

Instytut Biochemii i Biofizyki Polskiej Akademii Nauk

ul. Pawińskiego 5A
02-106 Warszawa

***SPRAWOZDANIE Z DZIAŁALNOŚCI
za 2005 rok***

SPIS TREŚCI

Informacja o Instytucie	A
Sprawozdanie merytoryczne	I.1-I.41
Temat nr 1: Synteza, badanie właściwości fizykochemicznych i biologicznych analogów nukleozydów pirymidynowych, potencjalnych substratów /inhibitorów biosyntezy kwasów nukleinowych.	
prof. dr hab. Tadeusz Kulikowski	I.1
Temat nr 2: Mechanizmy działania fotochemoterapii PUVA (psoralen +UV-A).	
doc. dr hab. Zofia Zarębska	I.2
Temat nr 4: Mechanizm inicjacji transkrypcji genów prokariotycznych.	
prof. dr hab. Kazimierz Lech Wierchowski	I.2-I.3
Temat nr 5.1: Bakulowirusy i ich rekombinanty.	
prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja	I.3
Temat nr 5.2: Rola hormonów w ekspresji genów u <i>Galleria mellonella</i>.	
dr hab. Krystyna Grzelak	I.4
Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej.	
prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja	I.4
Temat nr 6.2: Patogenne wirusy RNA – badanie struktury genomu, funkcji białek i ich homologów komórkowych oraz oddziaływań z białkami gospodarza.	
prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja	I.5
Temat nr 6.3: Badanie patogenności i zmienności wirusa Y ziemniaka (PVY) oraz tworzenie narzędzi do analizy ekspresji genów wirusowych in vivo.	
prof. Włodzimierz Zagórski-Ostoja	I.6
Temat nr 12: Występowanie i rola lipidów prenylowych i prenylowanych białek w tkankach roślinnych. Badania struktury i biosyntezy.	
prof. dr hab. Ewa Kula-Świeżewska	I.6-I.7
Temat nr 14: Izolacja i charakterystyka białek roślinnych uczestniczących w procesach fosforylacji.	
prof. dr hab. Grażyna Muszyńska	I.7
Temat nr 16: Enzymy nukleolityczne roślin wyższych.	
doc. dr hab. Anna Przykorska	I.8
Temat nr 17: Kultury tkankowe i komórkowe ziemniaka - patogeny oraz transformacja roślin.	
doc. dr hab. Bernard Wielgat	I.8-I.9
Temat nr 18: Molekularne regulacje syntezy glikokoniugatów w komórkach drożdży i niektórych grzybów nitkowatych (<i>Trichoderma</i> i <i>Aspergillus</i>).	
prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk	I.9
Temat nr 20.1: Kontrola funkcji mitochondriów przez jądro komórkowe u drożdży <i>S.cerevisiae</i>.	
doc. dr hab. Magdalena Boguta	I.10
Temat nr 20.2: Genetyczna regulacja metabolizmu w drożdżach <i>S. cerevisiae</i>.	
prof. dr hab. Joanna Rytko	I.10-I.11
Temat nr 20.3: Genetyczna kontrola szlaków metabolizmu siarkowego u grzybów.	
prof. dr hab. Andrzej Paszewski	I.11
Temat nr 20.5: Mechanizmy transportu u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>.	
doc. dr hab. Teresa Żołądek	I.12
Temat nr 21: Regulacja metabolizmu siarkowego u bakterii.	
doc. dr hab. Monika Hryniewicz	I.12-I.13
Temat nr 25.1: Regulacja wierności replikacji DNA w komórkach bakteryjnych.	
doc. dr hab. Iwona Fijałkowska	I.13
Temat nr 25.2: Mechanizmy odpowiedzi komórek <i>Saccharomyces cerevisiae</i> na uszkodzenia DNA.	
prof. dr hab. Zygmunt Cieśla	I.14
Temat 25.3: Komórkowe systemy naprawy uszkodzeń alkilacyjnych DNA.	
doc. dr hab. Ewa Śledziwska-Gójska	I.14-I.15

Temat nr 27: Analiza funkcjonalna genów plazmidu bakterii Gram dodatnich pSM19035. dr Izabela Kern-Zdanowicz	I.15
Temat nr 28: Chemiczne podstawy mutagenезy i reperacja adduktów cyklicznych. prof. dr hab. Jarosław Kuśmerek	I.16
Temat nr 29: Analiza molekularna genów kodujących enzymy katabolizmu argininy u <i>Aspergillus</i>. prof. dr hab. Piotr Węgleński	I.16
Temat nr 30: Analiza mutantów typu <i>uvr3</i> u <i>S. cerevisiae</i>. prof. dr hab. Piotr Stępień	I.17
Temat 32.1: Działalność Pracowni Biologii Molekularnej (UGd). Regulacja ekspresji genów i innych procesów związanych z funkcjami DNA w komórkach bakteryjnych. Prof. dr hab. Grzegorz Węgrzyn	I.17
Temat nr 32.2: Działalność Zespołu Biomedycyny Molekularnej (IBD PAN, IBB PAN, MIBMiK). Białka opiekuńcze w transformacji nowotworowej. Prof. dr hab. Maciej Żylicz	I.18
Temat nr 33: Mechanizmy aktywnej segregacji niskopiętowego plazmidu P1 do komórek potomnych w czasie podziału komórkowego. dr Małgorzata Łobocka	I.18-I.19
Temat nr 34: Udział struktur chromatynowych w regulacji transkrypcji genów. prof. dr hab. Andrzej Jerzmanowski	I.19
Temat nr 35: Ekspresja genów bakteryjnych w roślinach. doc. dr hab. Agnieszka Sirko	I.19-I.20
Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej. prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	I.20-I.21
Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych. prof. dr hab. Jacek Hennig	I.21
Temat nr 38: Funkcjonalna analiza otwartych ramek odczytu z <i>Saccharomyces cerevisiae</i>. dr Bożenna Rempola	I.21-I.22
Temat nr 39: Badanie polimorfizmu mitochondrialnego DNA w populacji polskiej. prof. dr hab. Ewa Bartnik	I.22
Temat nr 41: Oksydacyjne uszkodzenia DNA. doc. dr hab. Barbara Tudek	I.22-I.24
Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne. dr hab. Elżbieta Grzesiuk	I.24
Temat nr 43: Biologia plazmidu RK2 z grupy IncP <i>Escherichia coli</i>. doc. dr hab. Grażyna Jagura-Burdzy	I.24-I.25
Temat nr 44: Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego. doc. dr hab. Andrzej Ejchart	I.25
Temat nr 45: Regulacje biosyntezy pochodnych kwasu mawalonowego w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i>. dr hab. Anna Szkopińska	I.26
Temat nr 46: Badania konformacji peptydów i białek wiążących wapń. prof. dr hab. Andrzej Bierzyński	I.26
Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek. prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz	I.27
Temat nr 48: Badania wczesnych etapów związania białek. doc. dr hab. Michał Dadlez	I.27-I.28
Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych. dr hab. Jacek Bardowski	I.28
Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach. doc. dr hab. Grażyna Dobrowolska	I.29
Temat nr 51: Strukturalne i funkcjonalne konsekwencje modyfikacji potranslacyjnych białek. dr Aleksandra Wyślouch-Cieszyńska	I.29
Temat nr 52: Analiza wybranych genów metabolizmu komórkowego <i>Arabidopsis thaliana</i>. dr Elżbieta Kraszewska	I.30

Temat nr 53: Zastosowanie metod bioinformatyki do analizy genomów.	
dr hab. Andrzej Kierzek	I.30-I.31
Temat nr 54: Mechanizmy molekularne działania jonów metali czynnych biologicznie.	
dr hab. Wojciech Bal	I.31
Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.	
dr Beata Burzyńska	I.31-I.32
Temat nr 56: Genomika Paramecium tetraurelia.	
prof. dr hab. Joanna Rytka.....	I.32
Sprawozdanie Szkoły Biologii Molekularnej/Studium Doktoranckiego przy IBB PAN - temat statutowy nr 31	
prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk	I.33
Działalność Komisji Wspomagania Współpracy Naukowej z zagranicą Rady Naukowej IBB PAN	
prof. dr hab. Przemysław Szafranski	I.34
Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	
prof. dr hab. Joanna Rytka.....	I.34-I.36
Środowiskowe Laboratorium Spektroskopii Mas	
dr hab. Michał Dadlez	I.37-I.39
Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych IBB PAN, GMOIBB	
doc. dr hab. Barbara Tudek	I.39-I.40
Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego	
prof. Andrzej Ejchart.....	I.40
Sprawozdanie z działalności Pracowni Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej	
mgr Olga Juszczuk	I.41
Lista seminariów instytutowych	I.42-I.44
Lista publikacji.....	II.45-II.83
Artykuły	II.45-II.54
Abstrakty	II.55-II.76
Miscellanea.....	II.77
Rozprawy habilitacyjne	II.78
Prace doktorskie	II.79-II.81
Prace magisterskie.....	II.82-II.83
Inne ważne informacje o działalności IBB PAN	III.84-III.131
Podstawowe dane	III.84
Publikacje placówki	III.85-III.96
Realizowane projekty badawcze	III.97-III.109
Wybrane wyniki badań.....	III.109
Działalność placówki o charakterze innowacyjnym, aplikacyjnym	III.110
Kształcenie (rozwój) kadr naukowych	III.111-III.113
Aktywność wydawnicza.....	III.114
Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych	III.114-III.119
Współpraca naukowa z zagranicą.....	III.120
Międzynarodowe centra naukowe	III.121
Działalność dydaktyczna.....	III.122
Udział placówki w organizacji krajowego życia naukowego.....	III.123
Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólnosrodowiskowym.....	III.124-III.125
Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym	III.126-III.127
Zatrudnienie	III.128
Centra doskonałości, sieci i konsorcja naukowe	III.129-III.131

**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 2005 r.:

Przyznane dotacje 24 440 275,-

w tym:

Działalność statutowa	18 256 700,-
Projekty badawcze MEiN	2 297 640,-
Projekty UE	1 638 580,-
SPB-M	902 370,-
Projekty zamawiane	1 949 725,-
Inne	8 653 974,-

w tym:

Działalność gospodarcza	1 830 160,-
Działalność finansowa	-
Pozostałe	6 434 814,-

ŁĄCZNIE: 33 094 249,-

PUBLIKACJE IBB PAN w 2005 r.:

• podręczniki lub ich rozdziały	7
• publikacje ukazujące się w czasopismach recenzowanych o zasięgu międzynarodowym	90
• publikacje ukazujące się w naukowych czasopismach krajowych	8
• prace popularno-naukowe	0
• doniesienie zjazdowe i konferencyjne	174
• inne publikacje	4

OGÓŁEM: 273

Sprawozdanie merytoryczne
z działalności statutowej
za 2005 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 (do 30.11.2005), dr Maria A. Siwecka, mgr inż. Andrea Baier, mgr Katarzyna Kopańska, mgr Agnieszka Miazga, mgr Andżelika Najda, mgr Norbert Odolczyk, mgr Romualda Podwińska, mgr inż. Przemysław Ziemkowski, prof. dr David Shugar

Kontynuowano i zakończono cykl badań poświęconych poszukiwaniom nowych inhibitorów NTPazy/helikazy wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV), potencjalnych leków przeciwko zakażeniom wirusem HCV. Wykonano syntezę i zbadano właściwości fizykochemiczne i biologiczne szeregu modyfikowanych antybiotyków. Wykryto bardzo silną aktywność hamującą replikację HCV przez związki BNE00 i BNE02. Związki z tej serii silnie inhibowały replikację wirusa w systemie subgenomowego replikonu HCV, oraz wykazywały umiarkowaną cytotoksyczność w stosunku do komórek Huh 7, PBMC i MT-2 (współpraca z dr L. Covą z INSERM U271, Lyon, Francja, oraz współpraca z dr A. Piaskiem z Instytutu Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej PAN w Warszawie). Ponadto związki te wykazywały niską toksyczność *in vivo* u myszy. Wymienione związki są potencjalnymi lekami przeciwko zakażeniom HCV. Zgłoszono wnioski patentowe Nr EP05460019.2 i PCT/PL2005/00086.

Kontynuowano i zakończono badania nad potencjalnymi inhibitorami dUTPazy z pasożytów *Leishmania*, *Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma brucei*, *Campylobacter jejuni* i *Plasmodium falciparum*. Syntezowano i zbadano aktywność biologiczną szerokiej serii (54 związki) 5'-podstawionych analogów dUMP, które użyto do badań biologicznych (współpraca z dr D. Gonzales Pacanowską z Instituto de Parasitologia y Biomedicina, Granada, Hiszpania, oraz z prof. Reto Brun, Swiss Tropical Institute, Bazylea, Szwajcaria). Wykazano znaczącą aktywność inhibitorową u 9 analogów w stosunku do *Plasmodium falciparum*.

Rozpoczęto cykl badań nad inhibitorami kinaz białkowych, zwłaszcza seryno/treoninowej kinazy CK2, odgrywającej znaczną rolę w regulacji proliferacji komórek, transformacji nowotworowej i apoptozy. Wykazano m.in. że 4,5,6,7-tetrabromobenzotriazol (TBBt) i 4,5,6,7-tetrabromobenzimidazol (TBBz) są selektywnymi inhibitorami tego enzymu przy stężeniach nanomolowych.

W celu wykazania roli CK2 w wybranych procesach regulowanych przez jej poszczególne formy, zbadano wpływ tych inhibitorów na cykl komórkowy komórek Jurkat i HL-60. Wykazano, że przy stężeniach 25 μ M TBBz był znacznie bardziej efektywny niż TBBt w indukcji apoptozy tak u komórek Jurkat jak i HL-60.

Wykazano również, że 3,5,7-tribromotropolon posiada znaczącą (IC_{50} 3,7 μ M) aktywność inhibującą enzym CK2 z *Sacharomyces cerevisiae* (współpraca z K. Domańską zakład Biologii Molekularnej Katolickiego Uniwersytetu w Lublinie).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykrycie wysokiej aktywności inhibitorowej modyfikowanych antybiotyków w stosunku do wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV) przy jednoczesnej niskiej toksyczności *in vitro* i *in vivo*.

PUBLIKACJE: 3920, 3959, 3979, 3969, 3978, 3990, 4000, 2072/A, 2086/A, 2103/A, 2120/A, 2129/A, 2133/A, 2145/A, 2158/A, 2159/A.

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

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

Opracowano wyniki doświadczalne z pięciu ubiegłych lat w postaci publikacji [3928] oraz w rozszerzonym zakresie w pracy magisterskiej studentki biologii Julii Zielińskiej pt. „Kwas arachidonowy i jego addukty z psoralenem indukowane w reakcji PUVA (psoralen + UVA), ich rola w regulacji apoptozy w limfocytach ludzkich.”

Terapia PUVA opiera się na oddziaływaniach ze strukturami komórkowymi aktywowanego fotouczulacza – psoralenu (PSO) przez promieniowanie UVA (320-400 nm). Prowadzi to do immunomodulacji ustroju oraz eliminacji komórek patogennych przez indukcję w nich apoptozy. W procesie tym istotną rolę mogą odgrywać działanie łączne PSO i UVA z nienasyconymi kwasami tłuszczowymi w błonie komórkowej. Nasze wyniki świadczą o udziale w wywoływanej PUVA-apoptozie w limfocytach ludzkich dwóch procesów: przyłączania się PSO do kwasu arachidonowego (AA) oraz uwalniania z błony samego AA i jego adduktów. Wyznaczenie liczbowe komórek ulegających apoptozie (znaczone AnxV/JP) lub obniżeniu potencjału błonowego (JC-1) wykazało, że wolny AA przyczynia się do wywołania apoptozy, działając 2 - 3 krotnie silniej od adduktu AA $\odot$ PSO. Stwierdzono, że synergizm (AA + UVA) działa podobnie do (PSO + UVA).

Odwrócenie traktowania komórek: najpierw naświetlaniem a potem dodaniem kwasu znacznie zmniejszało ilość komórek wchodzących w proces apoptozy. Komórki tego samego dawcy limfocytów znakowane równolegle AnxV i JC-1 wykazywały podobny przebieg krzywych, jednak zmiany w potencjale błon mitochondrialnych następowały nieco wcześniej od apoptotycznych.

Najważniejszy wynik badawczy:

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

PUBLIKACJE: 3928

Temat nr 4: Mechanizm inicjacji transkrypcji genów prokariotycznych.

Zespół: prof. dr hab. Kazimierz L. Wierchowski, dr Krystyna Bolewska, dr Tomasz Łoziński, dr Jarosław Poznański, mgr. Piotr Kaczka (doktorant), Agnieszka Polkowska (magistrantka), Teresa Rak

Kontynuując badania nad strukturą w roztworze domeny 4 podjednostki σ^{70} polimerazy RNA *E. coli* (σ^{70}_4), wiążącej region -35 konstytutywnych promotorów, zbadano wpływ rosnącej zawartości trójfluoroetanolu (TFE) w roztworze wodnym białka na stabilizację jego wysoce dynamicznej α -helikalnej konformacji. Miareczkowanie TFE śledzone za pomocą heteronuklearnego NMR pozwoliło na określenie rejonów sekwencji najsilniej zaangażowanych w tworzenie struktur drugo- i trzeciorzędowych, a analiza danych relaksacyjnych azotu amidowego łańcucha głównego białka doprowadziła do identyfikacji aminokwasów zaangażowanych w formowanie się indukowanej TFE struktury domeny σ^{70}_4 .

Otrzymano po raz pierwszy profile termodynamicznej trwałości otwartego kompleksu transkrypcyjnego (RPo) w funkcji stężenia soli w roztworach NaCl i MgCl₂, dla kompleksów polimerazy RNA *E. coli* z kilku promotorami o różnej sekwencyjnej budowie. Wyznaczone na tej podstawie charakterystyczne dla każdego kompleksu parametry przejścia termodynamicznego dowodzą, że trwałość kompleksów zależy (i) od punktowych mutacji w rejonach -35 i -10 promotora, (ii) silnie wzrasta po wprowadzeniu połowy elementu UP bezpośrednio powyżej rejonu -35 oraz (c) tylko nieznacznie wzrasta z temperaturą (25 $\rightarrow$ 35 °C). Analogiczne pomiary stałej szybkości dysocjacji kompleksów wykazały, że rośnie ona eksponentialnie ze stężeniem soli, przy czym liczba

kationów pozostających w równowadze z kompleksem wzrasta liniowo i podobnie dla jonów jedno (Na⁺) i dwuwartościowych (Mg²⁺). Dane te w istotny sposób poszerzają dotychczasowy stan wiedzy o mechanizmie stabilizacji kompleksów białek z DNA przez elektrolity.

W związku z zaobserwowanym przez nas wcześniej stabilizującym wpływem jonów Mg²⁺ na trwałość termodynamiczną polimerazy RNA *E. coli*, przeprowadzono wstępną charakterystykę ich wpływu na właściwości fluorescencyjne wolnego holoenzymu i jego kompleksu z promotorowym DNA.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie zróżnicowanego wpływu sekwencyjnej budowy promotora na termodynamiczną stabilność kompleksu transkrypcyjnego w wodnych roztworach elektrolitów.

PUBLIKACJE: 3951, 3964, 3965, 3967, 2072/A, 2086/A 2158/A

Temat nr 5.1: Bakulowirusy i ich rekombinanty.

Zespół: prof. dr hab. Włodzimierz Zagórski-Ostoja, dr hab. Ludmiła Strokovskaya, dr Ewa Szolajska, mgr Renata Grzela, Monika Żochowska (od 1.08.2005 r.)

W roku 2005 kontynuowaliśmy badania nad interakcją wirusowego białka VPg z eukariotycznym czynnikiem inicjacji 4E. Doświadczenia przeprowadzone przy użyciu mikroskopu konfokalnego pokazały, że białko eIF4E, zgodnie z danymi literaturowymi, występuje zarówno we frakcji cytoplazmatycznej jak i jądrowej, natomiast wirusowe białko VPg jest zlokalizowane w cytoplazmie komórki. Stwierdzono również, że obecność VPg w komórce zatrzymuje białko eIF4E we frakcji cytoplazmatycznej. Otrzymane wyniki są bardzo obiecujące i mogłyby znaleźć zastosowanie w terapii medycznej, jednakże potrzebne jest ich potwierdzenie w komórkach ludzkich. W związku z tym gen białka VPg został przeniesiony do wektora pozwalającego na jego transfekcję do komórek HeLa. Obecnie prowadzone są badania nad optymalizacją transfekcji komórek ludzkich.

Aby scharakteryzować wpływ wirusowego białka VPg na roślinę gospodarza konieczne jest otrzymanie rośliny transgenicznej (*Arabidopsis*), która będzie ekspresowała to białko. W tym celu sklonowano VPg do wektora roślinnego pFP101. Otrzymano *Agrobacterium* transformowane tym klonem.

Kontynuowano również badania krystalograficzne nad VPg. Określono warunki, w których rozpoczyna się proces krystalizacji VPg.

Rozpoczęliśmy realizację projektu dotyczącego wykorzystania dodekahedronu adenowirusowego (Dd) jako wektora wprowadzającego czynniki terapeutyczne do tkanek nowotworowych. Dodekahedron jest to subwirusowa symetryczna nano-cząsteczka złożona z 12 pentamerów białka podstawy pentonu (pb) odpowiedzialnego za penetrację wirusa w momencie infekcji.

Otrzymano wysokiej jakości preparat oczyszczonych do homogenności dodekahedronów. Badano wpływ takich czynników jak pH, siła jonowa i temperatura na integralność Dd, co pozwoliło na ustalenie warunków ich rozpadu i ponownej asocjacji. W warunkach wysokiej siły jonowej udało się doprowadzić do rekonstrukcji dodekahedronów z ich części składowych, jakimi są, pentameryczne bazy. Planujemy wykorzystanie Dd do enkapsydacji bleomycyny, antybiotyku antynowotworowego, o bardzo niskiej przenikalności przez błony komórkowe i zastosowanie preparatu w terapii antynowotworowej.

Najważniejszy wynik badawczy:

Stwierdzono, że obecność VPg w komórce owadziej zatrzymuje białko eIF4E w cytoplazmie. Rekonstrukcja dodekahedronów z ich części składowych, którymi są pentameryczne bazy.

PUBLIKACJE: 3968, 3982, 2109/A, 2137/A

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), mgr Małgorzata Milner

Kontynuowano badania nad białkiem wiążącym hormon juvenilny (JHBP). Podjęto próbę nadekspresji JHBP w systemie bakulowirusa licząc na otrzymanie białka o profilu glikozylacji zbliżonym do natywnego JHBP z *G. mellonella*. Przy pomocy techniki western-blottingu i użyciu przeciwciała anti-JHBP wykazano obecność rekombinowanego JHBP w lizatach komórek owadzych. Oczyszczanie białka metodą chromatografii powinowactwa na Ni-NTA agarozie oraz kolumnie jonowymiennej jest w toku.

Kontynuowane są również badania nad rekombinowanym inhibitorem proteaz serynowych z *G. mellonella* (białko SPI) otrzymanego w systemie *Pichia pastoris*. We współpracy ze Środowiskowym Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego - NMR określona została struktura przestrzenna rSPI, co umożliwiło skonstruowanie modelu kompleksu inhibitor-substrat. Na tej podstawie zaprojektowano punktowe mutacje inhibitora w miejscu aktywnym P1 prowadzące do zmiany jego aktywności (dr Danuta Płochocka). Pozwoliło to na eksperymentalne wykazanie, że zamiana Thr → Tyr sprawia, iż inhibitor zachowując bardzo wysoką aktywność wobec bakteryjnej subtylizyny grzybowej proteinazy K hamuje również trypsynę z trzustki wieprzowej. Analiza przygotowanych fuzji białkowych, w których inhibitor SPI został dołączony do dwóch wybranych białek docelowych – białka płaszcza wirusa Y ziemniaka (ang.: the coat protein of Potato Virus Y) oraz białka reporterowego GUS (ang.: β -glucuronidase) wykazała, że w opracowanym układzie SPI jest zdolny do ochrony białek docelowych przed cięciem proteinazą K.

Najważniejszy wynik badawczy:

Otrzymanie JHBP w systemie bakulowirusa.

PUBLIKACJE: 3989, 3977, 2106/A, 2107/A, 2108/A, 2146/A

Temat nr 6.1: Molekularne podstawy infekcji wiroidowej.

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

Kontynuowano badania wpływ mutacji w wybranych domenach genomu wiroida wrzecionowatości bulw ziemniaka (PSTVd) na jego żywotność. W eksperymentach wykorzystano otrzymane uprzednio wysoko infekcyjne konstrukty cDNA PSTVd ze zmutowanym regionem domeny P. Przeprowadzona analiza sekwencji PSTVd z wybranych 20 roślin testowych zakażonych wyżej wymienionymi konstruktami pozwoliła na zidentyfikowanie 8 mutantów domeny P do tej pory nieopisanych w literaturze. Przeprowadzono badania infekcyjności oraz stabilności genetycznej otrzymanych mutantów PSTVd. Uzyskane mutanty zostaną wykorzystane w badaniach mających na celu wyjaśnienie mechanizmu patogenności wiroida.

Najważniejszy wynik badawczy:

Uzyskano nowe infekcyjne warianty sekwencyjne PSTVd z mutacjami w rejonie domeny P.

PUBLIKACJE: 3922, 2163/A, 2164/A

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

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

Wyznakowano izotopami ^{15}N i ^{13}C oraz oczyszczono skróconą domenę 1 helikazy (bez pierwszych 14 aminokwasów). Sklonowano i oczyszczono różne formy połączonych domen 1 i 2 helikazy, stwierdzając, że usunięcie hydrofobowej pętli z domeny 2 znacznie podnosi jej rozpuszczalność i umożliwia właściwe zwijanie białka. Wyznakowano izotopem ^{15}N połączone domeny i rozpoczęto badania NMR nad tym białkiem. Prowadzono badania struktury sklonowanych domen helikazy metodą dichroizmu kołowego (CD). We współpracy z doktorami Jarosławem Poznańskimi Igozem Zhukovem oraz Andżeliką Najdą z IBB uzyskano kolejne widma pełnej helikazy i jej domen wraz z inhibitorami niskocząsteczkowymi, skupiając się na pochodnej benzotriazolu (DCBT) i tropolonu (DBMTr). Trwają prace nad pełnym przypisaniem rezonansów jądrowych skróconej domeny 1.

Kontynuowano prace nad testowaniem na dużą skalę pochodnych tropolonów i benzotriazoli oraz antybiotyków, wykazując, że najsilniejsze właściwości inhibitorowe mają pochodne antybiotyków ($\text{IC}_{50} < 5 \mu\text{M}$). Rezultaty eksperymentów zmierzających do określenia mechanizmu działania inhibitorów pozwoliły wykazać, że pochodne antybiotyków oddziałują z substratem reakcji helikazowej (dsDNA), zaś najefektywniejsza pochodna tropolonu działa poprzez hamowanie samego enzymu.

Prace nad systemem replikacji sub-genomowego replikonu HCV w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae* i podniesieniem poziomu ekspresji poliproteiny HCV przy wykorzystaniu IRESu drożdżowego z promotora genu URE2 pozwoliły na wykazanie, że jest to aktywny element wzmacniający ekspresję genu reporterowego (lucyferazy), ale jego efekt na ekspresję replikonu HCV jest minimalny.

We współpracy z dr Markiem Zagulskim z PSDiSO rozpoczęto prace nad ekspresją w systemie bakteryjnym i badaniem aktywności helikazowej drożdżowej helikazy RNA MAK5 i jej mutantu. Uzyskano wysoki poziom ekspresji i oczyszczenia białka dzikiego oraz wykazano jego aktywność w teście helikazowym z substratem dsDNA.

Rozpoczęto prace nad ekspresją białek helikazowych w systemach pozakomórkowych (w ekstraktach bakteryjnych i z zarodków pszenicy) przy udziale stypendysty z Ukrainy – Waletyna Oksenycha, studenta profesora A. Spirina.

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

Najważniejszy wynik badawczy:

Zbadanie mechanizmu działania efektywnego inhibitora helikazy HCV - 3,7-dibromo-5-morpholinometylo-tropolonu.

PUBLIKACJE: 3977, 3986, 2086/A, 2072/A, 2158/A, 2159/A, 2160/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 Jarosław Kosakowski, mgr Elżbieta Sułaja, techn. Elżbieta Nowak

Kontynuowane są doświadczenia charakteryzujące promotor subgenomowego (sg) RNA wirusa liściozwoju ziemniaka (PLRV). Modyfikując infekcyjną kopię wirusa PLRV stworzono narzędzie do mapowania promotora sgRNA1. Wykazano, że 200 nukleotydowa sekwencja niezbędna do syntezy sgRNA1 wirusa PLRV znajduje się poniżej miejsca inicjacji syntezy sgRNA1. Ponadto przeprowadzono modelowanie komputerowe domniemanej sekwencji promotora sgRNA1 i wykazano *in silico* obecność w nici ujemnej drugorzędowych struktur RNA typu *stem-loop*, mogących mieć znaczenie w ekspresji sgRNA1.

Rozpoczęto prace mające na celu charakterystykę *cap*-niezależnej translacji białek wirusa PLRV z sgRNA1. W tym celu sklonowano region cDNA korespondujący do sgRNA1 PLRV pod kontrolą T7 promotora a następnie syntetyzowano różne klasy transkryptów RNA i przeprowadzano ich translację *in vitro* w systemie retikulocytów królika. Wstępne wyniki pozwalają stwierdzić, że translacja sgRNA PLRV jest niezależna od obecności struktury *cap* a potencjalny enhancer translacji znajduje się w regionie sekwencji liderowej wirusa lub w części kodującej gen białka płaszcza PLRV.

Kontynuowano również prace nad otrzymaniem i charakterystyką cząsteczek wirusopodobnych (VLPs – ang.: *virus-like particles*) wirusa PLRV. Gen białka płaszcza PLRV sklonowano w ekspresyjnych systemach bakteryjnych i drożdżowych a po wyrażeniu charakteryzowano powstające cząsteczki wirusopodobne technikami mikroskopii elektronowej.

Najważniejszy wynik badawczy:

Scharakteryzowano region promotora sgRNA1 PLRV *in vivo*, wykazano *in vitro* możliwość translacji białek w sposób niezależny od struktury *cap* na końcu 5' sgRNA1 oraz otrzymano cząsteczki wirusopodobne PLRV w wyniku wyrażania genu białka płaszcza wirusa w bakteriach i drożdżach.

PUBLIKACJE: 3977, 3982

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, techn. Józefina Hertel, dr Wiesław Jankowski, dr Karolina Skorupińska-Tudek, mgr Magdalena Wojtas, mgr Monika Zelman-Femiak, Julita Sternik, Julita Terebińska, Izabela Szostkiewicz (od 1.X.br)

Wykazano równo cenny wkład dwu szlaków, tzn. MVA i MEP w powstawanie cząsteczek dolicholi w korzeniach *Coluria geoides* hodowanych *in vitro*.

Wykazano wzrost zawartości solanezolu i dolicholi w liściach tytoniu w warunkach stresu biotycznego (infekcji wirusowej).

Kontynuowano prace nad rolą podjednostki REP Rab GGTazy u Arabidopsis –zaobserwowano różnice pomiędzy mutantem, a rośliną dziką na poziomie ultrastruktury (zwiększona liczba peroksysomów w komórkach liścia mutantu), a także w metabolizmie związków izoprenoidowych (znacznie podwyższona akumulacja steroli i dolicholi, obniżony poziom plastochinonu i chlorofilu).

Przeprowadzono badania przesiewowe roślin pochodzących z Ekwadoru, Brazylii i Islandii (ponad 50 gatunków) na obecność poliprenoli, znaleziono kilka gatunków bogatych w poliprenole. Wykazano także, że w tkankach fotosyntetyzujących paproci gromadzą się dolichole (dominujący Dol-17).

Stwierdzono, że krótko-cząsteczkowe poliprenole i flawonoidy wykazują właściwości przeciwbakteryjne i przeciwgrzybiczne – stwarza to perspektywę ich wykorzystania jako składników karmy zwierząt hodowlanych.

Prowadzono chemiczne syntezy oksydowanych pochodnych fitolu i Prenolu-12, trwają badania struktury produktów (wsp. Wydz.Chemii UW i IChO PAN). Trwają syntezy kationowych pochodnych poliizoprenoidów (wsp. IChO PAN).

Badano wpływ oksydowanych pochodnych poliizoprenoidów na biosyntezę ubichinonu (wsp. Prof. G. Dallner, Uniwersytet Sztokholmski).

Kontynuowano działalność Kolekcji Poliprenoli wykonując i udostępniając innym ośrodkom preparaty poliizoprenoidowe.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zaproponowanie modelu biosyntezy dolicholi w korzeniach roślin (równy cenny udział obu szlaków, MEV i MEP).

PUBLIKACJE: 3902, 3932, 3933, 3934, 3953, 368/N, 2066/A, 2067/A, 2068/A, 2069/A, 2075/A, 2139/A

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Muszyńska, dr Jadwiga Szczegielniak, mgr Maria Klimecka, mgr Maja Łebska, mgr Luiza Koper, mgr Elżbieta Lewandowska-Gnatowska

Kontynuowano badania struktury i funkcji kinazy białkowej zależnej od wapnia i fosfolipidów z kukurydzy (ZmCPK11). Wykazano, że transkrypt ZmCPK11 jest obecny we wszystkich badanych organach rośliny, stosunkowo duża ilość transkryptu występuje w nasionach, szczególnie w nasionach kiełkujących i siewkach, mniejsza w łodygach, korzeniach i liściach. W liściach aktywność kinazy i jej transkrypt były stymulowane poprzez zranienie. Poziom *ZmCPK11* wzrastał również w nie zranionych, sąsiadujących liściach, co świadczy, że kinaza ta uczestniczy w systemicznej odpowiedzi na zranienie. W celu badania funkcji ZmCPK11 przygotowano konstrukty do stałej transformacji roślin i transformacji przejściowej w protoplastach.

W badaniach dotyczących kinazy białkowej CK2 wykazano, że w etiolowanych siewkach kukurydzy kinazy białkowe CK2 występują zarówno w formie monomeru (podjednostka katalityczna α), jak i oligomeru (w kompleksie z podjednostką regulatorową β). We współpracy z pracownią prof. D. Shugara przetestowano ponad 60 związków jako potencjalnych inhibitorów kinazy białkowej CK2 i wyznaczono IC_{50} dla około 10 związków wykazujących duży stopień hamowania aktywności CK2.

Najważniejszy wynik badawczy:

Kinaza białkowa ZmCPK11 uczestniczy w systemicznej odpowiedzi na zranienie.

Podjednostka katalityczna kinazy białkowej CK2 występuje „*in vivo*” w roślinach zarówno w stanie wolnym jak i w kompleksie z podjednostką/podjednostkami regulatorowymi.

PUBLIKACJE: 3984, 2119/A, 2129/A, 2140/A, 2141/A, 2142/A, 2144/A, 2145/A, 2156/A

Temat nr 16: Enzymy nukleolityczne roślin wyższych.

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

W 2005 roku kontynuowano pracę nad badaniem struktury tRNA^{Lys} z mitochondriów pochodzących z komórek ludzkich. Analizowano występowanie różnych form (klasycznej i zmienionej) w transkryptach mt tRNA^{Lys}, oraz jego mutantów, powiązanych z występowaniem chorób mitochondrialnych (mutacje w pozycjach G8313A, T8316A, oraz G8328A). Na podstawie przeprowadzonych badań wyodrębniono trzy formy, jakie są tworzone przez transkrypt mt tRNA^{Lys}. Ich występowanie potwierdza również model tego tRNA, wygenerowany przy wykorzystaniu programu „RNA Mfold”. Pierwsza z nich (forma I - klasyczna) jest zgodna z ogólnie przyjętym modelem budowy tRNA, druga (II) wykazuje zmiany w obrębie ramienia antykodonu i ramienia dodatkowego. Natomiast trzecia z nich (III), ma mocno zmienioną strukturę: nie posiada odpowiednio ukształtowanych ramion: D, antykodonu i dodatkowego. Wszystkie wymienione struktury występują równolegle zarówno w szczepie dzikim, jak i w mutantach. Jednak ich udział w każdym z mutantów i w szczepie dzikim nie jest jednakowy. W przypadku szczepu dzikiego przeważają formy I i II (odpowiednio 40 i 48%). Dla mutantu T8316C udział wszystkich trzech form rozkłada się prawie po równo (I- 31%, II-37%, III-33%). Natomiast w G8313A zdecydowanie występuje forma trzecia (80%), z niewielkim udziałem pierwszej i drugiej. W G8328A z kolei przeważa forma druga (70%) nad trzecią i z niewielkim udziałem pierwszej. Porównanie uzyskanych wyników z wynikami aminoacylacji dla poszczególnych rodzajów mt tRNA^{Lys} pozwala stwierdzić wysoką korelację stopnia aminoacylacji z ilością tworzonej formy I przez dany rodzaj RNA. Aminoacylacja zachodzi wydajnie jedynie dla szczepu dzikiego (42%) i dla mutantu T8316C (26%), gdzie forma I jest reprezentowana odpowiednio w 40% i 31%. U pozostałych dwóch mutantów, u których forma I stanowi ok. 6% wydajność aminoacylacji jest znikoma.

Kontynuowano też badania nad wyjaśnieniem sposobu oddziaływania L-argininy z 5'UTR arginazy u *A. Nidulans*, który posiada bardzo długą (274 nukleotydy) sekwencję 5'UTR zawierającą intron. Metodą in-line probing wyznaczona została stała dysocjacji Kd dla wiązania argininy z 5'UTR.

Najważniejszy wynik badawczy:

Najważniejszym wynikiem jest przedstawienie zmian w strukturze ludzkich mitochondrialnych tRNA^{Lys} w powiązaniu z występowaniem mutacji chorobotwórczych.

PUBLIKACJE: 360/N, 99/M

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

Zespół: prof. dr hab. Bernard Wielgat, dr Urszula Maciejewska, dr Anna Szczerbakowa (1/3 etatu), mgr Lidia Polkowska-Kowalczyk, mgr Danuta Bołtowiec (do 30.09.2005r.)

Z uzyskanych poprzednio mieszańców somatycznych ziemniaka, całkowicie odpornych na *Phytophthora infestans* (*P. inf*), nie udało się otrzymać potomstwa z generatywnego krzyżowania wstecznego. Z tego względu poddano hybrydyzacji somatycznej inne dzikie gatunki *Solanum*: diploidalny *S. michoacanum* (*mch*) oraz heksaploidalny *S. nigrum* (*ngr*) z diploidalnym *S. tuberosum* (*tbr*) DG 8168, który posiada właściwości restorera płodności. Przy pomocy markerów molekularnych RAPD potwierdzono mieszańcowość regeneratów z kombinacji *ngr* (+) *tbr* 8168 (7 klonów) i *mch* (+) *tbr* 8168 (27 klonów). Część tych mieszańców wykazywała jednak zaburzenia rozwojowe i nie wytwarzała nasion.

Uzyskano również mieszańce (39 klonów) tetraploidalnego ziemniaka z dwóch linii diploidalnych: DG 92-117 o wysokiej plenności i DG 8330 o podwyższonej odporności na *P. inf*. Klony

te, po uzyskaniu roślin, będą poddane testom odporności na *P. inf* i oraz prowadzenie roślin do uzyskania nasion.

Przeprowadzono badania zmian poziomu zredukowanej i utlenionej formy askorbinianu i glutationu w liściach *S. ngr*, *S. tbr* odm. Bzura i klon H-8105 poddanych działaniu elicytora z *P. inf*. Analiza zmian poziomu całkowitej puli każdego metabolitu i ich stanu redox oraz danych dotyczących aktywności peroksydazy askorbinianowej, reduktazy glutationowej i transferazy glutationowej w odpowiedzi na elicytor wykazała znaczne różnice w regulacji stanu redox w liściach badanych roślin w zależności od typu i poziomu odporności na *P. inf*. Uzyskane wyniki sugerują, że askorbinian i peroksydaza askorbinianowa mają istotne znaczenie w regulacji poziomu aktywnych form tlenu we wczesnej fazie infekcji, podczas gdy wpływ glutationu przejawia się w fazie późniejszej. Wyniki badań pro- i antyoksydacyjnych reakcji sugerują, że ścisła kontrola poziomu H_2O_2 lub /i stanu redox komórki ma decydujące znaczenie dla efektywnej reakcji obronnej roślin.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano, że reakcje obronne komórek ziemniaka na infekcję *P. inf* są zależne od poziomu kontroli H_2O_2 i stanu redox.

PUBLIKACJE: 3939, 3957, 2104/A, 2117/A, 2118/A, 2131/A, 2132/A

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

Zespół: prof. dr hab. Grażyna Palamarczyk, doc. dr hab. Joanna Kruszewska, dr Anna Janik, dr Urszula Lenart, mgr Patrycja Zębek, mgr Agnieszka Michałek, doktoranci: mgr Wioletta Górka, Klaudia Kuranda, Katarzyna Machuła, Jacek Orłowski

Prowadzone prace badawcze dotyczyły dwóch zagadnień:

A/ Identyfikacja czynników regulujących przebieg dolicholo-zależnych glikozylacji białek oraz wykazanie ich związku z integralnością ściany komórkowej grzybów.

Mannoproteiny, stanowiące ok. 40% s.m ściany komórkowej, często decydują o wirulentności komórki. Są również receptorami odbierającymi sygnały zewnętrzne przekazywane do jądra komórkowego. Uszkodzenie ściany „zarejestrowane” przez mannoproteinowy receptor powoduje uruchomienie kaskady kinaz białkowych i w konsekwencji aktywację czynników transkrypcyjnych zaangażowanych w biosyntezę polimerów ściany. Prowadzi to do zmiany wrażliwości komórki na czynniki zewnętrzne. Tak więc poznanie mechanizmów regulujących poziom glikozylacji białek ściany komórkowej pozwala na otrzymanie szczepów o zmienionej wrażliwości komórki np. na leki grzybobójcze.

B/ Konstrukcja szczepów *Trichoderma* o podwyższonych zdolnościach sekrecyjnych.

Grzyby nitkowate z rodzaju *Trichoderma* wydzielają do podłoża szereg białek o aktywności hydrolitycznej, znajdujących zastosowanie w biotechnologii. Poznanie mechanizmów kontrolujących poziom sekrecji białek pozwala na konstrukcję szczepów o określonych własnościach użytkowych. Stosowane przez nas wcześniej modyfikacje procesów glikozylacji pozwalają na otrzymanie szczepów *Trichoderma reesei* i *T. atroviride* o zwiększonych zdolnościach produkcji i wydzielania enzymów hydrolitycznych do środowiska. Takie szczepy są producentami enzymów o znaczeniu biotechnologicznym (*T. reesei*) lub o a tym samym podwyższonych zdolnościach biokontrolnych w stosunku do patogenów roślinnych (*T. atroviride*).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że genetyczne modyfikacje szlaku glikozylacji białek w grzybach nitkowatych powodują zmiany biochemiczne i morfologiczne pozwalające na optymalizację procesów sekrecji białek o znaczeniu biotechnologicznym.

PUBLIKACJE: 3929, 3930, 3931, 2083/A, 2084/A, 2201/A, 2202/A, 2205/A, 353/N, 374/N

Temat nr 20: Genetyka i biologia molekularna grzybów.

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

Zespół: prof. Magdalena Boguta, dr Jerzy Smagowicz, dr Joanna Towpik, mgr Małgorzata Cieśla, mgr Karol Balicki, mgr Danuta Oficjalska, mgr Jan Kutner, mgr Anna Gajda

Transkrypcja regulowana jest u eukariontów poprzez kaskadę sygnalizacyjną TOR, która integruje informacje o dostępności składników pokarmowych. Każda z trzech polimeraz RNA jest regulowana indywidualnie poprzez TOR, jednak zarówno mechanizmy regulacji, jak i koordynacja trzech indywidualnych ścieżek, nie zostały jeszcze wyjaśnione. W naszej pracowni zidentyfikowano gen drożdży *Saccharomyces cerevisiae* kodujący białko Maf1, którego rolą jest hamowanie transkrypcji polimerazy III (Pluta i in., Mol. Cell Biol. 2001). Wyniki innych grup wskazują na rolę Maf1 jako pośrednika w przekazywaniu sygnałów stresu na polimerazę III (Upadhyay i in., Mol Cell 2002). Maf1 jest konserwowany w ewolucji, co sugeruje wspólny mechanizm represji polimerazy III u eukariontów. W celu poznania tego mechanizmu analizowano Maf1 w ekstraktach z komórek drożdży w różnych fazach wzrostu oraz po działaniu rapamycyny, która hamuje szlak TOR. Stosowano technikę Western z użyciem specyficznego przeciwciała anti-Maf1. Obraz migracji na żelu wskazywał na modyfikacje postranslacyjne Maf1 w komórkach młodych. Modyfikacje te analizowano poprzez porównawczą analizę spektrometrii mas Maf1 z komórek młodych i starych wyizolowanych uprzednio metodą immunoprecypitacji. Zidentyfikowano trzy uniwersalne miejsca fosforylacji oraz jedno miejsce (Ser 195) występujące wyłącznie w Maf1 izolowanym z młodych komórek. Sugerujemy, że rola fosforylacji polega na hamowaniu aktywności represora Maf1 w fizjologicznych warunkach wzrostu.

Kontynuowano również pracę nad terminacją translacji mitochondrialnej. Analizowano efekty zmiany poziomu ekspresji genu *MRF1* kodującego czynnik terminacyjny. Stwierdzono niewielkie obniżenie kompetencji oddechowej oraz efekt antysupresorowy powodowane poprzez nadekspresję genu *MRF1*. Wykazano również, że gen *MRF1* jest regulowany na poziomie transkrypcji z udziałem mechanizmu regulacji zwrotnej (retrograde).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano, że aktywność Maf1 jako represora polimerazy III RNA jest regulowana przez fosforylację.

PUBLIKACJE: 3926, 3930, 3983, 2151/A, 2179/A, 2183/A, 2184/A, 2198/A, 2199/A, 104/M

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

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

Badania prowadzone w naszym zespole koncentrują się wokół analizy funkcji konserwowanych ewolucyjnie genów kodujących drożdżowe homologii białek wyższych eukariontów, w tym człowieka. Obiektem naszych badań są: gen drożdżowy *CCZ1* i jego ludzki ortolog HPS4 oraz gen drożdżowy *YAF9* i jego ludzki ortolog GAS41. Mutacje w genach HPS4 i GAS41 związane są odpowiednio z zespołem Hermansky-Pudlak i powstawaniem glejaków mózgu. Wykazaliśmy istnienie rodziny białek zawierających wspólną, ca 200 aminokwasową domenę nazwaną przez nas CHiPS. Wykazaliśmy znaczne podobieństwo funkcjonalne pomiędzy drożdżowym białkiem Ccz1 i ludzkim białkiem HPS4. To odkrycie umożliwi wykorzystanie drożdży do wyjaśnienia roli białka HPS4 w procesach biogenezy i funkcjonowaniu lizosomów.

Kontynuowano badania nad białkiem Yaf9, homologiem ludzkich białek AF-9 i GAS41. Zastosowano drożdżowy system dwuhybrydowy celem zidentyfikowania ludzkich białek współdziałających z Gas41p. Wyizolowano 20 klonów, dotychczas zidentyfikowano trzy różne białka: RNF8 (ring finger protein 8) prawdopodobnie ligaza ubikwitynowa, onkogen N-myc i N-SAR-48 antygen mięsaka.

Zakończono realizację projektu badawczego KBN: „Kanały chlorkowe w patogenezie i terapii mukowiscydozy. Badania nad mechanizmem funkcjonowania białek CFTR, ORCC, CIC-2 i Gef1”.

W dalszym ciągu obiektem badań było białko Csm1p zaangażowane w procesie mejozy. Izolowano i analizowano kompleksy białkowe, w których występuje Csm1p. Dotychczasowe wyniki wskazują, że Csm1p jest białkiem wielofunkcyjnym.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że niektóre składniki kompleksów BLOC mają homologu u niższych eukariontów. Dotychczas uważano, że kompleksy BLOC występują tylko u zwierząt.

PUBLIKACJE: 3915, 3950, 3962, 3980, 2085/A, 2177/A, 2185/A, 2186/A, 2187/A, 2190/A, 354/N, 367/N

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 Marzena Sieńko, mgr Sebastian Piłsyk

Przez dysrupcję genu permeazy siarczanowej wykazano, że jego fizjologiczną funkcję może w pewnym stopniu zastępować zidentyfikowany przez nas alternatywny transporter siarczanu kodowany przez nas u *A. nidulans* gen *astA*. Gen ten pojawia się tylko u niektórych grzybów saprofitycznych, żyjących na materiale roślinnym. Zidentyfikowaliśmy również gen *pigA* kodujący białko kotwiczące inne białka w błonach komórkowych, które nadprodukowane ułatwia transport siarczanu przy niedoborze permeazy siarczanowej.

Po wcześniejszym stwierdzeniu indukcji transkrypcji genu kodującego syntazę metioninową przez homocysteinę wykazaliśmy, że przynajmniej pięć innych genów metabolizmu siarkowego jest aktywowanych przez ten aminokwas. Geny te tworzą swoisty regulon homocysteinowy i dotyczą głównie metabolizmu homocysteiny. Fizjologiczna rola tego systemu polega na usuwaniu nadmiaru homocysteiny, która przy wyższym stężeniu staje się toksyczna dla komórki. Jest to pierwszy przypadek opisanego typu regulonu.

Stwierdzono, że dominujące mutacje w genie *metR* kodującym specyficzny dla genów siarkowych czynnik transkrypcyjny suprymują mutacje w genach kodujących główną drogę biosyntezy cysteiny i metioniny. Udowodniono tym samym, że supresja polega na uruchomieniu alternatywnej drogi syntezy tych aminokwasów podobnie, jak w przypadku innych supresorów.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykrycie regulonu homocysteinowego u *Aspergillus nidulans*.

PUBLIKACJE: 3950, 2200/A, 2203/A

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

Zespół: prof. dr hab. Teresa Żołądek, dr Joanna Kamińska (od 01.10.2005), mgr Marta Kwapisz (do 30.09.2005), mgr Paweł Kaliszewski, mgr Piotr Chołbiński, mgr Marta Stawiecka

Rsp5 ligaza ubikwitynowo-białkowa bierze udział w wielu procesach komórkowych u drożdży, w tym w endocytozie i regulacji biosyntezy nienasyconych kwasów tłuszczowych. W celu lepszego zrozumienia roli ligazy Rsp5 w biosyntezie lipidów komórkowych zbadano wpływ mutacji *rsp5-13* na ekspresję genu *ERG20* kodującego kluczowy enzym biosyntezy izoprenoli i ergosterolu. Stwierdzono negatywny wpływ mutacji *rsp5* na ekspresję genu *ERG20* na poziomie transkrypcji, który powodował trzykrotne obniżenie poziomu białka Erg20 w komórce. Niski poziom białka Erg20 w szczepie *rsp5* był skorelowany z obniżonym o 21% poziomem ergosterolu, głównego produktu końcowego szlaku. Poza tym szczepy *rsp5* były odporne na nystatynę, która wiąże się z ergosterolem obecnym w błonie komórkowej, a wrażliwe na calcofluor white, związek destabilizujący ścianę komórkową poprzez wiązanie się z jej składnikiem, chityną. W komórkach *rsp5*, struktura ściany komórkowej była zmieniona i poziom chityny był podwyższony dwukrotnie. Wyniki te wskazują, że ligaza Rsp5 wpływa na szlak biosyntezy izoprenoidów i ergosterolu i prawdopodobnie na glikozylację białek i ich transport, a z przez to na skład błony komórkowej i ściany komórkowej.

Pan1 jest białkiem związanym ze szkieletem aktynowym, które jest niezbędne do polimeryzacji aktyny i zachodzenia procesu endocytozy. Zbadano poprzednio wyizolowanego mutantu *pan1-11*, który nie rośnie na pożywce z kwasem olejowym jako jedynym źródłem węgla. Komórki mutantu *pan1-11* są wrażliwe na temperaturę i rosną wolniej na pożywce z glicerolem lub bursztynianem a podobnie do szczepu typu dzikiego na pożywce z etanolem lub octanem. Jednakże wzrost na etanolu jest zaburzony, gdy kwas olejowy jest dodany do pożywki. Komórki potomne *pan1-11* wykazują zahamowanie wzrostu w fazie apikalnej, co jest obserwowane jako akumulacja komórek z nadmiernie wydłużonymi pączkami. Defekt wzrostu *pan1-11* jest odwracany przez nadekspresję genu *END3*, który koduje białko wiążące Pan1. Morfologia peroksysomów i indukcja enzymów peroksysomalnych jest normalna w komórkach *pan1-11* wskazując, że funkcje tych organelli metabolizujących kwas olejowy są zachowane. Analiza allelu *pan1-11* wykazała delecję fragmentu kodującego aminokwasy 1109-1126, które są częścią powtórzeń (QPTQPV)⁷ w białku Pan1. Nasze wyniki wskazują, że białko Pan1 jest niezbędne do prawidłowej regulacji wzrostu komórek dzielących się w obecność niektórych alternatywnych źródeł węgla.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano, że ligaza Rsp5 wpływa na biosyntezę ergosterolu i budowę ściany komórkowej.

PUBLIKACJE: 3911, 3930, 3980, 3981, 2176/A, 2180/A, 2188/A, 2189/A, 370/N

Temat nr 21: Regulacja metabolizmu siarkowego u bakterii.

Zespół: doc. dr Monika Hryniewicz, dr Roksana Iwanicka-Nowicka, dr Anna Łochowska, mgr Małgorzata Witkowska-Zimny, mgr Agata Zielak, mgr Magdalena Możejko (od paźdz.2005)

W ramach badań nad relacją struktura/funkcja regulatora transkrypcyjnego Cbl *E. coli* wyizolowano i oczyszczono szereg zmutowanych form tego białka. Scharakteryzowano determinanty Cbl odpowiedzialne za wiązanie kofaktorów (adenozyno 5'fosfosiarczanu i tiosiarczanu) w „kieszeni” zawartej pomiędzy dwiema domenami α/β każdego monomeru oraz determinanty kluczowe dla dimeryzacji i tetrameryzacji białka. Zidentyfikowano również determinanty podjednostek α jak i σ polimerazy RNA istotne dla Cbl-zależnej aktywacji transkrypcji z promotora operonu *ssuEADCB*.

W oparciu o przeprowadzoną wcześniej analizę transkryptomu *E. coli* w warunkach obecności/braku funkcji regulatora transkrypcyjnego CysB weryfikowano mechanizm ekspresji

kilkunastu genów *E. coli* nie związanych bezpośrednio z metabolizmem siarkowym (konstrukcja fuzji promotor-reporter, wiązanie CysB w regionach regulacyjnych, transkrypcja *in vitro*). Stwierdzono aktywacyjną rolę CysB w stosunku do operonów *rrn* związanych z syntezą rRNA i tRNA.

Kontynuowano badania nad regulacją genów metabolizmu siarkowego u *Burkholderia cenocepacia* (Bc). Scharakteryzowano rolę regulacyjną białek CysB_{Bc} i SsuR_{Bc} w ekspresji 5 operonów kodujących potencjalne enzymy metabolizmu siarkowego *B. cenocepacia*. Uzyskane wstępne dane wskazują, że w przeciwieństwie do funkcji regulatorów CysB i Cbl *E. coli*, funkcja „regulatorów siarkowych” CysB_{Bc} i SsuR_{Bc} *B. cenocepacia* nie jest zależna od metabolitów sygnałowych.

Najważniejszy wynik badawczy:

Uzyskanie informacji o udziale CysB w ekspresji genów *rrn*.

PUBLIKACJE: 2080/A, 386/N

Temat nr 25: Odpowiedź komórek bakteryjnych i komórek drożdży na uszkodzenie DNA.

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

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

W komórkach bakterii *Escherichia coli* zidentyfikowano pięć replikaz DNA, z których trzy są polimerazami o wysokiej wierności replikacji (ang. *error free*) zaś pozostałe dwie, o niskiej wierności syntezy DNA (ang. *error prone*). Polimerazy „*error prone*” reprezentowane są przez polimerazę IV DNA (DinB) i polimerazę V DNA (UmuDC).

Kontynuowano prace w celu wyjaśnienia fizjologicznej roli polimerazy IV DNA (DinB). Białko DinB ma wiele funkcjonalnych homologów zarówno w organizmach prokariotycznych jak i eukariotycznych. Rodzinę polimeraz Y, do której należy polimerazę IV DNA (DinB) cechuje brak egzonukleolitycznej aktywności 3'-5', niska procesywność i szczególnie niska wierność syntezy DNA. W komórce *E. coli* znajduje się ok. 250 cząsteczek DinB tj. ponad 20-krotnie więcej niż głównej replikazy pol III DNA. W poprzednich latach wykazaliśmy, że brak aktywnego białka DinB nie wpływa w znaczący sposób na częstość powstawania mutacji spontanicznych w nie zaindukowanych komórkach *Escherichia coli* [Kuban i inni, *J Bacteriol.* 2004 186:4802-7]. Dlatego też postanowiliśmy znaleźć takie warunki fizjologiczne, w których pol IV bierze udział w replikacji chromosomu. Doskonałym narzędziem okazały się szczepy mutatorowe, zwiększające niestabilność holoenzymu pol III DNA a tym samym ułatwiające dostęp polimerazy DinB do widełek replikacyjnych. Wykazaliśmy, że polimeraza IV uczestniczy w replikacji chromosomu *E. coli* kiedy główna replikaza „ma kłopoty” i dysocjuje po wstawieniu niewłaściwej zasady na końcu 3'OH primera. Wykazaliśmy, że szczepach typu dzikiego pol IV DNA preferencyjnie działa na nici opóźnionej.

Kontynuowano prace mające na celu fizjologicznej roli podjednostki Dpb2p, wchodzącej w skład holoenzymu polimerazy epsilon z *Saccharomyces cerevisiae*. W wyizolowanych mutantach *dpb2* prowadzono pomiary mutagenyzy. Wstępne wyniki sugerują, że podjednostka ta kontroluje wierność replikacji.

Najważniejszy wynik badawczy:

W szczepach typu dzikiego pol IV DNA preferencyjnie działa na nici opóźnionej. Udział Pol IV w replikacji znacząco wzrasta, powodując efekt mutatorowy, gdy główna replikaza oddysocjuje np. po wstawieniu nieprawidłowej pary zasad.

PUBLIKACJE: 3961, 3963, 2210/A, 2211/A, 2212/A, 359/N, 380/N.

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

Zespół: prof. Zygmunt Cieśla, dr Marta Fikus-Kryńska, dr Aneta Kaniak, mgr Piotr Dzierzbicki, mgr Ewa Malc, mgr Agata Rogowska

Kontynuowano badania nad alternatywnymi mechanizmami naprawy uszkodzeń mitochondrialnego DNA (mtDNA) komórek drożdży *S. cerevisiae*. W celu zrozumienia funkcjonowania mitochondrialnego systemu wycinania zasad (mtBER), powszechnie uważanego za główny mechanizm naprawy uszkodzonych zasad w mtDNA, skonstruowano szczepy *ogg1*, *ntg1*, *apn1*, *ogg1 ntg1*, *ogg1 apn1*, *ogg1 ntg1 apn1*, pozbawione jednej, lub dwóch glikozylaz DNA, a także endonukleazy apurynowej, aktywnych w mitochondriach. Niespodziewanie okazało się, że potrójny mutant *ogg1 ntg1 apn1*, pozbawiony praktycznie możliwości usuwania uszkodzeń oksydacyjnych przez mtBER, jest jedynie bardzo słabym mutatorem mitochondrialnym. Wynik ten jest zgodny z naszą poprzednią sugestią, że w naprawę uszkodzeń oksydacyjnych mtDNA zaangażowane są inne niż mtBER mechanizmy reperacyjne, m.in. mitochondrialny system naprawy błędnie sparowanych zasad, mtMMR. Zgodnie z tą hipotezą stwierdziliśmy, że wzmożenie aktywności mtMMR, poprzez wprowadzenie do komórek dodatkowych kopii genu *MSH1*, prowadzi do supresji fenotypu mutatora mitochondrialnego szczepu *sod2* pozbawionego aktywności mitochondrialnej dysmutazy nadtlenkowej, a tym samym narażonego na częstsze uszkodzenia mtDNA. Obecność plazmidu *pMSH1* powoduje także w szczepie *sod2* wyraźne zmniejszenie ilości uszkodzeń oksydacyjnych oznaczonych bezpośrednio w mtDNA metodą Southern. Otrzymane ostatnio wyniki pozwoliły także na lepsze zrozumienie funkcjonowania mtMMR; analiza mutantów *msh1-G776D* i *msh1-R813W* doprowadziło do konkluzji, że białko Msh1 odgrywa podwójną rolę w stabilizacji genomu mitochondrialnego, oprócz typowej funkcji korektorskiej błędów replikacyjnych pełni istotną rolę w utrzymaniu integralności mtDNA. Jednocześnie analiza szczepów z delecją genu *MLH1* lub *PMS1* doprowadziła do wniosku, że w mitochondrialnym MMR, w przeciwieństwie do jądrowego MMR, nie funkcjonuje homolog bakteryjnego białka MutL. Ważnym wątkiem prac były próby ustalenia związku przyczynowego między kumulacją uszkodzeń oksydacyjnych mtDNA a długowiecznością komórek drożdży w fazie stacjonarnej. W tym kontekście bardzo ciekawe wydaje się stwierdzenie, że obecność plazmidu *pMSH1* pociąga za sobą supresję fenotypu mitochondrialnego mutatora szczepu *ogg1*, a jednocześnie powoduje wydłużenie długowieczności komórek.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalenie, że supresja fenotypu mutatora mitochondrialnego mutantu *ogg1*, w wyniku zwiększenia aktywności mtMMR, prowadzi do wydłużenia długowieczności komórek *S. cerevisiae*

PUBLIKACJE: 2178/A, 2204/A

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

Zespół: doc. dr hab. Ewa Śledziewska-Gójska, dr Adrianna Skoneczna, dr Agnieszka Hałas, mgr Justyna McIntyre, mgr Ewa Brzozowska, mgr Rafał Hoser (od X 2005), prof. dr hab. Witold Jachymczyk (1/3 etatu), dr Hanna Baranowska (1/3 etatu), Zofia Policińska

Prowadzone przez nas w ubiegłych latach badania roli proteasomu w kontroli stabilności genetycznej komórek drożdży wskazały na udział ubikwityno-zależnej proteolizy w modulowaniu syntezy DNA poprzez uszkodzenia matrycy (TLS) (McIntyre i wsp. Mutation Res., w druku). Jednym z głównych enzymów odpowiedzialnych w komórkach drożdży za TLS jest polimeraza eta (Pol eta) kodowana przez gen *RAD30*. *RAD30* jest homologiem ludzkiego genu *XPV*, którego uszkodzenie powoduje syndrom predyspozycji rakowej xeroderma pigmentosum-variant (XP-V). Pol eta jest zdolna do syntezy DNA na matrycy zawierającej fotoprodukty powstające pod wpływem UV, wstawiając

prawidłowe nukleotydy naprzeciw uszkodzenia. Ta zdolność jest podstawą uniknięcia mutacji i ochrony przed indukcją transformacji rakowej. Z drugiej strony jednak, budowa centrum aktywnego Pol eta pozwalająca na tolerowanie zmodyfikowanych zasad DNA czyni z tej polimerazy enzym o bardzo niskiej wierności replikacji na matrycy nieuszkodzonej. Stąd konieczność funkcjonowania w komórce mechanizmów kontrolujących ilość polimerazy eta. Zgodnie z hipotezą wynikającą z uprzednich badań fizjologicznych, udało nam się wykazać, że za kontrolę komórkowej zawartości Pol eta odpowiedzialny jest system ubikwityno-zależnej proteolizy. Wykazaliśmy, że drożdżowa Pol eta jest białkiem krótko żyjącym, o średnim czasie półtrwania 20 min i że degradacja Pol eta zależy od jej ubikwitynacji i aktywności proteasomu. Stwierdziliśmy także, że traktowanie komórek drożdży promieniowaniem UV powoduje przejściową stabilizację Pol eta, prowadzącą do kumulacji tego istotnego w replacji DNA enzymu w naświetlonych komórkach. System zaangażowany w regulację ilości pol eta, w odpowiedzi na uszkodzenia DNA, będzie obiektem dalszych badań.

W naszej pracowni prowadzone są także badania mające na celu weryfikację roli poszczególnych polimeraz drożdżowych w kontroli poziomu mutacji spontanicznych, w niedzielących się komórkach drożdży. Potwierdziliśmy, obserwowany także przez innych badaczy fakt, że mutacje zmniejszające wierność polimeraz replikacyjnych powodują wzrost mutacji powstających w fazie stacjonarnej. Uzyskaliśmy także wstępny wynik sugerujący, że Pol eta może być odpowiedzialna za ochronę komórek drożdży przed powstawaniem w fazie stacjonarnej niektórych rodzajów mutacji.

Najważniejszy wynik badawczy:

Polimeraza eta jest enzymem krótko żyjącym, degradowanym proteasomalnie na drodze ubikwityno-zależnej proteolizy i stabilizowanym przez promieniowanie UV.

PUBLIKACJE: 2196/A

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

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

Kontynuowano badania nad unikalnym systemem partycji plazmidu pSM19035, złożonym z produktów genów *delta* i *omega*. Eksperymentalnie wykluczono obecność wspólnego transkryptu typu „read-through” obu genów - potwierdzono, że oba geny stanowią niezależne jednostki transkrypcyjne, co odróżnia ten system od innych opisanych w literaturze. Stosując bakteryjny system dwuhybrydowy oparty o represor LexA wykazano zdolność do oddziaływania ze sobą białek Delta i Omega. Ponadto w tym samym układzie potwierdzono zdolność do dimeryzacji zarówno białka Omega jak i białka Delta.

W projekcie poświęconym genomice plazmidowej kontynuowano analizę amplifikacji regionu zawierającego gen *bla_{SHV-5}* a otoczonego sekwencjami *IS26* w plazmidzie p1658/97. Zaobserwowano, że wprowadzenie w obręb amplikonu genu *cat* prowadzi do utraty zdolności do amplifikacji takiej pochodnej. Podobny efekt uzyskano, gdy jeden z genów tego regionu, *orf40*, zastąpiono genu *cat*. Natomiast wprowadzenie tego genu w pobliże amplikonu nie prowadziło do utraty zdolności do amplifikacji. Biorąc pod uwagę również wcześniejsze obserwacje kolejnych delecyjnych pochodnych plazmidu p1658/97 wysunięto hipotezę, że do amplifikacji potrzebne jest zachowanie odpowiedniej topologii regionu otoczonego sekwencjami *IS26*.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie oddziaływań białek Omega i Delta w bakteryjnym systemie dwuhybrydowym.

PUBLIKACJE: 3923, 3966, 356/N, 372/N

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

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

Rola modyfikowanych dNTP w mutagenезie i kancerogenезie. Kontynuowano badania nad rolą 8-oksodGTP-azy kodowanej przez gen hMTH1 w nowotworach płuca. Zbadano poziom ekspresji mRNA hMTH1 w tkankach pacjentów z NSCLC (tych samych dla których wcześniej oznaczano aktywność białka hMTH1). Stwierdzono, że ekspresja hMTH1 mRNA jest istotnie wyższa ($p=0,009$) w tkance nowotworowej niż w zdrowej. Ponadto stwierdzono dodatnią korelację pomiędzy ekspresją mRNA a aktywnością hMTH1 w zdrowym obrzeżu płuca oraz brak takiej korelacji w tkance nowotworowej. Sugeruje to, że wzrost aktywności hMTH1 w nowotworach nie wynika tylko i wyłącznie ze wzrostu poziomu hMTH1 mRNA.

Udział białka AlkB w naprawie ϵ -adduktów DNA. Użyto plazmid IF zawierający operon laktozowy ze szczepu Millera CC102 pozwalający badać tranzycje GC $\rightarrow$ AT. Plazmid modyfikowano aldehydem chlorooctowym, który generuje ϵ -addukty zasad DNA, i transfekowano do komórek *E. coli* metodą elektroporacji. Badania mutagenезy prowadzono w skonstruowanych przez nas mutantach *alkB*, *mug* i *alkA* *E. coli* DH5 α , a także w trzech mutantach podwójnych. Doświadczenia prowadzono w warunkach indukcji białek AlkA i AlkB oraz bez indukcji. Uzyskane wyniki potwierdziły znaną rolę glikozylaz Mug i AlkA w wycinaniu ϵ -adduktów zasad oraz wykazały, że produkt genu *alkB* pełni istotną rolę w zapobieganiu mutacjom powodowanym obecnością ϵ -adduktów w DNA. Wskazuje to, że Fe(II)-zależna dioksygenaza AlkB najprawdopodobniej usuwa mostki etenowe z zasad na drodze oksydacyjnej, podobnie jak to wykazano w innych laboratoriach w stosunku do grup alkilowych. Proces ten prowadzi bezpośrednio do odtworzenia natywnej struktury DNA. Prowadzone są prace nad opracowaniem metody badania *in vitro* naprawy etenoadduktów przez białko AlkB.

Addukty trans-4-hydroksy-2-nonenalu (HNE). Kontynuowano badania nad syntezą enancjomerów HNE.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano, że gen *alkB* *E. coli* pełni istotną rolę w zapobieganiu mutacjom powodowanym obecnością etenoadduktów w DNA.

PUBLIKACJE: 3909, 3937, 2112/A, 2136/A, 2170/A, 2173/A, 2174/A, 373/N, 385/N

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

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

Stosując mutagenезę transpozonową zidentyfikowano jako supresor mutacji prolinowych gen *rrmA*. Gen ten scharakteryzowano, wykazuje on silną homologię z genami kodującymi białka wiążące RNA u innych organizmów. Ustalono, że gen *rrmA* bierze udział w postranskrypcyjnej regulacji syntezy arginazy i transaminazy ornitynowej. Wykazano, że gen *prnX* koduje białko homologiczne do cyklazy ornitynowej. Enzym ten nie jest jednak wykorzystywany przy syntezie proliny w sytuacji, gdy główna droga syntezy proliny (z glutaminianu) jest zablokowana. Wyniki przedstawiono w pracy doktorskiej A. Olszewskiej.

Kontynuując prace nad postranskrypcyjną regulacją syntezy arginazy ustalono stałą wiązania argininy z mRNA arginazy i zbadano okres półtrwania mRNA arginazy w obecności i nieobecności L-argininy. Zbadano również wpływ poliamin na regulację syntezy arginazy. Wyniki przedstawiono w pracy doktorskiej M. Kopra.

Temat nr 30: Analiza mutantów typu SUV3.

Zespół: prof. dr hab. Piotr P. Stepień, dr Aleksandra Dmochowska, dr Paweł Golik, mgr Michał Małecki, mgr Roman Szczęsny (doktorant prof. Ewy Bartnik), mgr Aleksander Chlebowski, mgr Rafał Tomecki, mgr Kamil Gewartowski

Kontynuowano badania nad mechanizmami degradacji RNA w mitochondriach drożdży i człowieka oraz nad udziałem białek związanych z tymi procesami w kontroli cyklu komórkowego. Scharakteryzowano promotor ludzkiego genu SUV3 kodującego helikazę DNA i RNA i opisano alternatywny splicing mRNA SUV3. Ustalono, że ludzkie białko *suv3p* jest interaktorem białka HBXIP i uczestniczy w regulacji apoptozy. Odkrycie to stało się podstawą zgłoszenia patentowego.

PUBLIKACJE: 3974, 3975

Temat nr 32.1: Działalność Pracowni Biologii Molekularnej (afiliowanej przy UG). 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-Cimińska, dr Joanna Jakóbkiewicz-Banecka

W przypadku ewolucyjnie konserwowanych genów i ich produktów badania nad mniej skomplikowanymi modelami mogą dać wiele bardzo cennych informacji na temat ortologów takich genów czy białek w organizmach wyższych. Zwykle jednak porównania takie były dokonywane w systemach *in vitro*. Na podstawie znajomości sekwencji ludzkiego genu *MTHFR* oraz jego bakteryjnego ortologa *metF* skonstytuowaliśmy szczepy bakteryjne, które niosły parę różnych alleli genu *metF*, w różnych kombinacjach allelu dzikiego typu lub mutantu, który odpowiadał jednemu z najczęstszych polimorfizmów ludzkiego genu *MTHFR*, mającemu znaczenie kliniczne w związku ze znacznie podwyższonym ryzykiem hyperhomocysteinemii. Przeprowadzone analizy wykazały, że ten stosunkowo prosty doświadczalny układ bakteryjny pozwolił na uzyskanie wyników zbieżnych ze znacznie bardziej skomplikowanymi badaniami komórek ludzkich. W związku z tym zaproponowaliśmy, że można zastosować bakteryjny model badania efektów ludzkich mutacji *in vivo*.

Badania genetyczne nad zjawiskiem bioluminescencji bakterii (na modelach kilku gatunków świecących bakterii morskich) wykazały, że w ich komórkach dochodzi do zależnej od emitowanego przez nie światła stymulacji naprawy DNA. Badania z wykorzystaniem zawierających geny *lux* i zdolnych do luminescencji bakterii *Escherichia coli* wykazały, że zjawisko takie zachodzi tylko wtedy gdy aktywna jest fotoliaza. Wnioskujemy zatem, że bakteryjna bioluminescencja stymuluje proces naprawy DNA przez fotoreaktywację.

Najważniejsze wyniki badawcze:

1. Zaproponowanie bakteryjnego modelu badania dla badania efektów ludzkich mutacji *in vivo*.
2. Wykazanie, że bioluminescencja bakterii stymuluje naprawę DNA przez fotoreaktywację.

PUBLIKACJE: 3918, 3991, 3992, 3993, 3994, 3995, 3996, 3997, 3998, 3999, 2149/A, 2150/A, 2153/A, 2157/A, 2229/A, 2230/A, 2231/A, 2232/A, 2233/A, 2234/A, 2235/A, 2236/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 (zatrudniony w MIBMiK), doktoranci IBB: mgr Aleksandra Helwak, mgr Leszek Lipiński

Fosforylacja białek przez kinazy białkowe jest jednym z najważniejszych mechanizmów regulacyjnych, kontrolujących wszystkie podstawowe procesy w komórce eukariotycznej. Zaburzenia w fosforylacji protoonkogenów i białek supresorowych mogą doprowadzić do transformacji nowotworowej. Celem badań prowadzonych w naszym zespole jest poznanie fizjologicznej roli oraz mechanizmu działania nieznanej dotąd ludzkiej kinazy – Tssk3. Białko to jest po Tssk1 i Tssk2 trzecim członkiem rodziny kinaz serynowo-treoninowych, których obecność wykrywa się jedynie w gonadzie męskiej. Gen TSSK3 został odkryty w naszym zespole w czasie badania selektywnej ekspresji genów kodujących kinazy białkowe w komórkach raka żołądka. W warunkach fizjologicznych ze względu na lokalizację kinaz Tssk przypisuje się im funkcje związane z regulacją procesu spermatogenezy. Nasz zespół wyizolował rekombinowane, aktywne białko Tssk3 oraz szereg mutantów, które zostały przebadane pod względem zdolności do autofosforylacji i fosforylacji substratów testowych. Wykazaliśmy *in vitro*, że Tssk3 może fosforylować substraty testowe – kazeinę, MBP czy histony oraz ulegać autofosforylacji a reakcja ta jest stabilizowana w podwyższonej temperaturze przez białko opiekuńcze Hsp90 i Hsp70, a nie przez białko Hsc70.

Zaobserwowane wysokie podobieństwo w budowie pętli aktywacyjnej do homologicznej struktury w kinazie PKB pozwoliło nam wyprognozować, że kinaza PDK-1 może mieć znaczącą rolę w regulacji aktywności kinazy Tssk3. Zmutowanie reszty tyrozyny 168 na alaninę w obrębie pętli aktywacyjnej prowadzi do utraty aktywności kinazowej. Udało nam się również wykazać, iż PDK-1 jest w stanie fosforylować Tssk3 na treoninie 168 co prowadzi do znaczącego wzrostu jej aktywności *in vitro*, sugerując iż Tssk3 może być regulowana w podobny sposób jak kinazy należące do rodziny AGC. Alternatywnym mechanizmem regulującym aktywność kinazy Tssk3 jest autofosforylacja seryny 166.

Pokazaliśmy również iż seryna pięta w peptydzie –RRSSSY- jest specyficznie fosforylowana przez Tssk3 co pozwoli nam na wytypowanie naturalnych substratów i pomoże w zdefiniowaniu funkcji pełnionej przez tę kinazę w gonadzie męskiej.

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

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

Dalsze badania wpływu białka ParA na wewnątrzkomórkową lokalizację fuzji białka ParB-Gfp oraz jej nieaktywnych w wiązaniu DNA lub wyciszaniu transkrypcji pochodnych, w obecności i w nieobecności plazmidów niosących *parS*, pozwoliły na jednoznaczne ustalenie, że białko ParA powoduje transport ParB wewnątrz komórki do miejsc docelowej lokalizacji plazmidów podczas partycji. Proces ten zależy od zdolności ParB do niespecyficznego interakcji z DNA, nie zależy natomiast od *parS*. Plazmidy centromerowe pełnią w nim rolę centrów agregacji ParB. Poczynione obserwacje pozwoliły na zaproponowanie nowego modelu partycji P1 i innych plazmidów niosących kasety partycyjne typu Ia.

W badaniach nad regulacją ekspresji genów *par* wykazano, że dwa białka komórkowe, IHF i Crp, wpływają na transkrypcję zarówno z głównego jak i z wewnętrznych promotorów operonu *par*. Zademonstrowano w układzie *in vitro*, że białko IHF wiąże się z DNA rejonu promotorowo-operatorowego operonu *par*. Regulacja przez IHF jest niezależna od *parS*.

Kontynuowano prace nad charakterystyką genu *dmt* bakteriofaga P1, kodującego dwufunkcyjną metylotransferazę. Skonstruowano mutanty *dmt* P1 niezdolne do syntezy domeny C-5 metylotransferazy

Dmt. Wykazano, że regulacja ekspresji genu *dmt* zachodzi zarówno na poziomie transkrypcji jak i na poziomie posttranskrypcyjnym.

Wykazano, że gen *lydD* bakteriofaga P1 koduje holinę.

Ustalono sekwencję nukleotydową około 70% genomu poliwalentnego bakteriofaga A5 *Staphylococcus aureus*. Skonstruowano wektor do badania toksyczności produktów genowych faga A5 dla komórek *S. aureus*. Zidentyfikowano kilkanaście genów A5, kodujących białka o cechach sekwencji aminokwasowej charakterystycznych dla białek transmembranowych, w tym holin.

Przygotowano manuskrypt publikacji „Differential expression of P1 plasmid partition genes from the main and internal promoters of the *par* operon”.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zademonstrowanie niezależności pozycjonowania ParB od plazmidów niosących *parS* podczas partycji.

PUBLIKACJE: 2088/A, 2213/A, 2214/A, 2215/A, 371/N, 384/N.

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, mgr Małgorzata Cesarz

1. Odkryto nieznan do tej pory mechanizm sterowania aktywnością genu *FLC*, kluczowego elementu genetycznego systemu kontroli czasu kwitnienia w *Arabidopsis*. Mechanizm ten polega na generowaniu nieaktywnej transkrypcyjnie chromatyny w rejonie 3' końca genu *FLC* i opiera się na wykorzystaniu specyficznego do tego rejonu siRNA. Przebadano szczegółowo występowanie tego zjawiska u mutantów *Arabidopsis* w różnych genach ścieżki RNAi i wykonano profil modyfikacji potranslacyjnych histonów chromatyny na obszarze całego locus *FLC*. Wykonano także analizę transkryptów z nici sens i antysens w rejonie locus *FLC*.

2. Opracowano metodykę izolacji jąder komórkowych z komórek *Arabidopsis* rosnących w kulturze płynnej i ekstrakcji białek jądrowych. Ekstrakty te wykorzystano do wykonania wstępnej wersji dwuwymiarowej mapy peptydowej odzwierciedlającej około 1000 białek jądrowych *Arabidopsis*. Mapę wykonywano we współpracy z Laboratorium Proteomiki doc. M. Dadleza w IBB PAN, stosując wysokociśnieniowe, niskoprzepływowe chromatografy cieczowe (nanoHPLC) połączone z tandemowym spektrometrem mas wyposażonym w dwa analizatory - liniową pułapkę jonową i analizator cyklotronowego rezonansu jonów (LTQ-FTICR).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykrycie udziału mechanizmu wykorzystującego siRNA do sterowania aktywnością transkrypcyjną genu *FLC*, kluczowego regulatora czasu kwitnienia u roślin.

PUBLIKACJE: 3910, 3958, 2191/A, 2192/A, 2193/A

Temat nr 35: Ekspresja genów bakteryjnych w roślinach.

Zespół: doc. dr hab. Agnieszka Sirko, dr Anna Wawrzynska (urlop bezpłatny -USA), dr Frantz Liszewska, mgr Adam Wawrzyński (urlop bezpłatny -USA), mgr Małgorzata Lewandowska, mgr Jolanta Kamińska, mgr Szymon Godecki (marzec - październik), mgr Barbara Borcz (od 15 września)

Badania podzielone są na dwa główne nurty badawcze: metabolizm siarki w roślinach oraz ekspresja antygenów *Helicobacter pylori* w roślinach. Tematyka badań dotyczących metabolizmu siarki w roślinach w ciągu ostatniego okresu koncentrowała się głównie wokół identyfikacji i charakterystyki genów tytoniu regulowanych przez stres głodzenia siarkowego. Ponadto, kontynuowane była mutacyjna

analiza białka OAS-TL z *Escherichia coli*. Celem tych doświadczeń było zidentyfikowanie aminokwasów biorących udział w oddziaływaniu OASTL-SAT. Białka OASTL i SAT są silnie konserwowane, a zatem informacje uzyskane dla białek bakteryjnych można łatwo odnieść do ich odpowiedników roślinnych. Nie udało się zidentyfikować mutacji, która powodowałaby brak oddziaływania z SAT, a równocześnie nie obniżałaby aktywności enzymatycznej białka OASTL. Jednakże doświadczenia te nie są jeszcze zakończone.

Kontynuowane są doświadczenia mające na celu uzyskanie wydajnej ekspresji białka UreB *Helicobacter pylori* w roślinach. Do przygotowania nowych kaset ekspresyjnych wykorzystano wektory zawierające promotor małej podjednostki Rubisco. Jest to bardzo silny promotor pozwalający na wydajną ekspresję transgenów w tkankach zielonych w formie białek fuzyjnych z cytokinami ssaków. Przewidujemy, że białka fuzyjne będą miały silniejsze właściwości immunogenne z powodu działania cytokin jako adiuwantów odpowiedzi immunologicznej. Niektóre z uzyskanych kaset ekspresyjnych zostały przetestowane w systemie do badania ekspresji przejściowej (*N. banthamiana*; *in planta*). Badania są kontynuowane.

Najważniejszy wynik badawczy:

Zidentyfikowano szereg genów *N. tabacum* regulowanych w odpowiedzi na głodzenie siarkowe, przygotowano kasety do wydajnej ekspresji w roślinach białka UreB *H. pylori* jako białka fuzyjnego z cytokinami, mającymi pełnić rolę adiuwantów.

PUBLIKACJE: 3924, 3925, 3944, 3945, 3946, 3988, 2065/A, 2077/A, 2114/A, 2115/A, 2116/A, 102/M, 361/N

Temat nr 36: Metody informatyczne w biologii molekularnej.

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr Piotr Pawłowski, dr Szymon Kaczanowski, mgr Paweł Siedlecki, mgr Paweł Szczęśny

Kontynuowano pracę nad inhibitorami metylacji DNA. Rozpoczęto współpracę z firmą Cancer Research UK w celu optymalizacji związków oraz testowania na liniach zwierzęcych. Trwa dalsza współpraca z DKFZ Heidelberg przy dokowaniu wariantów związku NSC401077 oraz innych związków niskocząsteczkowych.

Stworzono model *in silico* potrafiący odtwarzać konformacje przestrzenne znanych układów kinaza- substrat i kinaza-inhibitor. W dalszej perspektywie model ten zostanie użyty do przeszukania farmakotek w celu znalezienia nowych obiecujących cząsteczek. Wykorzystany zostanie system wielokrotnego dokowania i oceny cząsteczek, opracowany w latach poprzednich i z powodzeniem użyty w ramach projektu inhibitorów metylacji.

Kontynuowano współpracę z dr hab. Grażyną Dobrowolską dotyczącą kinazy OSAK. Zbadano nietypową fosforylację białka przy pomocy technik modelowania i dynamiki molekularnej.

Stworzono serwis SRS (Sequence Retrieval System) dostępny dla całego Instytutu. Serwis umożliwia wyszukiwanie i porównywanie informacji zawartych w 39 baz danych (w tym najważniejszych takich jak EMBL, UNIPROT, PDB, OMIM, ENZYME, PATHWAY). Bazy danych są uaktualniane codziennie. Zintegrowane z systemem są też narzędzia bioinformatyczne z pakietu EMBOSS oraz BLAST, CLUSTAL i HMMER.

Opracowano teoretyczny model transformacji kształtu reticulocytu, będący częścią zespołowej pracy dotyczącej sferocytozy. Pozwolił on ujawnić w wyniku komputerowych symulacji trójfazowy obraz czasowych zmian geometrii komórki w czasie jej dojrzewania oraz szerokie spektrum finalnych kształtów. Zaproponowano standardowy model przejścia reticulocyt-erytrocyt pokazujący akumulację i wydatek energii w poszczególnych strukturach komórki w czasie jej przeobrażania. Opisano też

anomalie prowadzące do metamorfozy o charakterze sferocytozy, ovalocytozy, leptocytozy czy stomatocytozy.

Najważniejszy wynik badawczy:

Stworzono model *in silico* potrafiący odtwarzać konformacje przestrzenne znanych układów kinaza-substrat i kinaza-inhibitor.

PUBLIKACJE: 3913, 3921, 3936, 3952, 3958, 3984, 2081/A, 2082/A, 2087/A, 2146/A

Temat nr 37: Mechanizmy kontrolujące proces patogenezy komórek roślinnych.

Zespół: prof. dr hab. Jacek Hennig, dr Dorota Konopka-Postupolska, dr Magdalena Krzymowska, mgr Anna Maassen, mgr Agnieszka Witek, mgr Kamil Witek, mgr Iwona Goszczyńska-Legat (od 01.XI. 2005), mgr Małgorzata Wilkowicz (od 01.X. 2005)

Kontynuowaliśmy badania różnych mechanizmów obronnych włączanych podczas odpowiedzi roślin na infekcje oraz inne niekorzystne czynniki środowiskowe. Analizowaliśmy rolę kinazy SIPK, jednej z kinaz z rodziny MAP aktywowanej podczas odpowiedzi obronnej roślin. Poprzez wykreowanie dwóch grup transgenicznych roślin *Nicotiana tabacum* wyrażających gen kodujący białko SIPK, w orientacji sens lub odwróconej (anty-sens) stworzyliśmy model dla badania funkcji białka SIPK *in vivo*. Stosując ten model doświadczalny wykazaliśmy, że poziom białka SIPK determinuje wrażliwość roślin na podwyższony lub obniżony wewnątrzkomórkowy poziom reaktywnych form (ROS). Wyniki te sugerują, że kluczowa rola kinazy SIPK w odpowiedzi na infekcję wynika nie tylko z faktu jej aktywacji przez kwas salicylowy, ale także jej udziału w modulacji sygnałów indukowanych przez ROS.

Rozpoczęliśmy badania nad rolą białka aneksyny-1 z *Arabidopsis thaliana*, w odpowiedzi na zmiany środowiskowe (suszę) oraz infekcję. Wyizolowaliśmy cDNA dla aneksyny-1 (*AnnAt1*). Oczyszciliśmy, do stanu homogenności, zrekombinowane białko AnnAt1. Stwierdziliśmy, że AnnAt1 ma słabą aktywność peroksydazy. Z zastosowaniem technik spektrometrii określiliśmy masę białka AnnAt1, uzyskanego w komórkach bakteryjnych, na 37.2 kDa. W testach *in vitro*, wykazaliśmy, że białko AnnAt1 wiąże dwie cząsteczki glutationu poprzez utlenienie reszt SH dwóch cystein w pozycjach 111 i 239. Przeprowadziliśmy analizę, która wykazała, że w zmienionych *in vitro* warunkach redox, białko AnnAt1 podlega oligomeryzacji. Wyprowadziliśmy homozygotyczne linie *A. thaliana* z delecją genu *AnnAt1* lub nadprodukujące białko AnnAt1. Szczegółowa analiza fenotypu roślin *A. thaliana* o zmienionej ekspresji *AnnAt1* jest w toku.

Najważniejszy wynik badawczy:

Izolacja i charakterystyka aneksyny-1 z *Arabidopsis thaliana*.

PUBLIKACJE: 3907, 3941, 3973, 2066A, 2121A, 2122A, 2123A, 2124A, 2125A, 2126A, 2127A, 2128A, 396/N

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

Zespół: dr Bożenna Rempola

Prowadzone badania były kontynuacją analizy funkcjonalnej nowo odkrytych genów *Saccharomyces cerevisiae* zaangażowanych w biogenezę rybosomów. Wcześniej wykazaliśmy, że białko Faf1, niezbędne do życia komórki, bierze udział w biogenezie małej podjednostki rybosomu, 40S. Stosując metodę TAP (Tandem Affinity Purification) zidentyfikowaliśmy białka oczyszczające się wraz z Faf1p. Są to białka wchodzące w skład kompleksu SSU (dużego kompleksu białkowego zaangażowanego w procesowanie pre-rRNA i biogenezę małej podjednostki rybosomu) oraz produkty dwóch ramek odczytu o nieznanej funkcji: *YDR339c* oraz *YLR051c*.

Występowanie białek Ydr339c i Ylr051c w kompleksie z białkiem Faf1 wskazuje na ich udział w procesie biogenezy rybosomów. Celem prowadzonych badań jest ustalenie funkcji Ydr339cp i Ylr051cp, ze szczególnym uwzględnieniem ich roli w tym procesie. Komputerowa analiza sekwencji aminokwasowych wykazała, że Ydr339cp zawiera domenę PIN, a YLR051c, podobnie jak FAF1, należy do regulonu RRB. Oba geny są niezbędne do życia komórki.

Po wyznakowaniu Ydr339cp białkiem GFP wykazano metodą mikroskopii fluorescencyjnej i immunofluorescencji, że fuzyjne białko Ydr339c-GFP kolokalizuje z jądrowym białkiem Krr1 wyznakowanym epitopem HA.

Ponieważ efekty delekcji YDR339c i YLR051c są letalne, skonstruowano mutanty warunkowe, w których ekspresja badanych genów kontrolowana jest przez regulowany promotor galaktozowy. W mutantach tych analizowano profil polisomów. Zahamowanie syntezy Ydr339cp i Ylr051cp spowodowało wyraźne zmniejszenie ilości wolnych podjednostek 40S z równoczesnym zwiększeniem ilości wolnych podjednostek 60S jak również spadek poziomu monosomów 80S.

Badania prowadzone są wspólnie z prof. Joanną Rytką (Temat nr 56)

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano, że białka Ydr339cp i Ylr051cp są niezbędne dla utrzymania w komórce właściwego poziomu małych podjednostek rybosomu.

PUBLIKACJE: 2190/A, 387/N

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

Zespół: prof. Ewa Bartnik, dr Katarzyna Tońska, mgr Janusz Piechota (do września 2005), mgr Anna Czarnecka (Studium Medycyny Molekularnej od października 2005)

Kontynuowano badania nad diagnostyką najczęstszej choroby powodowanej przez mutacje w genomie mitochondrialnym – zespołu Lebera. W sumie przebadano 46 osób skierowanych przez lekarzy okulistów lub genetyków, u 10 osób (pochodzących z 9 rodzin) stwierdzono mutację (wszystkie w pozycji 11778 genomu mitochondrialnego). W tej grupie znajduje się 1 chora kobieta, w tej chorobie najczęściej chorują mężczyźni, z przyczyn, które nie zostały jeszcze ustalone. U osób, u których wykryto mutacje badana jest także haplogrupa mitochondrialnego DNA, badania nie są jeszcze zakończone, wyniki powinny być znane do wiosny 2006. Dotychczas nie stwierdzono częściej w innych populacjach korelacji mutacji 11778 z haplogrupą J.

Wznowione zostały badania nad mutacjami w mitochondrialnym DNA w nowotworach, które będą stanowić temat pracy doktorskiej mgr Anny Czarneckiej.

PUBLIKACJE: 2148/A, 2237/A, 2238/A

Temat nr 41. Oksydacyjne uszkodzenia DNA.

Zespół: doc. dr hab. Barbara Tudek, dr Elżbieta Speina (do 15.02.2005), dr Katarzyna Szymańska (do 1.10.2005), dr Paweł Kowalczyk, mgr Tomasz Obtułowicz, mgr Maja Swoboda, mgr Leena Maddukuri, mgr Alicja Winczura, mgr Justyna Janik (od 1.10.2005)

Upośledzona naprawa oksydacyjnych uszkodzeń DNA może odgrywać rolę w patogenezie nowotworów człowieka. Stosując oligonukleotydy z pojedynczą resztą 8-oksyguaniny (8-oksyG) stwierdziliśmy, że wycinanie tej zmodyfikowanej zasady w ekstraktach z leukocytów krwi obwodowej jest obniżone u pacjentów z pierwotnym rakiem płuca w stosunku do zdrowych ochotników, dobranych do grupy badanej pod względem wieku, płci i stylu życia. W DNA leukocytów 56 pacjentów i 58 zdrowych ochotników zbadano więc występowanie polimorfizmu Ser326Cys genu OGG1. Białko

OGG1 zawierające cysteinę w pozycji 326 ma niższą aktywność naprawczą niż białko zawierające serynę. Zaobserwowano, że frekwencja występowania osób niosących allel Cys326 jest podobna w obu badanych populacjach (ok. 40%), jednak o ile w populacji zdrowych ochotników 40 % osób z allelem Cys326 było heterozygotami, a jedynie 3 % homozygotami, to w populacji chorych na nowotwory płuca 22% osób było homozygotami względem allelu Cys326, a 13% osób było heterozygotami Ser326Cys. W obrzeżu płuca homozygot Cys326Cys obserwowano obniżoną aktywność naprawczą dla 8-oksYG w stosunku do heterozygot i wariantu podstawowego Ser326Ser.

Badając rolę naprawy 8-oksYG w progresji nowotworu stwierdzono, że zdolność wycinania 8-oksYG była obniżona w guzie płuca w stosunku do obrzeża nie wykazującego zmian histologicznych. Jednak nie było to związane z różnicami w ekspresji mRNA genu *OGG1*. Poziom mRNA glikozylazy OGG1 w tkankach płuc 58 pacjentów oznaczany metodą PCR w czasie rzeczywistym nie różnił się w guzach w stosunku do obrzeża. Poziom mRNA znanego aktywatora OGG1, AP-endonukleazy 1 był wyższy w guzie niż w niezmiennym obrzeżu. Podobnie poziom białka OGG1 oznaczany metodą hybrydyzacji Western względem β -aktyny był wyższy w guzie niż w obrzeżu. Sugeruje to, że istnieją dodatkowe specyficzne mechanizmy regulujące aktywność białka OGG1 w komórce nowotworowej.

Najważniejszy wynik badawczy:

Genotyp Cys326Cys glikozylazy OGG1 częściej występuje u pacjentów z nowotworem płuca niż u zdrowych ochotników. Czynnikiem determinującym aktywność białka OGG1 w nowotworze płuca jest regulacja post-translacyjna.

PUBLIKACJE: 3904, 3909, 3927, 366/N, 376/N, 377/N, 378/N, 2105/A, 2111/A, 2113/A, 2135/A, 2136/A, 2138/A, 2161/A, 2162/A, 2168/A, 2169/A, 2171/A, 2172/A, 2173/A

Zespół kierowany przez dr Annę Bębenek: dr Anna Bębenek, mgr Anna Trzemecka, mgr Agata Jacewicz

Polimeraza faga RB69 (gp43), podobnie jak polimeraza faga T4 posiada dwie aktywności, aktywność polimerazy pozwalającą na wydłużanie łańcucha w kierunku 5'-3' oraz aktywność egzonukleazy (3'-5') usuwającą źle sparowane nukleotydy. Obie te aktywności zapewniają wysoki stopień wierności replikacji fagowego DNA. Wierność replikacji determinowana jest na poziomie selekcji właściwego nukleotydu przez centrum aktywne polimerazy. Włączenie błędnego nukleotydu opóźnia wydłużanie końca startera co pozwala na przekazanie go do domeny egzonukleazy i usunięcie błędu. Takie przekazanie końca startera z domeny polimerazy do egzonukleazy wymaga zmiany konformacyjnej enzymu z tzw. formy zamkniętej do otwartej. W strukturze krystalicznej polimerazy RB69 obecna jest struktura pętli β , która wydaje się odgrywać istotną rolę w stabilizacji ssDNA startera i właściwym ustawieniu startera w centrum aktywnym egzonukleazy. Dwa mutanty rejonu pętli β ; G258S oraz mutant z delecją aminokwasów (253-260) +Gly zostały skonstruowane a następnie określono wpływ tych mutacji na poziom wierności replikacji *in vivo*.

Badano także udział L561, która znajduje się blisko centrum aktywnej polimerazy i jest jedynym aminokwasem, który sprawdza geometrię właściwej pary od strony dużego rowka DNA. Zamiana L561 na Ala w nieznacznym stopniu obniża wierność replikacji DNA. Podwójny mutant L561A/D222A/D327A (z wyłączoną funkcją korektorską) nie podtrzymuje wzrostu faga T4 *43amam*. Sprawdzono, że replikacja DNA z udziałem tej polimerazy *in vivo* zachodzi z wysoką wydajnością. Za brak powstawania nowych fagów może odpowiadać silny efekt mutatorowy („error catastrophe”) wywołany mutacją w domenie polimerazy L561A w połączeniu z brakiem aktywnej egzonukleazy, efekt multiplikatywny. Rozpoczęto także badanie wierności replikacji w układzie *in vitro*. Oczyszczono polimerazy, Y619FExo⁺/Exo⁻, L561A Exo⁻ oraz D714AExo⁺. Do pomiar wierności replikacji w układzie *in vitro* wykorzystywany jest jako substrat DNA faga M13mp2 *lacZ* z 600 nukleotydową luką.

Najważniejszy wynik badawczy:

W strukturze polimerazy RB69 Glicyna w pozycji 258 wydaje się nie odgrywać kluczowej roli w przekazywaniu końca startera do domeny egzonukleazy. Mutacja ta nie zmienia wierności replikacji. Zastąpienie L561A może wzmacniać przekazywanie końca startera do domeny egzonukleazy i osłabiać mutatorowy charakter tej mutacji przy aktywnej domenie korektorskiej.

PUBLIKACJE: 3954, 3972, 2209/A, 379/N

Temat nr 42: Mutacje indukowane i adaptacyjne.

Zespół: doc. dr hab. Elżbieta Grzesiuk, dr Anna Sikora (urlop macierzyński), dr Anetta Nowosielska (staż podoktorski, USA), mgr Jadwiga Nieminuszczy, mgr Michał Wrzesiński, mgr Albert Jaworski (od 05.10.05.), prof. Celina Janion (1/3 etatu)

Określono specyficzność mutacji *dnaQ49* w podjednostce ϵ głównej polimerazy replikacyjnej (Pol III) *E.coli* posługując się tzw. szczepami Millera. Opisano wpływ delekcji operonu *umuDC* na specyficzność mutacji w szczepie *E.coli* AB1157 *dnaQ49 Δ umuDC* w temperaturze permissywnej (28°C) i nie permissywnej (37°C) dla mutacji *dnaQ49*. Temat został zakończony publikacją (3916).

Przeanalizowano udział polimeraz reperacyjnych indukowanych w obrębie systemu SOS w mutageniezie SOS indukowanej UV i rolę systemu MFD w naprawie uszkodzeń indukowanych UV. Stwierdzono, że Pol V jest jedyną polimerazą indukowaną w obrębie odpowiedzi SOS wymaganą dla mutagenyzy SOS. Co więcej, postuluje się, że tylko te uszkodzenia DNA, które wynikają z kierowanego przez Pol V błędnego przejścia przez miejsce uszkodzenia (TSL) podlegają naprawie MFD. Temat został zakończony publikacją (3960).

Charakteryzowano mutanty *E.coli* w genie *alkB* kodującym dioksygenazę oksydacyjnie demetylującą 1meA i 3meC w DNA. Okazało się, że MMS indukuje wysoki poziom mutacji w tych mutantach i że dodatkowa delekcja operonu *umuDC* prowadzi do dramatycznego spadku rewersji Arg⁺ w szczepach *alkB*⁻ (publikacja w druku, DNA Repair).

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazano, że białko AlkB, oksydacyjna demetylaza, chroni komórkę bakteryjną nie tylko przed cytotoksycznym, ale również mutagennym działaniem czynnika metylującego MMS.

PUBLIKACJE: 3916, 3960, 2097/A, 2110/A, 2174/A, 2175/A, 2197/A, 98/M, 383/N

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 Magdalena Kusiak i Łukasz Kusiak (w roku sprawozdawczym członkami grupy byli też: mgr Małgorzata Mikosa i mgr Magdalena Ochocka). Dr D. Płochocka (Zakład Bioinformatyki, IBB) uczestniczyła w części projektu: modelowaniu białek KorB i ParB.

Niskokopijne plazmidy o szerokim zakresie gospodarzy (m.in. IncP-1 czy IncU) są doskonałym modelem do badań mechanizmów replikacji i stabilności odznaczających się uniwersalnymi właściwościami (efektywnych w różnych gatunkach bakterii). W okresie sprawozdawczym wyjaśniliśmy mechanizm regulacji procesu replikacji pRA3. Plazmidowe kasety partycyjne kodują system aktywnego rozdziału kopii plazmidów oparty na dwóch białkach: ParA (ATPazy), ParB (białka wiążącego DNA) i sekwencji centromero-podobnej *parS*. Homologi genów *parA* i *parB* są znajdowane w większości chromosomów bakterii niedaleko *oriC*. Podczas gdy RK2 czy R751 z grupy IncP-1 reprezentują najbardziej złożony system stabilizacyjny wspomagany skomplikowaną siecią regulacji ekspresji genów, wykazaliśmy, że plazmid RA3 z grupy IncU zawiera maksymalnie uproszczoną kasety partycyjną wspomaganą jedynie przez nieliczne dodatkowe elementy stabilizacyjne czy regulacyjne.

Drugi kierunek naszych badań dotyczy chromosomalnych przedstawicieli rodzin ParA i ParB na modelu *Pseudomonas aeruginosa*. Kontynuowano analizę mutacyjną (mutageneza ukierunkowana) genów *parA* i *parB* *P.aeruginosa* w celu zidentyfikowania reszt aminokwasowych odpowiedzialnych za dimeryzację i oddziaływania z partnerem. Produkty zmutowanych alleli *parB* zostały nadprodukowane, oczyszczone i analizowane *in vitro* pod względem dimeryzacji/ polimeryzacji oraz oddziaływań białko-białko (współocyszczanie na kolumnach) i białko-DNA. Zidentyfikowano w obydwu partnerach domeny interakcji. Zdefiniowano również „domenę” inhibicji w ParB, jest to prawdopodobnie region oddziaływań z innymi składnikami komórkowymi. Rozpoczęto analizę proteomiczną mutantów *parA* i *parB* z *P.aeruginosa* w celu wyjaśnienia plejotropowości mutacji.

Najważniejszy wynik badawczy:

a/ analiza mutacyjna *parA* i *parB* *P.aeruginosa* ściśle zdefiniowała płaszczyznę interakcji ParA-ParB i wskazała „domenę inhibicji” w ParB

b/ poznano regulację procesu replikacji w nowym typie replikonu IncU.

PUBLIKACJE: 3935, 2206/A, 2207/A, 2208/A, 382/N

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 Monika Budzińska (studium doktoranckie), mgr Michał Nowakowski (studium doktoranckie), mgr Paweł Hodurek (studium doktoranckie), mgr Hanna Kozłowska

Badanie dynamiki w białkach z wykorzystaniem magnetycznej relaksacji jądrowej.

Magnetyczna relaksacja jąder ^{15}N w szeregu białek znakowanych tym izotopem pozwala określić lokalną ruchliwość szkieletu białkowego i powiązać ją ze strukturą i funkcją białek. Dla wiążącego jony wapnia białka *apo-S100A1* stwierdzono zmiany dynamiki po utworzeniu mieszanego dwusiarczku z β -merkaptotetanolem. Dla białka szoku termicznego Yfia z *Escherichia coli* zaobserwowano zupełnie różną dynamikę dwóch fragmentów białka: dość dużą sztywność fragmentu N-końcowego i zachowanie charakterystyczne dla białek pozbawionych struktury we fragmencie C-końcowym.

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

Zbadano modelowe związki, w których występują wewnątrzcząsteczkowe oddziaływania C-H...X.

Rozwijanie metod pomiarowych stosowanych przy badaniach strukturalnych białek.

Metody wykorzystujące zredukowaną wymiarowość i ewolucję koherencji dwukwantowych zostały rozszerzone na wybiórcze sposoby próbkowania wymagające stosowania wielowymiarowej transformacji Fouriera. Metody te znacznie skracają czas pomiaru widm NMR w białkach.

Najważniejszy wynik badawczy:

Obserwacja zahamowanej rotacji grupy metylowej w pochodnych 9-metylotryptycenu pozwalająca wyznaczyć niedostępne dotychczas sprzężenia skalarne pomiędzy protonami grupy metylowej i barierę rotacji oraz stwierdzić występowanie wiązań wodorowych C-H...Cl i C-H...Br (publikacja 3914).

PUBLIKACJE: 3905, 3914, 3928, 3932; 3940, 3947, 3955, 3976, 95/M, 2067/A, 2070/A, 2071/A, 2072/A, 2073/A, 2078/A, 2086/A, 2098/A, 2099/A, 2100/A, 2101/A, 2102/A, 2158/A, 2165/A, 2166/A, 2167/A.

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

Zespół: dr hab. Anna Szkopińska

Kontynuowano badania nad indukcją genu *SRT1* kodującego *cis*-prenyltransferazę syntetyzującą alternatywną rodzinę drożdżowych poliprenoli o długości łańcuchów zbudowanych z 18-29 reszt izoprenoidowych oraz lokalizację komórkową tej prenylotransferazy. Do badań użyto metylotroficznych drożdży *Pichia pastoris* mogących wykorzystać metanol lub kwas olejowy jako jedyne źródło węgla. Obydwa źródła energii metabolizowane są w peroksosomach powodując ich proliferację. Wykazano, że oczyszczona frakcja peroksosomalna syntetyzuje *in vitro* dłuższe poliprenole. Otrzymany wynik wskazuje, że alternatywna *cis*-prenyltransferaza może być zlokalizowana w peroksosomach.

Inne badania dotyczyły ko-regulacji aktywności obu drożdżowych *cis*-prenyltransferaz Rer2p i Srt1p oraz reduktazy poliprenoli. W badaniach użyte zostały szczepy *Saccharomyces cerevisiae* ze zmutowanymi genami *ERG9* i *ERG20* pozwalające na manipulowanie ilością syntetyzowanych poliizoprenoidów. Wyniki wskazują, że aktywność reduktazy nie zależy od poziomu aktywności *cis*-prenyltransferaz, co więcej reduktaza może być enzymem limitującym poziom syntezy dolicholi.

Najważniejszy wynik badawczy:

Cis-prenyltransferaza Srt1p może być zlokalizowana w peroksosomach. Reduktaza prenolowa jest enzymem limitującym poziom dolicholi w komórce.

PUBLIKACJE: 3919, 2085/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 Nicypor

Opublikowano pracę (3948, 2074A) przedstawiającą nowatorską hipotezę, że glutationylacja białka S100A1, a być może także innych białek z rodziny S100, stanowi przekaznik pomiędzy wapniowym szlakiem sygnalizacyjnym regulującym wiele procesów biologicznych zachodzących w komórkach kręgowców a równie ważnym szlakiem oksydacyjno-redukcyjnym (patrz sprawozdanie z poprzedniego roku).

Otrzymano mutant S100A1 Trp90Phe, umożliwiający badanie metodą fluorescencyjną wiązania przez białko S100A1 peptydu TRTK-12. Sprawdzono, że mutacja nie zmienia powinowactwa białka do jonów wapnia i podjęto systematyczne badania mające na celu określenie wpływu glutationylacji S100A1 na jego zdolność do koordynacji białek docelowych, których modelem jest peptyd TRTK-12 oraz ustalenie, metodami kalorymetrycznymi, jak zmienia się entalpia koordynacji pod wpływem glutationylacji.

Metodą NMR ostatecznie ustalono strukturę białka S100A1, w którym reszta Cys 85 jest zmodyfikowana przez podstawienie β -merkaptetanolu. Ustalono zmiany strukturalne i zmiany w dynamice struktury wywołane przez to podstawienie, które przynajmniej częściowo tłumaczą mechanizm wzrostu stałych wiązania wapnia białka S100A1 obserwowany w wyniku modyfikacji reszty cysteinowej. Praca zostanie wysłana do publikacji w najbliższych dniach.

Po kilku latach bezowocnych prób udało się otrzymać wysoką ekspresję fragmentów ludzkiej protaminy HP2 w układzie bakteryjnym SUMO, co otwiera nadzieje na uzyskanie materiału do badań konformacyjnych cząsteczki HP2 metodami NMR.

Najważniejszy wynik badawczy:

Określenie struktury i dynamiki cząsteczki S100A1 modyfikowanej przez podstawienie Cys 85 β -merkaptetanolem. Znalezienie zmian wywołanych modyfikacją, które w części tłumaczą efekt modyfikacji na wiązanie jonów wapnia przez białko.

PUBLIKACJE: 3948, 2074A, 2078A

Temat nr 47: Modelowanie struktury i funkcji białek

Zespół: prof. dr hab. Piotr Zielenkiewicz, dr Danuta Płochocka, mgr Grzegorz Wieczorek, mgr Marian Siwiak

Funkcja enzymów proteolitycznych kontrolowana jest przez białka będące inhibitorami tych enzymów. Inhibitor proteaz serynowych typu KAZAL z *Galleria mellonella* (SPI) jest przedmiotem badań Zakładu Biosyntezy Białka. Struktura NMR białka SPI została otrzymana w Środowiskowym Laboratorium NMR. Struktura SPI oraz dane krystalograficzne pozwoliły na skonstruowanie modeli oddziaływań inhibitora SPI z trypsyną, subtylizyną oraz kolagenazą. Na podstawie tych modeli zaproponowano wprowadzenie punktowych mutacji inhibitora zmieniających jego aktywność względem poszczególnych proteinaz.

Znana jest sekwencja genomu bakteriofaga bIL67 komórek *Lactococcus*. Białko kodowane przez ORF14, prawdopodobnie wiążące się do telomeru, otrzymano w Zakładzie Biochemii Drobnoustrojów. Białko to nie ma homologa, którego struktura została poznana. Stosując bioinformatyczne metody rozpoznawania struktur zbudowano model dimeru białka oraz zaprojektowano punktowe mutacje zmieniające oddziaływanie białko-DNA oraz monomer-monomer. Mutacje N17A, K65A i Y70A zostały potwierdzone eksperymentalnie jako oddziałujące z DNA, natomiast D51A jako mająca wpływ na tworzenie dimerów. Eksperymentalna część pracy wykonana była w Zakładzie Biochemii Drobnoustrojów.

Zakończone zostały obliczenia Dynamiki Brownowskiej wpływu tłoku molekularnego na kinetykę asocjacji białek. Wyniki wskazują one na znaczne przyspieszenie procesów kondensacji makromolekuł pod wpływem niespecyficznych oddziaływań, powszechnych w zatłoczonych roztworach, na przykład w cytoplazmie. Wyniki są zgodne z otrzymywanymi eksperymentalnie.

Opracowano pierwszą wersję programu do dokowania makromolekuł, jako brył sztywnych. Program ten został wykorzystany w trakcie szóstej i siódmej rundzie CAPRI (Critical Assessment of PRediction of Interactions). Następnie program został ulepszony i wstępnie zintegrowany z pakietem programów do dynamiki molekularnej GROMACS.

Najważniejszy wynik badawczy:

Opracowano program do dokowania makromolekuł, jako brył sztywnych.

PUBLIKACJE: 3919, 103/M, 2096/A, 2223/A

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 Emilia Wienczek-Gospodarska, 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 (8 wariantów) kodujących warianty badanego peptydu i ich nadkspresję w bakteriach. Otrzymano preparatywne ilości pełnej sekwencji Abeta1-40 przez nadkspresję w bakterii fuzji i odcinanie produktu przy pomocy proteazy TEV. Ustalono optymalne warunki pomiarów niekowalencyjnych kompleksów domeny V-Rage z peptydem Abeta za pomocą spektrometrii mas. Opracowano metodę pomiaru stałych oddziaływań peptydu RAGE z użyciem fluorescencji. Wykonano serię eksperymentów wiązania peptydu do RAGE z wariantami Abeta10-30 skróconymi o trzy i sześć aminokwasów oraz z delecjami trzech aminokwasów. Ustalono stałe powinowactwa wariantów peptydu Abeta do domeny V-Rage oraz stosunku stężeniowego domeny V-Rage do peptydu Abeta koniecznego do wysycenia białka peptydem za pomocą pomiarów fluorescencyjnych. Uzyskano pozytywną korelację wynikami pomiarów MS i pomiarów stałej asocjacji przez fluorescencję. Przeprowadzono wstępne

doświadczenie obniżające stopień naładowania cząsteczek podczas pomiarów spektrometrii mas na modelowym peptydzie Aβ (10-30) za pomocą trietylenoaminy (TEA).

Najważniejszy wynik badawczy:

Najważniejszym rezultatem jest wstępne określenie obszaru w sekwencji Abeta odpowiedzialnego za wiązanie do RAGE.

Temat nr 49: Metabolizm cukrów u bakterii mlekowych.

Zespół: doc. dr hab. Jacek Bardowski, dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk, dr 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 laktokoków scharakteryzowano rolę białek regulatorowych CcpA i BglR w katabolizmie laktozy i β-glukozydów u *L. lactis* IL1403. W badaniach zastosowano podejście transkryptomiczne, z wykorzystaniem metody makromacierzy DNA, poddając analizie ekspresję genów kodujących systemy PEP:PTS transportu cukrów (*ybhE*, *celB*, *bglS*, *rheB*, *yebF*, *ptcB*, *ptcA*, *ptcC*, *bglA*, *bglR*, *ptbA*, *bglH*, *yleE*, *yidB*, *yedE*, *yedF*), geny glikolityczne i fermentacji (*glk*, *pgiA*, *pfk*, *fbaA*, *tpiA*, *gapA*, *pgk*, *pmg*, *enoA*, *pyk*, *ldh*, *pfl*, *pta*, *ackA1*, *adhE*), gen *ccpA* oraz geny kodujące hydrolazy (*yidC*, *ypcA*, *ycrA*, *lacZ*, *mapA*, *udp*, *glmU*).

Wykazano, że regulacja transportu salicyny, kodowanego przez operon *bglR*, wymaga obecności zarówno substratu jakim jest salicyna, jak również regulatora BglR. Dwa inne geny *yedE* i *yedF*, podlegające negatywnej regulacji ze strony białka CcpA, a jednocześnie niezależne od regulatora BglR, mogą być również zaangażowane w katabolizm salicyny. Wykazano także istotną rolę CcpA w regulacji ekspresji genów glikolitycznych i fermentacji u *L. lactis* IL1403. Analiza funkcjonalna genów kodujących hydrolazy wykazała, że ekspresja genów *bglS* i *udp* podlega regulacji przez CcpA, podczas gdy ekspresja genów *bglS*, *bglA*, *bglH*, *yidC*, *ypcA* i *mapA* jest regulowana przez białko BglR. Wyniki te sugerują, że geny *bglS*, *bglA*, *bglH*, *yidC*, *ypcA*, *mapA* i *udp* mogą być zaangażowane w katabolizm salicyny.

Uzyskane wyniki pozwoliły na przedstawienie kilku hipotez dotyczących katabolizmu β-glukozydów oraz laktozy, zgodnie z którymi: (i) u *L. lactis* obecne są dwa systemy zaangażowane w transport salicyny - jeden regulowany przez BglR; drugi (*yedEF*) - regulowany przez CcpA; (ii) w transport celobiozy w szczepie IL1403 zaangażowany jest tylko jeden system PEP:PTS; system ten składa się z białek kodowanych przez geny *celB*, *ptcB* i *ptcA* i bierze udział w transporcie laktozy; (iii) geny *bglS*, *bglA*, *bglH*, *yidC*, *ypcA*, *mapA* i *udp* mogą być zaangażowane w katabolizm salicyny.

Ponadto wykazano, że w genomie szczepu *L. lactis* IL1403 istnieją funkcjonalne geny alternatywnego szlaku katabolizmu laktozy, które zlokalizowane są w dwóch nie sąsiadujących ze sobą regionach chromosomu i które kodują białka CelB, PtcB, PtcA, BglS.

Najważniejszy wynik badawczy:

Wykazanie, że w *L. lactis* IL1403 obecne są dwa systemy zaangażowane w transport salicyny – jeden regulowany przez BglR; drugi (*yedEF*) - regulowany przez CcpA.

PUBLIKACJE: 3970, 2089/A, 2090/A, 2091/A, 2092/A, 2093/A, 2094/A, 2095/A, 2096/A, 2216/A, 2217/A, 2218/A, 2219/A, 2220/A, 2221/ A, 2222/A, 2223/A, 2224/A, 2225/A, 2226/A, 2227/A, 2228/A, 96/M, 97/M, 388/A, 365/N, 372/N

Temat nr 50: Przewodzenie sygnału stresu osmotycznego w roślinach.

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

Kontynuowano badania dotyczące mechanizmu aktywacji i funkcji kinazy białkowej NtOSAK w odpowiedzi rośliny na działanie stresu osmotycznego. Upřednio wykazaliśmy, że w pod wpływem stresu osmotycznego NtOSAK ulega fosforylacji na Ser154 i Ser158 w pętli aktywacyjnej kinazy. Obecnie za pomocą mutagenyzy ukierunkowanej wykazaliśmy, że kluczową rolą w aktywacji enzymu odgrywa fosforylacja Ser158, natomiast fosforylacja Ser154 najprawdopodobniej wpływa na konformację enzymu, ułatwiając fosforylację Ser158 lub decyduje o specyficzności substratowej lub zmianie lokalizacji subkomórkowej kinazy pod wpływem stresu. Podjeliśmy próbę uzyskania linii transgeniczných tytoniu o zmienionej aktywności NtOSAK. Zamierzaliśmy uzyskać linie komórkowe i rośliny, w których NtOSAK jest konstytutywnie aktywny (poprzez zastąpienie seryn 154 i 158 kwasami glutaminowymi) oraz rośliny z nieaktywną formą NtOSAK. Niestety nie udało nam się uzyskać roślin z konstytutywnie aktywną kinazą NtOSAK. Obecnie analizowane są uzyskane transgeniczne rośliny o obniżonej aktywności NtOSAK.

Wykazaliśmy, że kinaza NtOSAK bierze udział w przewodzeniu nie tylko stresu osmotycznego w roślinie, lecz również stresu oksydacyjnego i zranienia.

Ponadto stwierdzono, że NtOSAK jest regulowany przez NO. Traktowanie komórek tytoniu donorem NO powoduje aktywację kinazy, natomiast usunięcie NO, poprzez zastosowanie wymiatacza NO - cPTIO powoduje zanik aktywności NtOSAK.

Najważniejszy wynik badawczy:

Kinaza białkowa NtOSAK jest regulowana w komórce roślinnej przez NO.

PUBLIKACJE: 3984, 2139/A, 2140/A, 2143/A, 2156/A

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

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

Zespół w roku 2005 kontynuował projekt, który wyjaśni wpływ modyfikacji cystein w białkach S100A1 i S100B na oddziaływania tych białek z receptorem RAGE na poziomie strukturalnym, funkcjonalnym i proteomicznym. Dodatkowo prowadzone są badania nad reaktywnością cystein w białkach S100A8 i S100A9, które są markerami stanów zapalnych oraz, we współpracy z Profesorem Sarą Linse z Uniwersytetu w Lund, prowadzone są eksperymenty nad S-nitrozylacją mutantów kalbindyny d28k. Badania mikrokalorymetryczne, we współpracy z Instytutem Chemii Fizycznej (Prof. W. Zielenkiewicz i dr M. Wszelaka) wiązania jonów metali do S-nitrozylowanych białek S100A1 i S100B, pokazały możliwość współzależności, między tymi dwoma sposobami regulacji aktywności biologicznej białek S100. Poprzez modyfikację metody tzw. metody Biotin Switch pokazano, że białka S100 z mózgu wołowego ulegają S-nitrozylacji. Nawiązano współpracę z Dr Angelika Bierhaus (Medizinische Universitätsklinik, Heidelberg), z którą prowadzone są badania na liniach komórkowych stabilnie transferowanych receptorem RAGE. Celem eksperymentów, prowadzonych w Polsce, jest proteomiczna analiza zmian stanu redoks cystein w białkach pod wpływem oddziaływania S100/RAGE.

Opracowano metodę badania kinetyki S-nitrozylacji białek przy pomocy spektrometrii mas, co zostało wykorzystane do zbadania S-nitrozylacji mutantów kalbindyny d28k (współpraca z Profesorem Sarą Linse z Uniwersytetu w Lund). Pokazaliśmy powiązanie reaktywności poszczególnych (5-ciu) cystein w tym białku.

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

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

W zespole są prowadzone badania białek Nudix oraz białka Ku70. W dalszym ciągu charakteryzowano hydrolazę ADP-rybozy AtNUDT4.1 (obecnie NUDIX7). Ustalono że białko to występuje w roztworze w postaci dimeru. We współpracy z dr dr Marcinem Grynbergiem oraz Danutą Płochocką opracowano przypuszczalny trójwymiarowy model tego dimeru. W celu potwierdzenia prawidłowości modelu do białka NUDIX7 wprowadzono mutacje punktowe. Zmutowane białko będzie sprawdzane pod kątem zdolności tworzenia kompleksu.

W celu określenia funkcji komórkowych białka NUDIX7 poszukiwano jego ewentualnych partnerów. Przy pomocy drożdżowego systemu dwuhybrydowego oraz tzw. pull-down assays z wykorzystaniem ekstraktów komórkowych z *Arabidopsis* ustalono, że hydrolaza ta tworzy kompleksy z regulatorowym białkiem 14.3.3 oraz z białkiem WD40 (oznaczonym w bazie danych jako przypuszczalna β podjednostka heterotrimerycznego białka G). Uzyskane wyniki sugerują, że aktywność tego enzymu podlega w komórce ścisłej regulacji oraz wskazują na związek białka NUDIX7 ze szlakiem transdukcji sygnałów zależnych od białka G.

Sklonowano, oczyszczono i częściowo scharakteryzowano dwie inne hydrolazy Nudix. Mitochondrialną hydrolazę dwuadenozynosześciofosforanową (Ap6A) oraz chloroplastową hydrolazę koenzymuA. Wstępna charakterystyka biochemiczna tych białek wykazała, że hydrolaza Ap6A jest wysoce specyficzna, natomiast hydrolaza koenzymuA oprócz tego związku może również hydrolizować dNTP-y co mogłoby sugerować antymutatorowy charakter tego białka.

W części poświęconej badaniom białka Ku70 oraz jego interakcji z fitochromem B potwierdzono uzyskane wcześniej wyniki przy użyciu systemu transkrypcji/translacji *in vitro*. Obecnie prowadzone są badania mające na celu określenie w jakim stopniu światło jest odpowiedzialne za interakcję Ku70 z fitochromem B.

Najważniejszy wynik badawczy:

Ustalenie potencjalnych partnerów komórkowych białka NUDIX7.

PUBLIKACJE: 3971, 2079/A

Temat nr 53: Zastosowanie metod bioinformatyki do analizy genomów.

Zespół: dr Andrzej M. Kierzek, mgr inż. Jolanta Zaim (wolontariuszka)

Poszukiwano genów regulowanych przez czynnik transkrypcyjny Crt1p (RFX1) u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. Białko Crt1p jest efektem punktu kontrolnego cyklu komórkowego. Dotychczas było wiadomo, że rozpoznaje ono 13-sto nukleotydowy odcinek DNA w rejonach regulacyjnych genów *RNR1*, *RNR2*, *RNR4*, *HUG1* i *Crt1* (gen *Crt1* jest negatywnie autoregulowany). Korzystając z metody MEME obliczyliśmy model statystyczny miejsca wiązania białka Crt1p. Przeszukanie sekwencji rejonów 5'UTR wszystkich genów drożdży wykazało obecność potencjalnego miejsca wiązania Crt1p w rejonach 5'UTR 30 genów. Analiza dostępnych danych z mikromacierzy DNA pozwoliła wyodrębnić pięć najbardziej prawdopodobnych, nieznanych dotychczas celów działania Crt1p: *FSH3*, *YLR345W*, *UBC5*, *NDE2* i *NTH2*. Następnie metodą RT-PCR porównano poziomy mRNA tych genów w szczepie dzikim oraz szczepie $\Delta Crt1$. Wyniki doświadczeń potwierdziły, że *FSH3*, *YLR345W* i *NTH2* są regulowane przez czynnik transkrypcyjny Crt1p. Nasze wyniki pozwalają lepiej zrozumieć związek pomiędzy procesami naprawy DNA, syntezy nukleotydów i odpowiedzi na stres ogólny.

We współpracy z grupami doświadczalnymi Jean-Marie Buerstedde (GSF Monachium, Niemcy) i Erica van Dycka (IARC, Lyon, Francja) przeprowadzono badania białka RDM1p. Białko to

zostało wykryte w sekwencjach cDNA kręgowców na podstawie krótkiego segmentu podobieństwa sekwencji z białkiem RAD52p. Badania doświadczalne wykazały, że uczestniczy ono w odpowiedzi komórki na uszkodzenia DNA cisplatyną. Analiza sekwencji białka RDM1p doprowadziła do wykrycia domeny oddziaływania z RNA i jednoniciowym DNA oraz do zdefiniowania motywu sekwencji wspólnego z rodziną RAD52.

Najważniejszy wynik badawczy:

Odkrycie nowych celów regulacji czynnika transkrypcyjnego Crt1p.

PUBLIKACJE: 3904, 3906, 3917, 3985, 2080/A, 2162/A

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), mgr Edyta Kopera (doktorant), mgr Aleksandra Witkiewicz-Kucharczyk (doktorant)

W roku 2005, w ramach grantu zamawianego nr PBZ-MIN-007/P04/01, poświęconego nowej metodzie odcinania etykiety powinowactwa, zoptymalizowaliśmy z zadawalającym skutkiem warunki reakcji hydrolizy dla fuzji białka SPI, realizując tym samym ten projekt, zakończony 13.XI.2005. W kontynuowanym grantie nr 3 T09A 009 26 zbadaliśmy mechanizmy uszkodzenia palca cynkowego XPA przez utleniacze biologiczne – H_2O_2 i GSNO jako potencjalne mechanizmy regulacji aktywności palców cynkowych oraz mechanizmy karcynogenezy (manuskrypt w przygotowaniu). Pracę tą wykonano we współpracy z z grupą dr A. Wysłouch-Cieszyńskiej, grupą prof. Andrei Hartwig (TU Berlin, Niemcy) oraz grupą prof. P. Palumaa (Tallinn TU, Estonia). Istotnym elementem tej współpracy było odbycie w IBB dwóch staży Marie Curie przez doktorantkę z Tallinn TU, p. Julię Smirnową. W ramach tej współpracy zainicjowaliśmy również badania metalotionein (manuskrypt w przygotowaniu). Grant promotorski nr 4 T09A 129 25 (mgr Magdalena Sokołowska, U. Wr.) zakończył się pomyślną obroną rozprawy doktorskiej p. Sokołowskiej. Jego efektem jest też publikacja dotycząca wiązania jonów Cu(II) w buforze Hepes (3956). We współpracy z prof. M. Jeżowską-Bojczuk (U. Wr.) zbadaliśmy wiązanie Ni(II) do dGTP i reaktywność kompleksów z punktu widzenia karcynogenezy niklu (3912) oraz właściwości redoks kompleksów miedziowych peptydów modelujących sekwencję wiążącą histonu H2A (3943). Przedstawiliśmy również zbiorczy opis wiązania jonów metali do sekwencji wiążącej histonu H2A (3908). Wspólnie z dr K. S. Kasprzakiem (NCI at Frederick) opublikowaliśmy rozdział w książce zbiorowej, poświęcony metodologii badań modelowych w karcynogenezie metali (3949). We współpracy z grupą doc. A. Sirko opublikowaliśmy pracę dotyczącą wprowadzenia genów syntezy fitochelatyn w E. coli (3924).

Najważniejszy wynik badawczy w r. 2005 dotyczy opracowania skutecznej metody odcinania etykiety powinowactwa. Wynik ten nie może być opublikowany, ani upubliczniony inaczej przez złożeniem wniosku patentowego, co nastąpi przed końcem stycznia 2006.

PUBLIKACJE: 3908, 3912, 3924, 3943, 3949, 3956, 2077/A, 2102/A

Temat nr 55: Analiza genetyczna podstaw wybranych chorób dziedzicznych.

Zespół: dr Beata Burzyńska, mgr Monika Maciąg

We współpracy z Instytutem Hematologii i Transfuzjologii oraz Kliniką Pediatrii, Hematologii i Onkologii AM zajmujemy się badaniem genetycznego podłoża anemii hemolitycznych. W zeszłym roku pobraliśmy materiał genetyczny od ponad 120 rodzin z podejrzeniem sferocytozy wrodzonej, 30

rodzin z podejrzeniem talasemii i około 20 rodzin z podejrzeniem enzymopatii (głównie niedoboru dehydrogenazy-6-glukozo-fosforanowej).

Prowadzone są analizy sekwencji wybranych białek błonowych i korelowanie wyników z obrazem klinicznym pacjentów. W ubiegłym roku skoncentrowaliśmy się na badaniach sekwencji białka prążka 3 i wykryliśmy mutacje dające zróżnicowane obrazy kliniczne. Kontynuowane są badania sekwencji ankiry i spektryny β i szczególnie interesujące wydają się być liczne polimorfizmy genu β spektryny.

Opracowaliśmy metodę wykrywania mutacji u pacjentów z podejrzeniem beta-talasemii. Sekwencjonowanie wykazało obecność 11 mutacji (w tym 4 – dotychczas nie notowane). Opracowaliśmy metodę pomiaru ekspresji genów kodujących globiny krwinki czerwonej, co umożliwi diagnostykę hemoglobinopatii.

U dwóch rodzin z niedoborem G6PD wykryliśmy istnienie 2 nieopisanych mutacji w genie kodującym G6PD. Zastosowano metodę modelowania molekularnego, które umożliwiło stwierdzenie charakteru zmian w białku, spowodowanych daną mutacją.

Scharakteryzowano i opisano pierwszy przypadek niedoboru kinazy pirogronianowej w Polsce.

PUBLIKACJE: 103/M

Temat nr 56: Genomika *Paramecium tetraurelia*.

Zespół: prof. Joanna Rytka, dr Robert Gromadka, dr Marek Juszcuk, dr Marek Zagulski, mgr Iwona Karkusiewicz, mgr Julita Koper-Nawrocka, mgr Andrzej Migdański, mgr Jacek Nowak, Beata Babińska, Małgorzata Filipiak, Ewa Kalińska.

Kontynuowano badania nad funkcją genów *Paramecium tetraurelia* potencjalnie zaangażowanych w proces autogamii. Na podstawie analizy profilu ekspresji uzyskanych metodą mikromacierzy DNA wybrano 14 genów. W pięciu przypadkach inaktywacja genów metodą wyciszania RNAi prowadziła do śmierci komórki lub spowolnienia wzrostu. Porównano zmiany poziomów ekspresji tych genów w trakcie wzrostu wegetatywnego, głodzenia i autogamii metodą hybrydyzacji Northern – wyniki są zgodne z uzyskanymi przy użyciu mikromacierzy. Dotychczasowe wyniki wskazują, że gen PTMB.220 jest zaangażowany w wycinanie krótkich sekwencji eliminowanych w trakcie dojrzewania makronukleusa (IESów) oraz najprawdopodobniej transpozonów. Wykonano analizę wpływu wyciszania genu na szereg znanych IESów – w zdecydowanej większości przypadków obserwowano efekt.

Skonstruowano fuzje trzech genów (PTMB 134, PTMB 186 i PTMB 284) z GFP do badania lokalizacji ich produktów w komórce. Dzięki współpracy z dr Małgorzatą Prajer (Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN, Kraków) uruchomiono metodę wprowadzania fuzji genowych do makronukleusa metodą iniekcji.

Najważniejszy wynik badawczy:

Identyfikacja funkcji genu PTMB 220.

PUBLIKACJE: 3915, 3942

Sprawozdanie z działalności Szkoły Biologii Molekularnej/Studium Doktoranckiego przy IBB PAN - 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 Jonczyk

Recenzenci przebiegu studiów doktoranckich:

Prof. dr hab. Magdalena Boguta, Danuta Hulanicka, Grażyna Muszyńska, Joanna Rytka, Kazimierz L. Wierchowki, Piotr Zielenkiewicz, Teresa Żołądek, Doc. dr hab. Michał Dadlez, Grażyna Dobrowolska, Grażyna Jagura-Burdzy, Iwona Fijałkowska, Monika Hryniewicz, Agnieszka Sirko, dr Elżbieta Kraszevska

Na studiach doktoranckich w IBB PAN zarejestrowano **88** osób, w tym na pierwszy rok przyjęto **26** osób. Ponadto na etatach asystentów i biologów jest zatrudnionych **58** osób robiących prace doktorskie. Osoby te wraz z doktorantami wchodzi w skład słuchaczy Szkoły Biologii Molekularnej (SBM). Stopień doktora w roku 2005 otrzymało: **19-tu** doktorantów.

Działalność dydaktyczna:

W okresie sprawozdawczym doktoranci wzięli udział m w cyklu 15-tu wykładów z zakresu: Diagnostyka molekularna w medycynie, prowadzonym przez wykładowców z Centrum Onkologii, Instytutów Hematologii, Matki i Dziecka oraz Psychoneurologii.

W roku sprawozdawczym rozpoczął się również cykl wykładów pt. „Omika” dotyczący analizy ekspresji i funkcji genów oraz przewidywania funkcji białek i analizy systemów biologicznych. Cykl ten jest prowadzony przez pracowników IBBPAN.

Część doktorantów uczestniczyła również w wykładach zorganizowanych przez Zakład Biofizyki UW 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:

19 doktorantów jest współautorami pełnych prac naukowych opublikowanych w roku 2005 oraz **66** komunikatów lub plakatów przedstawionych na zjazdach krajowych i zagranicznych, w tym **8-miu** na kongresie FEBS w Budapeszcie. SBM zorganizowało wspólny wyjazd doktorantów na ten ostatni zjazd.

27 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 po raz drugi status Międzynarodowego Studium Doktoranckiego i związany z tym grant Ministerstwa Nauki w wysokości **200 000** zł. Z tych funduszy 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.

Działalność Komisji Wspomagania Współpracy Naukowej z Zagranicą Rady Naukowej IBB PAN

Przewodniczący: **prof.dr hab. Przemysław Szafrński**

W ramach funduszu w Instytucie pracowało siedem osób. Sześć z Instytutu Molekularnej Biologii i Genetyki Ukrainiejskiej Akademii Nauk w Kijowie i jedna z Kijowskiego Uniwersytetu. Były to stypendia od 2 do 12 miesięcy. Badania dotyczyły syntezy rekombinowanego białka wiążącego hormon mola woskowego *Galleria mellonella*, syntezy heterologicznych białek bakulowirusowych, struktury adenowirusa, specyfiki rozpoznawania tyrozynowego tRNA przez syntezę, poszukiwania inhibitorów helikazy wirusa wątrobowego typu C, spektroskopii NMR białek oraz zastosowania metod komputerowych w biologii.

Wyniki prac ukazały się w doniesieniach zjazdowych oraz *Biological Lett.*, *FEBS J.*, *Ukr.Biochim.Żurn.* i *Acta Biochim.Pol.* a także przygotowywane do druku.

PUBLIKACJE: 3925, 3948, 3982, 2065/A, 2116/A, 2160/A, 2137/A

Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów

W ramach działalności usługowej dla IBB zsyntetyzowano 5 170 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 377 i ABI 3730 6 125 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 650bp daje 3 981 250 zasad.

Syntezy oligonukleotydów i sekwencjonowanie matryc wykonano dla następujących zakładów IBB:

1.Zakład Genetyki	625 matryc	245 oligonukleotydów
2.Zakład Biochemii Drobnoustrojów	878 matryc	895 oligonukleotydów
3.Zakład Biosyntezy Białka	320 matryc	325 oligonukleotydów
4.Zakład Biochemii Roślin	355 matryc	258 oligonukleotydów
5.Zakład Biofizyki	185 matryc	170 oligonukleotydów
6.Zakład Biologii Molekularnej	650 matryc	320 oligonukleotydów
7.Zakład Genetyki UW	2167 matryc	2305 oligonukleotydów
8.Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA	525 matryc	235 oligonukleotydów
9.Pracownia Glikobiologii Grzybów	45 matryc	65 oligonukleotydów
10.Pracownia Sekwencjonowania DNA i Syntezy Oligonukleotydów	375 matryc	352 oligonukleotydów

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 Celna w Gdańsku
9. Miedzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG-AMG
10. Politechnika Gdańska
11. Samodzielny Publiczny Szpital Kliniczny AM Nr2 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 Nr3 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. Piranus PPHU - Poznań
58. Samodzielny Publiczny Szpital Kliniczny Nr.2 - Poznań
59. Wielkopolska Hodowla Buraka Cukrowego sp.z o.o.
60. Wojewódzka Stacja Sanitarno-Epidemiologiczna w Poznaniu
61. Wydział Biologii Uniwersytet im. Adama Mickiewicza w Poznaniu
62. Biowet Puławy Sp. Z o.o. w Puławach
63. Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Puławach
64. Państwowy Instytut Weterynaryjny- Puławy
65. Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii w Puławach
66. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie
67. Akademia Podlaska Instytut Bioinżynierii i Hodowli Zwierząt w Siedlcach
68. Instytut Sadownictwa i Kwiaciarnictwa w Skierniewicach
69. Instytut Warzywnictwa w Skierniewicach
70. Pomorska Akademia Pedagogiczna w Słupsku
71. Instytut Oceanologii PAN - Sopot
72. Akademia Rolnicza w Szczecinie
73. Pomorska Akademia Medyczna w Szczecinie
74. Uniwersytet Szczeciński

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

W 2005r. zorganizowaliśmy dwa kursy pt. „Sekuencjonowanie DNA i analiza wyników”.

W Pracowni zsyntetyzowano dla laboratoriów IBB 5170 oligonukleotydów oraz zsekuencjonowano na aparatach ABI 377 i ABI 3730 – 6 125 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 650 zasad daje 3 981 250 zasad. Dla 118 zleceńodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekuencjonowanie 11 520 matryc i zsyntetyzowano 12 173 oligonukleotydy. Dodatkowo w ramach przyznanych minigrantów wykonano 450 sekuencjonowań matryc DNA i 2086 reakcji analiz polimorfizmu.

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas

Zespół: dr hab. Michał Dadlez, mgr Jacek Olędzki, mgr Jacek Sikora, mgr Magdalena Bakun, mgr Agnieszka Fabijańska, Piotr Zarebski, mgr Marta Tkaczyk, Agata Malinowska

Środowiskowe Laboratorium Spektrometrii Mas prowadzi pomiary mas cząsteczek biologicznych wykorzystując posiadane trzy spektrometry: typu MALDI-ToF ESI-ToF oraz LTQ FTICR. 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 1300 identyfikacji składu białkowego próbek i ok. 1500 oznaczeń mas cząsteczkowych. Oprócz identyfikacji składu białkowego Laboratorium prowadzi również identyfikację modyfikacji potranslacyjnych białek. Lista użytkowników Laboratorium liczy kilkadziesiąt pozycji, zawiera również ośrodki spoza Polski. Laboratorium prowadzi szkolenia użytkowników w dziedzinie interpretacji wyników proteomicznych. Laboratorium uczestniczy w trzech zamawianych projektach MEiN (cztery następne rozpoczną się w r. 2006) i w jednym projekcie VI-ego programu ramowego Unii Europejskiej.

Prowadzone są prace nad proteomiką ludzkich płynów ustrojowych oraz tkanek. Korzystając z dostępnych w sieci procedur analizy i wizualizacji danych stworzono nowe narzędzia do analizy złożonych wielowymiarowych zbiorów danych. Badane są mapy peptydomu osocza i surowicy krwi ludzkiej, śliny, błon erytrocytów czy biopsji nabłonka przełyku w chorobie Barretta. Pokazano, że w wyniku analizy tych próbek można uzyskać wysokiej złożoności mapy peptydów, zawierające kilka tysięcy sygnałów peptydowych. Mapy takie mogą stać się podstawą nowych procedur diagnostycznych dla medycyny. W celu uzyskania dobrej wiarygodności statystycznej konieczne jest wykonywanie długich serii analiz rzędu setek, czas zbierania tych danych jest długi a analiza porównawcza uzyskanych map skomplikowana.

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

Lista użytkowników Środowiskowego Laboratorium Spektrometrii Mas w latach 2003-2005

1. Akademia Medyczna w Warszawie, Zakład Badania Środowiska
Grzegorz Nałęcz-Jawecki (2003-2005)
2. Akademia Medyczna we Wrocławiu, Katedra i Klinika Chorób Płuc Renata Jankowska (2003)
Katedra i Zakład Biochemii Lekarskiej Grzegorz Terlecki (2004)
3. Akademia Rolnicza im. Augusta Cieszkowskiego w Poznaniu, Katedra Biochemii i Biotechnologii, Andrzej Guwanowski
4. Akademia Świętokrzyska im. Jana Kochanowskiego, Instytut Biologii, Zakład Genetyki
Jan Pałyga (2003-2004), Ewa Górnicka-Michalska (2003)
5. Centrum Medyczne Kształcenia Podyplomowego, Klinika Gastroenterologii
Jerzy Ostrowski, Michał Mikula (2003-2005)
6. Centrum Onkologii w Gliwicach, Instytut im. Marii Skłodowskiej-Curie, Zakład Radiobiologii Doświadczalnej i Klinicznej
Piotr Widłak, Monika Pietrowska (2003-2005)
7. Instytut Biologii Doświadczalnej PAN im. M. Nenckiego
Anna Filipek, Magdalena Dominik, Barbara Pliszka, Elżbieta Wyroba (2003), Adam Szewczyk, Sławomir Pikula, Andrzej Kasprzak (2004), Izabela Strzyżewska-Jówko, Paweł Wiśniewski (2004-2005), Jolanta Barańska, Marcin Balcerzak (2005)
8. Instytut Chemii Fizycznej PAN, Zakład Kalorymetrii
Jędrzej Szymański, Ewa Utzig (2003), Marek Luszczczyk (2004)
9. Instytut Dendrologii PAN
Tomasz Pawłowski (2003, 2005)
10. Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej PAN
Katarzyna Kuczek (2003), Danuta Witkowska (2004-2005)

11. Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej, Pracownia Neurodegeneracji Urszula Wojda (2003), Alicja Wawrzynow (2003-2004), Henryk Korza, Rafał Klejn, Magdalena Błażejczyk, Andrzej Lewandowicz, Leszek Lipiński, Roman Szczepanowski, Monika Sokołowska, Magdalena Lipka (2004), Małgorzata Marcyjaniak, Renata Filipek, Agnieszka Chmiel (2004-2005)
12. Politechnika Wrocławska, Zakład Biochemii Andrzej Ożyhar (2003, 2005)
13. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Maria Szwacka, E. Bernartowicz (2003)
14. Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Katedra Szczegółowej Hodowli Zwierząt, Zakład Hodowli Bydła Barbara Reklewska (2003)
Katedra Biochemii Andrzej Paszkowski (2004)
Katedra Botaniki Marzena Sujkowska (2004-2005), Małgorzata Lichocka 2005
15. Uniwersytet Gdański, Katedra Biochemii Dorota Żurawa (2003), Ewa Laskowska (2003-2004), Joanna Narkiewicz (2003-2005),
16. Uniwersytet Gdański, Katedra Biologii Molekularnej 2003
17. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii, Zakład Bioenergetyki Małgorzata Wojtkowska (2003), Wiesława Jarnuszkiewicz, Przemysław Wojtaszek, Antoni Grobelny (2004)
18. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Instytut Biologii Eksperymentalnej Roślin, Zakład Ekofizjologii Roślin Robert Sobkowiak (2003-2004), Jarosław Gzyl 2005
Zakład Fizjologii Roślin Władysław Polcyn, Teresa Lehmann (2005)
19. Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Katedra Chemii, Karolina Michalska (2003), Mariusz Jaskólski, Magdalena Łuczak (2004)
20. Uniwersytet Jagielloński, Collegium Medicum Anna Lityńska 2005
21. Uniwersytet Jagielloński, Instytut Zoologii, Pracownia Glikobiologii, Zakład Fizjologii Zwierząt Ewa Pocheć 2003, Elzbieta Kremser 2004, Anna Lityńska 2003-2004
22. Uniwersytet im. Marii Skłodowskiej-Curie, Wydział Biologii i Nauk o Ziemi, Instytut Mikrobiologii i Biotechnologii, Zakład Biologii Molekularnej Nikodem Grankowski 2003-2004, Grzegorz Nowak, Krzysztof Grzywnowicz 2004. Dawid Korkowski, Barbara Wolska-Mitaszko 2005
23. Uniwersytet Medyczny w Łodzi, Zakład Biologii Molekularnej P. Dukowski 2003
24. Uniwersytet Medyczny w Łodzi, Katedra Neurologii, Pracownia Neuroimmunologii, Grażyna Gałązka 2003, Sylwester Płaskowski 2004 Anna Jurewicz 2003-2004
25. Uniwersytet Medyczny w Łodzi, Zakład Biofizyki Czesław Cierniewski 2003-2005
Zakład Biochemii Janusz Szemraj 2004, Wojciech Mielicki 2005
26. Uniwersytet Warszawski, Instytut Biochemii, Zakład Biologii Molekularnej Agata Trzcińska 2003, Agnieszka Girstun 2004, Alicja Czuby 2003-2004
27. Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, Instytut Mikrobiologii Agata Krawczyk-Balska 2003, Izabela Wolska 2004
28. Uniwersytet Warszawski, Instytut Zoologii, Zakład Cytofizjologii Ewa Joachimiak 2003, Janina Kaczanowska 2004, Piotr Bębas 2003-2005
29. Uniwersytet Warszawski, Instytut Fizyki Doświadczalnej, Zakład Biofizyki Katarzyna Motoszko-Kiraga, Marzena Jankowska 2003, Magdalena Lewdorowicz 2003-2004, prof. Darżynkiewicz 2005
30. Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, Pracownia Analizy Skażeń Środowiska Renata Matlakowska 2003-2005
31. Uniwersytet Wrocławski, Instytut Biochemii i Biologii Molekularnej Ludwik Jujeczka, Monika Kasztura 2003, Anna Król, Dominika Drulis-Fajdasz, Jacek Otlewski (2003-2004), Marcin Paduch, Małgorzata Sikorska (2004), Filip Jeleń (2003, 2005), Małgorzata Zakrzewska (2003-2005), Arkadiusz Oleksy (2005)

32. Uniwersytet Wrocławski, Zakład Cytobiochemii
Aleksander Sikorski 2003, Michał Grzybek 2004
33. Uniwersytet Wrocławski, Zakład Fizjologii Zwierząt
Daria Szwajkowska, Dariusz Rakus (2004), Andrzej Dżugaj (2003-2005)
Uniwersytet Wrocławski Pracownia Białek Jądrowych Ryszard Rzepecki (2004-2005)
34. Instytut Chemii Bioorganicznej PAN, Poznań Agnieszka Wojtkowiak 2003
35. Polfa Tarchomin
36. Uniwersytet Wiedeński Reinhard Kodym 2003-2004
37. University of North Carolina Zbigniew Domiński 2003
38. Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań Joanna Bajsa 2004
39. Biuro Geodezyjno Kartograficzne JURANT Sp. z o.o., Kórnik Antoni Grobelny 2004
40. Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej Barbara Zabłocka 2004
41. Thomson Multimedia Wojciech Pałyska 2004
42. Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego Lech Kozerski 2004
43. Centrum Biologii Medycznej PAN Maciej Cedzyński 2004
44. Praktyka Specjalistyczna Vadim Kapulkin 2004-2005
45. University of Washington Mila Diaz 2004
46. University of Athens Fragoulis Emmanuel 2004, Dido Vassilacopoulou 2005
47. University of Ireland, Galway Aoife Boyd, Neil Fennelly 2005
48. Aristotle Univ. of Thessaloniki T. Sklaviadis, Spyros Petrakis 2005
49. Centralny Instytut Ochrony Pracy – Państwowy Instytut Badawczy 2005
50. Politechnika Łódzka B. Korona, A. Kauf, Marianna Truskiewicz 2005
51. Instytut Chemii Organicznej PAN Ryszard Ostaszewski 2005
52. Państwowy Zakład Higieny Warszawa Jolanta Solecka
53. Instytut Biotechnologii i Antybiotyków Warszawa Dariusz Kurzynoga
54. BIOMED Wytwórnia Surowic i Szczepionek Lublin Maryla Gorzała
55. Global Biologics Supply Chain, LLC USA Michael Lenničk
56. Avicenna Biosystem KLIK Warszawa Marta Bucko

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych IBB PAN, GMOIBB

Zespół: doc. Barbara Tudek, dr Jarosław Cieśla, mgr Beata Janowska

W czerwcu 2005 r. został zakończony etap wyposażania laboratorium w niezbędny sprzęt i rozpoczęło ono przygotowania do działalności, która ma być nakierowana na (i) wykonywanie analiz materiału transgenicznego w produktach rynkowych, (ii) opracowywanie nowych metod identyfikacji i analizy GMO oraz (iii) badanie ekspresji genów w ramach usług dla jednostek badawczych.

(i) W ramach przygotowań do wykonywania analiz materiału transgenicznego przeprowadzono wewnątrzlaboratoryjną walidację następujących jakościowych metod analitycznych: dwie metody na obecność soi (lektyna), metoda na obecność kukurydzy (dehydrogenaza alkoholowa), na obecność soi RoundupReady (specyficzna do konstruktów), na obecność kukurydzy Bt10 i Bt11 (specyficzne do konstruktów), na obecność kukurydzy Bt10 (specyficzna do linii), wykrywania i identyfikacji kukurydzy MON810 (specyficzna do linii), na obecność promotora 35S (specyficzna do wielu GMO), na obecność terminatora t-nos (specyficzna do wielu GMO). W trakcie walidacji jest metoda ilościowego oznaczania soi RoundupReady przy pomocy PCR w czasie rzeczywistym. Laboratorium opracowało również znaczną część Księgi Jakości, w ramach przygotowania do akredytacji.

(ii) We współpracy z Instytutem Rozrodu Zwierząt i Badania Żywności PAN w Olsztynie Laboratorium rozpoczęło projekt badawczy MEiN na opracowanie elektrycznych biosensorów do wykrywania konstruktów GMO w DNA izolowanym z produktów rynkowych.

(iii) W ramach usług dla jednostek badawczych Laboratorium wdrożyło metodę oznaczania ekspresji czterech ludzkich genów naprawy DNA (ANPG, OGG1, APX, TDG) wobec genu referencyjnego 18S rRNA z zastosowaniem SYBR Green. Oznaczono ekspresję powyższych genów w próbkach cDNA pochodzących z guzów jelita i zdrowego obrzeża od 19 pacjentów; dalsze badania są w toku. Metoda

może być łatwo zaadaptowana do oznaczania dowolnych innych genów ludzkich, a także pochodzących z innych organizmów.

Ogółem wykonano 44 ekstrakcje DNA, 307 reakcji PCR oraz 922 reakcje PCR w czasie rzeczywistym.

Środowiskowe Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego

Zgodnie ze swymi zadaniami statutowymi w Laboratorium wykonywano pomiary widm NMR dla zespołów naukowych IBB oraz 11 laboratoriów spoza instytutu. Wykorzystanie czasu pracy spektrometru 500 MHz wynosiło 92% a spektrometru 400 MHz – 69%.

Lista użytkowników Środowiskowego Laboratorium Magnetycznego Rezonansu Jądrowego:

Kierownik projektu	Instytucja	Czas przyrządu (h)	
		400 MHz	500 MHz
Prof. Ryszard Stolarski	Wydział Fizyki, UW	240	-----
Prof. K. Kamieńska-Trela	ICHO PAN, Warszawa	72	-----
Prof. Sławomir Szymański	ICHO PAN, Warszawa	240	-----
Dr S. Rodziewicz-Motowidło	Wydział Chemii, UG	96	1464
Prof Adam Gryff-Keller	Wydział Chemii, PW	96	72
Prof. Janusz Lipkowski	ICHF PAN, Warszawa	120	-----
Prof. J. Taraszewska	ICHF PAN, Warszawa	-----	192
Prof. Jan Izdebski	Wydział Chemii, UW	-----	528
Doc. Wiktor Koźmiński	Wydział Chemii, UW	48	120
Prof. Temeriusz	Wydział Chemii, UW	48	-----
Dr.hab Bochtler	IMBC	48	1536
Dr Maria Bretner	IBB	48	-----
Prof. Ewa Świeżewska	IBB	528	-----
Doc. Wojciech Bal	IBB	1368	-----
Prof. Kulikowski	IBB	1038	672
Prof. K. Wierzchowski	IBB	264	432
Prof. Włodzimierz Zagórski	IBB	168	-----
Doc. Jacek Bardowski	IBB	-----	24
Dr Aleksandra Wyślouch	IBB	-----	264
Dr Igor Zhukov	własne	120	1056
Dr Jacek Wójcik	wasne	-----	96
Dr. Beata Toczyłowska	własne		168
Mgr Michał Nowakowski	własne	168	-----
Dr Piotr Bernatowicz	własne	408	-----
nowe techniki, szkolenia		120	120
konserwacje, nalewanie ciekłego helu i azotu		150	150
awarie		600	868
Wykorzystanie czasu w godzinach		5940	7858
Wykorzystanie czasu w procentach		69 %	92 %

Sprawozdanie z działalności Pracowni Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej

Kierownik pracowni: mgr Olga Juszczyk

1. Przygotowano stronę internetową Pracowni Mikroskopii Konfokalnej i Fluorescencyjnej (adres <http://www.ibb.waw.pl/~mikroskopia/>), na której umieszczono między innymi zdjęcia i informacje dotyczące wyposażenia pracowni, oprogramowania zainstalowanego na komputerach wraz z dostępnymi instrukcjami w formacie pdf, sposobów archiwizacji zgromadzonych danych, odsyłacze do stron poświęconych mikroskopii i różnego typu mikroskopom oraz innym urządzeniom wykorzystywanym do rejestracji obrazów. Integralną część strony stanowią kalendarze do rezerwacji czasu pracy na mikroskopie konfokalnym, fluorescencyjnym oraz dwóch komputerowych stacjach roboczych przeznaczonych do analizy danych. Strona ta aktualizowana jest przez prowadzącego pracownię.
2. Zorganizowano wykłady przedstawiciela firmy Nikon, p. Michała Wojciechowskiego, na których omówiono budowę i możliwości wykorzystania mikroskopu konfokalnego TE2000-E/C1 zakupionego przez IBB PAN, zasadę doboru laserów i fluorochromów w mikroskopii konfokalnej, tryby skanowania oraz generalne zasady technik mikroskopii konfokalnej (FRAP, FLIP, FRET, FLIM, fotoaktywacja) mających zastosowanie na zestawie do mikroskopii konfokalnej TE2000-E/C1. Wykłady poprzedzono wstępem na temat wyposażenia pracowni, zasad rezerwacji czasu pracy na mikroskopach i komputerowych stacjach roboczych, systemu szkoleń, sposobów archiwizacji danych przez użytkowników.
3. Przeszkolono grupę 37 osób w zakresie obsługi mikroskopu fluorescencyjnego Eclipse E800 oraz cyfrowej kamery monochromatycznej DS.-1QM i kolorowej DS-5Mc.
4. Zorganizowano trzy szkolenia w zakresie podstawowej obsługi mikroskopu konfokalnego Eclipse TE2000-E/C1 (w sumie przeszkolono 18 osób).
5. Przeszkolono 1 osobę w zakresie obsługi urządzenia Märzäuser ECO-STEP umożliwiającego sekwencyjne pobieranie obrazów w osi Z z mikroskopu fluorescencyjnego Eclipse E800.
6. Uczestniczono w Warsztatach Mikroskopii Konfokalnej przy II Konferencji Polskiego Towarzystwa Biologii Eksperymentalnej Roślin w Poznaniu.

SEMINARIA INSTYTUTOWE

04.01.2005

Mgr Anna Kulińska /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/
Nietypowe białko partycyjne plazmidu RA3

04.01.2005

Mgr Mariusz Nowacki /Zakład Biosyntezy Białka/
RNA-mediated programming of developmental genome rearrangements in *Paramecium tetraurelia*

18.01.2005

Mgr Renata Grzela /Zakład Biosyntezy Białka/
Potyvirus terminal genome-linked protein VPg, effector of host eukaryotic initiation factor eIF4E.

25.01.2005

Mgr Maja Zielińska-Swoboda /Zakład Biologii Molekularnej/
Czynniki warunkujące aktywność glikozylaz DNA u pacjentów z nowotworem płuc.

01.02.2005

Dr Igor Zhukov /Laboratorium NMR/
Zastosowanie zredukowanej liczby wymiarów widm NMR w wyznaczaniu struktur białek.

08.02.2005

Mgr Anna Maassen /Laboratorium Patogenezy Roślin/
Rola tlenu azotu w odpowiedzi roślin na infekcje.

11.02.2005

Prof. Jan Miernyk /University of Missouri, Columbia, USA/
Proteomic analysis of soybean seed development.

15.02.2005

Mgr Karina Solecka-Błachnio /Zakład Biosyntezy Białka/
Nukleaza ChSI, izolowana z chloroplastów pszenicy (*Triticum vulgare*), wykazuje aktywność specyficznej 5' flap endonukleazy.

22.02.2005

Dr Andrzej Pałucha /Zakład Biosyntezy Białka/
Mechanizmy ekspresji genów wirusów RNA: transkrypcja subgenomowego RNA1 wirusa liściozwoju ziemniaka.

02.03.2005

Dr J. Polańska, K. Fajarewicz, A. Polański /Instytut Automatyki Politechniki Śląskiej, Gliwice/
Matematyczne modelowanie zjawisk biologicznych w trakcie procesów nowotworzenia.

08.03.2005

Dr Jerzy Brzywczy /Zakład Genetyki/
Mutacje czynnika transkrypcyjnego metR *A. nidulans* prowadzące do skrajnie różnych fenotypów

15.03.2005

Dr Maria Bretner /Pracownia Antymetabolitów/
Czy można pokonać wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV)?

22.03.2005

Dr Anna Bębenek /Zakład Biologii Molekularnej/
Badanie wierności replikacji mutantów spodu dłoni polimerazy RB69.

05.04.2005

Mgr Agnieszka Szczepańska /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/
Recombination functions of a *Lactococcus lactis* bacteriophage bIL67.

05.04.2005

Prof. Benjamin S. Szwergold /Department of Medicine, Dartmouth Medical School, Hanover, USA/
New paradigm for understanding the basic mechanisms underlying development of diabetic complications.

06.04.2005

Dr Zuzanna Tymowska /Medical Research Council, Oxfordshire, USA/
Gene-driven ENU mutation detection.

12.04.2005

Mgr Małgorzata Witkowska-Zimny /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/
Charakterystyka funkcjonalna przedstawicieli rodziny LysR bakteryjnych regulatorów transkrypcji - białek Cbl i CysB *E. coli*.

20.04.2005

Prof. Richard Visser /Wageningen University & Research Centre, Wageningen/
Potato structural and functional genomics: from tuber to nucleotide.

25.04.2005

Prof. Igor Mikhailopulo /University Kuopio, Kuopio, Finlandia/
Biotechnology of Nucleic Acid Constituents - State of the Art and Perspectives.

10.05.2005

Doc. Grażyna Jagura-Burdzy /Zakład Biochemii Drobnoustrojów/
ParB *Pseudomonas aeruginosa* jako przedstawiciel rodziny białek partycyjnych.

17.05.2005

Mgr Maria Klimecka /Zakład Biochemii Roślin/
Rola roślinnych kinaz białkowych zależnych od wapnia (CDPK) w procesie zranienia.

24.05.2005

Mgr Justyna McIntyre /Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA/
Udział proteasomu w utrzymywaniu stabilności genetycznej w komórkach drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

06.06.2005

Prof. Adam Godzik /The Burnham Institute, UCSD, USA/
Overview of the apoptotic network in human cells, its evolution and how pathogens are hijacking it to survive in our organisms.

07.06.2005

Prof. Adam Godzik /The Burnham Institute, UCSD, USA/
How to describe (and eventually predict) changes in protein structures.

13.06.2005

Dr Tinna Ventrup Stevnsner /Danish Center for Molecular Gerontology, University of Aarhus, Denmark/
Nuclear and mitochondrial DNA repair and relation to aging.

14.06.2005

Mgr Wojciech Kuban /Pracownia Mutagenyzy i Reperacji DNA/
Udział polimerazy IV w replikacji chromosomu *Escherichia coli*.

14.06.2005

Dr Catherine Suski /Memorial Sloan Kettering Cancer Center, New York, USA/
Resolution of the parental DNA by RecQ and TopoIII

29.06.2005

Prof. Eugenia Dogliotti /Istituto Superiore di Sanita, Rome, Italy/

Base excision repair: mechanisms and biological relevance.

18.10.2005

Dr Jadwiga Chroboczek /Instytut Biologii Strukturalnej, Grenoble, Francja/

Szyfrowe prace wirusowe.

25.10.2005

Mgr Szymon Świeżewski /Zakład Biosyntezy Białka/

Rola RNAi w regulacji flc.

22.11.2005

Prof. Peep Palumaa /Department of Gene Technology, Tallinn Technical University, Estonia/

Application of mass spectrometry for studies of metallothioneins and copper chaperones.

29.11.2005

Prof. dr hab. Przemysław Wojtaszek /Instytut Biologii Molekularnej i Biotechnologii UAM i Instytut

Chemii Bioorganicznej, Poznań/

Architektura życia.

06.12.2005

Dr Joanna Kamińska /Zakład Genetyki/

Poszukiwanie roli białka Emp24p w transporcie białka ER-Golgi u *Saccharomyces cerevisiae*.

13.12.2005

Prof. Zofia Szweykowska-Kulińska /Uniwersytet im. Adama Mickiewicza, Poznań/

Introno-zależna modyfikacja pierwszej zasady antykodonu ludzkiego pre-tRNA^{Leu} (CAA) oraz identyfikacja pierwszej ludzkiej introno-zależnej tRNA-metylotransferazy katalizującej te reakcje.

21.12.2005

Dr Anetta Nowosielska /Zakład Biologii Molekularnej/

Toksyczność indukowana cisplatyną i czynnikami metylującymi u *E.coli*.

Lista publikacji za 2005 rok

ARTYKUŁY

3904

ZAIM, J. SPEINA, E. KIERZEK, A.M.

Identification of new genes regulated by the Crt1 transcription factor, an effector of the DNA damage checkpoint pathway in *Saccharomyces cerevisiae*.

J. Biol. Chem. (2005) **280** 28-37

3905

KOŹMIŃSKI, W. ZHUKOV, I. PECUL, M. SADLEJ, J.

A protein backbone ψ and ϕ angle dependence of $^2J_{N(i),Ca(i-1)}$: The new NMR experiment and quantum chemical calculations.

J. Biomol. NMR (2005) **31** 87-95

3906

HAMIMES, S. ARAKAWA, H. STASIAK, A.Z. KIERZEK, A.M. HIRANOS, S.

YANG, Y.-G. TAKATA, M. STASIAK, A. BUERSTEDDE, J.-M. DYCK, E. van RDM1, a novel RNA recognition motif (RRM)-containing protein Involved in the cell response to cisplatin in vertebrates.

J. Biol. Chem. (2005) **280** 9225-9235

3907

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

The *Ry-f_{sto}* gene from *Solanum stoloniferum* for extreme resistant to *Potato virus Y* maps to potato chromosome XII and is diagnosed by PCR marker GP122₇₁₈ in PVY resistant potato cultivars.

Mol. Breeding (2005) **15** 95-101

3908

MYLONAS, M. KRĘŻEL, A. PLAKATOURAS, J.C. HADJILIADIS, N. BAL, W.

Interactions of transition metal ions with His-containing peptide models of histone H2A.

J. Mol. Liq. (2005) **118** 119-129

3909

SPEINA, E. ARCZEWSKA, K.D. GACKOWSKI, D. ZIELIŃSKA, M. SIOMEK, A.

KOWALEWSKI, J. OLIŃSKI, R. TUDEK, B. KUŚMIEREK, J.T.

Contribution of hMTH1 to the maintenance of 8-oxoguanine levels in lung DNA of non-small-cell lung cancer patients.

J. Natl. Cancer I. (2005) **97** 384-395

3910

WIERZBICKI, A.T. JERZMANOWSKI, A.J.

Suppression of histone H1 genes in *Arabidopsis* results in heritable developmental defects and stochastic changes in DNA methylation.

Genetics (2005) **169** 997-1008

3911

KABIR, M.A. KAMIŃSKA, J. SEGEL, G.B. BETHLENDY, G. LIN, P. DELLA SETA, F. BLEGEN, C. SWIDEREK, K.M. ŻOŁĄDEK, T. ARNDT, K.T. SHERMAN, F.

Physiological effects of unassembled chaperonin Cct subunits in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

Yeast (2005) **22** 219-239

3912

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

Determination of the stability constants and oxidation susceptibility of nickel(II) complexes with 2'-deoxyguanosine 5'-triphosphate and L-histidine.

J. Inorg. Biochem. (2005) **99** 737-746

3913

KORBEL, J.O. DOERKS, T. JENSEN, L.J. PEREZ-IRATXETA, C. KACZANOWSKI, S. HOOPER, S.D. ANDRADE, M.A. BORK, P.

Systematic association of genes to phenotypes by genome and literature mining.

Plos Biol. (2005) **3** e134

3914

RATAJCZYK, T. CZERSKI, I. KAMIENSKA-TRELA, K. SZYMAŃSKI, S. WÓJCIK, J.

¹J(C,H) couplings to the individual protons in a methyl group: evidence of the methyl protons' engagement in hydrogen bonds.

Angew. Chem. Int. Ed. (2005) **44** 1230-1232

3915

HOFFMAN-SOMMER, M. MIGDALSKI, A. RYTKA, J. KUCHARCZYK, R.

Multiple functions of the of the vacuolar sorting protein Ccz1p in *Saccharomyces cerevisiae*.

Biochem. Bioph. Res. Co. (2005) **329** 197-204

3916

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

Effect of SOS-induced Pol II, Pol IV, and Pol V DNA polymerases on UV-induced mutagenesis and MFD repair in *Escherichia coli* cells.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 139-147

3917

CALDWELL, R.B. KIERZEK, A.M. ARAKAWA, H. BEZZUBOV, Y. ZAIM, J. FIEDLER, P.

KUTTER, S. BLAGODATSKI, A. KOSTOVSKA, D. KOTER, M. PLACHÝ, J. CARNINCI, P.

HAYASHIZAKI, Y. BUERSTEDDE, J.-M.

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

Genome Biol. (2005) **6** R6

3918

CZYŻ, A. WĘGRZYN, G.

The Obg subfamily of bacterial GTP-binding proteins: essential proteins of largely unknown functions that are evolutionarily conserved from bacteria to humans.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 35-43

3919

SZKOPIŃSKA, A. PŁOCHOCKA, D.

Farnesyl diphosphate synthase; regulation of product specificity.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 45-55

3920

BRETNER, M.

Existing and future therapeutic options for hepatitis C virus infection.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 57-70

3921

PAWŁOWSKI, P.H. ZIELENKIEWICZ, P.

FEDMA - a simple algorithm for theoretical modeling of linear metabolic pathways: from fuzzy data sets to prediction and experiment.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 71-86

3922

PODSTOLSKI, W. GÓRA-SOCHACKA, A. ZAGÓRSKI, W.

Co-inoculation with two non-infectious cDNA copies of potato spindle tuber viroid (PSTVd) leads to the appearance of novel fully infectious variants.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 87-98

3923

NOWAKOWSKA, B. KERN-ZDANOWICZ, I. ZIELENKIEWICZ, U. CEGŁOWSKI, P.
Characterization of *Bacillus subtilis* clones surviving overproduction of Zeta, a pSM19035 plasmid-
encoded toxin.
Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 99-107

3924

WAWRZYŃSKA, A.K. WAWRZYŃSKI, A. GAGANIDZE, D. KOPERA, E. PIĄTEK, K. BAL, W.
SIRKO, A.
Overexpression of genes involved in phytochelatin biosynthesis in *Escherichia coli*: effects on growth,
cadmium accumulation and thiol level.
Acta Biochim. pol. (2005) **52** 109-116

3925

LISZEWSKA, F. GAGANIDZE, D. SIRKO, A.
Isolation of *Nicotiana plumbaginifolia* cDNAs encoding isoforms of serine acetyltransferase and O-
acetylserine (thiol) lyase in a yeast two-hybrid system with *Escherichia coli* *cysE* and *cysK* genes as
baits.
Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 117-128

3926

CLAISSE, M.L. BOGUTA, M. ZAGÓRSKI, W.
Translational readthrough of a termination codon in the yeast mitochondrial mRNA *VARI* as a result
of mutation in the release factor mRF1.
Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 129-137

3927

SPEINA, E. CIEŚLA, J.M. GRAZIEWICZ, M.-A. LAVAL, J. KAZIMIERCZUK, Z. TUDEK, B.
Inhibition of DNA repair glycosylases by base analogs and tryptophan pyrolysate, Trp-P-1.
Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 167-178

3928

ZAREBSKA, Z. ZIELIŃSKA, J. ZHUKOV, I. MAŚLIŃSKI, W.
Apoptosis induced by membrane damage in human lymphocytes; effects of arachidonic acid and its
photoproducts.
Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 179-194

3929

PERLIŃSKA-LENART, U. KURZĄTKOWSKI, W. JANAS, P. KOPIŃSKA, A. PALAMARCZYK,
G. KRUSZEWSKA, J.S.
Protein production and secretion in an *Aspergillus nidulans* mutant impaired in glycosylation.
Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 195-205

3930

KAMIŃSKA, J. KWAPISZ, M. GRABIŃSKA, K. ORŁOWSKI, J. BOGUTA, M.
PALAMARCZYK, G. ŻOŁĄDEK, T.
Rsp5 ubiquitin ligase affects isoprenoid pathway and cell wall organization in *S. cerevisiae*.
Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 207-220

3931

GRABIŃSKA, K. SOSIŃSKA, G. ORŁOWSKI, J. ŚWIEŻEWSKA, E. BERGES, T. KARST, F.
PALAMARCZYK, G.
Functional relationships between the *Saccharomyces cerevisiae* *cis*-prenyltransferases required for
dolichol biosynthesis.
Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 221-232

3932

BAJDA, A. CHOJNACKI, T. HERTEL, J. ŚWIEŻEWSKA, E. WÓJCIK, J. KACZKOWSKA, A.
MARCZEWSKI, A. BOJARCZUK, T. KAROLEWSKI, P. OLEKSYN, J.
Light conditions alter accumulation of long chain polyprenols in leaves of trees and shrubs throughout
the vegetation season.
Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 233-241

3933

CHOUDA, M. JANKOWSKI, W.

The occurrence of polyprenols in seeds and leaves of woody plants.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 243-253

3934

WOJTAS, M. BIENKOWSKI, T. ZELMAN-FEMIAK, M. TATEYAMA, S. SAGAMI, H.

CHOJNACKI, T. DANIKIEWICZ, W. ŚWIEŻEWSKA, E.

Dolichols of the fern *Matteucia struthiopteris*.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 255-259

3935

BARTOSIK, A.A. JAGURA-BURDZY, G.

Bacterial chromosome segregation.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 1-34

3936

SZCZĘSNY, P. WIECZOREK, G. ZIELENKIEWICZ, P.

MOFOID - not only the protein modeling server.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 267-269

3937

BORYS-BRZYWCZY, E. ARCZEWSKA, K.D. SAPARBAEV, M.K. HARDELAND, U. SCHÄR, P.

KUŚMIEREK, J.T.

Mismatch dependent uracil/thymine-DNA glycosylases excise exocyclic hydroxyethano and hydroxypropano cytosine adducts.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 149-165

3938

DANDANELL, G. SZCZEPANOWSKI, R.H. KIERDASZUK, B. SHUGAR, D. BOCHTLER, M.

Escherichia coli purine nucleoside phosphorylase II, the product of the *xapA* gene.

J. Mol. Biol. (2005) **348** 113-125

3939

BOŁTOWICZ, D. SZCZERBAKOWA, A. WIELGAT, B.

RAPD analysis of the interspecific somatic hybrids *Solanum bulbocastanum* (+) *S. tuberosum*.

Cell. Mol. Biol. Lett. (2005) **10** 151-162

3940

EJCHART, A. ZHUKOV, I.

NMR-based structure determination of proteins in solution.

In: **The Proteomics Protocols Handbook**. Ed. J.M. Walker. Humana Press (2005) 967-982

3941

SAMUEL, M. HALL, H. KRZYMOWSKA, M. DRZEWIECKA, K. HENNIG, J. ELLIS, B.E.

SIPK signaling controls multiple components of harpin-induced cell death in tobacco.

Plant J. (2005) **42** 406-416

3942

KOZIOL, S. ZAGULSKI, M. BILINSKI, T. BARTOSZ, G.

Antioxidants protect the yeast *Saccharomyces cerevisiae* against hypertonic stress.

Free Radical Res. (2005) **39** 365-371

3943

KACZMAREK, P. JEŻOWSKA-BOJCZUK, M. GATNER, K. BAL, W.

Oxidative reactivity of Cu-TESHHK- and its alanine analogues.

Dalton T. (2005) **11** 1985-1988

3944

WAWRZYŃSKA, A.K. LEWANDOWSKA, M. HAWKESFORD, M.J. SIRKO, A.

Using a suppression subtractive library-based approach to identify tobacco genes regulated in response to short-term sulphur deficit.

J. Exp. Bot. (2005) **56** 1575-1590

3945

HOPKINS, L. PARMAR, S. BŁASZCZYK, A.K. HESSE, H. HOEFGEN, R. HAWKESFORD, M.J. *O*-acetylserine and the regulation of expression of genes encoding components for sulfate uptake and assimilation in potato.

Plant Physiol. (2005) **138** 433-440

3946

KAZIMIERCZUK, K. COVA, L. NDEBOKO, B. SZCZYRK, U. TARGOSZ, A. BRZOZOWSKI, T. SIRKO, A.

Genetic immunization of ducks for production of antibodies specific to *Helicobacter pylori* UreB in egg yolks.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 261-266

3947

FILIP, K. OLESZCZUK, M. WÓJCIK, A. CHUNG, N.N. SCHILLER, P.W. PAWLAK, D. ZIELENIK, A. PARCINŃSKA, A. WITKOWSKA, E. IZDEBSKI, J.

Cyclic enkephalin and dermorphin analogues containing a carbonyl bridge.

J. Pept. Sci. (2005) **11** 347-352

3948

GOCH, G. VDOVIENKO, S.I. KOZŁOWSKA, H. BIERZYŃSKI, A.

Anfinity of S100A1 protein for calcium increases dramatically upon glutathionylation.

FEBS J. (2005) **272** 2557-2565

3949

BAL, W. KASPRZAK, K.S.

Modeling of biological ligand binding.

In: **Handbook of Elemental Speciation II - Species in the Environment, Food, Medicine and Occupational Health**. Ed. R. Cornelis, J. Caruso, H. Crews, K. Heumann. Wiley (2005) 728-736

3950

HOFFMAN, M. GRYNBERG, M. KUCHARCZYK, R. RYTKA, J.

The CHiPS domain - ancient traces for the hermansky-pudlak syndrome.

Traffic (2005) **6** 534-538

3951

ŁOZIŃSKI, T. WIERZCHOWSKI, K.L.

Mg²⁺-modulated KMnO₄ reactivity of thymines in the open transcription complex reflects variation in the negative electrostatic potential along the separated DNA strands. Footprinting of *Escherichia coli* RNA polymerase complex at the λP_R promoter revisited.

FEBS J. (2005) **272** 2838-2853

3952

BRUECKNER, B. GARCIA BOY, R. SIEDLECKI, P. MUSCH, T. KLIEM, H.CH.

ZIELENKIEWICZ, P. SUHAI, S. WIESSLER, M. LYKO, F.

Epigenetic reactivation of tumor suppressor genes by a novel small-molecule inhibitor of human DNA methyltransferases.

Cancer Res. (2005) **65** 6305-6311

3953

ŚWIEŻEWSKA, E. DANIKIEWICZ, W.

Polyisoprenoids: structure, biosynthesis and function.

Prog. Lipid Res. (2005) **44** 235-258

3954

BĘBENEK, A. CARVER, G.T. KADYROV, F.A. KISSLING, G.E. DRAKE, J.W.

Processivity clamp gp45 and ssDNA-binding-protein gp32 modulate the fidelity of bacteriophage RB69 DNA polymerase in a sequence-specific manner, sometimes enhancing and sometimes compromising accuracy.

Genetics (2005) **169** 1815-1824

3955

KAMIENSKA-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 (2005) **34** 160-207

3956

SOKOŁOWSKA, M. BAL, W.

Cu(II) complexation by "non-coordinating" *N*-2-hydroxyethylpiperazine-*N'*-2-ethanesulfonic acid (HEPES buffer).

J. Inorg. Biochem. (2005) **99** 1653-1660

3957

SZCZERBAKOWA, A. BOŁTOWICZ, D. LEBECKA, R. RADOMSKI, P. WIELGAT, B.

Characteristics of the interspecific somatic hybrids *Solanum pinnatisectum* (+) *S. tuberosum* H-8105.

Acta Physiol. Plant. (2005) **27** 265-273

3958

SARNOWSKI, T.J. RIOS, G. JÁSIK, J. ŚWIEŻEWSKI, S.S. KACZANOWSKI, S. LI, Y.

KWIATKOWSKA, A. PAWLIKOWSKA, K.P. KOŻBIAŁ, M. KOŻBIAŁ, P. KONCZ, C.

JERZMANOWSKI, A.J.

SWI3 subunits of putative SWI/SNF chromatin-remodeling complexes play distinct roles during *Arabidopsis* development.

Plant Cell (2005) **17** 2454-2472

3959

JARMOŁA, A. RYPNIEWSKI, W.R. FELCZAK, K. RODE, W.

X-ray crystal and *Ab Initio* structures of 3',5'-di-*O*-Acetyl-*N*(4)-Hydroxy-2'-Deoxycytidine and its 5-Fluoro analogue: models of the *N*(4)-OH-dCMP and *N*(4)-OH-FdCMP molecules interacting with thymidylate synthase.

Struct. Chem. (2005) **16** 541-549

3960

NOWOSIELSKA, A. WRZESIŃSKI, M. NIEMINUSZCZY, J. JANION, C. GRZESIUK, E.

Mutator activity and specificity of *Escherichia coli* *dnaQ49* allele - effect of *umuDC* products.

Mutat. Res. (2005) **575** 113-122

3961

KUBAŃ, W. BANACH-ORŁOWSKA, M. BIAŁOSKÓRSKA, M. LIPOWSKA, A. SCHAAPER, R.M. JONCZYK, P. FIJAŁKOWSKA, I.J.

Mutator phenotype resulting from DNA polymerase IV overproduction in *Escherichia coli*: preferential mutagenesis on the lagging strand.

J. Bacteriol. (2005) **187** 6862-6866

3962

FLIS, K. HINZPETER, A. EDELMAN, A. KURLANDZKA, A.

The functioning of mammalian CIC-2 chloride channel in *Saccharomyces cerevisiae* cells requires an increased level of Khl1p.

Biochem. J. (2005) **390** 655-664

3963

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

DNA polymerase II as a fidelity factor in chromosomal DNA synthesis in *Escherichia coli*.

Mol. Microbiol. (2005) **58** 61-70

3964

POZNAŃSKI, J. SZYMAŃSKI, J. BASIŃSKA, T. SŁOMKOWSKI, S. ZIELENKIEWICZ, W.
Aggregation of aqueous lysozyme solutions followed by dynamic light scattering and ^1H NMR spectroscopy.
J. Mol. Liq. (2005) **121** 21-26

3965

POZNAŃSKI, J.
Partial molar volume as an important thermodynamics parameter. Application for uracil methyl derivatives.
J. Mol. Liq. (2005) **121** 15-20

3966

ZIELENKIEWICZ, U. CEGŁOWSKI, P.
The toxin-antitoxin system of the streptococcal plasmid pSM19035.
J. Bacteriol. (2005) **187** 6094-6105

3967

POZNAŃSKI, J.
The role of aqueous solvent in stabilization/destabilization inter- and intramolecular interactions.
In: Thermodynamics for Environment. Ed. P. Gierycz and I. Zięborak-Tomaszkiewicz, Centre of Excellence TALES, Institute of Physical Chemistry of the Polish Academy of Sciences based on the Third Summer School of Thermodynamics, Zakopane, Poland, 11-17 September 2005. Institute of Physical Chemistry of PAS (2005) 181-195

3968

HONG, S.S. SZOŁAJSKA, E. SCHOEHN, G. FRANQUEVILLE, L. MYHRE, S. LINDHOLM, L. RUIGROK, R.W.H. BOULANGER, P. CHROBOCZEK, J.
The 100K-chaperone protein from adenovirus serotype 2 (Subgroup C) assists in trimerization and nuclear localization of hexons from subgroups C and B adenoviruses.
J. Mol. Biol. (2005) **352** 125-138

3969

MESQUITA, R.D. OLIVEIRA, F.M.B.de SHUGAR, D. FANTAPPIÉ, M.R. SILVA-NETO, M.A.
Nitrophorin synthesis is modulated by protein kinase CK2.
Biochem. Bioph. Res. Co. (2005) **335** 690-699

3970

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK, T. KOK, J. RENAULT, P. BARDOWSKI, J.
Alternative lactose catabolic pathway in *Lactococcus lactis* IL1403.
Appl. Environ. Microb. (2005) **71** 6060-6069

3971

OLEJNIK, K. KRASZEWSKA, E.
Cloning and characterization of an *Arabidopsis thaliana* nudix hydrolase homologous to the mammalian GFG protein.
Biochim. Biophys. Acta - Proteins Proteom. (2005) **1752** 133-141

3972

DRAKE, J.W. BĘBENEK, A. KISSLING, G.E. PEDDADA, S.
Clusters of mutations from transient hypermutability.
PNAS (2005) **102** 12849-12854

3973

GÓRECKA, K.M. KONOPKA-POSTUPOLSKA, D. HENNIG, J. BUCHET, R. PIKUŁA, S.
Peroxidase activity of annexin 1 from *Arabidopsis thaliana*.
Biochem. Bioph. Res. Co. (2005) **336** 868-875

3974

MIŃCZUK, M. MROCZEK, S. PAWLAK, S.D. STEPIEŃ, P.P.
Human ATP-dependent RNA/DNA helicase *hSuv3p* interacts with the cofactor of survivin HBXIP.
FEBS J. (2005) **272** 5008-5019

3975

MINCZUK, M. LILPOP, J. BOROS, J. STEPIEŃ, P.P.

The 5' region of the human *hSUV3* gene encoding mitochondrial DNA and RNA helicase: Promoter characterization and alternative pre-mRNA splicing.

Biochim. Biophys. Acta - Gene Struct. Expr. (2005) **1729** 81-87

3976

KOWALSKA, J. LEWDOROWICZ, M. ZUBEREK, J. BOJARSKA, E. WÓJCIK, J. COHEN, L.S. DAVIS, R.E. STEPİŃSKI, J. STOLARSKI, R. DARZYŃKIEWICZ, E. JEMIELITY, J.

Synthesis and properties of mRNA cap analogs containing phosphorothioate moiety in 5',5'-triphosphate chain.

Nucleos. Nucleot. Nucl. Acids (2005) **24** 595-600

3977

PAŁUCHA, A. ŁONIEWSKA, A. SATHESHKUMAR, S. BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M. UMASHANKAR, M. MILNER, M. HAENNI, A.-L. SAVITHRI, H.S.

Virus-like particles: models for assembly studies and foreign epitope carriers.

Prog. Nucleic Acid Re. (2005) **80** 135-168

3978

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

Spectroscopic and kinetic studies of interactions of calf spleen purine nucleoside phosphorylase with 8-azaguanine, and its 9-(2-phosphonylmethoxyethyl) derivative.

Nucleos. Nucleot. Nucl. Acids (2005) **24** 459-464

3979

BRETNER, M. BAIER, A. KOPAŃSKA, K. NAJDA, A. SCHOOF, A. REINHOLZ, M. LIPNIACKI, A. PIASEK, A. KULIKOWSKI, T. BOROWSKI, P.

Synthesis and biological activity of 1*H*-benzotriazole and 1*H*-benzimidazole analogues - inhibitors of the NTPase/helicase of HCV and of some related *Flaviviridae*.

Antivir. Chem. Chemoth. (2005) **16** 315-326

3980

KAMIŃSKA, J. WYSOCKA-KAPCIŃSKA, M. SMACZYŃSKA-de ROOIJ, I. RYTKA, J. ŻOŁĄDEK, T.

Pan1p, an actin cytoskeleton-associated protein, is required for growth of yeast on oleate medium.

Exp. Cell Res. (2005) **310** 482-492

3981

KWAPISZ, M. CHOŁBIŃSKI, P. HOPPER, A.K. ROUSSET, J.P. ŻOŁĄDEK, T.

Rsp5 ubiquitin ligase modulates translation accuracy in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

RNA (2005) **11** 1710-1718

3982

SULUJA, E. STROKOVSKAYA, L. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W. PAŁUCHA, A.

Virus-like particles of potato leafroll virus as potential carrier system for nucleic acids.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** 699-702

3983

TOWPIK, J. KUTNER, J. BOGUTA, M.

Expression of mitochondrial release factor in relation to respiratory competence in yeast.

Curr. Genet. (2005) **48** 101-108

3984

SZCZEGIELNIAK, J. KLIMECKA, M.M. LIWOSZ, A. CIESIELSKI, A. KACZANOWSKI, S. DOBROWOLSKA, G. HARMON, A.C. MUSZYŃSKA, G.

A wound-responsive and phospholipid-regulated maize calcium-dependent protein kinase.

Plant Physiol. (2005) **139** 1970-1983

3985

KIERZEK, A.M.

Simulation of biochemical networks.

In: **Encyclopedia of Genetics, Genomics, Proteomics and Bioinformatics**. Eds. M.J. Dunn et al. John Wiley & Sons, Hoboken, NJ, 2005, vol. 8, 3577-3585

3986

BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M. HAENNI, A.-L.

RNA viruses redirect host factors to better amplify their genome.

Adv. Virus Res. (2005) **65** 29-61

3987

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

Nowa1p and Nowa2p: novel putative RNA binding proteins involved in *trans*-nuclear crosstalk in *Paramecium tetraurelia*.

Curr. Biol. (2005) **15** 1616-1628

3988

LEWANDOWSKA, M. WAWRZYŃSKA, A.K. KAMIŃSKA, J. LISZEWSKA, F. SIRKO, A.

Identification of novel genes of *Nicotiana tabacum* regulated by short-term sulfur starvation.

In: **Sulfur Transport and Assimilation in Plants in the Post Genomic Era**. Ed. K. Saito et al. Backhuys Publishers (2005) 153-156

3989

KŁUDKIEWICZ, B. KODRIK, D. GRZELAK, K. NIRMALA, X. SEHNAL, F.

Structurally unique recombinant Kazal-type proteinase inhibitor retains activity when terminally extended and glycosylated.

Protein Express.Purif. (2005) **43** 94-102

3990

ZIEŃ, P. DUNCAN, J. SKIERSKI, J. BRETNER, M. LITCHFIELD, D.W. SHUGAR, D.

Tetrabromobenzotriazole (TBBt) and tetrabromobenzimidazole (TBBz) as selective inhibitors of protein kinase CK2: Evaluation of their effects on cells and different molecular forms of human CK2.

Biochim.Biophys.Acta (2005) **1754** 271-280

3991

WĘGRZYN, G. WĘGRZYN, A.

Genetic switches during bacteriophage λ development.

Prog.Nucleic Acid Re. (2005) **79** 1-47

3992

WĘGRZYN, G. KURLEND, J. LIBEREK, A. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. CZARTORYSKA, B.

PIOTROWSKA, E. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. WĘGRZYN, A.

Atypical microbial infections of digestive tract may contribute to diarrhea in mucopolysaccharidosis patients: a MPS I case study.

BMC Pediatr. (2005) **5** 9

3993

JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. KLOSKA, A. STEPNOWSKA, M. BANECKI, B. WĘGRZYN, A.

WĘGRZYN, G.

A bacterial model for studying effects of human mutations in vivo: *Escherichia coli* strains mimicking a common polymorphism in the human *MTHFR* gene.

Mutat. Res.-Fund. Mol. M. (2005) **578** 175-180

3994

KLOSKA, A. BOHDANOWICZ, J. KONOPA, G. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. JAKÓBKIEWICZ-

BANECKA, J. CZARTORYSKA, B. LIBEREK, A. WĘGRZYN, A. WĘGRZYN, G.

Changes in hair morphology of mucopolysaccharidosis I α -L-Iduronidase (Laronidase, Aldurazyme).

Am.J.Med.Gen. (2005) **139A** 199-203

3995

WĘGLEWSKA, A. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. WĘGRZYN, G.
A modified procedure for quantitative analysis of mrDNA, detecting mtDNA depletion.
J.Appl.Genet. (2005) **46** 423-428

3996

GABIG-CIMINSKA, M. LIU, Y. ENFORS, S.-O.
Gene-based identification of bacterial colonies with an electric chip.
Anal.Biochem. (2005) **345** 270-276

3997

CZYŻ, A. ZIELKE, R. WĘGRZYN, G.
A novel *Virbio hraveyi* mutant with altered quorum sensing regulation.
Oceanol.Hydrobiol.Stud. (2005) **34** 55-61

3998

KOZAKIEWICZ, J. GAJEWSKA, M. ŁYŻEŃ, R. CZYŻ, A. WĘGRZYN, G.
Bioluminescence-mediated stimulation of photoreactivation in bacteria.
FEMS Microbiol. Lett. (2005) **250** 105-110

3999

PIOSIK, J. GWIZDEK-WIŚNIEWSKA, A. ULANOWSKA, K. OCHOCIŃSKI, J. CZYŻ, A. WĘGRZYN, G.
Methylxanthines (caffeine, pentoxifylline and theophylline) decrease the mutagenic effect of daunomycin, doxorubicin and mitoxantrone.
Acta Biochim.Pol. (2005) **52** 923-926

4000

DOMAŃSKA, K. ZIELIŃSKI, R. KUBIŃSKI, K. SAJNAGA, E. MASŁYK, M. BRETNER, M. SZYSZKA, R.
Different properties of four molecular forms of protein kinase CK2 from *Saccharomyces cerevisiae*.
Acta Biochim.Pol. (2005) **52** 947-951

4001

TOWPIK, J.
Regulation of mitochondrial translation in yeast.
Cell. Mol. Biol. Lett. (2005) **10** 571-594

ABSTRAKTY

2065/A

LEWANDOWSKA, M. WAWRZYŃSKA, A.K. KAMIŃSKA, J. LISZEWSKA, F. GAGANIDZE, D. SIRKO, A.

Identification of novel proteins of *Nicotiana tabacum* regulated by short term sulfur starvation.

6th International Workshop on Plant Sulfur Metabolism physiological, molecular biochemical, ecological, environmental, agricultural, nutritional, nutra-pharmaceutical aspects, May 17-21, 2005, Kazusa Akademia Center, Kisarazu, Chiba, Japan.

Program Abstracts O17

2066/A

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

Effect of TMV infection on the content of isoprenoids in the tobacco leaves.

Terpnet 2005, 20-23 April 2005, Wageningen, The Netherlands, organised by Plant Research International, Wageningen University and Research Centre, Wageningen, The Netherlands together with The Phytochemical Society of Europe.

Books of Abstracts p.64

2067/A

CIEPICHAŁ, E. WÓJCIK, J. ŚWIEŻEWSKA, E. BIENKOWSKI, T. DANIKIEWICZ, W. MARCZEWSKI, A. SIDHU, O.P. BEHL, H.M. XUAN CANH, L.

New aspects of polyprenol *cis/trans* isomerization in the Vietnamese and Indian flora.

Terpnet 2005, 20-23 April 2005, Wageningen, The Netherlands, organised by Plant Research International, Wageningen University and Research Centre, Wageningen, The Netherlands together with The Phytochemical Society of Europe.

Books of Abstracts p.75

2068/A

SKORUPIŃSKA-TUDEK, K. BIENKOWSKI, T. POZNAŃSKI, J. OLSZOWSKA, O. CHOJNACKI, T. MEYER, O. ROHMER, M. DANIKIEWICZ, W. ŚWIEŻEWSKA, E.

Biosynthesis of polyisoprenoid alcohols in hairy roots of *Coluria geoides*.

Terpnet 2005, 20-23 April 2005, Wageningen, The Netherlands, organised by Plant Research International, Wageningen University and Research Centre, Wageningen, The Netherlands together with The Phytochemical Society of Europe.

Book of Abstracts p.133

2069/A

ZELMAN-FEMIAK, M. SKORUPIŃSKA-TUDEK, K. OLSZOWSKA, O. PYTELEWSKA, A. CHOJNACKI, T. BIENKOWSKI, T. DANIKIEWICZ, W. ŚWIEŻEWSKA, E.

Polyisoprenoid alcohols from *in vitro* cultures and plant organs.

Terpnet 2005, 20-23 April 2005, Wageningen, The Netherlands, organised by Plant Research International, Wageningen University and Research Centre, Wageningen, The Netherlands together with The Phytochemical Society of Europe.

Book of Abstracts p.148

2070/A

EJCHART, A.

Examples of the nuclear magnetic relaxation in structural studies of biomolecules.

MPG/MOEL - Symposium, Magnetic Resonance in Physics, Chemistry, Biology, and Medicine, Berlin/Dresden, 25-25 Mai 2005, Max-Planck-Institut für Polymerforschung.

I 12

2071/A

RATAJCZYK, T. CZERSKI, I. KAMIENSKA-TRELA, K. SZYMAŃSKI, S. WÓJCIK, J.

¹J_{HC} couplings to the individual protons in a methyl group evidence of the methyl proton's engagement in hydrogen bonds.

MPG/MOEL - Symposium, Magnetic Resonance in Physics, Chemistry, Biology, and Medicine, Berlin/Dresden, 25-25 Mai 2005, Max-Planck-Institut für Polymerforschung.

P 14

2072/A

ZHUKOV, I. POZNAŃSKI, J. GOZDEK, A. BRETNER, M.
BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M. KULIKOWSKI, T.
Inhibition of hepatitis C virus (HCV) helicase studied by heteronuclear NMR.
MPG/MOEL - Symposium, Magnetic Resonance in Physics, Chemistry, Biology, and Medicine,
Berlin/Dresden, 25-25 Mai 2005, Max-Planck-Institut für Polymerforschung.
P 16

2073/A

EJCHART, A.
Examples of the nuclear magnetic relaxation in structural studies of biomolecules.
AMPERE XIII NMR School, Zakopane - Poland, June 5-10, 2005, under the auspices of the
AMPERE Group and the Jagellonian University.
Abstracts p.58-59

2074/A

GOCH, G. VDOVIENKO, S.I. KOZŁOWSKA, H. BIERZYŃSKI, A.
Affinity of S100A protein for calcium increases dramatically upon glutathionylation. A possible link
between calcium- and redox-signaling.
VIth European Symposium of the Protein Society, 30 April - 4 May 2005, Barcelona.
Final Program & Abstracts 05-72 p.110

2075/A

BENTINGER, M. CHOJNACKI, T. ŚWIEŻEWSKA, E. DALLNER, G.
Regulation of coenzyme Q synthesis by endogenously modified intermediates.
4th Conference of the International Coenzyme Q10 Association, Los Angeles, April 14-17, 2005.

2076/A

KACZANOWSKI, R. DANSONKA-MIESZKOWSKA, A. KUPRYJAŃCZYK, J. ZAGÓRSKI-
OSTOJA, W. KUCHARCZYK, K.
The MSSCP method shows over 16\% higher analytical sensitivity than SSCP and 99\% repeatability
in PT53 gene polymorphism analysis.
The 7th International Meeting on Single Nucleotide Polymorphism and Complex Genome Analysis,
September 22-24, 2005. Hinckley Island Hotel, Hinckley, Leicestershire, UK.
Poster

2077/A

WAWRZYŃSKI, A. KOPERA, E. WAWRZYŃSKA, A.K. BAL, W. SIRKO, A.
Multitransgene approach towards elevation of the level of phytochelatins in tobacco - effects on
cadmium accumulation and thiol contents.
COST Action 859, Phytotechnologies to Promote Sustainable Land Use and Improve Food Safety, 1st
Scientific Workshop and Management Committee Meeting, 14-16 June 2005, Pisa - Italy.
Abstract Book p.185-186

2078/A

OLESZCZUK, M. EJCHART, A. BIERZYŃSKI, A.
Conformational studies of model fragments of calcium binding proteins.
EURESCO Conferences, NMR in Molecular Biology, EuroConference on Structural Genomics:
Structure, Dynamics and Interactions of Biomolecules, supported by the European Commission,
Research DG, Human Potential Programme High-Level Scientific Conferences, Höör (near Malmö),
Sweden, 20-25 August 2005.

2079/A

OLEJNIK, K. KRASZEWSKA, E.
Towards the elucidation of a physiological role of the AtNUDT4.1 protein, the *Arabidopsis thaliana*
homologue of the mammalian GFG proteins.
30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.
FEBS J. (2005) 272 A1-022P p.73-74

2080/A

WITKOWSKA-ZIMNY, M. STEC, E. ZAIM, J. HRYNIEWICZ, M.M.

Structural and functional analysis of the LysR- type Cbl transcriptional regulator from *Escherichia coli*.

30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.

FEBS J. (2005) 272 A2-082P p.102

2081/A

KACZANOWSKI, S. ZIELENKIEWICZ, P.

Evolutionary history of the eukaryotic interactome.

30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.

FEBS J. (2005) 272 A3-003 p.103

2082/A

WIECZOREK, G. ZIELENKIEWICZ, P.

Theoretical approach to the influence of macromolecular crowding on reaction rates.

30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.

FEBS J. (2005) 272 A3-047P p.115

2083/A

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

Valine to glycine substitution in dolichol binding site of the yeast dolichol kinase affects the cell wall integrity.

30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.

FEBS J. (2005) 272 C4-030P p.239

2084/A

ORŁOWSKI, J. JANIĆ, A. PALAMARCZYK, G.

Increased synthesis of dolichol compensates for defect in yeast cells defective in dolichylphosphate mannose synthase activity.

30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.

FEBS J. (2005) 272 C4-034P p.240-241

2085/A

SKONECZNY, M. ŚWIEŻEWSKA, E. SZKOPIŃSKA, A.

Activity of *Pichia pastoris* alternative cisprenyltransferase is correlated with methanol or oleic acid induced proliferation of peroxisomes.

30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.

FEBS J. (2005) 272 C4-038P p.242

2086/A

GOZDEK, A. POZNAŃSKI, J. ZHUKOV, I. STANKIEWICZ-DROGOŃ, A. BRETNER, M.

NAJDA, A. PAWŁOWICZ, J.M. BOROWSKI, P. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W. BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M.

Expression of hepatitis C virus (HCV) helicase domains and investigation of possible inhibition mechanism.

30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.

FEBS J. (2005) 272 G2-046P p.372

2087/A

SIEDLECKI, P. GARCIA BOY, R. BRUECKNER, B. SUHAI, S. LYKO, F. ZIELENKIEWICZ, P.

Novel small-molecule inhibitors of DNA methylation.

30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.

FEBS J. (2005) 272 K2-004 p.473

2088/A

LEWANDOWSKA, M. WEBER-DĄBROWSKA, B. SADOWY, E. KRZYSZTOŃ-RUSJAN, J.

GÓRSKI, A. ŁOBOCKA, M.B.

Preliminary characterization of a virulent staphylococcal bacteriophage of broad host specificity.

30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.

FEBS J. (2005) 272 L3-023P p.513

2089/A

LAMPKOWSKA, J.B. ŻYCKA, J. BARDOWSKI, J.

Intergeneric and intrageneric conjugal transfer of tetracycline resistance in *Lactococcus* SPP.

8th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Genetic, Metabolism and Applications, Egmond aan Zee, The Netherlands, August 28 to September 1, 2005. Federation of European Microbiological Societies, The Netherlands Society for Microbiology.

Book of Abstracts C 007

2090/A

ŻYCKA, J. LAMPKOWSKA, J.B. BARDOWSKI, J.

Identification and characterization of tetracycline resistance in *Lactococcus lactis*.

8th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Genetic, Metabolism and Applications, Egmond aan Zee, The Netherlands, August 28 to September 1, 2005. Federation of European Microbiological Societies, The Netherlands Society for Microbiology.

Book of Abstracts C 008

2091/A

KORYSZEWSKA, A. BARDOWSKI, J.

Genetic characterization the PIL7 plasmid from the *Lactococcus lactis* IL594 strain.

8th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Genetic, Metabolism and Applications, Egmond aan Zee, The Netherlands, August 28 to September 1, 2005. Federation of European Microbiological Societies, The Netherlands Society for Microbiology.

Book of Abstracts C 014

2092/A

GÓRECKI, R.K. BARDOWSKI, J.

Elements of plasmid: chromosome interactions in genetic structure of the PIL3 plasmid from the *Lactococcus lactis* IL594 strain.

8th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Genetic, Metabolism and Applications, Egmond aan Zee, The Netherlands, August 28 to September 1, 2005. Federation of European Microbiological Societies, The Netherlands Society for Microbiology.

Book of Abstracts C 016

2093/A

SZCZEPAŃSKA, A. BIDNENKO, E. BARDOWSKI, J. CHOPIN, M.-CH.

Recombination functions of *Lactococcus lactis* bacteriophage BIL67.

8th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Genetic, Metabolism and Applications, Egmond aan Zee, The Netherlands, August 28 to September 1, 2005. Federation of European Microbiological Societies, The Netherlands Society for Microbiology.

Book of Abstracts F 005

2094/A

HEJNOWICZ, M.S. BARDOWSKI, J.

Characterization of bacteriophage BIBB29 active against *Lactococcus lactis* SSP. *lactis* IL1403 and *Lactococcus lactis* SSP. *cremoris* MG1363.

8th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Genetic, Metabolism and Applications, Egmond aan Zee, The Netherlands, August 28 to September 1, 2005. Federation of European Microbiological Societies, The Netherlands Society for Microbiology.

Book of Abstracts F 006

2095/A

ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK, T. RENAULT, P. BARDOWSKI, J.

Efficiency of cre-dependent CCPA repression of beta-glucosides-specific PTS in *Lactococcus lactis* IL1403.

8th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Genetic, Metabolism and Applications, Egmond aan Zee, The Netherlands, August 28 to September 1, 2005. Federation of European Microbiological Societies, The Netherlands Society for Microbiology.

Book of Abstracts J 006

2096/A

KOWALCZYK, M. PŁOCHOCKA, D. BARDOWSKI, J.

Lactococcus lactis CCPA protein - structure and DNA binding capacity.

8th Symposium on Lactic Acid Bacteria, Genetic, Metabolism and Applications, Egmond aan Zee, The Netherlands, August 28 to September 1, 2005. Federation of European Microbiological Societies, The Netherlands Society for Microbiology.

Book of Abstracts J 007

2097/A

NIEMINUSZCZY, J. GRZESIUK, W. PŁAZIŃSKA, M.T. BOGDAŃSKA, M. KRUSZEWSKI, M. KRÓLICKI, L. BAR-ANDZIAK, E. GRZESIUK, E.

Evaluation of DNA damage and repair in autonomous thyroid nodules and peripheral blood lymphocytes in patients receiving 131-Iodine therapy.

35th Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society, "Environment and human genetic disease - Causes, mechanisms and effects", 3-7 July, Kos Island, Greece.

Abstracts and participant list

2098/A

EJCHART, A.

Examples of the nuclear magnetic relaxation in structural studies of biomolecules.

Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Biology and Medicine, 8-10 September 2005, Warszawa, Institute of Organic Chemistry Polish Academy of Sciences.

FL-20

2099/A

RATAJCZYK, T. WÓJCIK, J.

C-H⁺ hydrogen bonds in proteins.

Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Biology and Medicine, 8-10 September 2005, Warszawa, Institute of Organic Chemistry Polish Academy of Sciences.

L-33

2100/A

BERNATOWICZ, P. KOWALEWSKI, J. SANDSTRÖM, D.

NMR relaxation study of molecular dynamics in 1,8-bis(dimethylamino)naphthalene and its derivatives.

Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Biology and Medicine, 8-10 September 2005, Warszawa, Institute of Organic Chemistry Polish Academy of Sciences.

P-4

2101/A

JAREMKO, Ł. JAREMKO, M. FILIPEK, R. SZCZEPANOWSKI, R.H. BOCHTLER, M. ZHUKOV, I.

Sequence-specific assignment of the first catalytic cysteine half-domain of ubiquitin-activating enzyme.

Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Biology and Medicine, 8-10 September 2005, Warszawa, Institute of Organic Chemistry Polish Academy of Sciences.

P-14

2102/A

BAL, W. KRĘŻEL, A. NOWAKOWSKI, M. WÓJCIK, J.

Studies of Cu(I) XPA(101-137) complex.

Nuclear Magnetic Resonance in Chemistry, Biology and Medicine, 8-10 September 2005, Warszawa, Institute of Organic Chemistry Polish Academy of Sciences.

P-41

2103/A

BRETNER, M. NAJDA, A. KRAWCZYK, M. BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M. DOMAŃSKA, K. KULIKOWSKI, T.

Synthesis and inhibitory activity of tropolone derivatives against HCV NTPase/helicase and protein kinase CK2.

Sixth Tetrahedron Symposium, Challenges in Organic Chemistry, 29 June - 1 July 2005, Bordeaux, France, organized by Elsevier, in association with Drug Discovery Today.

Delegate Manual

2104/A

GAVRILENKO, T. ANTONOVA, O. THIEME, R. SZCZERBAKOWA, A. WIELGAT, B. Inheritance of chloroplast and mitochondrial DNAs in interspecific somatic hybrids of potato.

16th Triennial Conference of the EAPR, July 17-22, 2005, Bilbao, Basque Country.

Abstracts of Papers and Posters II Poster Presentations Poster 46 p.652-654

2105/A

KOWALCZYK, P. CIEŚLA, J.M. TUDEK, B.

Lipid peroxidation product, *trans*-4-hydroxy-2-nonenal, forms sequence-specific adducts to *P53* gene, DNA-DNA and DNA-protein cross-links.

9th International Conference on Environmental Mutagens & 36th Annual Meeting of The Environmental Mutagen Society, September 3-8, 2005, San Francisco.

Abstracts 324

2106/A

GRZELAK, K. KŁUDKIEWICZ, B. DĘBSKI, J. WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA, A. DADLEZ, M. LALIK, A. OŻYHAR, A. KOCHMAN, M.

Recombinant juvenile hormone binding protein secreted by *Pichia pastoris*: structure and function.

5th Parnas Conference "Molecular Mechanisms of Cellular Signaling", April 26-29, 2005, Kiev, Ukraine.

Ukr. Biochim Żurn. (2005) 77 p.22

2107/A

MILNER, M. GRZELAK, K. KŁUDKIEWICZ, B. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W.

Small proteinase inhibitors - powerful protein bodyguards.

5th Parnas Conference "Molecular Mechanisms of Cellular Signaling", April 26-29, 2005, Kiev, Ukraine.

Ukr. Biochim Żurn. (2005) 77 p.28

2108/A

WINIARSKA, B. LALIK, A. GRZELAK, K. KŁUDKIEWICZ, B. OŻYHAR, A. KOCHMAN, M.

Analysis of amino acids function in juvenile hormone binding protein molecule from *Galleria mellonella*.

5th Parnas Conference "Molecular Mechanisms of Cellular Signaling", April 26-29, 2005, Kiev, Ukraine.

Ukr. Biochim Żurn. (2005) 77 p.252

2109/A

RODNIN, M. SZOŁAJSKA, E. CHROBOCZEK, J.

Adenovirus dodecahedron, a vector for the direct delivery of therapeutic factors.

5th Parnas Conference "Molecular Mechanisms of Cellular Signaling", April 26-29, 2005, Kiev, Ukraine.

Ukr. Biochim Żurn. (2005) 77 p.222

2110/A

GRZESIUK, W. NIEMINUSZCZY, J. PŁAZIŃSKA, M.T. BOGDAŃSKA, M. KRUSZEWSKI, M. KRÓLICKI, L. BAR-ANDZIAK, E. GRZESIUK, E.

Wpływ radiojodu na DNA komórek guzka autonomicznego tarczycy i limfocytów krwi obwodowej u pacjentów z nadczynnością tarczycy.

XVIII Zjazd Polskiego Towarzystwa Endokrynologicznego, Kraków, 22-25.09.2005.

Pol. J. Endocr. (2005) 56 53 s.598

2111/A

BIELEŃ, A. KOWALCZYK, P. TUDEK, B.

Cell death and DNA desintegration by induction of adaptive response in *E.coli* bearing heavily alkylated plasmid DNA.

Responses to DNA Damage: Insights from Chemical, Biochemical, Structural Biology and Cellular Studies, 19-21 September 2005, University of Sussex, Brighton, UK.

Book of Abstracts P75

2112/A

KRWAWICZ, J. PIETRZYKOWSKA, I.

In vivo evidences that UV(254 nm)- and MMS-induced BER is mutagenic repair in SOS-induced *E. coli* cells.

Responses to DNA Damage: Insights from Chemical, Biochemical, Structural Biology and Cellular Studies, 19-21 September 2005, University of Sussex, Brighton, UK.

Book of Abstracts P66

2113/A

MADDUKURI, L. CHRISTIANSEN, M. STEVNSNER, T. WÓJCIK, A. TUDEK, B.

The lipid peroxidation product *trans*-4-hydroxy-2- nonenal affects transcription - coupled repair and increases genomic instability in mammalian cells.

Responses to DNA Damage: Insights from Chemical, Biochemical, Structural Biology and Cellular Studies, 19-21 September 2005, University of Sussex, Brighton, UK.

Book of Abstracts P25

2114/A

LEWANDOWSKA, M. WAWRZYŃSKA, A.K. SIRKO, A.

Identification and preliminary characteristics of several novel tobacco genes regulated by sulfur deficiency stress.

2nd Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology; Poznań, September 26th-29th, 2005 (Abstracts).

Biological Lett. (2005) 42 G09 s.218

2115/A

LISZEWSKA, F. SIRKO, A.

Identification and characteristics of tobacco clones encoding an organellar isoform of serine acetyltransferase and a cytosolic isoform of cysteine synthase.

2nd Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology; Poznań, September 26th-29th, 2005 (Abstracts).

Biological Lett. (2005) 42 G10 s.219

2116/A

KAMIŃSKA, J. LEWANDOWSKA, M. WAWRZYŃSKA, A.K. GAGANIDZE, D. LISZEWSKA, F. SIRKO, A.

Using yeast two-hybrid system for identification of the proteins interacting with the product of a novel plant gene induced by sulfur deficiency stress.

2nd Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology; Poznań, September 26th-29th, 2005 (Abstracts).

Biological Lett. (2005) 42 s.215-216

2117/A

BOŁTOWICZ, D. SZCZERBAKOWA, A. WIELGAT, B.

Cytogenetic analysis of interspecific somatic hybrids between *Solanum tuberosum* and *Solanum nigrum*.

2nd Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology; Poznań, September 26th-29th, 2005 (Abstracts).

Biological Lett. (2005) 42 G03 s.214

2118/A

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

Oxidative stress and the antioxidant status in *Solanum* species leaves treated with elicitor from *Phytophthora infestans*.

2nd Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology; Poznań, September 26th-29th, 2005 (Abstracts).

Biological Lett. (2005) **42** 204-205

2119/A

KLIMECKA, M.M. SZCZEGIELNIAK, J. KOPER, L. KOŚLIŃSKI, A. MUSZYŃSKA, G.

Searching for inhibitors of CDPK as potential drugs against parasites?

IPK2005, 4th International Conference Inhibitors of Protein Kinases and Workshop on Modelling Recognition Processes, June 25-29, 2005, Warsaw, Poland.

Cell. Mol. Biol. Lett. (2005) **10** Suppl. 2 p.107

2120/A

ZIEŃ, P. LITCHFIELD, D.W. DUNCAN, J. SKIERSKI, J. BRETNER, M. SHUGAR, D.

Tetrabromobenzotriazole (TBBt) and tetrabromobenzimidazole (TBBz): selective inhibitors of protein kinase CK2, and their influence on activities of different forms of human CK2, and on the cells.

IPK2005, 4th International Conference Inhibitors of Protein Kinases and Workshop on Modelling Recognition Processes, June 25-29, 2005, Warsaw, Poland.

Cell. Mol. Biol. Lett. (2005) **10** Suppl. 2 p.141-142

2121/A

WITEK, A. WITEK, K. BARABASZ, A. KRZYMOWSKA, M. BIENIAK, B. CHARZYŃSKA, M. ZEBROWSKI, J. HENNIG, J.

Characterization of *glub 20-2* gene product - a novel β -1,3-glucanase involved both in pathogenesis and development of potato (*Solanum tuberosum*).

2nd Solanaceae Genome Workshop 2005, September 25-29, 2005, Hotel Continental Terme - Ischia, Italy.

Book of Abstracts P27 p.188

2122/A

KONOPKA-POSTUPOLSKA, D. GÓRECKA, K.M. PIKUŁA, S. VOIGT, B. BALUSKA, F. HENNIG, J.

Actin-annexin relationships in stress signaling.

XVII International Botanical Congress, Vienna, Austria, Europe, Austria Center Vienna, 17-23 July 2005.

Abstracts 1.3.3 p.9

2123/A

KRZYMOWSKA, M. KONOPKA, D. MACIOSZEK, V. HENNIG, J.

Molecular characterization of hypersensitive response-like reactions in tobacco plants infected with different pathovars of *Pseudomonas syringae*.

PSEUDOMONAS, 10th International Congress, August 27-31, 2005, Marseille (France).

Abstract Book P239 p.173

2124/A

HENNIG, J. KONOPKA, D. GÓRECKA, K.M. PIKUŁA, S.

Is annexin 1 an element of cellular defense response in *Arabidopsis thaliana*?

IX Conference on Cell Biology, September 15-17, 2005, Łódź, Poland.

Folia Histochem. Cyto. (2005) **43** Suppl. 1 p.137

2125/A

HENNIG, J.

Plant-microbe-interactions - a unique type of the stress.

2nd Conference Polish Society of Experimental Plant Biology, Poznań, September 26-29, 2005.

Biological Lett. (2005) **42** FIII p.108-109

2126/A

KONOPKA, D. GÓRECKA, K.M. PIKUŁA, S. HENNIG, J.

Annexin 1 - a new player in stress response in *Arabidopsis*.

2nd Conference Polish Society of Experimental Plant Biology, Poznań, September 26-29, 2005.

Biological Lett. (2005) **42** Poster Oxidative stress 04 **p.196**

2127/A

GÓRECKA, K.M. KONOPKA-POSTUPOLSKA, D. HENNIG, J. PIKUŁA, S.

Redox potential influences oligomerization state of annexin 1 (AnnAt1) from *Arabidopsis thaliana*.

2nd Conference Polish Society of Experimental Plant Biology, Poznań, September 26-29, 2005.

Biological Lett. (2005) **42** Poster Oxidative stress 02 **p.195**

2128/A

KRZYMOWSKA, M. KONOPKA, D. MACIOSZEK, V. HENNIG, J.

Does cell death morphotype determine plant systemic response?

2nd Conference Polish Society of Experimental Plant Biology, Poznań, September 26-29, 2005.

Biological Lett. (2005) **42** Poster Plant-pathogen and plant-insect interaction 04 **p.202**

2129/A

NAJDA, A. KOPAŃSKA, K. ŁEBSKA, M. DOMAŃSKA, K. ODOLCZYK, N. SZYSZKA, R. BRETNER, M.

New alkyl-derivatives of 4,5,6,7-tetrabromo-1H-benzotriazole - inhibitors of protein kinase CK2.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** Suppl.1 P8.27 **p.137**

2130/A

PILECKI, M. KORSZEŃ-PILECKA, I. DOMAŃSKA, K. KOCKI, J. BRETNER, M. SZYSZKA, R. WOJCIEROWSKI, J.

Protein kinase CK2 inhibitors induce apoptosis in cancer transformed cell lines.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** Suppl.1 P8.33 **p.139-140**

2131/A

SZCZERBAKOWA, A.

Międzygatunkowe mieszańce somatyczne *Solanum*.

Warsztaty Naukowe: "Haploidy i linie podwojonych haploidów w genetyce i hodowli roślin" oraz "Mieszańce oddalone roślin uprawnych", 18-21 października 2005, Inowrocław.

Streszczenia wykładów i posterów s.69

2132/A

BOŁTOWICZ, D. SZCZERBAKOWA, A. WIELGAT, B.

Selekcja mieszańców somatycznych *Solanum* z zastosowaniem markerów molekularnych.

Warsztaty Naukowe: "Haploidy i linie podwojonych haploidów w genetyce i hodowli roślin" oraz "Mieszańce oddalone roślin uprawnych", 18-21 października 2005, Inowrocław.

Streszczenia wykładów i posterów s.76

2133/A

BAIER, A. SIWECKA, M.A. KULIKOWSKI, T.

Expression of hepatitis C virus NS3 protein and inhibitors of its helicase activity.

1 Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

A1 s.28

2134/A

GAJEWSKA, J. FATEK, R. KOZIEŁ, M. ROGOWSKA, M. JANKOWSKI, W.

Bioactivity of plant extracts as natural substitutes of antibiotics.

1 Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

A7 s.34

2135/A

KOWALCZYK, P. BIELEŃ, A. JAWOREK, J. SOKOŁOWSKA, B. LAUBITZ, D. ZABIELSKI, R. TUDEK, B.

Modification of the rate of oxidative DNA damage repair by dietary factors and inflammation in newborn pigs and rats.

COSCANCER, Chronic oxidative stress and cancer: Mechanisms, biomarkers and prevention, Venue: Communication Center, H1 German Cancer Research Center (DKFZ), Im Neuenheimer Feld, 280 Heidelberg, Germany, 23-26 October 2005.

Program & Abstracts p.21

2136/A

TUDEK, B. RUSIN, B. MADDUKURI, L. KOMISARSKI, M. KUŚMIEREK, J.T. STEVNSNER, T. ZDZIENICKA, M.Z.

Repair pathways of lipid peroxidation product, *trans*-4-hydroxy-2-nonenal adducts to DNA bases in bacterial and mammalian cells.

COSCANCER, Chronic oxidative stress and cancer: Mechanisms, biomarkers and prevention, Venue: Communication Center, H1 German Cancer Research Center (DKFZ), Im Neuenheimer Feld, 280 Heidelberg, Germany, 23-26 October 2005.

Program & Abstracts p.29

2137/A

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

Interaction of eukaryotic initiation translation factor eIF4E with potato virus Y terminal protein VPg.

5th Symposium on Post-Transcriptional Regulation of Plant Gene Expression (PTRoPGE): June 8-12, 2005 at The University of Texas at Austin.

2138/A

KOWALCZYK, P. CIEŚLA, J.M. TUDEK, B.

Lipid peroxidation product, *trans*-4-hydroxy-2-nonenal, forms sequence-specific adducts to p53 gene, DNA-DNA and DNA-protein cross-links.

EEMS 2005, 35th Annual Meeting of the European Environmental Mutagen Society, "Environment and human genetic disease - Causes, mechanisms and effects", 3-7 July, Kos Island, Greece.

Abstracts and participant list P6 p.63

2139/A

PEKALA, I. KELNER, A. DOBROWOLSKA, G.

Study on the biological function of *Nicotiana tabacum* osmotic stress activated protein kinase (NTOSAK).

2nd Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology; Poznań, September 26th-29th, 2005 (Abstracts).

Biological Lett. (2005) 42 211

2140/A

ŁEBSKA, M. SZCZEGIELNIAK, J. GNATOWSKA, E. MORO, S. PINNA, L.A.

DOBROWOLSKA, G. MUSZYŃSKA, G.

A homolog of catalytic subunit of CK2 α in maize.

2nd Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology; Poznań, September 26th-29th, 2005 (Abstracts).

Biological Lett. (2005) 42 A19 p.122-123

2141/A

KLIMECKA, M.M. SZCZEGIELNIAK, J. KOPER, L. MUSZYŃSKA, G.

Calcium-dependent protein kinase from maize (ZmCPK11) activated by phospholipids.

2nd Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology; Poznań, September 26th-29th, 2005 (Abstracts).

Biological Lett. (2005) 42 G06 p.216

2142/A

KLIMECKA, M.M. SZCZEGIELNIAK, J. MUSZYŃSKA, G.

Regulation of ZmCPK11 activity by phosphatidic acid.

Protein Phosphorylation in Plant Signaling 2005, Oct. 20 - 21 2005, International Congress Center

"Epochal Tsukuba", Takezono 2-20-3, Tsukuba, Ibaraki 305-0032, Japan.

Poster Abstracts P10 p.59

2143/A

PEKALA, I. MALAGOCKI, P. KELNER, A. KOPER, L. DOBROWOLSKA, G.

Osmotic stress-activated protein kinase from tobacco (NtOSAK). Studies on mechanism of the kinase activation and its involvement in plant response to various abiotic stresses.

Protein Phosphorylation in Plant Signaling 2005, Oct. 20 - 21 2005, International Congress Center

"Epochal Tsukuba", Takezono 2-20-3, Tsukuba, Ibaraki 305-0032, Japan.

Poster Abstracts P-14 p.63

2144/A

SZCZEGIELNIAK, J. KLIMECKA, M.M. MUSZYŃSKA, G.

A novel maize calcium-dependent protein kinase responsive to wounding.

International Conference on the Frontiers of Plant Molecular Biology, CAS, Oct.26-29, 2005, Shanghai, China.

p.108

2145/A

PODWIŃSKA, R. LEBSKA, M. MUSZYŃSKA, G. FELCZAK, K.

Synthesis, and inhibitory activities vs protein kinase CK2, of some substituted halogeno benzotriazole analogues.

IPK2005, 4th International Conference Inhibitors of Protein Kinases and Workshop on Modelling Recognition Processes, June 25-29, 2005, Warsaw, Poland.

Cell. Mol. Biol. Lett. (2005) 10 Suppl. 2 p.

2146/A

ZAGÓRSKI-OSTOJA, W. KACZANOWSKI, S. MILNER, M.

"Lonely" and "social" domains - a structural constraint of probability of domain shuffling.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) 52 Suppl.1 OL

2147/A

STĘPIEŃ, P.P.

Human genes controlling metabolism of mitochondrial RNA.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) 52 Suppl.1 PAL

2148/A

BARTNIK, E.

The mitochondrial genome.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) 52 Suppl.1 L1.1

2149/A

KŁOSKA, A. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. CZARTORYSKA, B. WĘGRZYN, G.

Nonrandom inactivation of the X-chromosome in a girl with hunter disease.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) 52 Suppl.1 OP1.4 p.8-9

2150/A

ŁYŻEŃ, R. SZALEWSKA-PALAŚ, A. WĘGRZYN, G. WĘGRZYN, A.

Two GATC sites are necessary and sufficient for stimulation of bacteriophage lambda pR promoter by SeqA protein.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) 52 Suppl.1 OP1.8 p.10

2151/A

BOGUTA, M.

Negative regulation of RNA polymerase III transcription by Maf1 protein.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** Suppl.1 **L2.2**

2152/A

BORSUK, P. PRZYKORSKA, A. BŁACHNIO, K. KOPER, M. PAWŁOWICZ, J.M. PEKALA, M. WĘGLEŃSKI, P.

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

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** Suppl.1 **L2.3**

2153/A

ŁOŚ, M. GOLEC, P. CZYŻ, A. ŁOŚ, J.M. NEUBAUER, P. WĘGRZYN, G.

Development of phage lambda in slowly growing bacterial cultures.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** Suppl.1 P11.38 **p.180**

2154/A

DADLEZ, M.

Examples of application of mass spectroscopy in proteomics.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** Suppl.1 L3.4 **p.40**

2155/A

WYSŁOUCH-CIESZYŃSKA, A.

Concerted regulation of proteins by metal binding and specific cysteine S-nitrosylation.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** Suppl.1 L3.9 **p.41-42**

2156/A

DOBROWOLSKA, G. MUSZYŃSKA, G.

The involvement of plant protein kinases in stress signal transduction.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** Suppl.1 **L4.1**

2157/A

PIOTROWSKA, E. SKORUPA, E. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. WĘGRZYN, A. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. WĘGRZYN, G.

Inhibition of glycosaminoglycans synthesis - alternative treatment of mucopolysaccharidoses.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) **52** Suppl.1 P7.35 **p.110-111**

2158/A

BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M. STANKIEWICZ-DROGOŃ, A. GOZDEK, A. ZHUKOV, I. POZNAŃSKI, J. BRETNER, M. KOPAŃSKA, K. KRAWCZYK, M. ZAGÓRSKI-OSTOJA, W. KULIKOWSKI, T.

Mechanisms of action of hepatitis C virus (HCV) helicase inhibitors.

EMBO Conference, Helicases and NTP-Driven Nucleic Acid Machines. Structure, Function and Roles in Human Disease, July 5 - July 10, 2005, Arolla, Switzerland.

Poster p.11

2159/A

KRAWCZYK, M. STANKIEWICZ, A. BRETNER, M. NAJDA, A. KULIKOWSKI, T. BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA, A.M.

New inhibitors of hepatitis C virus (HCV) helicase.

EMBO Conference, Helicases and NTP-Driven Nucleic Acid Machines. Structure, Function and Roles in Human Disease, July 5 - July 10, 2005, Arolla, Switzerland.

Poster p.39b

2160/A

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

The Helicase activity of the hepatitis C virus (HCV) NS3 protein measured using a fluorometric assay. 5th Parnas Conference "Molecular Mechanisms of Cellular Signaling", Kiev, Ukraine, April 26-29, 2005.

Ukr. Biochim. Żurn. (2005) 77 p.160

2161/A

KOWALCZYK, P. BIELEŃ, A. SOKOŁOWSKA, B. LAUBITZ, D. ZABIELSKI, R. TUDEK, B. Modification of the rate of oxidative DNA damage repair by dietary factors and inflammation in newborn pigs.

Gliwice Scientific Meetings 2005, The 80th Anniversary of Professor Mieczysław Choraży, Gliwice, 18-19 XI 2005.

p.45

2162/A

SWOBODA, M. SPEINA, E. JANIK, J. GACKOWSKI, D. KOWALEWSKI, J. OLIŃSKI, R. ZAIM, J. TUDEK, B.

Activity, but not expression of OGG1 glycosylase is decreased in tumors of lung cancer patients.

30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.

FEBS J. (2005) 272 A4-061P **p.134-135**

2163/A

WIĘSYK, A. CANDRESSE, T. ZAGÓRSKI, W. GÓRA-SOCHACKA, A.

Using random-mutated genomic bank of potato spindle tuber viroid to screen for viable versions of viroid genome.

6th International Symposium in the Series Recent Advances in Plant Biotechnology, From Laboratory to Business, September 12-16, 2005, České Budějovice, Czech Republic.

Book of Abstracts p.99

2164/A

GÓRA-SOCHACKA, A. WIĘSYK, A. ZAGÓRSKI, W. CANDRESSE, T.

Construction of two genomic banks of potato spindle tuber viroid carrying a randomly mutated short region of the P_σ or TL domain.

6th International Symposium in the Series Recent Advances in Plant Biotechnology, From Laboratory to Business, September 12-16, 2005, České Budějovice, Czech Republic.

Book of Abstracts p.84

2165/A

EJCHART, A.

Determination of complex binding constants at not fast enough chemical exchange.

XXXVIII Ogólnopolskie Seminarium na Temat Magnetycznego Rezonansu Jądrowego i Jego Zastosowań, Instytut Fizyki Jądrowej PAN im. H. Niewodniczańskiego, Kraków, dnia 1 i 2 grudnia 2005.

Program

2166/A

JAREMKO, Ł. JAREMKO, M. FILIPEK, R. SZCZEPANOWSKI, R.H. BOCHTLER, M. ZHUKOV, I.

Sequence-specific assignment and secondary structure of the catalytic domain of protein from ubiquitination pathway.

XXXVIII Ogólnopolskie Seminarium na Temat Magnetycznego Rezonansu Jądrowego i Jego Zastosowań, Instytut Fizyki Jądrowej PAN im. H. Niewodniczańskiego, Kraków, dnia 1 i 2 grudnia 2005.

Program

2167/A

NOWAKOWSKI, M. EJCHART, A. BERNATOWICZ, P. DODZIUK, H.

Equilibrium constant determination by NMR. Advantages of lineshape analysis.

XXXVIII Ogólnopolskie Seminarium na Temat Magnetycznego Rezonansu Jądrowego i Jego Zastosowań, Instytut Fizyki Jądrowej PAN im. H. Niewodniczańskiego, Kraków, dnia 1 i 2 grudnia 2005.

Program**2168/A**

KOWALCZYK, P. CIEŚLA, J.M. TUDEK, B.

Repair kinetics of chloroacetaldehyde induced DNA lesions in *E. coli*.

2nd EU-US DNA Repair Meeting Endogenous Stress, Base Excision Repair and Related Processes, Erice, November 28-December 3, 2005.

A24**2169/A**

KOWALCZYK, P. BIELEŃ, A. JAWOREK, J. SOKOŁOWSKA, B. TUDEK, B.

Inflammation increases the rate of 8-oxoguanine repair and stimulates the development of preneoplastic changes in colons of newborn rats.

2nd EU-US DNA Repair Meeting Endogenous Stress, Base Excision Repair and Related Processes, Erice, November 28-December 3, 2005.

A25**170/A**

KRWAWICZ, J. PIETRZYKOWSKA, I.

BER is involved in UV and MMS-induced mutagenesis in SOS-induced *E. coli* cells.

2nd EU-US DNA Repair Meeting Endogenous Stress, Base Excision Repair and Related Processes, Erice, November 28-December 3, 2005.

A26**2171/A**

TUDEK, B.

Lipid peroxidation as an endogenous source of DNA damage and genome instability.

2nd EU-US DNA Repair Meeting Endogenous Stress, Base Excision Repair and Related Processes, Erice, November 28-December 3, 2005.

2172/A

SWOBODA, M. SPEINA, E. JANIK, J. ZAIM, J. TUDEK, B. GACKOWSKI, D. SIOMEK, A. KOWALEWSKI, J. OLŃSKI, R.

Activity, but not expression of *OGG1* glycosylase is decreased in tumors of lung cancer patients.

9th International Conference on Environmental Mutagens & 36th Annual Meeting of The Environmental Mutagen Society, September 3-8, 2005, San Francisco.

Abstracts p.122**2173/A**

TUDEK, B. RUSIN, B. MADDUKURI, L. KOMISARSKI, M. KUŚMIEREK, J.T. STEVNSNER, T. ZDZIENICKA, M.Z.

Repair pathways of lipid peroxidation product, *trans*-4-hydroxy-2-nonenal adducts to DNA bases in bacterial and mammalian cells.

9th International Conference on Environmental Mutagens & 36th Annual Meeting of The Environmental Mutagen Society, September 3-8, 2005, San Francisco.

Abstracts p.125**2174/A**

NIEMINUSZCZY, J. SIKORA, A. MACIEJEWSKA, A.M. WRZESIŃSKI, M. JANION, C. GRZESIUŁ, E.

ALKB protection against MMS-induced mutagenesis in *E. coli*. Effect of UMUD(D')C and alka proteins.

9th International Conference on Environmental Mutagens & 36th Annual Meeting of The Environmental Mutagen Society, September 3-8, 2005, San Francisco.

Abstracts p.110

2175/A

GRZESIUK, E. SIKORA, A. LUBAŃSKA, A. WOLINSKI, J. ZABIELSKI, R. LAUBITZ, D.
Gut myoelectrical activity induces heat shock proteins in *E. coli* and caco-2 cells and modifies apoptosis.

9th International Conference on Environmental Mutagens & 36th Annual Meeting of The Environmental Mutagen Society, September 3-8, 2005, San Francisco.

Abstracts p.166

2176/A

STAWIECKA, M. ŻOŁĄDEK, T.

Study of the interaction of ubiquitin-protein ligase Rsp5p with actin cytoskeleton proteins Bee1p Lsb1p in *S. cerevisiae*.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S54

2177/A

CHELSTOWSKA, A. RYTKA, J.

The universal solvent DMSO (dimethyl sulfoxide) affects genome stability in *S. cerevisiae*.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S70

2178/A

FIKUS-KRYŃSKA, M.U. KOPROWSKI, P. DZIERZBICKI, P. CIEŚLA, Z.

Dual role of *MSH1* in maintaining the stability of mitochondrial DNA of *Saccharomyces cerevisiae*.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S54

2179/A

TOWPIK, J. KUTNER, J. BOGUTA, M.

Expression of mitochondrial release factor in relation to respiratory competence in yeast.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S120

2180/A

KAMIŃSKA, J. WYSOCKA, M. SMACZYŃSKA-de ROOIJ, I. RYTKA, J. ŻOŁĄDEK, T.

Cytosolic and nuclear pools of Pan1p are required for growth of yeast on oleate medium.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S124

2181/A

ROGOWSKA, A. PUCHTA, O. CZARNECKA, A.M. KANIAK, A. STĘPIEŃ, P.P. GOLIK, P.

Mutations in yeast mitochondrial RNA polymerase genes partially suppress RNA processing defects due to the lack of mitochondrial degradosome function.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S135

2182/A

MALECKI, M. JEDRZEJCZAK, R. STĘPIEŃ, P.P. GOLIK, P.

In vitro activity and substrate specificity of the mitochondrial degradosome complex.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S136

2183/A

CIEŚLA, M. BALICKI, K. BOGUTA, M.

Point mutation in C128 subunit of the yeast RNA polymerase III compensates defect in regulation of the tRNA biosynthesis in the absence of Maf1.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S140

2184/A

JANKOWSKA, A. HATIN, I. NAMY, O. ROUSSET, J.P. BOGUTA, M.

Effect of the Prion [*PSI*⁺] on Expression of *COX5b* Gene Encoding Subunit of Cytochrome Oxidase in *Saccharomyces cerevisiae*.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S140

2185/A

BIANCHI, M.M. PICCINNI, E. CHEŁSTOWSKA, A. NEGRI, R. FRONTALI, L.

Functional characterization of Yaf9p, a component of the chromatin remodelling complexes NuA4 and SWR, with suppressor genetics and molecular tools.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S151

2186/A

MICIAŁKIEWICZ, A. SKONECZNA, A. SKONECZNY, M.

Functional analysis of *Saccharomyces cerevisiae* HSP31 gene, homolog of human DJ-1.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S161

2187/A

HOFFMAN-SOMMER, M. JASZCZA, A. RYTKA, J. KUCHARCZYK, R.

Multiple functions of the vacuolar sorting protein Ccz1p in *Saccharomyces cerevisiae*.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S169

2188/A

KALISZEWSKI, P. FERREIRA, T. GAJEWSKA, B. SZKOPİŃSKA, A. BERGES, T. ŻOŁĄDEK, T.

Enhanced level of Pis1p in *S. cerevisiae* allows for better growth of cells with unsaturated fatty acids deficiency caused by defect in Rsp5 ubiquitin ligase.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S170

2189/A

CHOŁBIŃSKI, P. LEWANDOWSKA, M. HOPPER, A.K. ŻOŁĄDEK, T.

Cytosolic pool of Rsp5 ubiquitin ligase is sufficient for proper intracellular tRNA distribution in *Saccharomyces cerevisiae*.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S188

2190/A

REMPOŁA, B. KARKUSIEWICZ, I. PIEKARSKA, I. RYTKA, J.

Faf1p associates with proteins required for biogenesis of small subunits of ribosomes.

The XXIInd International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology, Yeast 2005, Bratislava, Slovakia, August 7-12, 2005.

Yeast (2005) 22 Suppl.1 S204

2191/A

ŚWIEŻEWSKI, S.S. PUZIO, M. CREVILLEN, P. DEAN, C. JERZMANOWSKI, A.J.

The role of RNAi in flc regulation.

II Konferencja Polskiego Towarzystwa Biologii Eksperymentalnej Roślin, 26-29 września 2005 r., Poznań.

Abstract Book

2192/A

SARNOWSKI, T.J. RIOS, G. JÁSIK, J. ŚWIEŻEWSKI, S.S. KACZANOWSKI, S.

KWIATKOWSKA, A. PAWLIKOWSKA, K.P. KOŻBIAŁ, M. KOŻBIAŁ, P. KONCZ, C.

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

ATP-dependent chromatin remodeling and linker histones in regulation of plant development.

IX Conference on Cell Biology, September 15-17, 2005, Łódź, Poland.

Abstracts

2193/A

SARNOWSKI, T.J. JERZMANOWSKI, A.J.

Function of ATP-dependent chromatin remodeling in plant development.

Workshop "Gene expression and silencing in plants - from model to crop", IHAR (PBAI) Radzików, Poland, March 09-13, 2005

Session 4 p.22-23

2194/A

KURLANDZKA, A.

Sister chromatid cohesion complex - classical functions and new possibilities.

IX Conference on Cell Biology, September 15-17, 2005, Łódź, Poland.

Folia Histochem.Cyto. (2005) 43 Suppl.1 20

2195/A

CENA, A. KURLANDZKA, A.

Mutation in Irr1p/Scc3p, an element of sister chromatid cohesion complex of *Saccharomyces cerevisiae*, influences nucleus transmission to daughter cell.

IX Conference on Cell Biology, September 15-17, 2005, Łódź, Poland.

Folia Histochem.Cyto. (2005) 43 Suppl.1 p.13-14

2196/A

McINTYRE, J. PODLASKA, A. SKONECZNA, A. HAŁAS, A. LEDZIEWSKA-GÓJSKA, E.

Contribution of 20S proteasome activity to the modulation of translesion DNA synthesis in *S. cerevisiae*- the effect on spontaneous mutagenesis.

Keystone Symposia, Connecting the Scientific Community, Genome Instability and Repair, Sagebrush Inn and Conference Center, Taos, New Mexico, USA, March 15-20, 2005.

Abstract Book 204

2197/A

GRZESIUK, W. NIEMINUSZCZY, J. PŁAZIŃSKA, M.T. BOGDAŃSKA, M. KRUSZEWSKI, M.

KRÓLICKI, L. BAR-ANDZIAK, E. GRZESIUK, E.

Evaluation of DNA damage and repair in autonomous thyroid nodules and peripheral blood lymphocytes in patients receiving 131-Iodine therapy.

1. Polnisch-Deutsches Nuklearmedizin-Symposium - I Niemiecko-Polskie Sympozjum Medycyny Nuklearnej, Radiojodtherapie bei benignen Schilddrüsenerkrankungen - Leczenie radiojodem łagodnych chorób tarczycy, Frankfurt(Ordre) - Ślubice 4.02 - 5.02.2005.

Program

2198/A

OFICJALSKA, D. HARISMENDY, O. SMAGOWICZ, W.J. BOGUTA, M. SENTENAC, A.

LEFEBVRE, O.

MAF1-mediated regulation of RNA polymerase III transcription.

Mechanisms of Eukaryotic Transcription, Cold Spring Harbor, September, 2005.

Poster

2199/A

TOWPIK, J. CIEŚLA, M. BOGUTA, M.

Expression of yeast mitochondrial release factor in relation to its function in translation.

EMBO Conference on Protein Synthesis and Translational Control, EMBL Heidelberg, September 14-18, 2005.

p.246

2200/A

PILSYK, S. NATORFF, R. SIENKO, M. PASZEWSKI, A.

Two novel genes of *Aspergillus nidulans*: one encoding alternative sulfate transporter (*astA*), and the second putatively involved in the vesicular transport (*pigP*).

"Eurofung" Workshop, Sevilla, 16-18 November, 2005.

Abstracts p.8

2201/A

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

Tryptophan to glycine substitution in dolichol binding site of the yeast dolichol kinase affects the cell wall.

Glycoproteomics: Protein Modifications for Versatile Functions, Dubrovnik, Croatia, June 28-30, 2005.

2202/A

ORŁOWSKI, J. JANIK, A.

Increased synthesis of dolichol compensates for defect in yeast cells impaired in dolichylphosphate mannose synthase activity.

Glycoproteomics: Protein Modifications for Versatile Functions, Dubrovnik, Croatia, June 28-30, 2005.

2203/A

BRZYWCZY, J. KACPRZAK, M. PASZEWSKI, A.

Identification and characterization of dominant mutations in the *Aspergillus nidulans* *metR* gene encoding the transcriptional activator of sulphur metabolism.

"Eurofung" Meeting, Wageningen, Holland, May 18-20, 2005.

Abstracts p.12

2204/A

KANIAK, A. FIKUS, M.U. DZIERZBICKI, P. MALC, E. CIEŚLA, Z.

Mlh1 is involved in the maintenance of mitochondrial genome stability in *Saccharomyces cerevisiae*.

Keystone Symposia, Connecting the Scientific Community, Genome Instability and Repair, Sagebrush Inn and Conference Center, Taos, New Mexico, USA, March 15-20, 2005.

Abstract Book 140

2205/A

KURANDA, K. LEBERRE, V. SOKOL, S. PALAMARCZYK, G. FRANÇOIS, J.

Short-term responses to the loss of the cell integrity induced by cell wall drugs in yeast

Saccharomyces cerevisiae.

2nd Trends in Medical Mycology, 23-26 October 2005, Berlin, Germany.

2206/A

PIWOWAREK, M. PISARSKA, A. BARTOSIK, A.A. THOMAS, CH.M. JAGURA-BURDZY, G.

Polymerization mutants of ParB of *Pseudomonas aeruginosa*.

Workshop on chromosome duplication and segregation - International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology, Trieste, Italy, 2-5 May, 2005.

P28 p.108

2207/A

LASOCKI, K.W. MIKOSA, M.

Molecular characterization of ParA of *Pseudomonas aeruginosa* - a homologue of plasmid partitioning proteins.

Workshop on chromosome duplication and segregation - International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology, Trieste, Italy, 2-5 May, 2005.

P24 p.108

2208/A

MIERZEJEWSKA, J. BARTOSIK, A.A. MACIOSZEK, M. PISARSKA, A. THOMAS, CH.M.
JAGURA-BURDZY, G.

Dissection of ParB of *Pseudomonas aeruginosa*.

XIth International Congress of Bacteriology and Applied Microbiology "Microbes in a Changing World", July 23-28, 2005, San Francisco, USA.

Poster B-816

2209/A

JACEWICZ, A. MAKIEŁA, K. DRAKE, J.W. BEBENEK, A.

In vivo fidelity studies of RB69 DNA polymerase mutants.

Keystone Symposia, Connecting the Scientific Community, Genome Instability and Repair, Sagebrush Inn and Conference Center, Taos, New Mexico, USA, March 15-20, 2005.

Abstract Book 236 p.83

2210/A

FIJAŁKOWSKA, I.J. KUBAŃ, W. BANACH-ORŁOWSKA, M. BIAŁOSKÓRSKA, M. JONCZYK, P.

The role of DNA polymerase IV in chromosome DNA synthesis in *Escherichia coli*.

Keystone Symposia, Connecting the Scientific Community, Genome Instability and Repair, Sagebrush Inn and Conference Center, Taos, New Mexico, USA, March 15-20, 2005.

Abstract Book 210 p.77

2211/A

JASZCZUR, M. JONCZYK, P. FIJAŁKOWSKA, I.J.

Mechanisms of mismatch repair in *Escherichia coli* - different requirements of the MutH endonuclease activity on two replicating DNA strands.

Keystone Symposia, Connecting the Scientific Community, Genome Instability and Repair, Sagebrush Inn and Conference Center, Taos, New Mexico, USA, March 15-20, 2005.

Astract Book 238 p.84

2212/A

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

DNA polymerase II as a fidelity factor in chromosome DNA synthesis in *Escherichia coli*.

Keystone Symposia, Connecting the Scientific Community, Genome Instability and Repair, Sagebrush Inn and Conference Center, Taos, New Mexico, USA, March 15-20, 2005.

Abstract Book 240 p.84

2213/A

DOBRUK-SERKOWSKA, A. ŁOBOCKA, M.B.

Participation of the *Escherichia coli* IHF protein in the regulation of P1 plasmid partition genes.

I Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

2214/A

LEWANDOWSKA, M. WEBER-DĄBROWSKA, B. SADOWY, E. KRZYSZTOŃ-RUSJAN, J. GÓRSKI, A. ŁOBOCKA, M.B.

Characterization of a polyvalent staphylococcal bacteriophage A5W and identification of its potentially bacteriotoxic proteins.

I Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

2215/A

JUSZCZUK, O. ŁOBOCKA, M.B.

Dynamic behaviour of P1 plasmid partitioning atpase para.

I Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

2216/A

AARTS, H. BERRUTI, G. DANIELSEN, M. MAYO, B. MARGOLLES, A. FLÓREZ, B. GONZÁLEZ, C. HOLCK, A. AXELSSON, L. LAMPKOWSKA, J.B. ŻYCKA, J. BARDOWSKI, J. HUYS, G. LINDMARK, H. HOEK, A. van MORELLI, L.

Genetic mechanisms of resistance in lactic acid bacteria.

3rd Probiotics & Prebiotics New Food, Rome, Università Urbaniana, September 4/6, 2005.

Abstracts p.1-3

217/A

BARDOWSKI, J. ŻYCKA, J. LAMPKOWSKA, J.B.

Atypical tetracycline resistance in natural strains of *Lactococcus lactis*.

3rd Probiotics & Prebiotics New Food, Rome, Università Urbaniana, September 4/6, 2005.

Abstracts

2218/A

BARDOWSKI, J. GÓRECKI, R.K. KORYSZEWSKA, A. SZMYTKOWSKA, A.

Characterisation of three probiotic strains of *Lactobacillus rhamnosus* present in lacticid.

3rd Probiotics & Prebiotics New Food, Rome, Università Urbaniana, September 4/6, 2005.

Abstracts

2219/A

BARDOWSKI, J.

Bakterie mlekowe - źródło genów, enzymów i zdrowia.

LAB 2005, I Konferencja Naukowa "Wykorzystanie bakterii mlekowych do otrzymywania produktów żywnościowych wysokiej jakości i o podwyższonej wartości odżywczej", Warszawa, 27-28 października 2005.

Program, streszczenie referatów i posterów

2220/A

SZCZEPAŃSKA, A. BIDNENKO, E. BARDOWSKI, J. CHOPIN, M.-CH.

Recombination functions of *Lactococcus lactis* bacteriophage bIL67.

1 Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

B25 p.74

2222/A

HEJNOWICZ, M.S. BARDOWSKI, J.

Characterization of bacteriophage bIBB29 active against *Lactococcus lactis* ssp. *lactis* IL1403 and *Lactococcus lactis* ssp. *cremoris*.

1 Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

B12 p.61

2223/A

KOWALCZYK, M. PŁOCHOCKA, D. BARDOWSKI, J.

Lactococcus lactis CcpA protein - structure and DNA binding capacity.

1 Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

B17 p.66

2224/A

ŻYLIŃSKA, J. BARDOWSKI, J.

Genetic analysis of a small theta-replicating plasmid from *Lactococcus lactis* IL594.

1 Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

(B36) p.173

2225/A

ŻYCKA, J. LAMPKOWSKA, J.B. BARDOWSKI, J.

Identification and characterization of tetracycline resistance in *Lactobacillus lactis*.

1 Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

(C47) p.172

226/A

KORYSZEWSKA, A. BARDOWSKI, J.

Genetic characterization the PIL7 plasmid from the *Lactococcus lactis* IL594 strain.

1 Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

(B34) p.168

2227/A

LAMPKOWSKA, J.B. ŻYCKA, J. BARDOWSKI, J.

Intergeneric and intrageneric conjugal transfer of tetracycline resistance in *Lactococcus* SPP.

1 Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

(C46) P.169

2228/A

LAMPKOWSKA, J.B. ŻYCKA, J. BARDOWSKI, J.

Efficiency of *cre*-dependent CCPA repression of *B*-glucosides-specific PTS in *Lactococcus lactis* IL1403.

1 Konferencja Naukowa, Komitet Mikrobiologii PAN, W.J.H. Kunicki-Goldfinger, Mikrobiolog-Filozof-Mistrz, Uniwersytet Warszawski, Wydział Biologii, 22 października 2005.

(C46) p.169

2229/A

SZALEWSKA-PALAŚ, A. LYZEN, R. WĘGRZYN, A. WĘGRZYN, G.

Sequence requirement for SeqA-mediated stimulation of bacteriophage lambda pR promoter.

Molecular Genetics of Bacteria & Phages, August 2-7, 2005, University of Wisconsin-Madison.

p.239

2230/A

KŁOSKA, A. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. CZARTORYSKA, B. WĘGRZYN, G.

Hunter disease in a girl due to nonrandom inactivation of the X-chromosome.

30th FEBS Congress and 9th IUBMB Conference, The Protein World, Budapest, Hungary, 2-7 July 2005.

FEBS J. (2005) 272 A4-028P p.125

2231/A

WĘGLEWSKA, A. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. WĘGRZYN, G.

False positive results of molecular analysis suggesting mtDNA depletion/deletion due to additional PvuII restriction site.

40th Meeting of the Polish Biochemical Society, Lublin 19-23 September 2005.

Acta Biochim. Pol. (2005) 52 Supl.1 P1.43 p.28-29

2232/A

KŁOSKA, A. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. CZARTORYSKA, B. POPOWSKA, E. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. WĘGRZYN, G.

Female mucopolysaccharidosis type II (Hunter disease) caused by nonrandom inactivation of the X-chromosome.

15th European Study Group on Lysosomal Diseases, September 15-18, 2005, Soria Moria Conference Centre Holmenkollen, Oslo, Norway.

O12 p.33

2233/A

WĘGRZYN, G. PIOTROWSKA, E. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. CZARTORYSKA, B. WĘGRZYN, A.

Developing gene expression-targeted isoflavone therapy (GET IT) for mucopolysaccharidoses.

15th European Study Group on Lysosomal Diseases, September 15-18, 2005, Soria Moria Conference Centre Holmenkollen, Oslo, Norway.

O36 p.66-67

2234/A

KŁOSKA, A. BOHDANOWICZ, J. KONOPKA, G. TYLKI-SZYMAŃSKA, A. JAKÓBKIEWICZ-BANECKA, J. CZARTORYSKA, B. LIBEREK, A. WĘGRZYN, A. WĘGRZYN, G.

Changes in hair morphology of mucopolysaccharidosis I patients treated with recombinant human alpha-L-iduronidase (Iaronidase, Aldurazyme).

15th European Study Group on Lysosomal Diseases, September 15-18, 2005, Soria Moria Conference Centre Holmenkollen, Oslo, Norway.

P69 p.157

2235/A

ŁOŚ, M. CZYŻ, A. WĘGRZYN, G.

Effect of oxyR mutation on spontaneous and hydrogen peroxide-mediated induction of lambda prophage.

Molecular Genetics of Bacteria & Phages, August 2-7, 2005, University of Wisconsin-Madison.

p.113

2236/A

BARAŃSKA, S. NARAJCZYK, M. KONOPA, G. WĘGRZYN, A. WĘGRZYN, G.

Role of DnaA and SeqA proteins in the regulation of switch from theta to sigma replication of bacteriophage lambda DNA.

Molecular Genetics of Bacteria & Phages, August 2-7, 2005, University of Wisconsin-Madison.

p.149

MISCELLANEA

95/M

EJCHART, A.

Strategie NMR wyznaczania struktur białek w roztworze. NMR strategies for the protein structure determination in solution.

Wiadomości Chemiczne (2005) **59** 1-2

96/M

HEJNOWICZ, M.S. BARDOWSKI, J.

Infekcje bakteriofagami mezofilnych szczepów bakterii z rodzaju *Lactococcus* w mleczarstwie.

Przegląd Mleczarski (2005) **7** 4-7

97/M

BARDOWSKI, J. DMOWSKI, M. GÓRECKI, R.K. HEJNOWICZ, M.S. KERN-ZDANOWICZ, I.

KORYSZEWSKA, A. ZIELENKIEWICZ, U.

Ćwiczenia z genetyki bakterii dla studentów biofizyki UW.

Skrypt opracowali pracownicy i doktoranci Zakładu Biochemii Drobnoustrojów Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN, Warszawa 2005

98/M

SIKORA, A. SIKORA, R.

Mikrobiologiczne ogniwa paliwowe. Microbial fuel cells.

Biotechnologia - Monografie (2005) **2** 68-77

99/M

BLACHNIO, K. PRZYKORSKA, A.

Oddziaływanie argininy z RNA. Specific arginine mediated RNA recognition.

Postępy Biochemii (2005) **51** 339-344

100/M

FIKUS, M.

Audiences.

In: Science Communication Events in Europe. Janez Potočnik. Vienna 2005, EUSCEA, White Book, p.31-34

101/M

FIKUS, M.

Science.

In: Science Communication Events in Europe. Janez Potočnik. Vienna 2005, EUSCEA, White Book, p.65-70

102/M

SAITO, K. De KOK, L.J. STULEN, I. HAWKESFORD, M.J. SCHNUG, E. SIRKO, A.

RENNENBERG, H.

Sulfur Transport and Assimilation in Plants in the Post Genomic Era, Leiden 2005, Backhuys Publishers

103/M

JABŁOŃSKA-SKWIECIŃSKA, E. MACIĄG, M. PŁOCHOCKA, D. CZAJKOWSKA-MENDEK, E.

ZDEBSKA, E. BURZYŃSKA, B.

Mutacja G1529A genu kinazy pirogronianowej krwinek czerwonych u chorego z wrodzoną niesferocytową niedokrwistością hemolityczną. The G1529A mutation of the red blood cell pyruvate kinase gene in a subject with hereditary chronic nonspherocytic anaemia.

Acta Haematol. Pol. (2005) **36** 343-354

104/M

BOGUTA, M.

Termination in the yeast mitochondrial system: mutations in the MRF1 gene encoding the release factor inhibit translation.

Annu. Rep. (2005) **p.35-37**

ROZPRAWY HABILITACYJNE

353/N

KRUSZEWSKA, J.S.

Genetyczne modyfikacje szlaku O-glikozylacji a sekrecja białek w *Trichoderma reesei*.

Genetic modification of O-glycosylation pathway and protein secretion in *Trichoderma reesei*.

2005-10-05

Presented October 5, 2005

Curr.Genet. (1998) **33** 445-450; **Appl.Environ.Microb.** (1999) **65** 2382-2387; **Glycobiology** (2000) **10** 983-991; **Acta Biochim.Pol.** (1999) **46** 181-195; **Curr.Genet.** (2003) **43** 11-16; **Appl.Environ.Microb.** (2003) **69** 4383-4389

354/N

KURLANDZKA, A.

Niekanoniczne funkcje białek Irr1/Scs3 i Csm1 biorących udział w segregacji chromosomów drożdży *Saccharomyces cerevisiae*.

Non-canonical functions of Irr1/Scs3 and Csm1 proteins involved in chromosome segregation of yeast *Saccharomyces cerevisiae*.

2005-11-25

Presented November 25, 2005

Yeast (1995) **11** 885-890; **Yeast** (1999) **15** 23-33; **Post.Biol.Kom.** (2000) **27** 261-272; **Yeast** (2002) **19** 1323-1333; **Acta Biochim.Pol.** (2002) **49** 421-425; **Exp.Cell Res.** (2004) **294** 592-602

355/N

BUJNICKI, J.

Ewolucja metylotransferaz RNA: analiza sekwencji, struktury i funkcji białek.

Evolution of RNA methyltransferases: analysis of protein sequence, structure, and function.

2005-01-11

Presented January 11, 2005

FEBS Lett. (2001) **507** 123-127; **Nucleic Acids Res.** (2003) **31** 2148-2156; **Nucleic Acids Res.** (2004) **32** 465-476; **J.Mol.Microbiol.Biotechnol.** (2002) **4** 93-99; **J.Mol.Evol.** (2002) **55** 431-444; **Nucleic Acids Res.** (2003) **31** 4941-4949; **BMC Bioinformatics** (2002) **3** 10; **J.Mol.Biol.** (2003) **332** 99-109; **J.Mol.Microbiol.Biotechnol.** (2002) **4** 405-415; **Nucleic Acids Res.** (2003) **31** 4899-4909; **Acta Microbiol.Pol.** (2001) **50** 7-17; **BMC Bioinformatics** (2001) **2** 2; **J.Bacteriol.** (2003) **185** 3238-3243; **Genome Biol.** (2001) **2** 0038.1-0038.6; **Protein Eng.** (2002) **15** 101-108; **EMBO J.** (2002) **21** 1139-1147; **EMBO J.** (2002) **21** 1811-1820; **Gene** (2003) **302** 129-138

PRACE DOKTORSKIE

356/N

GOŁĘBIEWSKI, M.

Kompletna sekwencja nukleotydowa plazmidu pCTX-M3 i analiza jego genów zaangażowanych w transfer koniugacyjny. (Complete nucleotide sequence of pCTX-M3 plasmid and analysis of its genes responsible for conjugational transfer.)

Presented January 5, 2005

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

357/N

OLESZCZUK, M.

Badania konformacyjne modelowych fragmentów białek wiążących jony wapnia. Conformational studies of model fragments of calcium binding proteins.)

Presented April 12, 2005

Research done in the Laboratory of Biological NMR IBB PAS.

358/N

KĘSIK, M.

Ciałka inkluzyjne z rekombinowanych bakterii jako nowy system dostarczania antygenu drogą pokarmową. (Inclusion bodies from recombinant bacteria as a novel system for delivery of vaccine antigen by the oral route.)

Presented June 7, 2005

Research done in the Institute of Biotechnology and Antibiotics and the IBB PAS.

359/N

BANACH-ORŁOWSKA, M.

Polimeraza II DNA jako dodatkowy czynnik kontrolujący wierność replikacji w komórkach *Escherichia coli*. (DNA polymerase II as a fidelity factor in chromosomal DNA synthesis in *Escherichia coli*.)

Presented June 30, 2005

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

360/N

BŁACHNIO, K.

Wpływ argininy na drugorzędową strukturę regionu 5'UTR mRNA arginazy z *Aspergillus nidulans*. (Effect of arginine on the secondary structure of 5' untranslated region (5'UTR) of *Aspergillus nidulans* arginase mRNA.)

Presented June 30, 2005

Research done in the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

361/N

LISZEWSKA, F.

Ekspresja prokaryotycznych genów *cysK* i *cysE* w tytoniu oraz analiza heterologicznych oddziaływań produktów tych genów. (Overexpression of the prokaryotic genes *cysK* and *cysE* in tobacco and analysis of the heterologous interactions of their products.)

Presented April 19, 2005

Research done in the Department of Plant Biochemistry IBB PAS.

362/N

KUDŁA, G.

(Evolution and function of nucleotide usage in mammalian Hsp70-family genes.)

Presented April 19, 2005

Research done in the Institute of Biochemistry and Biophysics IBB PAS.

363/N

AUERBACH, W.

Konstrukcja i charakterystyka myszy typu "knock-in" ze zwiększoną liczbą powtórzeń CAG w mysim homologue genu HD. (Creation and characterization of knock-in mutant mice with the expanded CAG repeats in the mouse homologue of the HD gene.)

Presented March 1, 2005

Research done in the Institute of Biochemistry and Biophysics PAS.

364/N

TOWPIK, J.

Terminacje translacji mitochondrialnej u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. (Mitochondrial translation termination in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented March 1, 2005

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

365/N

KOWALCZYK, M.

Analiza fizjologiczna i molekularna funkcji białek regulatorowych CcpA i BglR w katabolizmie laktozy i β -glukozydów u *Lactococcus lactis* IL1403. (Physiological and molecular analysis of regulatory proteins CcpA and BglR functions in lactose and β -glucoside catabolism in *Lactococcus lactis* IL1403.)

Presented June 28, 2005

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

366/N

KOWALCZYK, P.

Sekwencyjnie zależna indukcja egzocyklicznych adduktów DNA przez *trans*-4-hydroksy-2-nonenal i aldehyd chlorocytowy, mutageneza i naprawa w komórkach *Escherichia coli*. (Sequence-dependent induction of exocyclic DNA adducts by *trans*-4-hydroxy-2-nonenal and chloroacetaldehyde, mutagenesis and repair in *Escherichia coli* cells.)

Presented June 28, 2005

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS.

367/N

FLIS, K.

Funkcjonalne wyrażenie ssaczego kanału chlorkowego CIC-2 w drożdżach *Saccharomyces cerevisiae*. (Functional expression of mammalian CIC-2 chloride channel in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented June 30, 2005

Research done in the Department of Genetics IBB PAS.

368/N

SKORUPIŃSKA-TUDEK, K.

Mechanizm biosyntezy poliizoprenoidów w komórkach roślinnych. (The mechanism of polyisoprenoid biosynthesis in plant cells.)

Presented September 13, 2005

Research performed at the Department of Lipid Biochemistry IBB PAS

369/N

BARABASZ, A.

Analiza ekspresji i funkcji 1,3- β -glukanazy - produktu genu *gluB20-2* - w roślinach ziemniaka. (Functional analysis of the 1,3- β -glucanase, product of *gluB20-2* gene in potato.)

Presented September 13, 2005

Research done in the Laboratory of Plant Pathogenesis IBB PAS

370/N

KWAPISZ, M.

Czynniki wpływające na dokładność translacji u drożdży *Saccharomyces cerevisiae*. (Factors affecting fidelity of translation in yeast *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented September 27, 2005

Research done in the Department of Genetics IBB PAS and the University Paris VI - Pierre and Marie Curie.

371/N

DOBRUK-SERKOWSKA, A.

Partycja plazmidu P1: mechanizmy zróżnicowanej ekspresji genów operonu *par* P1. (P1 plasmid partition: mechanisms of differential expression of genes of P1 *par* operon.)

Presented October 4, 2005

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

372/N

ZIENKIEWICZ, M.

Kompletna sekwencja nukleotydowa plazmidu p1658/97 i analiza regionu odpowiedzialnego za amplifikację genu β -laktamazy SHV-5. (Complete nucleotide sequence of p1658/97 plasmid and analysis of the region responsible for amplification of β -lactamase SHV-5 gene.)

Presented October 25, 2005

Research done in the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

373/N

KRWAWICZ, J.

Udział naprawy DNA przez wycinanie zasad (BER) w indukowanej mutagenezie faga $\lambda O(am)8$ w warunkach niepermissywnych dla jego replikacji. ()

Presented November 15, 2005

Research done in the Department of Molecular Biology IBB PAS.

374/N

PERLIŃSKA-LENART, U.

Modulacje szlaku glikozylacji białek w *Trichoderma reesei* i *Aspergillus nidulans*. (Bioengineering of the glycosylation pathway in *Trichoderma reesei* and *Aspergillus nidulans*.)

Presented October 25, 2005

Research done in the Laboratory of Fungal Glycobiology IBB PAS.

PRACE MAGISTERSKIE

375/N

WALCZUK, B.

I. Identyfikacja mutacji w allelu *otaA1* genu kodującego transaminazę ornitynową *Aspergillus nidulans*.
II. Identyfikacja genów kodujących białka zawierające domenę MADS u *Aspergillus nidulans*. (I. Identification of mutation in *otaA1* allele of *Aspergillus nidulans* gene encoding ornithine transaminase. II. Identification of genes encoding MADS-box proteins in *Aspergillus nidulans*.)

Presented February 14, 2005

Research done in the the Faculty of Biology UW and the IBB PAS.

376/N

BIELEŃ, A.

Uszkodzenia i naprawa DNA w chronologicznym starzeniu kultur *Escherichia coli*. (Damage and repair of DNA in chronological aging of *Escherichia coli*.)

Presented June 24, 2005

Research done in the Faculty of Biology and Earth Sciences Maria Curie-Skłodowska University and the Department of Molecular Biology IBB PAS.

377/N

CYWIŃSKA, M.

Naprawa oksydacyjnych uszkodzeń DNA w nowotworze jelita grubego człowieka. (Repair of oxidative DNA damage in sporadic colon cancer.)

Presented June 24, 2005

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Molecular Biology IBB PAS.

378/N

JANIK, J.

Ekspresja i polimorfizmy genu *hOGG1* w nowotworach płuca człowieka. (Expression and polymorphisms of *hOGG1* gene in lung cancer patients.)

Presented June 24, 2005

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Molecular Biology IBB PAS.

379/N

MAKIEŁA, K.

Badanie *in vivo* wierności replikacji polimerazy DNA bakteriofaga RB69. (*In vivo* fidelity studies of RB69 DNA polymerase.)

Presented July 5, 2005

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Molecular Biology IBB PAS.

380/N

GAJDA, A.E.

Udział białka Dpb2p, podjednostki holoenzymu polimerazy ϵ DNA w kontroli wierności replikacji DNA w komórkach *Saccharomyces cerevisiae*. (The role of Dpb2p, the DNA polymerase ϵ holoenzyme subunit in the fidelity of DNA replication in *Saccharomyces cerevisiae*.)

Presented, 2005

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Laboratory of Mutagenesis and DNA Repair IBB PAS.

381/N

LUBELSKA, K.

Synteza i sekrecja białka SPI-2 przez komórki drożdży *Pichia pastoris*. (Synthesis and secretion of the SPI-2 protein in *Pichia pastoris* yeast cells.)

Presented September 27, 2005

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Protein Biosynthesis IBB PAS.

382/N

OCHOCKA, M.

Replikacja plazmidu RA3 z grupy IncU. (Replication of plasmid RA3 from IncU group.)

Presented June 30, 2005

Research done in the Institute of Microbiology UW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

383/N

KOZŁOWSKI, M.

Mutageniza MMS i naprawa MFD w mutantach *E.coli alkB*. (MMS mutagenesis and MFD repair in *E.coli alkB* mutants.)

Presented October 11, 2005

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Molecular Biology IBB PAS.

384/N

CENA, A.

Wstępna charakterystyka funkcjonalna genów operonu *lyz* bakteriofaga P7. (Preliminary functional characterization of *lyz* operon genes of P7 bacteriophage.)

Presented , 2004

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

385/N

KACZKA, P.

Inkorporacja *in vitro* trójfosforanu 3,N⁴-etenodezoksycytydyny naprzeciwko kanonicznych zasad DNA i jej konsekwencje strukturalne. (*In vitro* incorporation of 3,N⁴-ethenodeoxycytidine triphosphate opposite all canonical DNA bases and its structural consequences.)

Presented June 21, 2005

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Molecular Biology IBB PAS.

386/N

MOŻEJKO, M.

Badanie interakcji regulatora transkrypcyjnego CysB z polimerazą RNA u *Escherichia coli*. (Interactions of transcriptional regulator CysB with RNA polymerase in *Escherichia coli*.)

Presented July 20, 2005

Research done in the Institute of Microbiology UW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

387/N

PIEKARSKA, I.

Gen *YDR339c* i jego produkt w *Saccharomyces cerevisiae*. Lokalizacja i oddziaływania białka Ydr339 z białkami zaangażowanymi w biogenezę rybosomów. (Gen *YDR339c* and its product in *Saccharomyces cerevisiae*. The localization and interactions of Ydr339 with other proteins involved in ribosome biogenesis.)

Presented June 25, 2005

Research done in the Faculty of Biology and Earth Sciences Maria Curie-Skłodowska University and the Department of Biophysics IBB PAS.

382/N

OCHOCKA, M.

Replikacja plazmidu RA3 z grupy IncU. (Replication of plasmid RA3 from IncU group.)

Presented June 30, 2005

Research done in the Institute of Microbiology UW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

383/N

KOZŁOWSKI, M.

Mutageniza MMS i naprawa MFD w mutantach *E.coli alkB*. (MMS mutagenesis and MFD repair in *E.coli alkB* mutants.)

Presented October 11, 2005

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Molecular Biology IBB PAS.

384/N

CENA, A.

Wstępna charakterystyka funkcjonalna genów operonu *lyz* bakteriofaga P7. (Preliminary functional characterization of *lyz* operon genes of P7 bacteriophage.)

Presented, 2004

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

385/N

KACZKA, P.

Inkorporacja *in vitro* trójfosforanu 3,N⁴-etenodezoksycytydyny naprzeciwko kanonicznych zasad DNA i jej konsekwencje strukturalne. (*In vitro* incorporation of 3,N⁴-ethenodeoxycytidine triphosphate opposite all canonical DNA bases and its structural consequences.)

Presented June 21, 2005

Research done in the Warsaw Agricultural University and the Department of Molecular Biology IBB PAS.

386/N

MOŻEJKO, M.

Badanie interakcji regulatora transkrypcyjnego CysB z polimerazą RNA u *Escherichia coli*. (Interactions of transcriptional regulator CysB with RNA polymerase in *Escherichia coli*.)

Presented July 20, 2005

Research done in the Institute of Microbiology UW and the Department of Microbial Biochemistry IBB PAS.

387/N

PIEKARSKA, I.

Gen *YDR339c* i jego produkt w *Saccharomyces cerevisiae*. Lokalizacja i oddziaływanie białka Ydr339 z białkami zaangażowanymi w biogenezę rybosomów. (Gen *YDR339c* and its product in *Saccharomyces cerevisiae*. The localization and interactions of Ydr339 with other proteins involved in ribosome biogenesis.)

Presented June 25, 2005

Research done in the Faculty of Biology and Earth Sciences Maria Curie-Skłodowska University and the Department of Biophysics IBB PAS.

Informacje o działalności IBB PAN za 2005 rok

opracowane zgodnie z zasadami
określonymi decyzją Prezesa PAN

Informacje o działalności placówki PAN w 2005 r.

I. Podstawowe dane:

I.1.

nazwa	ulica	nr	kod pocztowy	
Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Pawińskiego	5a	02-106	
miasto	tel. 1	tel.2	fax	
Warszawa	+48226584724	+48226584753	+48226584636	
www	e-mail	inne		
http://www.ibb.waw.pl	secretariate@ibb.waw.pl			
kategoria jednostki	data założenia placówki			
I	10.01.1956			

I.2.

Dyrektor	tytuł	imię 1	imię 2	nazwisko
	Prof. dr hab.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja
Przewodniczący Rady Naukowej	tytuł	imię 1	imię 2	nazwisko
	Prof. dr hab.	Andrzej		Paszewski

I.3.

uprawiane dyscypliny	nazwa dyscypliny
	biochemia
	biofizyka
	bioinformatyka
	biologia molekularna
	genetyka molekularna
	genomika
	biotechnologia

II. Aktywność naukowa placówki:

II.1. Publikacje placówki, które ukazały się drukiem:

liczba ogółem (w roku sprawozdawczym)	w tym:						
	monografie	podręczniki	publikacje 1	publikacje 2	prace popularno- naukowe	doniesienia zjazdowe i konferencyjne	inne publikacje
279	0	7	89	8	0	172	3

II.1.1. Wykaz publikacji recenzowanych w czasopismach:

liczba ogółem	czasopismo/wydawca monografii	tytuł	autor	rok, tom, strona
a) z listy filadelfijskiej				
1	J. Biol. Chem.	Identification of new genes regulated by the Crt1 transcription factor, an effector of the DNA damage checkpoint pathway in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	ZAIM J., SPEINA E., KIERZEK A.M.	2005, 280, 21-24
2	J. Biomol. NMR	A protein backbone ψ and ϕ angle dependence of $2J_{N(i),Ca(i-1)}$: The new NMR experiment and quantum chemical calculations.	KOŹMIŃSKI W., ZHUKOV I., PECUL M., SADLEJ J.	2005, 31, 87-94
3	J. Biol. Chem.	RDM1, a novel RNA recognition motif (RRM)-containing protein involved in the cell response to cisplatin in vertebrates.	HAMIMES S., ARAKAWA H., STASIAK A.Z., KIERZEK A.M., HIRANOS S., YANG Y.-G., TAKATA M., STASIAK A., BUERSTEDDE J.-M., DYCK E. van	2005, 280, 9235
4	Mol. Breeding	The <i>Ry-fsto</i> gene from <i>Solanum stoloniferum</i> for extreme resistant to Potato virus Y maps to potato chromosome XII and is diagnosed by PCR marker GP122718 in PVY resistant potato cultivars.	FLIS B., HENNIG J., STRZELCZYK-ŻYTA D., GEBHARDT C., MARCZEWSKI W.	2005, 15, 95-100
5	J. Mol. Liq.	Interactions of transition metal ions with His-containing peptide models of histone H2A.	MYLONAS M., KRZEL A., PLAKATOURAS I.C., HADJILIADIS N., BAL W.	2005, 118, 129
6	J. Natl. Cancer I.	Contribution of hMTH1 to the maintenance of 8-oxoguanine levels in lung DNA of non-small-cell lung cancer patients.	SPEINA E., ARCZEWSKA K.D., GACKOWSKI D., ZIELIŃSKA M., SIOMEK A., KOWALEWSKI J., OLIŃSKI R., TUDEK B., KUŚMIEREK J.T.	2005, 97, 395
7	Genetics	Suppression of histone H1 genes in <i>Arabidopsis</i> results in heritable developmental defects and stochastic changes in DNA methylation.	WIERZBICKI A.T., JERZMANOWSKI A.J.	2005, 169, 1008
8	Yeast	Physiological effects of unassembled chaperonin Cct subunits in the yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	KABIR M.A., KAMINSKA J., SEGEL G.B., BETHLENDY G., LIN P., DELLA SETA F., BLEGEN C., SWIDEREK K.M., ŻOŁĄDEK T., ARNDT K.T., SHERMAN F.	2005, 22, 239
9	J. Inorg. Biochem.	Determination of the stability constants and oxidation susceptibility of nickel(II) complexes with 2'-deoxyguanosine 5'-triphosphate and L-histidine.	KACZMAREK P., JEŻOWSKA-BOJCZUK M., BAL W., KASPRZAK K.S.	2005, 99, 746
10	Plos Biol.	Systematic association of genes to phenotypes by genome and literature mining.	KORBEL J.O., DOERKS T., JENSEN L.J., PEREZ-IRATXETA C., KACZANOWSKI S., HOOPER S.D., ANDRADE M.A., BORK P.	2005, 3, e20
11	Angew. Chem. Int. Ed.	$1J(C,H)$ couplings to the individual protons in a methyl group: evidence of the methyl protons' engagement in hydrogen bonds.	RATAJCZYK T., CZERSKI I., KAMIENSKA-TRELA K., SZYMAŃSKI S., WÓJCIK J.	2005, 44, 1252
12	Biochem. Bioph. Res. Co.	Multiple functions of the of the vacuolar sorting protein Ccz1p in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	HOFFMAN-SOMMER M., MIGDAŁSKI A., RYTKA J., KUCHARCZYK R.	2005, 328, 246

13	Acta Biochim. Pol.	Effect of SOS-induced Pol II, Pol IV, and Pol V DNA polymerases on UV-induced mutagenesis and MFD repair in <i>Escherichia coli</i> cells.	WRZESIŃSKI M., NOWOSIELSKA A., NIEMINUSZCZY J., GRZESIUK E.	2005, 52, 139-147
14	Acta Biochim. Pol.	The Ogb subfamily of bacterial GTP-binding proteins: essential proteins of largely unknown functions that are evolutionarily conserved from bacteria to humans.	CZYŻ A., WĘGRZYN G.	2005, 52, 35-43
15	Acta Biochim. Pol.	Farnesyl diphosphate synthase; regulation of product specificity.	SZKOPINŃSKA A., PŁOCHOCKA D.	2005, 52, 45-55
16	Acta Biochim. Pol.	Existing and future therapeutic options for hepatitis C virus infection.	BRETNER M.	2005, 52, 57-70
17	Acta Biochim. Pol.	FEDMA - a simple algorithm for theoretical modeling of linear metabolic pathways: from fuzzy data sets to prediction and experiment.	PAWŁOWSKI P.H., ZIELENKIEWICZ P.	2005, 52, 71-86
18	Acta Biochim. Pol.	Co-inoculation with two non-infectious cDNA copies of potato spindle tuber viroid (PSTVd) leads to the appearance of novel fully infectious variants.	PODSTOLSKI W., GÓRA-SOCHACKA A., ZAGÓRSKI W.	2005, 52, 87-98
19	Acta Biochim. Pol.	Characterization of <i>Bacillus subtilis</i> clones surviving overproduction of Zeta, a pSM19035 plasmid-encoded toxin.	NOWAKOWSKA B., KERN-ZDANOWICZ I., ZIELENKIEWICZ U., CEGŁOWSKI P.	2005, 52, 99-107
20	Acta Biochim. Pol.	Overexpression of genes involved in phytochelatin biosynthesis in <i>Escherichia coli</i> : effects on growth, cadmium accumulation and thiol level	WAWRZYŃSKA A.K., WAWRZYŃSKI A., GAGANIDZE D., KOPERA E., PŁATEK K., BAL W., SIRKO A.	2005, 52, 109-116
21	Acta Biochim. Pol.	Isolation of <i>Nicotiana plumbaginifolia</i> cDNAs encoding isoforms of serine acetyltransferase and O-acetylserine (thiol) lyase in a yeast two-hybrid system with <i>Escherichia coli</i> <i>cysE</i> and <i>cysK</i> genes as baits.	LISZEWSKA F., GAGANIDZE D., SIRKO A.	2005, 52, 117-128
22	Acta Biochim. Pol.	Translational readthrough of a termination codon in the yeast mitochondrial mRNA VAR1 as a result of mutation in the release factor mRF1.	CLAISSE M.L., BOGUTA M., ZAGÓRSKI W.	2005, 52, 129-137
23	Acta Biochim. Pol.	Inhibition of DNA repair glycosylases by base analogs and tryptophan pyrolysate, Trp-P-1.	SPEINA E., CIEŚLA J.M., GRAZIEWICZ M.-A., LAVAL J., KAZIMIERCZUK Z., TUDEK B.	2005, 52, 167-178
24	Acta Biochim. Pol.	Apoptosis induced by membrane damage in human lymphocytes; effects of arachidonic acid and its photoproducts.	ZARĘBSKA Z., ZIELIŃSKA J., ZHUKOV L., MAŚLIŃSKI W.	2005, 52, 179-194
25	Acta Biochim. Pol.	Protein production and secretion in an <i>Aspergillus nidulans</i> mutant impaired in glycosylation.	PERLINSKA-LENART U., KURZĄTKOWSKI W., JANAS P., KOPINŃSKA A., PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J.S.	2005, 52, 195-205
26	Acta Biochim. Pol.	Rsp5 ubiquitin ligase affects isoprenoid pathway and cell wall organization in <i>S. cerevisiae</i> .	KAMINSKA J., KWAPISZ M., GRABIŃSKA K., ORŁOWSKI J., BOGUTA M., PALAMARCZYK G., ZOŁĄDEK T.	2005, 52, 207-220
27	Acta Biochim. Pol.	Functional relationships between the <i>Saccharomyces cerevisiae</i> cis-prenyltransferases required for dolichol biosynthesis.	GRABIŃSKA K., SOSIŃSKA G., ORŁOWSKI J., ŚWIEŻEWSKA E., BERGES T., KARST F., PALAMARCZYK G.	2005, 52, 221-232
28	Acta Biochim. Pol.	Light conditions alter accumulation of long chain polyprenols in leaves of trees and shrubs throughout the vegetation season.	BAJDA A., CHOJNACKI T., HERTEL J., ŚWIEŻEWSKA E., WÓJCIK J., KACZKOWSKA A., MARCZEWSKI A., BOJARCZUK T., AROLEWSKI P., OLEKSYN J.	2005, 52, 233-241
29	Acta Biochim. Pol.	The occurrence of polyprenols in seeds and leaves of woody plants.	CHOUDA M., JANKOWSKI W.	2005, 52, 243-253
30	Acta Biochim. Pol.	Dolichols of the fern <i>Matteucia struthiopteris</i> .	WOJTAS M., BIENKOWSKI T., ZELMAN-FEMIAK M., TATEYAMA S., SAGAMI H., CHOJNACKI T., DANIKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.	2005, 52, 255-259
31	Acta Biochim. Pol.	Bacterial chromosome segregation.	BARTOSIK A.A., JAGURA-BURDZY G.	2005, 52, 1-34

32	Acta Biochim. Pol.	MOFOID - not only the protein modeling server.	SZCZĘSNY P., WIECZOREK G., ZIELENKIEWICZ P.	2005, 52, 267-269
33	Acta Biochim. Pol.	Mismatch dependent uracil/thymine-DNA glycosylases excise exocyclic hydroxyethano and hydroxypropano cytosine adducts.	BORYS-BRZYWCZY E., ARCZEWSKA K.D., SAPARBAEV M.K., HARDELAND U., SCHÄR P., KUŚMIEREK J.T.	2005, 52, 145-165
34	J. Mol. Biol.	Escherichia coli purine nucleoside phosphorylase II, the product of the xapA gene.	DANDANELL G., SZCZEPANOWSKI R.H., KIERDASZUK B., SHUGAR D., BOCHTLER M.	2005, 348, 115-125
35	Cell. Mol. Biol. Lett.	RAPD analysis of the interspecific somatic hybrids Solanum bulbocastanum (+) S. tuberosum.	BOŁTOWICZ D., SZCZERBAKOWA A., WIELGAT B.	2005, 10, 151-162
36	Plant J.	SIPK signaling controls multiple components of harpin-induced cell death in tobacco.	SAMUEL M., HALL H., KRZYMOWSKA M., DRZEWIECKA K., HENNIG J., ELLIS B.E.	2005, 42, 406-416
37	Free Radical Res.	Antioxidants protect the yeast Saccharomyces cerevisiae against hypertonic stress.	KOZIOL S., ZAGULSKI M., BILINSKI T., BARTOSZ G.	2005, 39, 365-371
38	Dalton T.	Oxidative reactivity of Cu-TESHHK- and its alanine analogues.	KACZMAREK P., JEZOWSKA-BOJCZUK M., GATNER K., BAL W.	2005, 11, 1985-1988
39	J. Exp. Bot.	Using a suppression subtractive library-based approach to identify tobacco genes regulated in response to short-term sulphur deficit.	WAWRZYŃSKA A.K., LEWANDOWSKA M., HAWKESFORD M.J., SIRKO A.	2005, 56, 1573-1590
40	Plant Physiol.	O-acetylserine and the regulation of expression of genes encoding components for sulfate uptake and assimilation in potato.	HOPKINS L., PARMAR S., BŁASZCZYK A.K., HESSE H., HOEFGEN R., HAWKESFORD M.J.	2005, 138, 435-440
41	Acta Biochim. Pol.	Genetic immunization of ducks for production of antibodies specific to Helicobacter pylori UreB in egg yolks.	KAZIMIERCZUK K., COVAL L., NDEBOKO B., SZCZYRK U., TARGOSZ A., BRZOZOWSKI T., SIRKO A.	2005, 52, 259-266
42	J. Pept. Sci.	Cyclic enkephalin and dermorphin analogues containing a carbonyl bridge.	FILIP K., OLESZCZUK M., WOJCIK A., CHUNG N.N., SCHILLER P.W., PAWLAK D., ZIELENIAK A., PARCIŃSKA A., WITKOWSKA E., IZDEBSKI J.	2005, 11, 347-352
43	Traffic	The CHiPS domain - ancient traces for the hermansky-pudlak syndrome.	HOFFMAN M., GRYNBERG M., KUCHARCZYK R., RYTKA I.	2005, 6, 534-541
44	Cancer Res.	Epigenetic reactivation of tumor suppressor genes by a novel small-molecule inhibitor of human DNA methyltransferases.	BRUECKNER B., GARCIA BOY R., SIEDLECKI P., MUSCH T., KLIEM H.CH., ZIELENKIEWICZ P., SUHAI S., WIESSLER M., LYKO F.	2005, 65, 6305-6311
45	Prog. Lipid Res.	Polyisoprenoids: structure, biosynthesis and function.	ŚWIEŻEWSKA E., DANIŁKIEWICZ W.	2005, 44, 235-258
46	Genetics	Processivity clamp gp45 and ssDNA-binding-protein gp32 modulate the fidelity of bacteriophage RB69 DNA polymerase in a sequence-specific manner, sometimes enhancing and sometimes compromising accuracy.	BEBENEK A., CARVER G.T., KADYROV F.A., KISSLING G.E., DRAKE J.W.	2005, 169, 1815-1824
47	J. Inorg. Biochem.	Cu(II) complexation by "non-coordinating" N-2-hydroxyethylpiperazine-N'-2-ethanesulfonic acid (HEPES buffer).	SOKOŁOWSKA M., BAL W.	2005, 99, 165-166
48	Acta Physiol. Plant.	Characteristics of the interspecific somatic hybrids Solanum pinnatisectum (+) S. tuberosum H-8105.	SZCZERBAKOWA A., BOŁTOWICZ D., LEBECKA R., RADOMSKI P., WIELGAT B.	2005, 27, 265-273
49	Plant Cell	SWI3 subunits of putative SWI/SNF chromatin-remodeling complexes play distinct roles during Arabidopsis development.	SARNOWSKI T.J., RIOS G., JASIK J., ŚWIEŻEWSKI S.S., KACZANOWSKI S., LI Y., KWIATKOWSKA A., PAWLIKOWSKA K.P., KOŹBIAŁ M., KOŹBIAŁ P., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J.	2005, 17, 2459-2472

50	Struct. Chem.	X-ray crystal and Ab Initio structures of 3',5'-di-O-Acetyl-N(4)-Hydroxy-2'-Deoxycytidine and its 5-Fluoro analogue: models of the N(4)-OH-dCMP and N(4)-OH-FdCMP molecules interacting with thymidylate synthase.	JARMUŁA A., RYPNIEWSKI W.R., FELCZAK K., RODE W.	2005, 16, 541-549
51	Mutat. Res. - Fund Mol M	Mutator activity and specificity of Escherichia coli dnaQ49 allele - effect of umuDC products.	NOWOSIELSKA A., WRZESIŃSKI M., NIEMINUSZCZY J., JANION C., GRZESIUK E.	2005, 575, 113-122
52	J. Bacteriol.	Mutator phenotype resulting from DNA polymerase IV overproduction in Escherichia coli: preferential mutagenesis on the lagging strand.	KUBAŃ W., BANACH-ORŁOWSKA M., BIAŁOSKÓRSKA M., LIPOWSKA A., SCHAAPER R.M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.	2005, 187, 6862-6866
53	Biochem. J.	The functioning of mammalian CIC-2 chloride channel in Saccharomyces cerevisiae cells requires an increased level of K ⁺ I _h p.	FLIS K., HINZPETER A., EDELMAN A., KURLANDZKA A.	2005, 390, 655-664
54	Mol. Microbiol.	DNA polymerase II as a fidelity factor in chromosomal DNA synthesis in Escherichia coli.	BANACH-ORŁOWSKA M., FIJAŁKOWSKA I.J., SCHAAPER R.M., JONCZYK P.	2005, 58, 61-70
55	J. Mol. Liq.	Aggregation of aqueous lysozyme solutions followed by dynamic light scattering and ¹ H NMR spectroscopy.	POZNAŃSKI J., SZYMANSKI J., BASIŃSKA T., SŁOMKOWSKI S., ZIELENKIEWICZ W.	2005, 121, 21-26
56	J. Mol. Liq.	Partial molar volume as an important thermodynamics parameter. Application for uracil methyl derivatives.	POZNAŃSKI J.	2005, 121, 15-20
57	J. Bacteriol.	The toxin-antitoxin system of the streptococcal plasmid pSM19035.	ZIELENKIEWICZ U., CEGŁOWSKI P.	2005, 187, 6094-6105
58	J Mol. Biol.	The 100K-chaperone protein from adenovirus serotype 2 (Subgroup C) assists in trimerization and nuclear localization of hexons from subgroups C and B adenoviruses.	HONG S.S., SZOŁAJSKA E., SCHOEHN G., FRANQUEVILLE L., MYHRE S., LINDHOLM L., RUIGROK R.W.H., BOULANGER P., CHROBOCZEK J.	2005, 352, 125-138
59	Biochem. Bioph. Res. Co.	Nitrophorin synthesis is modulated by protein kinase CK2.	MESQUITA R.D., OLIVEIRA F.M.B., de SHUGAR D., FANTAPPIÉ M.R., SILVA-NETO M.A.	2005, 335, 690-699
60	Appl. Environ. Microb.	Alternative lactose catabolic pathway in Lactococcus lactis IL1403.	ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., KOK J., RENAUPT P., BARDOWSKI J.	2005, 71, 6060-6069
61	Biochim. Biophys. Acta - Proteins Proteom.	Cloning and characterization of an Arabidopsis thaliana nudix hydrolase homologous to the mammalian GFG protein.	OLEJNIK K., KRASZEWSKA E.	2005, 1752, 133-141
62	PNAS	Clusters of mutations from transient hypermutability.	DRAKE J.W., BĘBENEK A., RISSLING G.E., PEDDADA S.	2005, 102, 12849-12854
63	Biochem. Bioph. Res. Co.	Peroxidase activity of annexin 1 from Arabidopsis thaliana.	GÓRECKA K.M., KONOPKA-POSTUPOLSKA D., HENNIG J., BUCHET R., PIKULA S.	2005, 336, 868-875
64	Biochim. Biophys. Acta - Gene Struct. Expr.	The 5' region of the human hSUV3 gene encoding mitochondrial DNA and RNA helicase. Promoter characterization and alternative pre-mRNA splicing.	MIŃCZUK M., LILPOP J., BOROS J., STEPIEŃ P.P.	2005, 1729, 81-87
65	Nucleos. Nucleot. Nucl. Acids	Synthesis and properties of mRNA cap analogs containing phosphorothioate moiety in 5',5'-triphosphate chain.	KOWALSKA J., LEWDOROWICZ M., ZUBEREK J., BOJARSKA E., WÓJCIK J., COHEN L.S., DAVIS R.E., STEPINSKI J., STOLARSKI R., DARZYŃKIEWICZ E., JEMIELITY J.	2005, 24, 595-600
66	Prog. Nucleic Acid Re.	Virus-like particles: models for assembly studies and foreign epitope carriers.	PALUCHA A., ŁONIEWSKA A., SATHESHKUMAR S., BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA A.M., UMASHANKAR M., MILNER M., HAENNI A.-L., SAVITHRI H.S.	2005, 80, 135-168
67	Nucleos. Nucleot. Nucl. Acids	Spectroscopic and kinetic studies of interactions of calf spleen purine nucleoside phosphorylase with 8-azaguanine, and its 9-(2-phosphonylmethoxyethyl) derivative.	WIERZCHOWSKI J., STEPNIAK K., BZOWSKA A., SHUGAR D.	2005, 24, 459-464

68	Exp. Cell Res.	Pan1p, an actin cytoskeleton-associated protein, is required for growth of yeast on oleate medium.	KAMINSKA J., WYSOCKA-KAPCINSKA M., SMACZYŃSKA-DE ROOIJ L., RYTKA J., ŻOŁĄDEK T.	2005, 310, 492
69	RNA	Rsp5 ubiquitin ligase modulates translation accuracy in yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	KWAPISZ M., CHOLBIŃSKI P., HOPPER A.K., ROUSSET J.P., ŻOŁĄDEK T.	2005, 11, 1718
70	Acta Biochim. Pol.	Virus-like particles of potato leafroll virus as potential carrier system for nucleic acids.	SULUJA E., STROKOVSKAYA L., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., PALUCHA A.	2005, 52, 697-702
71	Curr. Genet.	Expression of mitochondrial release factor in relation to respiratory competence in yeast.	TOWPIK J., KUTNER J., BOGUTA M.	2005, 48, 103-108
72	Plant Physiol.	A wound-responsive and phospholipid-regulated maize calcium-dependent protein kinase.	SZCZEGIELNIAK J., KLIMECKA M.M., LIWOSZ A., CIESIELSKI A., KACZANOWSKI S., DOBROWOLSKA G., HARMON A.C., MUSZYŃSKA G.	2005, 139, 187-193
73	Adv. Virus Res.	RNA viruses redirect host factors to better amplify their genome.	BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA A.M., HAENNI A.-L.	2005, 65, 29-40
74	Curr. Biol.	Nowa1p and Nowa2p: novel putative RNA binding proteins involved in trans-nuclear crosstalk in <i>Paramecium tetraurelia</i> .	NOWACKI M., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., MEYER E.	2005, 15, 1627-1628
75	Protein Expres.Purif.	Structurally unique recombinant Kazal-type proteinase inhibitor retains activity when terminally extended and glycosylated.	KŁUDKIEWICZ B., KODRIK D., GRZELAK K., NIRMALA X., SEHNAL F.	2005, 43, 9-14
76	Biochim.Biophys. Acta - Proteins Proteomics	Tetrabromobenzotriazole (TBBt) and tetrabromobenzimidazole (TBBz) as selective inhibitors of protein kinase CK2: Evaluation of their effects on cells and different molecular forms of human CK2.	ZIEN P., DUNCAN J., SKIERSKI J., BRETNER M., LITCHFIELD D.W., SHUGAR D.	2005 1754 277-280
77	Prog.Nucleic Acid Re.	Genetic switches during bacteriophage λ development.	WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.	2005 79 1-10
78	Mutat. Res.-Fund. Mol. M.	A bacterial model for studying effects of human mutations in vivo: <i>Escherichia coli</i> strains mimicking a common polymorphism in the human MTHFR gene.	JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., KŁOSKA A., STEPŃOWSKA M., BANECKI B., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.	2005 578 175-180
79	Am.J.Med.Gen.	Changes in hair morphology of mucopolysaccharidosis I α -L-Iduronidase (Laronidase, Aldurazyme).	KŁOSKA A., BOHDANOWICZ J., KONOPA G., TYLKI-SZYMAŃSKA A., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., CZARTORYSKA B., LIBEREK A., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.	2005 139A 199-203
80	Anal.Biochem.	Gene-based identification of bacterial colonies with an electric chip.	GABIG-CIMINSKA M., LIU Y., ENFORS S.-O.	2005 345 271-276
81	FEMS Microbiol. Lett.	Bioluminescence-mediated stimulation of photoreactivation in bacteria.	KOZAKIEWICZ J., GAJEWSKA M., LYŻEŃ R., CZYŻ A., WĘGRZYN G.	2005 250 105-110
82	Acta Biochim.Pol.	Methylxanthines (caffeine, pentoxifylline and theophylline) decrease the mutagenic effect of daunomycin, doxorubicin and mitoxantrone.	PIOSIK J., GWIZDEK-WISNIEWSKA A., ULANOWSKA K., OCHOJCINSKI J., CZYŻ A., WĘGRZYN G.	2005 52 913-918
83	Acta Biochim.Pol.	Different properties of four molecular forms of protein kinase CK2 from <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	DOMANSKA K., ZIELINSKI R., KUBIŃSKI K., SAJNAGA E., MASŁYK M., BRETNER M., SZYSZKA R.	2005 52 947-952
84	FEBS J. (dawniej Eur. J. Biochem)	Afinity of S100A1 protein for calcium increases dramatically upon glutathionylation.	GOCH G., VDOVIENKO S.I., KOZŁOWSKA H., BIERZYŃSKI A.	2005, 272, 2555-2561
85	FEBS J. (dawniej Eur. J. Biochem)	Mg ²⁺ -modulated KMnO ₄ reactivity of thymines in the open transcription complex reflects variation in the negative electrostatic potential along the separated DNA strands. Footprinting of <i>Escherichia coli</i> RNA polymerase complex at the λ PR promoter revisited.	ŁOZIŃSKI T., WIERZCHOWSKI K.L.	2005, 272, 2853-2859
86	FEBS J. (dawniej Eur. J. Biochem)	Human ATP-dependent RNA/DNA helicase hSuv3p interacts with the cofactor of survivin HBXIP.	MINCZUK M., MROCZEK S., PAWLAK S.D., STĘPIEŃ P.P.	2005, 272, 501-507

b) zagranicznych

1	J. Biol. Chem.	Identification of new genes regulated by the Crt1 transcription factor, an effector of the DNA damage checkpoint pathway in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	ZAIM J., SPEINA E., KIERZEK A.M.	2005, 280, 28-37
2	J. Biomol. NMR	A protein backbone ψ and ϕ angle dependence of $^2J_{N(i),Ca(i-1)}$: The new NMR experiment and quantum chemical calculations.	KOŹMIŃSKI W., ZHUKOV I., PECUL M., SADLEJ J.	2005, 31, 87-95
3	J. Biol. Chem.	RDMI, a novel RNA recognition motif (RRM)-containing protein involved in the cell response to cisplatin in vertebrates.	HAMIMES S., ARAKAWA H., STASIAK A.Z., KIERZEK A.M., HIRANOS S., YANG Y.-G., TAKATA M., STASIAK A., BUERSTEDDE J.-M., DYCK E. van	2005, 280, 9225-9235
4	Mol. Breeding	The Ry-fsto gene from <i>Solanum stoloniferum</i> for extreme resistant to Potato virus Y maps to potato chromosome XII and is diagnosed by PCR marker GP122718 in PVY resistant potato cultivars.	FLIS B., HENNIG J., STRZELCZYK-ŻYTA D., GEBHARDT C., MARCZEWSKI W.	2005, 15, 95-101
5	J. Mol. Liq.	Interactions of transition metal ions with His-containing peptide models of histone H2A.	MYLONAS M., KRĘŻEL A., PLAKATOURAS J.C., HADJILIADIS N., BAL W.	2005, 118, 119-129
6	J. Natl. Cancer I.	Contribution of hMTH1 to the maintenance of 8-oxoguanine levels in lung DNA of non-small-cell lung cancer patients.	SPEINA E., ARCZEWSKA K.D., GACKOWSKI D., ZIELIŃSKA M., SIOMEK A., KOWALEWSKI J., OLIŃSKI R., TUDEK B., KUŚMIEREK J.T.	2005, 97, 384-395
7	Genetics	Suppression of histone H1 genes in <i>Arabidopsis</i> results in heritable developmental defects and stochastic changes in DNA methylation.	WIERZBICKI A.T., JERZMANOWSKI A.J.	2005, 169, 997-1008
8	Yeast	Physiological effects of unassembled chaperonin Cct subunits in the yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	KABIR M.A., KAMINSKA J., SEGEL G.B., BETHLENDY G., LIN P., DELLA SETA F., BLEGEN C., SWIDEREK K.M., ŻOLĄDEK T., ARNDT K.T., SHERMAN F.	2005, 22, 219-239
9	J. Inorg. Biochem.	Determination of the stability constants and oxidation susceptibility of nickel(II) complexes with 2'-deoxyguanosine 5'-triphosphate and L-histidine.	KACZMAREK P., JEZOWSKA-BOJCZUK M., BAL W., KASPRZAK K.S.,	2005, 99, 737-746
10	Plos Biol.	Systematic association of genes to phenotypes by genome and literature mining.	KORBEL J.O., DOERKS T., JENSEN L.J., PEREZ-IRATXETA C., KACZANOWSKI S., HOOPER S.D., ANDRADE M.A., BORK P.	2005, 3, e134
11	Angew. Chem. Int. Ed.	^{13}C couplings to the individual protons in a methyl group: evidence of the methyl protons' engagement in hydrogen bonds.	RATAJCZYK T., CZERSKI I., KAMIENSKA-TRELA K., SZYMAŃSKI S., WÓJCIK J.	2005, 44, 1230-1232
12	Biochem. Bioph. Res. Co.	Multiple functions of the vacuolar sorting protein Ccz1p in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	HOFFMAN-SOMMER M., MIGDAŁSKI A., RYTKA J., KUCHARCZYK R.	2005, 329, 197-204
13	Genome Biol.	Full-length cDNAs from chicken bursal lymphocytes to facilitate gene function analysis.	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.	2005, 6, R6
14	J. Mol. Biol.	<i>Escherichia coli</i> purine nucleoside phosphorylase II, the product of the xapA gene.	DANDANELL G., SZCZEPANOWSKI R.H., KIERDASZUK B., SHUGAR D., BOCHTLER M.	2005, 348, 113-125
15	Cell. Mol. Biol. Lett.	RAPD analysis of the interspecific somatic hybrids <i>Solanum bulbocastanum</i> (+) <i>S. tuberosum</i> .	BOŁTOWICZ D., SZCZERBAKOWA A., WIELGAT B.	2005, 10, 151-162
16	Plant J.	SIPK signaling controls multiple components of harpin-induced cell death in tobacco.	SAMUEL M., HALL H., KRZYMOWSKA M., DRZEWIECKA K., HENNIG J., ELLIS B.E.	2005, 42, 406-416

17	Free Radical Res.	Antioxidants protect the yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> against hypertonic stress.	KOZIOL., S., ZAGULSKI M., BILINSKI T., BARTOSZ G.	2005, 39, 367-371
18	Dalton T.	Oxidative reactivity of Cu-TESHHK- and its alanine analogues.	KACZMAREK P., JEZOWSKA-BOJCZUK M., GATNER K., BAL W.	2005, 11, 198-1988
19	J. Exp. Bot.	Using a suppression subtractive library-based approach to identify tobacco genes regulated in response to short-term sulphur deficit.	WAWRZYŃSKA A.K., LEWANDOWSKA M., HAWKESFORD M.J., SIRKO A.	2005, 56, 157-1590
20	Plant Physiol.	O-acetylserine and the regulation of expression of genes encoding components for sulfate uptake and assimilation in potato.	HOPKINS L., PARMAR S., BŁASZCZYK A.K., HESSE H., HOEFGEN R., HAWKESFORD M.J.	2005, 138, 43-440
21	J. Pept. Sci.	Cyclic enkephalin and dermorphin analogues containing a carbonyl bridge.	FILIP K., OLESZCZUK M., WÓJCIK A., CHUNG N.N., SCHILLER P.W., PAWLAK D., ZIELENIAK A., PARCIŃSKA A., WITKOWSKA E., IZDEBSKI J.	2005, 11, 34-352
22	FEBS J. (dawniej Eur. J. Biochem)	Afinity of S100A1 protein for calcium increases dramatically upon glutathionylation.	GOCH G., VDOVIENKO S.I., KOZŁOWSKA H., BIERZYŃSKI A.	2005, 272, 255-2565
23	Traffic	The CHiPS domain - ancient traces for the hermansky-pudlak syndrome.	HOFFMAN M., GRYNBERG M., KUCHARCZYK R., RYTKA J.	2005, 6, 534-538
24	FEBS J. (dawniej Eur. J. Biochem)	Mg2+-modulated KMnO4 reactivity of thymines in the open transcription complex reflects variation in the negative electrostatic potential along the separated DNA strands. Footprinting of <i>Escherichia coli</i> RNA polymerase complex at the λ PR promoter revisited.	ŁOZIŃSKI T., WIERZCHOWSKI K.L.,	2005, 272, 255-2853
25	Cancer Res.	Epigenetic reactivation of tumor suppressor genes by a novel small-molecule inhibitor of human DNA methyltransferases.	BRUECKNER B., GARCIA BOY R., SIEDLECKI P., MUSCH T., KLIEM H.C.H., ZIELENKIEWICZ P., SUHAI S., WIESSLER M., LYKO F.	2005, 65, 630-6311
26	Prog. Lipid Res.	Polyisoprenoids: structure, biosynthesis and function.	SWIEZEWSKA E., DANIKIEWICZ W.	2005, 44, 235-258
27	Genetics	Processiv clamp gp45 and ssDNA-binding-protein gp32 modulate the fidelity of bacteriophage RB69 DNA polymerase in a sequence-specific manner, sometimes enhancing and sometimes compromising accuracy.	BEBENEK A., CARVER G.T., KADYROV F.A., KISSLING G.E., DRAKE J.W.	2005, 169, 182-1824
28	J. Inorg. Biochem.	Cu(II) complexation by "non-coordinating" N-2-hydroxyethylpiperazine-N'-2-ethanesulfonic acid (HEPES buffer).	SOKOŁOWSKA M., BAL W.	2005, 99, 165-1660
29	Plant Cell	SWI3 subunits of putative SWI/SNF chromatin-remodeling complexes play distinct roles during <i>Arabidopsis</i> development.	SARNOWSKI T.J., RIOS G., JASIK J., ŚWIEZEWSKI S.S., KACZANOWSKI S., LI Y., KWIATKOWSKA A., PAWLIKOWSKA K.P., KOŻBIAŁ M., KOŻBIAŁ P., KONCZ C., JERZMANOWSKI A.J.	2005, 17, 245-2472
30	Struct. Chem.	X-ray crystal and Ab Initio structures of 3',5'-di-O-Acetyl-N(4)-Hydroxy-2'-Deoxycytidine and its 5-Fluoro analogue: models of the N(4)-OH-dCMP and N(4)-OH-FdCMP molecules interacting with thymidylate synthase.	JARMUŁA A., RYPNIEWSKI W.R., FELCZAK K., RODE W.	2005, 16, 545-549
31	Mutat. Res.	Mutator activity and specificity of <i>Escherichia coli</i> dnaQ49 allele - effect of umuDC products.	NOWOSIELSKA A., WRZESIŃSKI M., NIEMINUSZCZY J., JANION C., GRZESIUK E.	2005, 575, 11-122
32	J. Bacteriol.	Mutator phenotype resulting from DNA polymerase IV overproduction in <i>Escherichia coli</i> : preferential mutagenesis on the lagging strand.	KUBAŃ W., BANACH-ORŁOWSKA M., BIAŁOSKÓRSKA M., LIPOWSKA A., SCHAAPER R.M., JONCZYK P., FIJAŁKOWSKA I.J.	2005, 187, 68-686

33	Biochem. J.	The functioning of mammalian CIC-2 chloride channel in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> cells requires an increased level of Khlp.	FLIS K., HINZPETER A., EDELMAN A., KURLANDZKA A.	2005, 390, 655-664
34	Mol. Microbiol.	DNA polymerase II as a fidelity factor in chromosomal DNA synthesis in <i>Escherichia coli</i> .	BANACH-ORLOWSKA M., FIJAŁKOWSKA I.J., SCHAAPER R.M., JONCZYK P.	2005, 58, 61-70
35	J. Mol. Liq.	Aggregation of aqueous lysozyme solutions followed by dynamic light scattering and ¹ H NMR spectroscopy.	POZNAŃSKI J., SZYMAŃSKI J., BASIŃSKA T., SŁOMKOWSKI S., ZIELENKIEWICZ W.	2005, 121, 21-26
36	J. Mol. Liq.	Partial molar volume as an important thermodynamics parameter. Application for uracil methyl derivatives.	POZNAŃSKI J.	2005, 121, 15-20
37	J. Bacteriol.	The toxin-antitoxin system of the streptococcal plasmid pSM19035.	ZIELENKIEWICZ U., CEGŁOWSKI P.	2005, 187, 6094-6105
38	J. Mol. Biol.	The 100K-chaperone protein from adenovirus serotype 2 (Subgroup C) assists in trimerization and nuclear localization of hexons from subgroups C and B adenoviruses.	HONG S.S., SZOŁAJSKA E., SCHOEHN G., FRANQUEVILLE L., MYHRE S., LINDHOLM L., RUIGROK R.W.H., BOULANGER P., CHROBOCZEK J.	2005, 352, 125-138
39	Biochem. Bioph. Res. Co.	Nitrophorin synthesis is modulated by protein kinase CK2.	MESQUITA R.D., OLIVEIRA F.M.B. de SHUGAR D., FANTAPPIÉ M.R., SILVA-NETO M.A.	2005, 335, 690-699
40	Appl. Environ. Microb.	Alternative lactose catabolic pathway in <i>Lactococcus lactis</i> IL1403.	ALEKSANDRZAK-PIEKARCZYK T., KOK J., RENAULT P., BARDOWSKI J.	2005, 71, 6060-6069
41	Biochim. Biophys. Acta - Proteins Proteom.	Cloning and characterization of an <i>Arabidopsis thaliana</i> nudix hydrolase homologous to the mammalian GFG protein.	OLEJNIK K., KRASZEWSKA E.	2005, 1752, 133-141
42	PNAS	Clusters of mutations from transient hypermutability	DRAKE J.W., BĘBENEK A., KISSLING G.E., PEDDADA S.	2005, 102, 12849-12854
43	Biochem. Bioph. Res. Co.	Peroxidase activity of annexin 1 from <i>Arabidopsis thaliana</i> .	GÓRĘCKA K.M., KONOPKA-POSTUPOŁSKA D., HENNIG J., BUCHET R., PIKULA S.	2005, 336, 868-875
44	FEBS J. (dawniej Eur. J. Biochem)	Human ATP-dependent RNA/DNA helicase hSav3p interacts with the cofactor of survivin HBXIP.	MIŃCZUK M., MROCZEK S., PAWLAK S.D., STEPIEŃ P.P.	2005, 272, 5008-5019
45	Biochim. Biophys. Acta - Gene Struct. Expr.	The 5' region of the human hSUV3 gene encoding mitochondrial DNA and RNA helicase: Promoter characterization and alternative pre-mRNA splicing.	MIŃCZUK M., LILPOP J., BOROS J., STEPIEŃ P.P.	2005, 1729, 81-87
46	Nucleos. Nucleot. Nucl. Acids	Synthesis and properties of mRNA cap analogs containing phosphorothioate moiety in 5',5'-triphosphate chain.	KOWALSKA J., LEWDOROWICZ M., ZUBEREK J., BOJARSKA E., WÓJCIK J., COHEN L.S., DAVIS R.E., STEPIŃSKI J., STOLARSKI R., DARZYŃKIEWICZ E., JEMIELITY J.	2005, 24, 595-600
47	Prog. Nucleic Acid Re.	Virus-like particles: models for assembly studies and foreign epitope carriers.	PALUCHA A., ŁONIEWSKA A., SATHESHKUMAR S., BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA A.M., UMASHANKAR M., MILNER M., HAENNI A.-L., SAVITHRI H.S.	2005, 80, 135-168
48	Nucleos. Nucleot. Nucl. Acids	Spectroscopic and kinetic studies of interactions of calf spleen purine nucleoside phosphorylase with 8-azaguanine, and its 9-(2-phosphonylmethoxyethyl) derivative.	WIERZCHOWSKI J., STĘPNIAK K., BZOWSKA A., SHUGAR D.	2005, 24, 459-464
49	Antivir. Chem. Chemoth.	Synthesis and biological activity of 1H-benzotriazole and 1H-benzimidazole analogues - inhibitors of the NTPase/helicase of HCV and of some related Flaviviridae.	BRETNER M., BAIER A., KOPAŃSKA K., NAJDA A., SCHOOF A., REINHOLZ M., LIPNIAK A., PIASEK A., KULIKOWSKI T., BOROWSKI P.	2005, 16, 315-326
50	Exp. Cell Res.	Pan1p, an actin cytoskeleton-associated protein, is required for growth of yeast on oleate medium.	KAMIŃSKA J., WYSOCKA-KAPCIŃSKA M., SMACZYŃSKA-de ROOIJ I., RYTKA J., ZOŁĄDEK T.	2005, 310, 482-492

51	RNA	Rsp5 ubiquitin ligase modulates translation accuracy in yeast <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	KWAPISZ M., CHOLBIŃSKI P., HOPPER A.K., ROUSSET J.P., ŻOLADEK T.	2005, 11, 1718-1718
52	Curr. Genet.	Expression of mitochondrial release factor in relation to respiratory competence in yeast.	TOWPIK J., KUTNER J., BOGUTA M.	2005, 48, 101-108
53	Plant Physiol.	A wound-responsive and phospholipid-regulated maize calcium-dependent protein kinase.	SZCZEGIELNIAK J., KLIMECKA M.M., LIWOSZ A., CIESIELSKI A., KACZANOWSKI S., DOBROWOLSKA G., HARMON A.C., MUSZYŃSKA G.	2005, 139, 1978-1983
54	Adv. Virus Res.	RNA viruses redirect host factors to better amplify their genome.	BOGUSZEWSKA-CHACHULSKA A.M., HAENNI A.-L.	2005, 65, 29-38
55	Curr. Biol.	Nowa1p and Nowa2p: novel putative RNA binding proteins involved in trans-nuclear crosstalk in <i>Paramecium tetraurelia</i> .	NOWACKI M., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., MEYER E.	2005, 15, 1618-1628
56	Protein Expres.Purif.	Structurally unique recombinant Kazal-type proteinase inhibitor retains activity when terminally extended and glycosylated.	KŁUDKIEWICZ B., KODRIK D., GRZELAK K., NIRMALA X., SEHNAL F.	2005, 43, 94-100
57	Biochim.Biophys. Acta	Tetrabromobenzotriazole (TBBt) and tetrabromobenzimidazole (TBBz) as selective inhibitors of protein kinase CK2: Evaluation of their effects on cells and different molecular forms of human CK2.	ZIEŃ P., DUNCAN J., SKIERSKI J., BRETNER M., LITCHFIELD D.W., SHUGAR D.	2005 1754 271-280
58	Prog.Nucleic Acid Re.	Genetic switches during bacteriophage λ development.	WĘGRZYN G., WĘGRZYN A.	2005 79 1-7
59	BMC Pediatr.	Atypical microbial infections of digestive tract may contribute to diarrhea in mucopolysaccharidosis patients: a MPS I case study.	WĘGRZYN G., KURLENDA J., LIBEREK A., TYLKI-SZYMAŃSKA A., CZARTORYSKA B., PIOTROWSKA E., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN A.	2005 5 9
60	Mutat. Res.-Fund. Mol. M.	A bacterial model for studying effects of human mutations in vivo: <i>Escherichia coli</i> strains mimicking a common polymorphism in the human MTHFR gene.	JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., KŁOSKA A., STEPŃSKA M., BANECKI B., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.	2005 578 173-180
61	Am.J.Med. Gen.	Changes in hair morphology of mucopolysaccharidosis I α -L-Iduronidase (Laronidase, Aldurazyme).	KŁOSKA A., BOHDANOWICZ J., KONOPA G., TYLKI-SZYMAŃSKA A., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., CZARTORYSKA B., LIBEREK A., WĘGRZYN A., WĘGRZYN G.	2005 139A 199-203
62	Anal.Biochem.	Gene-based identification of bacterial colonies with an electric chip.	GABIG-CIMINSKA M., LIU Y., ENFORS S.-O.	2005 345 271-276
63	FEMS Microbiol. Lett.	Bioluminescence-mediated stimulation of photoreactivation in bacteria.	KOZAKIEWICZ J., GAJEWSKA M., LYŻEŃ R., CZYŻ A., WĘGRZYN G.	2005 250 105-110

c) polskich o zasięgu co najmniej krajowym

1	Acta Biochim. Pol.	Effect of SOS-induced Pol II, Pol IV, and Pol V DNA polymerases on UV-induced mutagenesis and MFD repair in <i>Escherichia coli</i> cells.	WRZESIŃSKI M., NOWOSIELSKA A., NIEMINUSZCZY J., GRZESIUK E.	2005, 52, 135-147
2	Acta Biochim. Pol.	The Obg subfamily of bacterial GTP-binding proteins: essential proteins of largely unknown functions that are evolutionarily conserved from bacteria to humans.	CZYŻ A., WĘGRZYN G.	2005, 52, 35-44
3	Acta Biochim. Pol.	Farnesyl diphosphate synthase; regulation of product specificity.	SZKOPIŃSKA A., PŁOCHOCKA D.	2005, 52, 45-53
4	Acta Biochim. Pol.	Existing and future therapeutic options for hepatitis C virus infection.	BRETNER M.	2005, 52, 57-64
5	Acta Biochim. Pol.	FEDMA - a simple algorithm for theoretical modeling of linear metabolic pathways: from fuzzy data sets to prediction and experiment.	PAWŁOWSKI P.H., ZIELENKIEWICZ P.	2005, 52, 75-84

6	Acta Biochim. Pol.	Co-inoculation with two non-infectious cDNA copies of potato spindle tuber viroid (PSTVd) leads to the appearance of novel fully infectious variants.	PODSTOLSKI W., GÓRA-SOCHACKA A., ZAGÓRSKI W.	2005, 52, 87-98
7	Acta Biochim. Pol.	Characterization of <i>Bacillus subtilis</i> clones surviving overproduction of Zeta, a pSM19035 plasmid-encoded toxin.	NOWAKOWSKA B., KERN-ZDANOWICZ I., ZIELENKIEWICZ U., CEGŁOWSKI P.	2005, 52, 99-107
8	Acta Biochim. Pol.	Overexpression of genes involved in phytochelatin biosynthesis in <i>Escherichia coli</i> : effects on growth, cadmium accumulation and thiol level.	WAWRZYŃSKA A., K., WAWRZYŃSKI A., GAGANIDZE D., KOPERA E., PIĄTEK K., BAL W., SIRKO A.	2005, 52, 109-116
9	Acta Biochim. Pol.	Isolation of <i>Nicotiana plumbaginifolia</i> cDNAs encoding isoforms of serine acetyltransferase and O-acetylserine (thiol) lyase in a yeast two-hybrid system with <i>Escherichia coli</i> <i>cysE</i> and <i>cysK</i> genes as baits.	LISZEWSKA F., GAGANIDZE D., SIRKO A.	2005, 52, 117-128
10	Acta Biochim. Pol.	Translational readthrough of a termination codon in the yeast mitochondrial mRNA VAR1 as a result of mutation in the release factor mRF1.	CLAISSE M.L., BOGUTA M., ZAGÓRSKI W.	2005, 52, 129-137
11	Acta Biochim. Pol.	Inhibition of DNA repair glycosylases by base analogs and tryptophan pyrrolisate, Trp-P-1.	SPEJNA E., CIEŚLA J.M., GRAZIEWICZ M.-A., LAVAL J., KAZIMIERCZUK Z., TUDEK B.	2005, 52, 167-178
12	Acta Biochim. Pol.	Apoptosis induced by membrane damage in human lymphocytes; effects of arachidonic acid and its photoproducts.	ZARĘBSKA Z., ZIELIŃSKA J., ZHUKOV I., MASLIŃSKI W.	2005, 52, 179-194
13	Acta Biochim. Pol.	Protein production and secretion in an <i>Aspergillus nidulans</i> mutant impaired in glycosylation.	PERLIŃSKA-LENART U., KURZĄTKOWSKI W., JANAS P., KOPIŃSKA A., PALAMARCZYK G., KRUSZEWSKA J.S.	2005, 52, 195-205
14	Acta Biochim. Pol.	Rsp5 ubiquitin ligase affects isoprenoid pathway and cell wall organization in <i>S. cerevisiae</i> .	KAMIŃSKA J., KWAPISZ M., GRABIŃSKA K., ORŁOWSKI J., BOGUTA M., PALAMARCZYK G., ZOŁĄDEK T.	2005, 52, 207-220
15	Acta Biochim. Pol.	Functional relationships between the <i>Saccharomyces cerevisiae</i> cis-prenyltransferases required for dolichol biosynthesis.	GRABIŃSKA K., SOSIŃSKA G., ORŁOWSKI J., ŚWIEŻEWSKA E., BERGES T., KARST F., PALAMARCZYK G.	2005, 52, 221-232
16	Acta Biochim. Pol.	Light conditions alter accumulation of long chain polyprenols in leaves of trees and shrubs throughout the vegetation season.	BAJDA A., CHOJNACKI T., HERTEL J., ŚWIEŻEWSKA E., WÓJCIK J., KACZKOWSKA A., MARCZEWSKI A., BOJARCZUK T., AROLEWSKI P., OLEKSYN J.	2005, 52, 233-241
17	Acta Biochim. Pol.	The occurrence of polyprenols in seeds and leaves of woody plants.	CHOUDA M., JANKOWSKI W.	2005, 52, 243-253
18	Acta Biochim. Pol.	Dolichols of the fern <i>Matteucia struthiopteris</i>	WOJTAS M., BIENKOWSKI T., ZELMAN-FEMIAK M., TATEYAMA S., SAGAMI H., CHOJNACKI T., DANIŁKIEWICZ W., ŚWIEŻEWSKA E.	2005, 52, 255-259
19	Acta Biochim. Pol.	Bacterial chromosome segregation.	BARTOSIK A.A., JAGURA-BURDZY G.	2005, 52, 1-34
20	Acta Biochim. Pol.	MOFOID - not only the protein modeling server.	SZCZĘSNY P., WIECZOREK G., ZIELENKIEWICZ P.	2005, 52, 267-269
21	Acta Biochim. Pol.	Mismatch dependent uracil/thymine-DNA glycosylases excise exocyclic hydroxyethano and hydroxypropano-cytosine adducts.	BORYS-BRZYWCZY E., ARCZEWSKA K.D., SAPARBAEV M.K., HARDELAND U., SCHÄR P., KUŚMIEREK J.T.	2005, 52, 149-165
22	Cell. Mol. Biol. Lett.	RAPD analysis of the interspecific somatic hybrids <i>Solanum bulbocastanum</i> (+) <i>S. tuberosum</i> .	BOŁTOWICZ D., SZCZERBAKOWA A., WIELGAT B.	2005, 10, 151-162
23	Acta Biochim. Pol.	Genetic immunization of ducks for production of antibodies specific to <i>Helicobacter pylori</i> UreB in egg yolks.	KAZIMIERCZUK K., COVA L., NDEBOKO B., SZCZYRK U., TARGOSZ A., BRZOZOWSKI T., SIRKO A.	2005, 52, 261-266

24	Acta Physiol. Plant.	Characteristics of the interspecific somatic hybrids <i>Solanum pinnatisectum</i> (+) <i>S. tuberosum</i> H-8105.	SZCZERBAKOWA A., BOLTOWICZ D., LEBECKA R., RADOMSKI P., WIELGAT B.	2005, 27, 265-273
25	Acta Biochim. Pol.	Virus-like particles of potato leafroll virus as potential carrier system for nucleic acids.	SULUJA E., STROKOVSKAYA L., ZAGÓRSKI-OSTOJA W., PALUCHA A.	2005, 52, 699-702
26	Wiadomości Chemiczne	NMR strategies for the protein structure determination in solution.	EJCHART A.	2005, 59, 1-2
27	Przegląd Mleczarski	Infekcje bakteriofagami mezofilnych szczepów bakterii z rodzaju <i>Lactococcus</i> w mleczarstwie.	HEJNOWICZ M.S., BARDOWSKI J.	2005, 7, 4-7
28	Biotechnologia - Monografie	Microbial fuel cells.	SIKORA A., SIKORA R.	2005, 2, 68-77
29	Postępy Biochemii	Specific arginine mediated RNA recognition.	BLACHNIO K., PRZYKORSKA A.	2005, 51, 339-344
30	J. Appl. Genet.	A modified procedure for quantitative analysis of mtDNA, detecting mtDNA depletion.	WĘGLEWSKA A., JAKÓBKIEWICZ-BANECKA J., WĘGRZYN G.	2005 46 423-428
31	Oceanol. Hydrobiol. Stud.	A novel <i>Virbio</i> <i>hrrveyi</i> mutant with altered quorum sensing regulation.	CZYŻ A., ZIELKE R., WĘGRZYN G.	2005 34 55-60
32	Acta Biochim. Pol.	Methylxanthines (caffeine, pentoxifylline and theophylline) decrease the mutagenic effect of daunomycin, doxorubicin and mitoxantrone.	PIOSIK J., GWIZDEK- WIŚNIEWSKA A., ULANOWSKA K., OCHOCIŃSKI J., CZYŻ A., WĘGRZYN G.	2005 52 923-928
33	Acta Biochim. Pol.	Different properties of four molecular forms of protein kinase CK2 from <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	DOMAŃSKA K., ZIELIŃSKI R., KUBIŃSKI K., SAJNAGA E., MASŁYK M., BRETNER M., SZYSZKA R.	2005 52 947-952
34	Acta Haematol. Pol.	Mutacje G1529A genu kinazy pirogronianowej krwinek czerwonych u chorego z wrodzoną niesferocytową niedokrwistością hemolityczną.	JABŁOŃSKA-SKWIECINSKA E., MACIĄG M., PŁOCHOCKA D., CZAJKOWSKA-MENDEK E., ZDEBSKA E., BURZYŃSKA B.	2005 36 343-348
d) polskich o zasięgu lokalnym				
0				

II.1.2. Wykaz monografii naukowych i podręczników akademickich autorstwa, współautorstwa lub pod redakcją pracowników placówki

liczba ogółem	wydawca monografii/ podręcznika	tytuł	autor	rok, tom, strona
a) autorstwo monografii lub podręcznika w jęz. obcym				
b) autorstwo monografii lub podręcznika w jęz. polskim				
1	Instytut Biochemii i Biofizyki PAN	Ćwiczenia z genetyki bakterii dla studentów biofizyki UW.	BARDOWSKI J., DMOWSKI M., GÓRECKI R., HEJNOWICZ M., KERN-ZDANOWICZ I., KORYSZEWSKA A., ZIELENKIEWICZ U.	2005, 1-17
c) autorstwo rozdziału w monografii lub podręczniku w jęz. obcym				
1	Humana Press	NMR-based structure determination of proteins in solution. In: <i>The Proteomics Protocols Handbook</i> .	EJCHART A., ZHUKOV I.	2005, 967-972
2	Wiley	Modeling of biological ligand binding. In: <i>Handbook of Elemental Speciation II - Species in the Environment, Food, Medicine and Occupational Health</i> .	BAL W., KASPRZAK K.S.	2005, 728-733
3	Royal Society of Chemistry	Applications of spin-spin couplings. A Specialist Periodical Report. Nuclear Magnetic Resonance.	KAMIENSKA-TRELA K., WÓJCIK J.	2005, 34, 199-207
4	Institute of Physical Chemistry of PAS	The role of aqueous solvent in stabilization/destabilization inter- and intramolecular interactions. In: <i>Thermodynamics for Environment</i> .	POZNAŃSKI J.	2005, 181-186

5	John Wiley & Sons	Simulation of biochemical networks. In: Encyclopedia of Genetics, Genomics, Proteomics and Bioinformatics.	KIERZEK A.M.	2005, 8, 3577- 3585
6	Backhuys Publishers	Identification of novel genes of <i>Nicotiana tabacum</i> regulated by short-term sulfur starvation. In: Sulfur Transport and Assimilation in Plants in the Post Genomic Era.	LEWANDOWSKA M., WAWRZYŃSKA A.K., KAMIŃSKA J., LISZEWSKA F., SIRKO A.	2005, 153-156

d) autorstwo rozdziału w monografii lub podręczniku w jęz. polskim

--	--	--	--	--

e) redakcja monografii lub podręcznika

1	Backhuys Publishers	Sulfur Transport and Assimilation in Plants in the Post Genomic Era	SAITO K. De, KOK L.J., STULEN I., HAWKESFORD M.J., SCHNUG E., SIRKO A., RENNENBERG H.	2005
---	---------------------	--	---	------

II. Aktywność naukowa placówki

II.2. Realizowane 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:							
Ogółem 27	Charakterystyka molekularna kinazy białkowej CKIIB w kukurydzy.	mgr	Maja		Lebska	2005	2005	
	Rośliny i linie komórkowe tytoniu o zmienionej ekspresji i aktywności NtOSAK (Nicotiana tabacum Osmotic Stress Activated Protein Kinase).	mgr	Izabela		Pekala	2005	2005	
	Niektóre aspekty fenotypu roślin ziemniaka jadalnego (Solanum tuberosum) oraz charakterystyka linii Arabidopsis thaliana, nadprodukcujących ziemniaczaną β -1,3-glukanazę (GluB) i jej nieaktywny wariant (GluB 20-2E $\rightarrow$ A).	mgr	Agnieszka		Witek	2005	2005	
	Rola RNAi w regulacji FLC.	mgr	Szymon		Świeżewski	2005	2005	
	Analiza nadprodukowanego w systemie bakteryjnym i oczyszczonego białka GluB 20-2 oraz jego nieaktywnego katalitycznie wariantu GluB 20-2 E $\rightarrow$ A.	mgr	Kamil		Witek	2005	2005	
	Mechanizm ataku jonu Cu(I) na palec cynkowy ZnXPAzf. Badanie strukturalne.	mgr	Aleksandra		Wikiewicz-Kucharczyk	2005	2005	
	Reakcja hydrolizy wiązania peptydowego w wyniku wiązania jonu Ni.	mgr	Edyta		Kopera	2005	2005	
	Wpływ glutationylacji na zdolność wiązania się białka S100A1 do peptydu TRTK-12.	mgr	Marianna		Nechypor	2005	2005	
	Oddziaływanie białka S100B z zewnątrzkomórkowym receptorem RAGE.	mgr	Małgorzata		Bajor	2005	2005	
	Izolacja znakowanego izotopowo glutationu z komórek Escherichia coli.	mgr	Paweł		Hodurek	2005	2005	
	Enancjoselektywna synteza obu izomerów optycznych 4-hydroksynonenalu (HNE) oraz identyfikacja adduktów HNE do deoksytydyny.	mgr	Marek		Komisarski	2005	2005	

Rola białek pomocniczych w aktywnym rozdziale niskokopijnych plazmidów z różnych grup niezgodności.	mgr	Patrycja		Dołowy	2005	2005
Oksydacyjne uszkodzenia mitochondrialnego DNA a długość życia komórek drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Ewa		Malc	2005	2005
Analiza proteomiczna chromosomalnych mutantów <i>parB Pseudomonas aeruginosa</i> .	mgr	Jolanta		Mierzejewska	2005	2005
Fizjologiczna rola podjednostki Dpb2 DNA polimerazy epsilon w <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	mgr	Justyna		Rudzka	2005	2005
Regulacja genów związanych z metabolizmem siarkowym u <i>Burkholderia cenocepacia</i> .	mgr	Agata		Zielak	2005	2005
BER oraz rekombinacja – charakterystyka mechanizmów naprawy mitochondrialnego DNA u <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Agata		Rogowska	2005	2005
Funkcjonowanie MMR na obu replikowanych niciach DNA w komórkach <i>Escherichia coli</i> .	mgr	Małgorzata		Jaszczur	2005	2005
Partycja plazmidu pSM19035 - analiza białek Delta i Omega	mgr	Michał		Dmowski	2005	2005
Charakterystyka genomu poliwalentnego bakteriofaga A5 <i>Staphylococcus aureus</i> , określenie jego specyficzności i identyfikacja bakteriostatycznych białek.	mgr	Magdalena		Lewandowska	2005	2005
Czynniki wpływające na aktywność glikozylaz oksydacyjnych uszkodzeń DNA w nowotworach płuc człowieka.	mgr	Maja		Swoboda	2005	2005
Badanie roli białka Rbs1 w regulacji ekspresji polimerazy III RNA u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	mgr	Karol		Baliński	2005	2005
Analiza poziomu ekspresji genów kodujących białka błonowe krwinek czerwonych u chorych ze sferocytozą wrodzoną lub innymi rzadziej spotykanymi wadami wrodzonymi erytrocytów.	mgr	Monika		Maciag	2005	2005
Badanie funkcji ludzkiego białka hSuv3p.	mgr	Roman		Szczęsny	2005	2005

II.2.2. własne (granty)	Ogółem	30	Wykorzystanie systemu dwuhybrydowego do identyfikacji białek oddziałujących z Ydr533p – drożdżowym homologiem ludzkiego białka DJ-1, którego mutacja powoduje powstanie choroby Parkinsona.	mgr	Arkadiusz		Miciakiewicz	2005	2005	
			Identyfikacja mechanizmów regulacyjnych we wczesnych etapach glikozylacji białek i ich związek ze szlakiem integralności komórki.	mgr	Katarzyna		Machula	2005	2005	
			Regulacja aktywności drożdżowej syntazy dolichylofosfomannozy przez fosforylację.	mgr	Jacek		Orłowski	2005	2005	
			Tytuł projektu	Tytuł	Kierownik projektu		Nazwisko	rok pocz.	okres realizacji	Koszt projektu
			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 PI następujących po utworzeniu kompleksu centromerowego.	dr	Małgorzata		Lobocka	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
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 ubiquitynacji 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 "wyłączania genów" z użyciem interferencyjnych RNA (iRNA).	dr	Marek		Zagłuski	2003	2006	350 000 zł
Opracowanie filtrów ekspresyjnych i zbadanie przy ich pomocy mutacji genowych warunkujących niedobory białek błonowych krwinek czerwonych u chorych ze sferocytosą 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-PIP2-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		Bebenek	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 Saccharomyces cerevisiae.	dr hab.	Piotr		Jonczyk	2004	2007	309 600 zł
Chemiczne podstawy karcynogenezy metali. Mechanizm ataku metali toksycznych na palce cynkowe.	doc. dr hab.	Wojciech		Bal	2004	2007	180 000 zł
Udział białka AlkB Escherichia coli w naprawie alkilowanego DNA na drodze oksydacyjnej demetylacji.	doc. dr hab.	Elzbieta		Grzesiuk	2004	2006	180 000 zł
Udział białka KU70 i hydrolaz grupy nudix w mechanizmach reakcji roślin na światło i stres abiotyczny.	dr	Elzbieta		Kraszewska	2004	2007	240 000 zł
Rola ATP-zależnej przebudowy chromatyny i wariantów histonu H1 w regulacji rozwoju roślin.	prof. dr hab.	Andrzej		Jerzmanowski	2005	2007	679 760 zł
Genetyka i biologia molekularna metabolizmu siarkowego u grzyba Aspergillus nidulans.	prof. dr hab.	Andrzej		Paszewski	2005	2008	380 000 zł
Identyfikacja i charakterystyka nieznanych lub hipotecznych genów związanych z wirulencją bakterijna.	dr	Marcin		Grynberg	2005	2008	70 000 zł
Analiza funkcjonalna i rola biotechnologiczna genów regulatorowych ccpA i yebF oraz identyfikacja innych genów ważnych dla katabolizmu laktozy i beta-glukozydów i Lactococcus lactis.	dr	Tamara		Aleksandrak-Piekarczyk	2005	2008	286 800 zł
Wykorzystanie dodekahedronu adenowirusowego do wprowadzania czynników terapeutycznych to tkanek nowotworowych.	dr	Ewa		Szotajska	2005	2008	350 000 zł
Budowa i optymalizacja mikrobiologicznych ogniw paliwowych z udziałem mikroorganizmów zwacza oraz bakterii redukujących metale.	dr	Anna		Sikora	2005	2008	345 000 zł
Rola aneksyn w percepcji i przekazywaniu sygnału wapniowego w komórkach Arabidopsis thaliana w odpowiedzi na zmiany środowiskowe.	dr	Dorota		Konopka-Podstupska	2005	2008	280 000 zł
Inhibitory helikazy RNA wirusa zapalenia wątroby typu C (HCV) a polimorfizm genetyczny HCV.	dr	Anna		Chachulska-Boguszewska	2005	2008	240 000 zł

II.2.3.		promotorskie	Kompleks peptydu AB z białkiem recetorowym RAGE - potencjalne pole terapii w chorobie Alzheimera.	doc. dr hab.	Michał		Dadlez	2005	2008	382 000 zł
			Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Ogółem	Badania wzajemnego wpływu oddziaływań jonów metali i substancji farmaceutycznych z ludzką albuminą osocza krwi.	doc. dr hab.	Wojciech		Bal	2003	2005	30 000 zł
		5	Molekularna charakterystyka systemu transferu koniugacyjnego plazmIDU Pctx-m3.	doc. dr hab.	Jacek		Bardowski	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 CsmI p i IrrI p/Sec3p w podziałach mejotycznych drożdży Saccharomyces cerevisiae.	prof. dr hab.	Joanna		Rytka	2004	2006	50 000 zł
			Dysocjacja holoenzymu Polimerazy III DNA jako mechanizm umożliwiający wymianę polimeraz DNA podczas replikacji chromosomu E.coli.	doc. dr hab.	Iwona	Jadwiga	Fijałkowska	2005	2007	40 800 zł
II.2.4.		zamawiane	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
			Nowa metoda odcinania etykiety powinowactwa przy oczyszczaniu białek.	doc. dr hab.	Wojciech		Bal	2003	2005	500 000 zł
		Ogółem	Badanie stabilności efektów wywołanych przez RNAi w pokoleniach potomnych roślin ziemniaka (Solanum tuberosum) uzyskanych na drodze rozmnażania wegetatywnego lub generatywnego.	prof. dr hab.	Jacek		Hennig	2003	2006	320 000 zł
		15	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		Grzebiuk	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 zapalenia żołądka, jelita i trzustki we wczesnym okresie postnatalnym na funkcje przewodu pokarmowego u dorosłego organizmu - badania modelowe na szeszurach.	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	Krzyszowska	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 (Nicotiana tabacum 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

Inhibitory kinaz białkowych jako potencjalne leki przeciwnowotworowe i przeciwwirusowe.	dr	Maria		Bretner	2005	2008	308 600 zł
Nadekspresja i oczyszczanie białek wirusa HCV do badania aktywności inhibitorów. Testowanie potencjalnych inhibitorów kinazy CK2 przy użyciu metody fluorometrycznej. Badanie wpływu inhibitorów kinaz na fosforylację wybranych białek wirusowych i na replikację subgenomowych replikonów HCV.	dr	Anna		Boguszewska-Chachulska	2005	2008	112 800 zł
Badanie wpływu inhibitorów na fosforylację substratów białkowych przez kinazę CK2 z kukurydzy. Selekcja nowo- syntetyzowanych związków jako inhibitorów CK2. Nadekspresja i oczyszczanie podjednostki α i β CK2. Oznaczanie stopnia hamowania aktywności apo i holoenzymu CK2 przez wyselekcjonowane inhibitory przy użyciu specyficznych substratów. Wyjaśnienie mechanizmów działania wybranych inhibitorów CK2. Określenie specyficzności inhibicji fosforylacji wybranych substratów CK2. Nadekspresja i oczyszczanie substratów: (PP2A), Bid, Hs1. Określenie stopnia fosforylacji identyfikacja fosforyzowanych reszt w laboratorium MS.	prof. dr hab.	Grażyna		Muszyńska	2005	2008	158 800 zł
Ekspresja i oczyszczanie białka penton base adenowirusa. Opracowanie warunków enkapsydacji wybranych inhibitorów kinaz (inh.) w dodekahedronach (Dd). Charakterystyka strukturalna i fizykochemiczna preparatu Dd/inh. Badania efektu preparatu Dd/inh. na komórkach ludzkich in vitro. Przygotowanie większej ilości preparatu do badania efektu podania Dd/inh. na modelu zwierzęcym.	dr	Ewa		Szolańska	2005	2008	42 000 zł

Optimalizacja znanych inhibitorów i nowych związków hamujących aktywność CK2. Stworzenie modeli przestrzennych kinaz, których struktura nie została rozwiązana eksperymentalnie. Zdefiniowanie różnic pomiędzy centrami aktywnymi poszczególnych białek. Stworzenie bazy unikalnych cech strukturalnych odróżniających centra aktywne poszczególnych kinaz od kinazy CK2. Ustalenie struktury kompleksów kinaza-inhibitor przy pomocy dokowania molekularnego. Wykorzystanie struktury centrum aktywnego kinazy CK2 oraz przewidywanego sposobu wiązania nowych związków do ustalenia istotności poszczególnych grup funkcyjnych dla oddziaływania inhibitor-kinaza. Stworzenie podbaz związków o charakterystycznych cechach fizykochemicznych. Przeszukiwanie stworzonych farmakotek do znalezienia nowych związków inhibujących kinazę CK2.	prof. dr hab.	Piotr	Zielenkiewicz	2005	2008	137 540 zł
Utylizacja odpadów przemysłu mineralnego z zastosowaniem metod biotechnologicznych oraz stworzenie banku mikroorganizmów potencjalnie użytecznych w biometalurgii.	dr	Urszula	Zielenkiewicz	2005	2008	172 000 zł
Genomika funkcjonalna modelowych mikroorganizmów w badaniach molekularnych podłoża ludzkich chorób genetycznych i patogenności.	prof. dr hab.	Joanna	Rytko	2005	2008	377 920 zł
Identyfikacja zachowanych w ewolucji substratów ludzkiej ligazy ubikwintynowej hNedd4.	prof. dr hab.	Teresa	Żoładek	2005	2008	265 000 zł
Identyfikacja zachowanych w ewolucji substratów ludzkiej ligazy ubikwintynowej hNedd4.	doc. dr hab.	Ewa	Śledziwska-Gójska	2005	2008	115 000 zł
Wykorzystanie drożdży w badaniu genetycznego podłoża dysfunkcji śródbłonkowej.	dr	Beata	Burzyńska	2005	2008	236 000 zł
Analiza genetycznego uwarunkowania anemii hemolitycznych.	dr	Beata	Burzyńska	2005	2008	210 000 zł
Organizacja ściany komórkowej <i>S. cerevisiae</i> i <i>Candida albicans</i> a wrażliwość na leki przeciwpierwotnicze.	prof. dr hab.	Grażyna	Pałamarczyk	2005	2008	314 400 zł

II.2.5.	celowe	Funkcja białka Yal9 w procesie prawidłowej segregacji chromosomów i utrzymania stabilności genomu.		dr	Anna		Chelstowska	2005	2008	327 000 zł
		Rola białka Maf1 jako potencjalnego supresora nowotworów – mechanizm działania i znalezienie powiązań regulacyjnych w kaskadzie przekazywania sygnałów.		prof. dr hab.	Magdalena		Rakowska-Boguta	2005	2008	327 000 zł
		Tytuł projektu		Tytuł	Kierownik projektu			okres realizacji		Koszt projektu
	Ogółem				Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
	0									
II.2.6.	celowe zamawiane	Tytuł projektu		Tytuł	Kierownik projektu			okres realizacji		Koszt projektu
					Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
	Ogółem									
	0									
II.2.7.	SPUB-y międzynarodowe (tzw. SPUB-M) finansowane przez KBN	Tytuł projektu		Tytuł	Kierownik projektu			okres realizacji		Koszt projektu
		Rozwój ultraczułych metod dla proteomu: zastosowanie w mukowiscytozie (EUROPROCF).		prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2002	2005	505 400 zł
		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
	Ogółem	Rozwój ulepszonych systemów do fitoremediacji gleb zanieczyszczonych metalami poprzez poprawę zdolności fitoakumulacji (PHYTAC).		doc. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2003	2005	280 462 zł
	12	Nukleotydohydrolaza trifosforanu deoksyrydyny 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

II.2.8. finansowane przez inne poza KBN podmioty/instytucje krajowe np. zlecane placowce bezpośrednio przez resorty	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
	Fitotechnologie promujące długotrwałe użytkowanie ziemi i poprawę bezpieczeństwa żywności.	doc. dr hab.	Agnieszka		Sirko	2005	2008	752 410 zł
	Profile ekspresji genomu jako wzorce dla oceny bezpieczeństwa nowych szczepów, włączając GMO używane w wytwarzaniu żywności na drodze procesów biotechnologicznych (Ex-Fin).	doc. dr hab.	Jacek		Bardowski	2003	2005	357 000 zł
	Linia komórkowa DT40 limfocytów B jako model genetyczny i alternatywa dla badań z użyciem zwierząt laboratoryjnych (DT-40).	dr	Andrzej		Kierzek	2003	2005	220 850 zł
	Kontrolowana integracja genów:warunek rozwoju genomiki i terapii genowej (Geninteg).	dr	Andrzej		Kierzek	2004	2007	279 600 zł
	Zrozumienie normalnego i patologicznego rozwoju człowieka przez integrowaną genomikę porównawczą na modelach kręgowców nie-ssaków (AMPHISH).	dr	Andrzej		Kierzek	2004	2005	15 000 zł
	Tytuł projektu	Kierownik projektu				okres realizacji		Koszt projektu
		Tytuł	Imię 1	Imię 2	Nazwisko	rok pocz.	rok.końc.	
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: "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 Pseudomonas aeruginosa".	doc. dr hab.	Grażyna		Jagura-Burdzy	2002	2005	

Ogółem	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	
16	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: "The B-cell line DT40 as a genetic model and a substitute for animal research (DT40)".	dr hab.	Andrzej		Kierzek	2003	2005	
	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	2005	
	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: "Assessment 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 w ramach 6.PR UE: "Genetics of coenzyme Q deficiency in humans (UBIGENES)".	prof. dr hab.	Ewa		Świeżewska	2005	2008	
	Projekt w ramach 6.PR UE: "Development of new methodologies for low abundance proteomics: application to cystic fibrosis (NEUROPROCF-BI)".	prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	2005	2008	

	Projekt w ramach 6 PR UE: "Development of new methodologies for low abundance proteomics: application to cystic fibrosis (NEUROPROCF-MS)".	doc. dr hab.	Michał		Dadlez	2005	2008
	Projekt finansowany przez National Institutes of Health (USA): "Fidelity studies of RB69 DNA polymerase mutants".	dr	Anna		Bębenek	2003	2006
Razem wszystkie	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		Jonezyk		
105							

II.2.10. Wybrane 3 najważniejsze wyniki badań projektów zrealizowanych i rozliczonych w roku sprawozdawczym (na każdy opis - maks. 500 znaków ze spacjami)

1	Mitochondrialny system naprawy błędnie sparowanych zasad (mtMMR) w komórkach drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i>. <i>Prof. dr hab. Zygmunt Cieśla, dr Marta Fikus, dr Piotr Koprowski, dr Aneta Kaniak, mgr Piotr Dzierzbicki.</i> Wykazano, że białko Msh1, kluczowy składnik mitochondrialnego systemu błędnie sparowanych zasad (mtMMR), odgrywa podwójną rolę w utrzymaniu stabilności mitochondrialnego DNA (mtDNA); oprócz funkcji korektorskiej podczas replikacji, zapewnia integralność genomu mitochondrialnego. Wykazano również, że mtMMR jest alternatywnym w stosunku do systemu wycinania zasad (mtBER) mechanizmem usuwania endogennych uszkodzeń oksydacyjnych w mtDNA powstających w wyniku działania reaktywnych form tlenu.
2	Udział terminacji translacji i prionu [PSI] w regulacji funkcjonowania mitochondriów u <i>Saccharomyces cerevisiae</i>. <i>Prof. dr hab. Magdalena Boguta, dr Joanna Towpik, mgr Małgorzata Cieśla, mgr Agnieszka Jankowska, mgr Jan Kutner, mgr Monika Kosińska</i> Wykazano, że prion [PSI] wpływa na transkrypcję mitochondrialnego genu COX5b u drożdży. Wpływ [PSI] jest pośredni i zachodzi prawdopodobnie poprzez supresję kodonu terminacyjnego genu IXR1 kodującego represor transkrypcji COX5b. Wykonano model strukturalny mRF1, czynnika terminacji translacji mitochondrialnej drożdży. Zlokalizowano na modelu 10 podstawień aminokwasowych zidentyfikowanych w mutantach mrf1. Wykonano analizę molekularną defektów translacji w tych mutantach mrf1 i pokazano korelację z lokalizacją w obszarach krytycznych dla struktury białka.
3	Nowa metoda odcinania etykiety powinowactwa przy oczyszczaniu białek. <i>Prof. dr hab. Wojciech Bal, dr Aleksandra Wyslouch, dr Barbara Kudkiewicz, dr Małgorzata Adamczyk, dr Jacek Wójcik, mgr Maciej Maciejczyk, mgr Artur Krężel, mgr Edyta Kopera, mgr inż. Aleksandra Wikiewicz</i> W ramach projektu zoptymalizowano sekwencję peptydową, podatną na hydrolizę zależną od Ni(II) za pomocą kombinatorycznych bibliotek peptydowych. Dla uzyskanych sekwencji wiódących wyznaczono parametry kinetyczne reakcji, selekcjonując najaktywniejszą sekwencję, właściwość, której zbadano w szerokim zakresie parametrów. Na tej podstawie zaprojektowano testowe białko fuzyjne, które zostało z powodzeniem pocięte w różnych warunkach w roztworze i na kolumnie powinowactwa, dając pożądany produkt.

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

II.3.1. Ochrona własności intelektualnej (dotyczy uprawnień placówki z patentu/prawa ochronnego w myśl 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:

a) Uzyskane patenty

tytuł	data decyzji	nr patentu	kraj
3 zgłoszenia patentowe			

b) Uzyskane prawa ochronne na wzory użytkowe

tytuł	data decyzji	nr świadectwa	kraj

c) Wykaz wdrożeń - udokumentowanych i wykorzystanych poza jednostką wyników badań naukowych i prac rozwojowych prowadzonych w jednostce

tytuł przedsięwzięcia	słowa kluczowe	jednostka wdrażająca	forma prawna przekazania wyników prac B+R	wycena wartości przekazanych wyników badań	opis efektów praktycznych, gospodarczych lub społecznych, uzyskanych poza jednostką

d) Liczba sprzedanych licencji, know-how itp.

w tym:

liczba ogółem

- o opłacie licencyjnej powyżej 1 mln zł	0
- o opłacie licencyjnej od 500 tys. zł do 1 mln zł	0
- o opłacie licencyjnej poniżej 500 tys. zł	0

II. Aktywność naukowa placówki

II.4. Kształcenie (rozwój) kadr naukowych

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

profesora (nadany przez Prezydenta RP)		
imię 1	imię 2	nazwisko
Bernard	Waldemar	Wielgat
Teresa	Grażyna	Żołądek

doktora habilitowanego				
imię 1	imię 2	nazwisko	tytuły prac habilitacyjnych	zakres nadanego stopnia naukowego
Joanna	Stefania	Kruszewska	Genetyczne modyfikacje szlaku O-glikozylacji a sekrecją białek w <i>Trichoderma reesei</i> .	Biochemia
Anna		Kurlandzka	Niekanoniczne funkcje białek Irr1/Scs3 i Csm1 biorących udział w segregacji chromosomów drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Biochemia

doktora				
imię 1	imię 2	nazwisko	tytuły prac doktorskich	zakres nadanego stopnia naukowego
Magdalena	Maria	Banach-Orłowska	Polimeraza II DNA jako dodatkowy czynnik kontrolujący wierność replikacji w komórkach <i>Escherichia coli</i> .	Biochemia
Anna		Barabasz	Analiza ekspresji i funkcji 1,3-β-glukanazy - produktu genu <i>gluB20-2</i> - w roślinach ziemniaka.	Biochemia
Karina	Alicja	Błachnio	Wpływ argininy na drugorzędową strukturę regionu 5'UTR mRNA arginazy z <i>Aspergillus nidulans</i> .	Biochemia
Aneta		Dobruk-Serkowska	Partycja plazmidu P1: mechanizmy zróżnicowanej ekspresji genów operonu par P1.	Biochemia
Krzysztof	Robert	Flis	Funkcjonalne wyrażenie ssaczego kanału chlorkowego CIC-2 w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Biochemia
Marcin		Gołębiewski	Kompletna sekwencja nukleotydowa plazmidu pCTX-M3 i analiza jego genów zaangażowanych w transfer koniugacyjny.	Biochemia
Magdalena	Ewa	Kowalczyk	Analiza fizjologiczna i molekularna funkcji białek regulatorowych CcpA i BglR w katabolizmie laktozy i β-glukozydów u <i>Lactococcus lactis</i> IL1403.	Biochemia
Paweł		Kowalczyk	Sekwencyjnie zależna indukcja egzocyklicznych adduktów DNA przez trans-4-hydroksy-2-nonenal i aldehyd chlorocytowy, mutageneza i naprawa w komórkach <i>Escherichia coli</i> .	Biochemia
Joanna	Elżbieta	Krwawicz	Udział naprawy DNA przez wycinanie zasad (BER) w indukowanej mutagenezie faga λO(am)8 w warunkach niepermissywnych dla jego replikacji.	Biochemia
Marta		Kwapisz	Czynniki wpływające na dokładność translacji u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Biochemia

Frantz	Bernard	Liszewska	Ekspresja prokaryotycznych genów <i>cysK</i> i <i>cysE</i> w tytoniu oraz analiza heterologicznych oddziaływań produktów tych genów.	Biochemia
Marta		Oleszczuk	Badania konformacyjne modelowych fragmentów białek wiążących jony wapnia.	Biofizyka
Urszula	Maraia	Perlińska-Lenart	Modulacje szlaku glikozylacji białek w <i>Trichoderma reesei</i> i <i>Aspergillus nidulans</i> .	Biochemia
Karolina	Joanna	Skorupińska-Tudek	Mechanizm biosyntezy poliizoprenoidów w komórkach roślinnych.	Biochemia
Joanna		Towpik	Terminacje translacji mitochondrialnej u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Biochemia
Maksymilian	Marek	Zienkiewicz	Kompletna sekwencja nukleotydowa plazmidu p1658/97 i analiza regionu odpowiedzialnego za amplifikację genu β -laktamazy SHV-5.	Biochemia

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

doktora habilitowanego	doktora
1	3

II.4.3. 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	w tym: liczba uczestników pobierających stypendium Prezesa PAN
88	26	82	77	2

II.4.3.1. Uzyskane doktoraty w ramach studiów doktoranckich pod kierunkiem promotora z placówki (wykonane w placówce)

imię 1	imię 2	nazwisko	tytuły prac doktorskich	zakres nadanego stopnia naukowego
Magdalena	Maria	Banach-Orłowska	Polimeraza II DNA jako dodatkowy czynnik kontrolujący wierność replikacji w komórkach <i>Escherichia coli</i> .	Biochemia
Anna		Barabasz	Analiza ekspresji i funkcji 1,3- β -glukanazy - produktu genu <i>gluB20-2</i> - w roslinach ziemniaka	Biochemia
Karina	Alicja	Błachnio	Wpływ argininy na drugorzędową strukturę regionu 5'UTR mRNA arginazy z <i>Aspergillus nidulans</i> .	Biochemia
Aneta		Dobruk-Serkowska	Partycja plazmidu P1: mechanizmy zróżnicowanej ekspresji genów operonu par P1.	Biochemia
Krzysztof	Robert	Flis	Funkcjonalne wyrażenie ssaczego kanału chlorkowego CIC-2 w drożdżach <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Biochemia
Marcin		Gołębiewski	Kompletna sekwencja nukleotydowa plazmidu pCTX-M3 i analiza jego genów zaangażowanych w transfer koniugacyjny.	Biochemia

Magdalena	Ewa	Kowalczyk	Analiza fizjologiczna i molekularna funkcji białek regulatorowych CcpA i BglR w katabolizmie laktozy i β -glukozydów u <i>Lactococcus lactis</i> IL1403.	Biochemia
Paweł		Kowalczyk	Sekwencyjnie zależna indukcja egzocyklicznych adduktów DNA przez trans-4-hydroksy-2-nonenal i aldehyd chlorocytowy, mutageneza i naprawa w komórkach <i>Escherichia coli</i> .	Biochemia
Joanna	Elżbieta	Krwawicz	Udział naprawy DNA przez wycinanie zasad (BER) w indukowanej mutagenezie faga λ O(am)8 w warunkach niepermissywnych dla jego replikacji.	Biochemia
Marta		Kwapisz	Czynniki wpływające na dokładność translacji u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Biochemia
Marta		Oleszczuk	Badania konformacyjne modelowych fragmentów białek wiążących jony wapnia.	Biofizyka
Karolina	Joanna	Skorupińska-Tudek	Mechanizm biosyntezy poliizoprenoidów w komórkach roślinnych.	Biochemia
Joanna		Towpik	Terminacje translacji mitochondrialnej u drożdży <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Biochemia
Maksymilian	Marek	Zienkiewicz	Kompletna sekwencja nukleotydowa plazmidu p1658/97 i analiza regionu odpowiedzialnego za amplifikację genu β -laktamazy SHV-5.	Biochemia

Uczestnicy innych form kształcenia (magistranci, praktykanci, stażyści)
- z wyszczególnieniem poszczególnych form kształcenia

ogółem

47

w tym, przyjęci w roku sprawozdawczym:

forma kształcenia	liczba
magistranci	45
praktykanci	0
stażyści	2
inni	0

Opieka nad studentami

liczba studentów odbywających praktyki ogółem	ogółem	prace magisterskie	
		w uczelniach macierzystych	w placówkach PAN
68	40	9	38

II. Aktywność naukowa placówki

II.5. Aktywność wydawnicza:

II.5.1. Własne wydawnictwa placówki w roku sprawozdawczym

tabela A

ogółem		w tym:				pozostałe:	
		publikacje zwarte:		publikacje ciągłe:		w tym: czasopisma	
liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)	liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)	liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)	liczba tytułów	nakład (liczba egzemplarzy)
1	1200	1	1200	0	0	0	0

tabela B - uzupełniająca

tytuł	język obcy (jaki?)	typ (P/Z)	recenzowane o zasięgu międzynarodowym	indeksowane przez ISI
nie było				

II. Aktywność naukowa placówki

II. 6. Upowszechnianie i promocja osiągnięć naukowych

II. 6.1. Prezentacja wyników prac naukowych, w tym: na konferencjach i zjazdach naukowych,

a) Wykłady i referaty wygłoszone na ważnych konferencjach w kraju i za granicą:

tytuł	autor			temat	nazwa zjazdu lub konferencji	kraj
	Imię 1	Imię 2	Nazwisko			
dr Dorota			Konopka-Postupolska	Actin-annexin relationships in stress signaling.	XVII Botanical Congress	Austria
mgr Jacek			Orłowski	Increased synthesis of dolichol compensates for defect in yeast cells impaired in dolichylphosphate mannose synthase activity.	Glycoproteomics - protein modifications for versatile functions - satellite to the 30th FEBS Congress and 6th IUBMB Conference	Chorwacja
dr hab. Andrzej		Michał	Kierzek	Stochastic effects in biochemical reaction networks.	Noise and Robustness in Regulatory Networks	Francja

mgr	Anna		Koryszewska	<i>L. lactis</i> natural plasmids: transfer and acquisition of gene and interaction with chromosomal gene.	LAB9 - Workshop 4: GMO versus non-GMO approaches	Holandia
mgr	Roman	Krzysztof	Górecki	<i>L. lactis</i> natural plasmids: transfer and acquisition of gene and interaction with chromosomal gene.	LAB9 - Workshop 4: GMO versus non-GMO approaches	Holandia
dr hab.	Jacek	Karol	Bardowski	<i>L. lactis</i> natural plasmids: transfer and acquisition of gene and interaction with chromosomal gene.	LAB9 - Workshop 4: GMO versus non-GMO approaches	Holandia
mgr	Małgorzata		Lewandowska	Identification of novel proteins of <i>Nicotiana tabacum</i> regulated by short term sulfur starvation.	6th International Workshop on Plant Sulphur Metabolism	Japonia
dr hab.	Agnieszka		Sirko	Molecular aspects of short-term sulfur deficiency stress in tobacco.	International workshop "Crosstalks between Metabolic Pathways involving Sulphur in Plants"	Niemcy
doc.	Barbara		Tudek	Repair Pathways of Lipid Peroxidation Product, trans-4-hydroxy-2-nonenal Adducts to DNA Bases in Bacterial and Mammalian Cells.	International Conference "Chronic Oxidative Stress and Cancer"	Niemcy
dr	Paweł		Kowalczyk	Modification of the rate of oxidative DNA damage repair by dietary factors and inflammation in newborn pigs and rats.	International Conference "Chronic Oxidative Stress and Cancer"	Niemcy
prof.	Andrzej		Ejchart	Examples of nuclear magnetic relaxation in structural studies of biomolecules.	MPG/MOEL – Symposium: Magnetic Resonance in Physics, Chemistry, Biology, and Medicine	Niemcy
dr hab.	Andrzej	Michał	Kierzek	Propagation of the stochastic fluctuations in gene expression to the level of metabolic pathways.	ECMTB 2005	Niemcy
mgr	Jadwiga	Tamara	Nieminuszcz	Evaluation of DNA damage and repair in autonomous thyroid nodules and PBL in patients receiving I31-Iodine therapy.	I Polsko-Niemieckie Sympozjum Medycyny Nuklearnej	Polska
dr	Jarosław		Poznański	Rola wody w stabilizacji oddziaływań.	Trzecia Letnia Szkoła Termodynamiki	Polska
prof.	Grażyna		Muszyńska	The involvement of plant protein kinases in stress signal transduction.	40th Meeting of the Polish Biochemical Society	Polska
dr	Anna		Szczerbakowa	Międzygatunkowe mieszanie somatyczne <i>Solanum</i> .	Warszaty Instytutu Genetyki Roślin PAN - Mieszanie oddalone od roślin uprawnych.	Polska

prof.	Magdalena	Boguta	Negative regulation of RNA polymerase.	XL Zjazd PTBioCH	Polska
prof.	Magdalena	Boguta	Inicjacja mejozy u drożdży.	Vademecum 2005 - Od mitozy do mejozy.	Polska
dr hab.	Anna	Kurlandzka	Sister chromatid cohesion complex - classical functions and new possibilities.	IX Konferencji Biologii Komórki w Łodzi	Polska
prof.	Piotr	Stepień	Ludzkie geny kontrolujące stabilność mitochondrialnego RNA.	XL Zjazd PTBioch	Polska
	Szymon	Świeżewski	The role of RNAi in flc regulation.	II Konf. Pol. Tow. Biologii Eksp. Roślin	Polska
prof.	Andrzej	Jerzmanowski	ATP-dependent chromatin remodeling and linker histones in plant development.	IX Conference on Cell Biology	Polska
	Tomasz	Sarnowski	Function of ATP-dependent chromatin remodeling in plant development.	Workshop "Gene expression and silencing in plants - from model to crop"	Polska
mgr	Jolanta	Kamińska	Using yeast two-hybrid system for identification of proteins interacting with the product of a novel plant gene induced by sulfur deficiency stress.	2nd Conference of Polish Society of Experimental Plant Biology	Polska
prof.	Jacek	Hennig	Plant-microbe-interactions - a unique type of the stress.	2nd Conference Polish Society of Experimental Plant Biology	Polska
prof.	Jacek	Hennig	Is Annexin 1 - an element of cellular defense response in Arabidopsis thaliana.	IX Conference on Cell Biology	Polska
prof.	Ewa	Bartnik	The mitochondrial genome.	XL Zjazd PTBioch	Polska
prof.	Andrzej	Ejchart	Examples of nuclear magnetic relaxation in structural studies of biomolecules.	AMPERE XIII NMR School	Polska
prof.	Andrzej	Ejchart	Examples of nuclear magnetic relaxation in structural studies of biomolecules.	AMPERE XIII NMR School	Polska
dr hab.	Michał	Dadlez	Spektrometria mas w proteomice.	XL Zjazd Polskiego Towarzystwa Biochemicznego	Polska
dr hab.	Michał	Dadlez	Examples of application of mass spectrometry in proteomics.	Gliwice Scientific Meeting	Polska
mgr	Jacek	Sikora	Proteomika różnicowa.	Seminarium - wykorzystanie MS w proteomice	Polska

dr hab.	Michał		Dadlez	Examples of application of mass spectrometry for proteomics.	Mikromacierze DNA	Polska
dr hab.	Michał		Dadlez	MS for proteomics.	Mikrosymposium Spektrometrii Mas	Polska
dr hab.	Jacek	Karol	Bardowski	Bakterie mlekowe jako model badań podstawowych i aplikacji przemysłowych.	Posiedzenie naukowe Oddziału Warszawskiego Polskiego Towarzystwa Mikrobiologów	Polska
dr	Aleksandra		Wyslouch-Cieszyńska	Concerted regulation of proteins by metal binding and selective S-nitrosylation.	XL Zjazd Polskiego Towarzystwa Biochemicznego	Polska
doc.	Wojciech		Bal	Damage of zinc fingers in DNA repair proteins, a novel molecular mechanism in carcinogenesis (plenary lecture).	42nd EUROTOX Congress	Polska
doc.	Wojciech		Bal	Palce cynkowe jako cel dla toksycznych jonów metali (wykład w sekcji S3).	XLVIII Zjazd Polskiego Towarzystwa Chemicznego	Polska
prof.	Piotr		Stępień	Ciężkość czy moment.	Współczesne kontrowersje na temat początków człowieka. - Chrześcijańskie Forum Pracowników Nauki	Polska
dr hab.	Jacek	Karol	Bardowski	GMO w produkcji żywności	V Wydział PAN i Komitet Nauk o Żywności PAN	Polska
prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	Evolutionary analysis of eukaryotic interactome	II Konferencja Polskiego Towarzystwa Biologii Eksperymentalnej Roślin	Polska
dr hab.	Jacek	Karol	Bardowski	Bakterie mlekowe – źródło genów, enzymów i zdrowia	LAB 2005 I Konferencja naukowa "Wykorzystanie bakterii mlekowych do otrzymywania produktów żywnościowych wysokiej jakości i o podwyższonej wartości odżywczej"	Polska
dr	Joanna		Towpik	Yeast mitochondrial release factor.	XXII International Yeast Conference	Słowacja
mgr inż.	Piotr		Cholbiński	Cytosolic pool of Rsp5 ubiquitin ligase is sufficient for proper intracellular tRNA distribution in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	XXII International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology	Słowacja

mgr	Paweł		Kaliszewski	Enhanced level of Pislip in <i>S. cerevisiae</i> allows for better growth of cells with unsaturated fatty acids deficiency caused by defect in Rsp5 ubiquitin ligase.	XXII International Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology	Słowacja
dr	Marta		Fikus-Kryńska	Dual role of MSH1 in maintaining the stability of mitochondrial DNA of <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	XXII Int. Conference on Yeast Genetics and Molecular Biology	Słowacja
mgr	Małgorzata		Milner	Small proteinase inhibitors - powerful protein bodyguards.	5th Parnas Conference "Molecular Mechanisms of Cellular Signaling"	Ukraina
prof.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	Small proteinase inhibitors - powerful protein bodyguards.	5th Parnas Conference "Molecular Mechanisms of Cellular Signaling"	Ukraina
dr	Aneta		Kaniak	Mlh1 is not involved in the maintenance of mitochondrial genome stability in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Keystone Symposia Genome Instability and Repair	USA
mgr	Justyna		McIntyre	Contribution of 20S proteasome to the modulation of translesion DNA synthesis in <i>S. cerevisiae</i> - the effect on spontaneous mutagenesis.	Keystone Symposia. Genom Instability and Repair	USA
prof. dr hab.	Piotr		Zielenkiewicz	Evolutionary history of eukaryotic interactome	FEBS Congress: The Protein World	Węgry
mgr	Paweł		Siedlecki	Novel inhibitors of DNA methylation	FEBS Congress: The Protein World	Węgry
dr hab.	Agnieszka		Sirko	Multitransgene approach towards elevation of the level of phytochelatin in tobacco - effects on cadmium accumulation and thiol contents.	COST 859 - 1st Scientific Workshop and management Committee Meeting "Phytotechnologies to promote sustainable land use and improve food safety"	Włochy
doc.	Barbara		Tudek	Lipid Peroxidation as an Endogenous Source of DNA Damage and Genome Instability.	2nd EU-US DNA Repair Meeting, ENDOGENOUS STRESS, BASE EXCISION REPAIR AND RELATED PROCESSES	Włochy
dr hab.	Jacek	Karol	Bardowski	Genetic mechanisms of resistance in lactic acid bacteria.	3rd Probiotics, Prebiotics and New Foods	Włochy
mgr	Joanna		Lampkowska	Genetic mechanisms of resistance in lactic acid bacteria.	3rd Probiotics, Prebiotics and New Foods	Włochy
mgr	Joanna		Zycka	Genetic mechanisms of resistance in lactic acid bacteria.	3rd Probiotics, Prebiotics and New Foods	Włochy

dr	Szymon		Kaczanowski	Evolutionary history of eukaryotic interactome	INTERACTOME NETWORKS, Joint Cold Spring Harbor Laboratory/Wellcome Trust Conference	Wielka Brytania
prof.	Włodzimierz		Zagórski-Ostoja	SPI - potent bodyguard against proteolysis	NCI NIH	USA
dr hab.	Andrzej	Michał	Kierzek	Stochastic effects in biochemical reaction networks.	Workshop in Microbial Systems Biology	Wielka Brytania

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

tytuł	autor		temat	instytucja zapraszająca	kraj
	Imię 1	Imię 2			
doc.	Wojciech		Binding constants between chemistry and biochemistry	Estonian Academy of Sciences/Tallinn Technical University	Estonia
doc.	Wojciech		Molecular concepts in nickel carcinogenesis.	Estonian Academy of Sciences/Tallinn Technical University	Estonia
doc.	Wojciech		Interrelationships between zinc fingers, glutathione and toxic metals - clues for biology from chemical research.	Estonian Academy of Sciences/Tallinn Technical University	Estonia
dr hab.	Michał		Mass spectrometry in proteomics.	CGM CNRS	Francja
prof.	Andrzej		Sulfur amino acids metabolism in fungi: metabolic pathways and their regulation	Uniwersytet w Leon	Hiszpania
prof.	Andrzej		Human embryo research: a few reflections on ethical issues	Federacja Europejskich Akademii Nauk ALLEA	Holandia
doc.	Wojciech		Damage of zinc finger domains - a molecular mechanism in toxicology.	Technical University of Berlin	Niemcy
prof.	Piotr		Human mitochondrial proteins involved in RNA metabolism can regulate cell cycle and apoptosis	Bari Meeting	Włochy

II. Aktywność naukowa placówki

II. 7. Współpraca naukowa z zagranicą:

II. 7.1. Umowy i porozumienia o współpracy naukowej zawarte przez placówkę:

kraj	partner	nazwa dokumentu	okres obowiązywania
nie było			

II. 7.2. Zagraniczne instytucje naukowe, z którymi placówka współpracuje w sposób ciągły bez zawartego porozumienia.

liczba ogółem:

II. 7.3. Tematy realizowane we współpracy z zagranicą:

liczba tematów:

II. 7.4. Uzyskane rezultaty współpracy:

np.: wspólne publikacje, patenty, nowe metody badawcze i technologie
W roku sprawozdawczym we współpracy: opublikowano 34 publikacje; kolejne 3 zostały przyjęte do druku; obroniono pracę doktorską w systemie co-tutelle; złożono 2 zgłoszenia patentowe; opracowano 6 nowych metod badawczych.

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
nie było													

II.8.2. Działalność naukowa:

liczba
opublikowanych
(łącznie) prac:

wybrane ważniejsze wyniki (3)

działalność dydaktyczna

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

--

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)	
	liczba osób prowadzących	liczba godzin	liczba osób prowadzących	liczba godzin
1. W kraju				
a) uczelnie wyższe:				
- indywidualna	4	439	4	61
- na podstawie umowy	4	43	3	17
- pozostałe	6	18	0	0
b) inne	0	0	4	5
2. Za granicą	0	0	0	0

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	współorganizatorzy	rodzaj		liczba uczestników	
		międzynarodowa	krajowa	z zagranicy	z kraju
4th International Conference Inhibitors of Protein Kinases	Shugar D. Muszyńska G. Dobrowolska G.	x		75	60
RNA decay	Stepień P.	x		10	35
Workshop "Geneexpression and silencing in plants - from model to crop"	Jerzmanowski A.	x		16	48
EUPROBIO 2005	Bardowski J.	x		40	200

II. Aktywność naukowa placówki

II.11. Działalność zaplecza naukowego o charakterze ogólnorodowiskowym, w tym:

II. 11.1. Biblioteki, z tego:

komputerowe katalogi biblioteczne	komputerowe bazy danych	
1	5	
bibliograficzne bazy danych	z podziałem na abstraktowe	pełne teksty
2	2	0

- zasoby

liczba nabytków	rodzaj
42	książki zagraniczne
22	książki polskie
8	dary zagraniczne
6	dary polskie

- udostępnianie zbiorów

liczba korzystających	1560
-----------------------	------

II. 11.2. Muzea, wystawy, kolekcje specjalistyczne i eksponaty, banki zasobów genetycznych, i in.

- eksponaty, kolekcje:

rodzaj nabytków
Centralna kolekcja szczepów IBB gromadzi: plazmidy, szczepy bakteryjne, drożdże, organizmy transgeniczne (6.808 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. 11.3. 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 5170 oligonukleotydów oraz zsekwencjonowano na aparatach ABI 377 i ABI 3730 – 6 125 matryc DNA, co przy średniej długości odczytu 650 zasad daje 3 981 250 zasad. Dla 118 zlecniodawców spoza IBB zostały zrealizowane zamówienia na zsekwencjonowanie 11 520 matryc i zsyntetyzowano 12 173 oligonukleotydy. Dodatkowo w ramach przyznanych minigrantów wykonano 450 sekwencjonowań matryc DNA i 2086 reakcji analiz polimorfizmu.

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. 2800 zleceń dla użytkowników z kilkudziesięciu ośrodków, również spoza Polski (1300 identyfikacji składu białkowego, 1500 oznaczeń cząsteczkowych). Laboratorium prowadzi również prace własne w zakresie badań oddziaływań niekowalencyjnych i proteomiki płynów ustrojowych oraz opracowuje własne procedury bioinformatyczne analizy danych spektrometrii mas.

Laboratorium Analiz Modyfikacji Genetycznych IBB PAN, GMOIBB

W ramach usług dla jednostek badawczych Laboratorium wdrożyło metodę oznaczania ekspresji czterech ludzkich genów naprawy DNA (ANPG, OGG1, APX, TDG) wobec genu referencyjnego 18S rRNA z zastosowaniem SYBR Green. Oznaczono ekspresję powyższych genów w próbkach cDNA pochodzących z guzów jelita i zdrowego obrzeża od 19 pacjentów; dalsze badania są w toku. Metoda może być łatwo zaadaptowana do oznaczania dowolnych innych genów ludzkich, a także pochodzących z innych organizmów. Ogółem wykonano 44 ekstrakcje DNA, 307 reakcji PCR oraz 922 reakcje PCR w czasie rzeczywistym.

- uzyskane certyfikaty za wdrożenia systemów jakości (międzynarodowych, przyjętych w UE):

--

- uzyskane akredytacje Polskiego Centrum Akredytacji lub równorzędnego, systemy jakości:

--

II. Aktywność naukowa placówki

II. 12. Nagrody, wyróżnienia naukowe uzyskane przez pracowników PAN w roku sprawozdawczym

II.12.1. Nagrody krajowe i zagraniczne przyznane za działalność naukową

nazwa / rodzaj nagrody	za co przyznane	przez kogo	komu
Nagroda Prezesa Rady Ministrów	doktorat: "Molecular analysis of ParB protein from <i>Pseudomonas aeruginosa</i> - the homologue of plasmid partitioning proteins"	Prezes Rady Ministrów RP	dr Aneta A. Bartosik biologia molekularna
Nagroda Prezesa Rady Ministrów	doktorat: "Modification of sulfur metabolism in tobacco and identification of genes regulated by sulfurstarvation"	Prezes Rady Ministrów RP	dr Anna Wawrzyńska biotechnologia
Nagroda Prezesa Rady Ministrów	za wybitny dorobek naukowy	Prezes Rady Ministrów RP	prof. David Shugar
Nagroda im. J. Parnasa	praca: "Identification of a novel human nuclear-encoded mitochondrial poly(A) polymerase" Tomecki et al.	Polskie Towarzystwo Biochemiczne	Zespół: R. Tomecki, A. Dmochowska, K. Gewartowski, A. Dziembowski, P.P. Stepień biologia molekularna
II Nagroda za najlepszą prezentację podczas 2nd Conference Polish Society of Experimental Plant Biology	prezentacja: "Annexin 1 - a new player in stress response in Arabidopsis".	Komitet organizacyjny konferencji	dr D. Konopka-Postupolska biologia roślin
I Nagroda Polskiego Towarzystwa Genetycznego	praca: "Identification of a novel human nuclear-encoded mitochondrial poly(A) polymerase" Tomecki et al.	Polskie Towarzystwo Genetyczne	Zespół: R. Tomecki, A. Dmochowska, K. Gewartowski, A. Dziembowski, P.P. Stepień biologia molekularna
III Nagroda Polskiego Towarzystwa Genetycznego	praca: "Mutations in the yeast MRF1 gene encoding mitochondrial release factor inhibit translation on mitochondrial ribosomes", opubl.w 2004, J. Biol.Chem. 279: 14096-141003	Polskie Towarzystwo Genetyczne	Zespół: J. Towpiak, A. Chacińska, M. Cieśla, K. Ginalska, M. Boguta genetyka
Nagroda Komitetu Mikrobiologii PAN	praca "Identification of activation region (AR) of Escherichia coli LysR-type transcription factor CysB and CysB contact site on RNA polymerase alpha subunit at the cysP promoter" opubl.w 2004 w Mol. Microbiol., 53: 791-806	Komitet Mikrobiologii PAN	Zespół: A. Łochowska, R. Iwanicka-Nowicka, J. Zaim, M. Witkowska-Zimny, K. Bolewska, M.M. Hryniewicz biologia molekularna
Nagrody im. Prof. Władysława Kunickiego-Goldfingera podczas Konferencji Komitetu Mikrobiologii PAN	plakat: Magdalena Lewandowska, Beata Weber-Dąbrowska, Ewa Sadowy, Jolanta Krzysztoń-Rusjan, Andrzej Górski and Małgorzata Łobocka. Characterization of a polyvalent staphylococcal bacteriophage A5W and identification of its potentially bacteriotoxic proteins.	Jury Konkursu i Komitetu Organizacyjnego Konferencji Komitetu Mikrobiologii PAN (22 października 2005, Wydział Biologii Uniwersytetu Warszawskiego)	mgr Magdalena Lewandowska, dr Małgorzata Łobocka biologia molekularna
Stypendium Konferencyjne	"Evaluation of DNA damage and repair in autonomous thyroid nodules and PBL in patients receiving 131-Iodine therapy"	Polska Sieć Biologii Komórkowej i Molekularnej	mgr Jadwiga Nieminuszczy biologia molekularna
I Nagroda Rady Naukowej Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN	praca: "Genome of bacteriophage PI", opubl.w 2004, J. Bacteriol. 186: 7032-7068.	Rada Naukowa IBB PAN	dr Małgorzata Łobocka genomika
II Nagroda Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN	praca: "Mutations in the yeast MRF1 gene encoding mitochondrial release factor inhibit translation on mitochondrial ribosomes", opubl.w 2004, J. Biol.Chem. 279: 14096-141003	Instytut Biochemii i Biofizyki	Zespół: J. Towpiak, A. Chacińska, M. Cieśla, K. Ginalska, M. Boguta genetyka

II Nagroda Rady Naukowej Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN	praca "Identification of activation region (AR) of Escherichia coli LysR-type transcription factor CysB and CysB contact site on RNA polymerase alpha subunit at the cysP promoter" opubl. w 2004 w Mol. Microbiol., 53: 791-806	Rada Naukowa IBB PAN	Zespół: A. Łochowska, R. Iwanicka-Nowicka, J. Zaim, M. Witkowska-Zimny, K. Bolewska, M.M. Hryniewicz biologia molekularna
Nagroda Rady Naukowej Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN	praca: "The linker histones in Chromatin Structure and Dynamics: State-of-the-Art." opubl. w 2004, J. Zlatanova and S.H. Leuba (Eds), Elsevier B.V.	Rada Naukowa IBB PAN	prof. Andrzej Jerzmanowski biologia molekularna
Nagroda Rady Naukowej Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN	doktorat: "Molecular analysis of ParB protein from <i>Pseudomonas aeruginosa</i> - the homologue of plasmid partitioning proteins" obrona 20.04.2004r	Rada Naukowa IBB PAN	dr Anecie A. Bartosik biologia molekularna
Nagroda Rady Naukowej Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN	książka: "NMR w cieczech. Zarys teorii i metodologii"	Rada Naukowa IBB PAN	prof. Andrzej Ejchart spektroskopia NMR
Nagroda Rady Naukowej Instytutu Biochemii i Biofizyki PAN	doktorat: "Lactose and b-glucosides catabolism in Lactococcus lactis – biochemistry and genetic regulation."	Rada Naukowa IBB PAN	dr Tamara Aleksandrak-Piekarczyk biologia molekularna bakterii

II.12.2. Nagrody i wyróżnienia przyznane za praktyczne zastosowanie wyników B+R

nazwa / rodzaj nagrody	za co przyznane	przez kogo	komu

III. Zatrudnienie

III.1. Zatrudnienie wg stanu na 31 XII roku sprawozdawczego - (w Jednostce PAN jako głównym miejscu pracy)

ogółem: 275, w tym:

III.1.1. Zatrudnienie w działalności B+R (razem/w tym kobiety)

a) w przeliczeniu na pełny wymiar czasu pracy

ogółem	w tym ze stopniem naukowym:					pozostali z wykształceniem:		
		profesora		doktora hab.	doktora	wyższym	średnim	podstawowym
		w tym: członkowie PAN						
120,8/80,5	21/8,3	1,8/0	19,2/15,2	75,4/51,7	5/5	0/0	0/0	

b) w przeliczeniu na ekwiwalenty EPC ¹⁾

ogółem	w tym ze stopniem naukowym:				pozostali z wykształceniem:				
	profesora			doktora hab.	doktora	wyższym		średnim	podstawowym
	w tym: członkowie PAN								
	87,6/57,4	12,2/5,0	1,7/0	13,3/9,0	58,1/39,4	4/4	0/0	0/0	

III.1.2. Zatrudnienie poza działalnością B+R (razem/w tym kobiety) - (w przeliczeniu na pełny wymiar czasu pracy):

ogółem: 144/93

III.2. Zatrudnienie średnioroczne w przeliczeniu na pełne etaty:

ogółem: 255
w tym naukowych: 118,5

IV. Centra doskonałości, sieci i konsorcja naukowe

IV.1. Działające w placówce Centra doskonałości

Nazwa		Kod poczt.		Miasto		data otwarcia Centrum	status nadany przez
Centrum Doskonałości - Genomika Porównawcza dla Zdrowia i Środowiska		02-106		Warszawa		16.09.2004	KBN
Ulica	nr	tel. 1	tel. 2	Fax	e-mail	WWW	inne
Pawińskiego	5a	+48228237189		+48228237189	cemb@ibb.waw.pl	http://www.ibb.waw.pl	

IV. 2. Przynależność placówki do sieci naukowych:

a) w rozumieniu art. 2 pkt. 12 ustawy z dnia 8 października 2004 r. o zasadach finansowania nauki

nazwa sieci naukowej	specjalność naukowa	jednostki naukowe tworzące sieć
Ocena Wpływu Działalności Badawczo - Rozwojowej (B+R) i Innowacji na Rozwój Społeczno - Gospodarczy http://www.inepan.waw.pl/o_siec_naukowej.htm	Działalność sieci ma na celu zmniejszenie dystansu, jaki dzieli kraje Unii Europejskiej, a zwłaszcza kraje z nią stowarzyszone, w stosunku do innych przodujących gospodarek światowych. Kraje Unii Europejskiej, w tym kraje z nią stowarzyszone, mają świadomość, że jedną z bardziej efektywnych dróg wiodących do zmniejszenia dystansu rozwojowego jest przyznanie badań naukowym i innowacyjności priorytetów w polityce gospodarczej.	1. Instytut Nauk Ekonomicznych PAN 2. Centrum Badań Wysokociśnieniowych PAN 3. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN 4. Instytut Organizacji Systemów Produkcyjnych PW

1. Instytut Biochemii i Biofizyki PAN
2. Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie
3. Instytut Nauk o Środowisku WBiNOZ UJ
4. Instytut Ochrony Przyrody PAN w Krakowie
5. Instytut Zoologii WBiNOZ UJ
6. Muzeum i Instytut Zoologii PAN
7. Ogród Botaniczny UW
8. Wydział Biologii UW
9. Zakład Badania Ssaków PAN w Białowieży
10. Białowiecki Park Narodowy
11. Zakład Lasów Naturalnych w Białowieży, Instytut Badawczy Leśnictwa
12. Instytut Biotechnologii Przemysłu Rolno-Spożywczego, Warszawa
13. Muzeum Górnośląskie, Bytom
14. Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego, Warszawa
15. Instytut Dendrologii w Kórniku PAN
16. Instytut Systematyki i Ewolucji Zwierząt PAN
17. Stacja Badania Wędrówek Ptaków WBGiO, Uniwersytet Gdański
18. Katedra Taksonomii Roślin i Ochrony Przyrody WBGiO, Uniwersytet Gdański
19. Instytut Ekologii i Ochrony Środowiska WBiNoZ, Uniwersytet Mikołaja Kopernika
20. Katedra Botaniki Systematycznej WBiOŚ, Uniwersytet Śląski
21. Muzeum Przyrodnicze WNP, Uniwersytet Wrocławski

Celem sieci jest otwarcie polskich zasobów informacji o bioróżnorodności oraz wdrożenie standardów gromadzenia i wymiany danych. Działa w oparciu o wspólną platformę wymiany informacji umożliwiającą dostęp do rozproszonych baz danych bez konieczności tworzenia centralnego systemu. Sieć Krajowa współpracuje z siecią GBIF (Global Biodiversity Information Facility), która swą działalnością zamierza objąć wszystkie istniejące na świecie źródła informacji o bioróżnorodności. Skupia ona państwa i organizacje, które podpisały stosowną umowę i wciąż zwiększa liczbę członków. Docelowo GBIF ma poprzez Internet umożliwić dostęp do informacji o gatunkach zamieszkujących dowolny region świata oraz wszystkich możliwych związanych z nimi danych, od poziomu molekularnego poprzez organizmalny do ekosystemowego. Wspiera także tworzenie narzędzi pozwalających na syntezę tych informacji (mapowanie zasięgów występowania, szacowanie liczebności itp.).

Krajowa Sieć Informacji o Bioróżnorodności
- Światowy System Informacji o Bioróżnorodności (Global Biodiversity Information Facility GBIF)
<http://www.gbif.edu.pl/>

b) do innych sieci

nazwa sieci naukowej	specjalność naukowa	jednostki naukowe tworzące sieć

IV. 3. Przynależność placówki do konsorcjów naukowych

nazwa konsorcjum naukowego	specjalność naukowa	jednostki naukowe tworzące konsorcjum
Centrum Zaawansowanych Technologii - BIM	biotechnologia, informatyka stosowana, medycyna	1. Uniwersytet Warszawski 2. IBB PAN 3. Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN 4. Instytut Medycyny Doświadczalnej i Klinicznej im. M. Mossakowskiego PAN 5. Międzynarodowy Instytut Biologii Molekularnej i Komórkowej w Warszawie 6. Akademia Medyczna w Warszawie
Centrum Doskonałości - BioExploratorium	bioinformatyka, biomolekularne modelowanie	1. Uniwersytet Warszawski 2. IBB PAN 3. Instytut Informatyki UMK 4. ICbF PAN