	--------------------------	---

III. Zatrudnienie

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

Ogółem	280	, w tym:
--------	-----	----------

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

Razem	w tym:				
	Profesora w tym:		docenta	adiunkta	asystenta
		członkowie PAN			
135	30	4	15	68	22

III.1.2. Pracownicy biblioteczni 4

III.1.3. Pracownicy inż., techniczni organ.-ekonom. admin.i obsługi 128

III.1.4. Pracownicy zatrud. na st. robot. i prac. zatrudn. przy pilnowaniu 13

III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty - ogółem 247,
w tym naukowych 113

Ponadto IBB PAN kształci 78 doktorantów.

[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
Centrum Doskonałości – Genomika Porównawcza dla Zdrowia i Środowiska		" 02-106		Warszawa		
Ulica	nr	tel. 1	tel. 2	Fax	e-mail	WWW
Pawińskiego	5A	832-71-89	658-44-99	w. 1104		http://www.ibb.waw.pl

